정오표: 쌀 외관이 양호하고 도열병에 강한 극조생 벼 ‘백일미’

모영준 · 정종민 · 김우재 · 김보경 · 정지웅*

농촌진흥청 국립식량과학원

Correction to: ‘Baegilmi’, an Extremely Early Maturing Blast Resistant Rice with Good Grain Appearance

Youngjun Mo, Jong-Min Jeong, Woo-Jae Kim, Bo-Kyeong Kim, and Ji-Ung Jeung*

National Institute of Crop Science, Rural Development Administration, Wanju, Jeonbuk, 55365, Republic of Korea

Korean J. Breed. Sci. 51(2): 151-159

<https://doi.org/10.9787/KJBS.2019.51.2.151>* Corresponding Author (E-mail: jrmj@korea.kr, Tel: +82-63-238-5231, Fax: +82-63-238-5205)

상기 논문은 벼 품종 ‘백일미’가 ‘고시히카리’에 EMS를 처리하여 개발된 돌연변이 품종이라고 보고하였다. 그러나 원저자가 수행중인 후속 연구를 통하여 백일미가 고시히카리 돌연변이 품종이 아닐 가능성이 크다는 실험적 증거를 발견하여 본 정오표를 통하여 오류를 수정하고자 한다. 후속 연구는 고시히카리 × 백일미 재조합순계 집단(RIL)을 이용하여 백일미의 조기 출수 특성을 유전적으로 분석하고자 수행하였고, 이를 통해 탐지한 3개의 출수기 지배 양적유전자좌(QTL)에 기존에 보고된 유전자인 *Hd16*, *Hd1*, *Ghd7*이 위치하고 있음을 확인하였다(Mo et al. 2020). 고시히카리와 백일미 간에 세 유전자의 염기서열을 비교한 결과, 백일미는 고시히카리와 대비하여 *Hd16*의 exon 10에 A→G SNP(Hori et al. 2013)를, *Hd1*의 exon 1에 C→T SNP와 36 bp의 삽입 및 43 bp의 결실(Yano et al. 2000)을, *Ghd7*의 프로모터 영역에 1.9 kb 가량의 삽입 서열(Fujino et al. 2020)을 갖고 있으며, 서술한 모든 변이는 기존에 Nipponbare (Hori et al. 2013), HS66 (Yano et al. 2000), Sorachi (Fujino et al. 2020)에서 보고된 것과 동일함이 확인되었다. EMS 돌연변이가 대부분 G→A 또는 C→T SNP를 무작위로 일으킨다는 점을 고려할 때, 기존에 알려진 것과 동일한 상기 염기서열 변이 모두가 고시히카리에 EMS를 처리함으로써 유발되었다고 결론짓기는 매우 어려우며, 육종과정에서 비의도적으로 발생한 오류의 결과일 가능성이 고려된다(예: 최초 돌연변이 처리에 사용된 고시히카리 종자의 순도가 완벽하지 못하여 HS66형의 *Hd1* 대립인자를 지니는 미지의 품종이 혼입되어 EMS 처리되고, 그 후대의 하나로 백일미가 선발되었을 가능성). 현재로서는 오류의 정확한 원인을 파악하기 어려우나, 본 정오표를 통하여 독자들에게 기존에 보고한 백일미 품종 계보의 오류를 알리고자 한다.

In this article (Mo et al. 2019), we described that ‘Baegilmi’ was developed from a mutant population of ‘Koshihikari’ induced by ethyl methane-sulfonate (EMS). However, our recent study revealed a strong possibility that Baegilmi is not a mutant cultivar of Koshihikari and that the pedigree information of Baegilmi presented in Mo et al. (2019) is incorrect. To genetically dissect the early heading characteristics of Baegilmi, we used a recombinant inbred line population (RIL) derived from the Koshihikari × Baegilmi cross (Mo et al. 2020). We discovered that relative to Koshihikari, Baegilmi carries sequence polymorphisms in three previously reported heading date genes, i.e., *Hd16*, *Hd1*, and *Ghd7* underlying the three heading date QTLs detected from the Koshihikari × Baegilmi RIL population. Relative to Koshihikari, Baegilmi carries a A-to-G SNP in the tenth exon of *Hd16* that is identical to Nipponbare (Hori et al. 2013), a C-to-T SNP, a 36 bp insertion, and a 43 bp deletion in the first exon of *Hd1* that are identical to HS66 (Yano et al. 2000), and a 1.9 kb retrotransposon insertion in the promoter region of *Ghd7* that is identical to Sorachi (Fujino et al. 2020). As EMS mutagenesis predominantly induces random G-to-A or C-to-T point mutations, it is extremely unlikely that all the previously known polymorphisms mentioned above had been induced by mutagenizing Koshihikari with EMS. It is more plausible that there had been unintended error during the breeding process of Baegilmi (e.g., contamination of the original seed stock of Koshihikari used for mutagenesis with unknown germplasm carrying all or some of the previously known sequence variants). Although we currently do not know the exact source of this error, we would like to inform the readers that the pedigree information of Baegilmi presented in Mo et al. (2019) is incorrect.

REFERENCES

1. Fujino K, Yamanouchi U. 2020. Genetic effect of a new allele for the flowering time locus *Ghd7* in rice. *Breeding Sci Preview*, doi:10.1270/jsbbs.19112.
2. Hori K, Ogiso-Tanaka E, Matsubara K, Yamanouchi U, Ebana K, Yano M. 2013. *Hd16*, a gene for casein kinase I, is involved in the control of rice flowering time by modulating the day-length response. *Plant J* 76: 36-46, doi:10.1111/tpj.12268.
3. Mo Y, Jeong JM, Kim WJ, Kim BK, Jeung JU. 2019. 'Baegilmi', an extremely early maturing blast resistant rice with good grain appearance. *Korean J Breed Sci* 51: 151-159, doi:10.9787/KJBS.2019.51.2.151.
4. Mo Y, Jeong JM, Ha SK, Kim J, Lee C, Lee GP, Jeung JU. 2020. Characterization of QTLs and candidate genes for days to heading in rice recombinant inbred lines. *Genes* 11: 957, doi:10.3390/genes11090957.
5. Yano M, Katayose Y, Ashikari M, Yamanouchi U, Monna L, Fuse T, Baba T, Yamamoto K, Umehara Y, Nagamura Y, et al. 2000. *Hd1*, a major photoperiod sensitivity quantitative trait locus in rice, is closely related to the Arabidopsis flowering time gene *CONSTANS*. *Plant Cell* 12: 2473-2483, doi:10.1105/tpc.12.12.2473.