

103. 벼 *sd-1* 遺伝子과 *Est-z* locus 와의 連鎖

농업기술연구소

殷茂永, 金容權, 趙龍九, 辛庚玉, 鄧榮英

서울대학교 농과대학

研文會

*Linkage relationship between sd-1 gene and Est-z locus in rice*

Agric. Sci. Inst.

Eun M. Y., Kim Y. K., Cho Y. G., Shin K. O.,

Chung T. Y.

Coll. Agric. S. N. U.

Heu M. H.

實驗目的

벼의 遺伝的 特性을 生化學的으로 分析하여 表現型的 遺伝子를 生化學的 遺伝子과 연계를 확립함으로써 器化 育種 選拔標識型雙을 찾고자 함.

材料 및 方法

1) 同位酵素 特性分析

o. 대상 효소: *Est*, *P9I*, *ME*, *HK*

o. 전기영동법: 등전점 전기영동법

o. 材 料: *Shiokari*를 모품종으로 한 短稈遺傳子 *isogenic line 19*系統

2) 同位酵素 遺傳 및 連鎖分析

o. 대상 효소: *Est-z locus*

o. 전기영동법: 등전점 전기영동법

o. 材 料: *Shiokari /sd-1 isoline*, *Milyang 23/Giho* 벼 조합의  $F_2$ 세대

實驗結果 및 考察

1. *Shiokari*를 모품종으로 한 短稈遺傳子 *Isogenic line 19*系統의 同位酵素 分析 結果 *sd-1* 遺傳子 系統에서 *Est-z locus*의 한 band에서만 差異를 보였다.

2. *Est-z locus*에는 2개의 active band와 한개의 nullic band로 총 3개의 *allozyme*으로 구성되어 있고 *monomer* 이며 각각 *codominant* 特性으로 分離되었다.

3. *Shiokari /sd-1 isogenic line*와 교배조합  $F_2$ 에서 稈長은 長稈: *sd-1*의 3:1로 分離되었다.

4. *Est-z locus*의 *Esterase allozyme*間에는 稈長分離와 高度의 身長과 連鎖가 認定되었으며 同位酵素 分離와 稈長分離比는 長稈: 中稈: 短稈의 1:2:1로 分離되었다.

Table 1. Isozyme phenotype of the nineteen near isogenic dwarf lines used in the experiment

Isogenic line	Gene symbol	Dwarf donor	Number of backcrosses	Isozyme phenotype			
				EST	ME	PGI	HK
ID-1	d-1	H 86	8	11C	111	11	11
ID-2	d-2	H 85	7	11C	111	11	11
ID-3	d-3	H-2	4	11C	111	11	11
ID-6	d-6	H 126	6	11C	111	11	11
ID-7	d-7	H-7	8	11C	111	11	11
ID-10	d-10	H 70	8	11C	111	11	11
ID-11	d-11	H 58	6	11C	111	11	11
ID-12	d-12	H 62	5	11C	111	11	11
ID-13	d-13	H 51	5	11C	111	11	11
ID-14	d-14	H 147	7	11C	111	11	11
ID-17	d-17	I-71	5	11C	111	11	11
ID-18 <sup>b</sup>	d-18 <sup>b</sup>	H 71	8	11C	111	11	11
ID-18 <sup>k</sup>	d-18 <sup>k</sup>	F1-26	8	11C	111	11	11
ID-19	d-19	H 56	6	11C	111	11	11
ID-27	d-17	F1-86	6	11C	111	11	11
ID-30	d-30	F1-3	5	11C	111	11	11
ID-42	d-42	H 341	4	11C	111	11	11
ID-47	d-47(sd-1)	I-120	4	11R	111	11	11
Shiofati recurrent P.				11C	111	11	11

Table 2. F<sub>2</sub> Segregation of esterase allozymes in Est-2 locus<sup>1)</sup> determined by isoelectric focusing

Combination (P <sub>1</sub> /P <sub>2</sub> )	F <sub>2</sub> phenotypes			Total	Expected ratio	X <sup>2</sup>	P
	P <sub>1</sub>	P <sub>1</sub> P <sub>2</sub>	P <sub>2</sub>				
Milyang 23/Gihobyeo (c/d)	89	179	93	361	1:2:1	0.113	0.90-0.95
Songjeonbyeo/Daorenqiao (d/c)	12	30	11	56	1:2:1	0.129	0.75-0.90
Mack kheun/IR 23 (d/c)	17	34	19	70	1:2:1	0.172	0.90-0.95
Milyang 23/Kasalath (c/nullic)	163 (32)	-	56 (29)	219 122	3:1 1:2:1	0.039 0.118	0.95-0.99 0.90-0.95
Gihobyeo/Kasalath (d/nullic)	186 (26)	-	61 (27)	247 107	3:1 1:2:1	0.012 0.028	0.50-0.75 0.95-0.99
Kasalath/Milyang 23 (nullic/c)	9	-	35	44	1:3	0.185	0.25-0.50

- 1). locus assignment based on IEF by authors
- 2). Distinguishing heterozygotes in F<sub>2</sub> by F<sub>3</sub> analysis

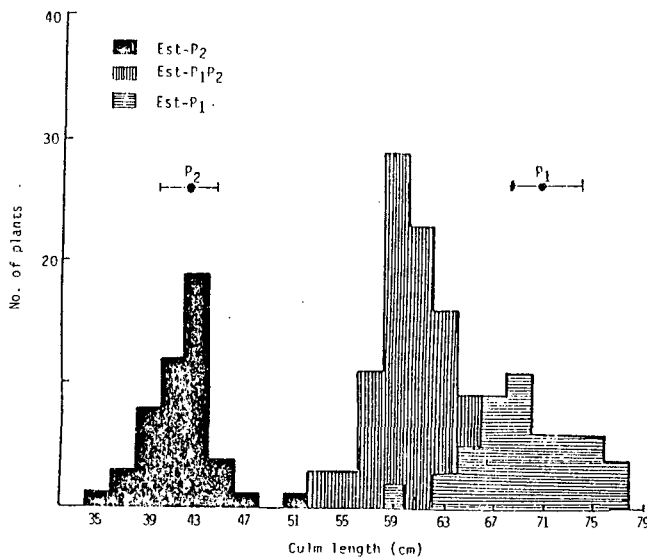


Fig. Segregation of culm length and esterase type in F<sub>2</sub> population of shiofati/sd-1 isogenic cross combination.

Table Linkage relationships between sd-1 and Est-2 genes.

Character	Est-2				Total	X <sup>2</sup>
	P <sub>1</sub>	P <sub>1</sub> P <sub>2</sub>	P <sub>2</sub>	Total		
Tall sd-1	52	84	1	137	178.20	**
	0	0	48	48		
Total	52	84	49	195		