

A2 고 세대 여교잡 QTL 분석을 이용한 야생벼의 유용유전자 탐색

서정필^{1)*}, 안상낙²⁾, 권수진¹⁾, 강경호¹⁾, 최해준¹⁾, 문현팔³⁾

¹⁾작물시험장, ²⁾충남대학교, ³⁾영남농업시험장

Identification of Useful Genes from Wild Species for Rice Improvement Using Advanced Backcross QTL Analysis

Jung-Pil Suh^{1)*}, Sang-Nag Ahn²⁾, Soo-Jin Kwon¹⁾, Kyung-Ho Kang¹⁾, Hae-Chune Choi¹⁾,
Huhn-Pal Moon³⁾

¹⁾National Crop Experiment Station, ²⁾Chungnam National University,

³⁾National Yeongnam Agricultural Experiment station

시험목적

본 연구에서는 AA계능 야생종과 자포니카 품종 사이의 여교잡 집단을 육성하여, AA계능 야생종에 내재하는 수량관련 유전자를 탐색하고, DNA marker를 이용하여 탐색된 유용유전자를 재배벼로 이전하여 다수성 중간모본 및 신 품종을 육성하고자 한다.

재료 및 방법

- 공시재료 : 화성벼, *O. rufipogon*, 및 BC₂F₂ (화성벼/*O. rufipogon*//화성벼^{*2})173 계통.
- 수량성 관련 형질 조사 : 출수기, 간장, 수당립수, 천립중, 수량성(kg/10a) 등.
- DNA 분석 : Polymorphism을 보이는 SSR marker 이용.
- Data 분석 : Anova 분석 및 Datadesk4.0, Qgene program 이용

결과 및 고찰

- 출수기는 수당립수와는 정의 상관, 임실율은, 천립중과는 부의 상관이 인정되었고, 수장은 수당립수와 정의 상관, 수수는 수당립수와 부의 상관이, 수당립수는 임실율, 천립중과는 부의 상관이 인정되었고, 임실율은 수량성과 정의 상관이 인정되었다.
- 총 101개의 SSR marker를 이용하여 화성벼와 *O. rufipogon*과의 다형성 변이율을 조사한 결과 80개의 marker (79%) 가 다형성을 보였다.
- 수량관련 형질들을 조사한 결과 수수는 44%, 수당립수는 24%, 임실율은 11%, 천립중은 19% 그리고 수량성은 11%가 정의 초월변이를 보였다.
- 총 49개의 SSR marker가 수량관련 형질과 연관이 되었는데, 그중 20개는 야생벼의 유전자가 화성벼의 수량관련 형질을 향상시키는 것으로 분석되었고, 수량성(kg/10a)을 향상시키는 야생벼 유전자는 1번 염색체의 RM34와 연관되었다.

연락처 전화 : 0331-290-6782, E-mail : jjung82@daum.net

Table 1. Significant correlation coefficients among 8 traits in an *O. rufipogon*-derived BC₂F₂ backcross population.

Trait	DTH	CL	PL	PN	SN	FER	GW
Days to heading(DTH)	1.00						
Culm length (CL)	0.02	1.00					
Panicle length (PL)	0.10	0.02	1.00				
Panicles per plant (PN)	-0.11	-0.02	-0.13	1.00			
Spikelets per panicle (SN)	0.48**	-0.01	0.33**	-0.18*	1.00		
Fertility (FER)	-0.28**	-0.05	-0.06	-0.09	-0.25**	1.00	
1,000-grain weight (GW)	-0.37**	-0.05	0.03	0.03	-0.30**	0.11	1.00
Grain yield (YI)	-0.01	-0.07	0.12	0.14	0.13	0.51**	0.15

Table 2. Characteristics of *O. rufipogon*-derived QTLs affecting traits in a BC₂F₂ backcross population.

Trait	QTL	Chr. no.	Marker	% of PV	P-value	HH class	HW class	Allele effect
Days to heading								
	qDTH-6	6	RM3	35.6	0.0001	116.0	107.1	-8.9
	qDTH-8	8	RM210	6.2	0.0011	113.5	108.4	-5.1
Panicle length(cm)								
	qPL-3	3	RM232	11.9	0.0001	21.6	22.6	1.0
	qPL-5	5	RM13	8.2	0.0002	21.8	23.1	1.3
	qPL-6-2	6	RM30	5.5	0.0021	21.7	22.4	0.7
	qPL-9	9	RM215	10.8	0.0001	21.6	22.6	1.0
Panicles per plant								
	qPN-4	4	RM226	4.7	0.0053	14.9	15.7	0.8
Spikelets per panicle								
	qSN-2	2	RM221	4.8	0.0042	130.0	137.5	7.8
	qSN-5	5	RM233B	5.7	0.0018	130.1	138.7	8.6
	qSN-7	7	RM214	6.1	0.0012	130.4	141.4	11.0
	qSN-9	9	RM242	7.9	0.0002	129.2	138.8	9.6
	qSN-10	10	RM216	12.6	0.0001	129.0	142.9	13.9
	qSN-11	11	RM202	5.6	0.0020	129.9	138.1	8.2
Fertility (%)								
	qFER-1	1	RM34	14.5	0.0001	77.6	85.9	8.3
1,000-grain weight (g)								
	qGW-1	1	RM1	9.4	0.0001	20.1	21.4	1.3
	qGW-6	6	RM30	5.4	0.0023	20.3	21.3	1.0
	qGW-8	8	RM256	11.0	0.0001	20.3	22.4	2.1
	qGW-11-3	11	RM20B	8.6	0.0001	20.4	22.1	1.7
	qGW-12	12	RM19	8.9	0.0001	20.3	22.1	1.8
Grain yield (kg/10a)								
	qYI-1	1	RM34	6.0	0.0013	628.7	685.5	56.8

For each QTL : The % of PV is the percent of the phenotypic variance explained by the QTL. P is the probability that the marker genotype had no effect on the trait. HH and HW class refer to genotypic class defined by single markers : HH is the homozygotes (Hwaseongbyeo/Hwaseongbyeo) and HW is the heterozygotes (Hwaseongbyeo/*O. rufipogon*) in the BC₂F₂ population. The allele effect of a QTL is the difference of the phenotypic means between HH and HW classes.