

# A1

## 벼 자포니카 근연교배 유래 RIL을 이용한 주요 농업형질관련 양적형질 유전자좌 분석

권수진<sup>1)\*</sup>, 안상낙<sup>2)</sup>, 서정필<sup>1)</sup>, 황흥구<sup>1)</sup>, 홍하철<sup>1)</sup>, 김연규<sup>1)</sup>, 최해춘<sup>1)</sup>, 문헌팔<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>작물시험장, <sup>2)</sup>충남대학교, <sup>3)</sup>영남농업시험장

### Mapping of QTLs Related to Agronomic Traits in an RIL Population Derived from the *Japonica/Japonica* Cross in Rice

Soo-Jin Kwon<sup>1)\*</sup>, Sang-Nag Ahn<sup>2)</sup>, Jung-Pil Suh<sup>1)</sup>, Hung-Goo Hwang<sup>1)</sup>,  
Ha-Chol Hong<sup>1)</sup>, Yeon-Gyu Kim<sup>1)</sup>, Hae-Chune Choi<sup>1)</sup>, Huhn-Pal Moon<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>National Crop Experiment Station, <sup>2)</sup>Chungnam National University,

<sup>3)</sup>National Yeongnam Agricultural Experiment Station

#### 시험목적

벼의 자포니카/자포니카 조합 RILs을 육성하여 벼의 주요 농업 형질을 조사하고 이와 연관된 유전자를 탐색하여 품종육성의 기초자료로 제공하고자 함

#### 재료 및 방법

- 실험재료 : 수원365호/추청벼 RILs (F8) 집단 (231 계통)
- 주요 농업 형질 조사 : 출수기 간장, 수량구성요소 등 6개 형질
- DNA marker : Microsatellite 및 AFLP 마커
- 유전자지도 작성 및 QTLs 분석 : Mapmaker V3.0, Mapmaker/qGene

#### 결과 및 고찰

- 출수기는 간장, 수량과 정의 상관, 간장은 수량과 정의 상관, 수당립수는 출수기, 수수와 각각 부의 상관을 보였다.
- Microsatellite 마커와 AFLP 마커에 의한 모본간 DNA 변이율은 각각 26.4%, 13.0%였다
- 수원365호/추청벼 RILs 231계통은 33개 microsatellite 마커와 EcoRI/MseI 11개 조합에 의한 97개 마커를 이용하여 분자유전자 지도를 작성한 결과 전체 거리는 741.4cM이었다(마커당 평균거리 5.7cM).
- 이들 RIL 231계통들은 출수일수 98~120일, 간장 61.1~101.8cm, 수장 16.0~23.2cm, 수당립수는 51~174개, 수량은 385.0~984.1kg/10a의 분포를 보였다.
- QTL 분석을 실시한 결과 6번, 7번, 9번 그리고 11번 염색체에서 각각 출수기, 수장, 수수, 수당립수와 관련하여 7개의 QTLs이 탐색되었다.

Table 1. Significant correlation coefficients between agronomic traits in Suweon365/Chucheongbyeo RILs

Traits	dth	cl	pl	ppl	spp	yld
Days to heading(dth)	1.000					
Culm length(cl)	0.330**	1.000				
Panicle length(pl)	0.108	0.254**	1.000			
Panicle per plants(ppl)	0.224**	0.101	0.060	1.000		
Spikelets per panicle(spp)	-0.143**	0.092	0.079	-0.114**	1.000	
Grain yield(yld)	0.137**	0.369**	0.267	0.060	0.049	1.00

\*, \*\* : significant at 5%, 1% levels, respectively

Table 2. Degree of polymorphism between Suweon365 and Chucheongbyeo

Marker	No. of polymorphic bands	No. of primer
Microsatellite	33	136
AFLP	118	908*

\* Number of bands generated by 11 primer combination

Table 3. Characteristics of QTLs associated with agronomic traits in Suweon365/Chucheongbyeo RILs

Traits	QTL	Chr. No.	Marker	Peak LOD	% of PV	SS	CC	Allele effect
Days to heading	qDTH-6	6	OSR19	4.76	9.6	110.3	107.3	3.0
	qDTH-7	7	RM476	3.65	6.3	107.3	109.7	-2.4
Panicle length	qPL-7	7	RM214	3.20	6.6	19.9	19.3	0.6
	qPL-9	9	RM215	2.75	5.3	19.4	20.0	-0.6
	qPL-11	11	OSR01	2.20	5.9	19.9	19.3	0.6
No. of panicle per plants	qPPL-11	11	em2215	2.04	4.1	14.6	15.5	-0.9
No. of spikelets per panicle	qSPP-11	11	em626	5.32	8.5	95.2	86.7	8.5

For each QTL : The % of PV is the percent of the phenotypic variance explained by the QTL. SS and CC class refer to genotypic class defined by single markers : SS(Suweon365) or CC(Chucheongbyeo) is the homozygote, respectively. The allele effect of QTL is the difference of the phenotypic means between SS and CC classes.