

D4 벼 출수기, 간장 및 수장의 양적 형질 유전자좌 상호작용

¹⁾ 영남농업시험장, ²⁾영남대학교 : ¹⁾하 운구*, ¹⁾김 호영, ¹⁾임 상종, ²⁾서 학수, ¹⁾문 현팔, ²⁾조 준현

QTLs/Epistis Analysis of Heading days, Clum length and Panicle length in Rice

¹⁾ NYAES and ²⁾Yeungnam Univ. : ¹⁾Woon-Goo Ha*, ¹⁾Ho-Yeong Kim,
¹⁾Sang-Jong Lim, ²⁾Hak-Soo Suh, ¹⁾Huhn-Pal Moon and ²⁾Jun-Hyeon Cho

시험목적

벼의 출수기, 간장, 수장 등 환경에 영향을 크게 받는 양적 형질들의 유전자좌와 상호 작용을 구명하여 품종 육성의 기초 자료로 활용하고자 함.

재료 및 방법

- o 표현형 : IR 66738-118-1-2(Shennung 89-366/Sopanjono)/Gayabyeo조합 F₅ RILs
- o 유전자형 : 94개의 SSR marker로써 96개의 SSLP를 얻어 Map Manager QT macintosh용 QTb 28 version으로 연관군지도 작성
- o QTLs/epitasis 분석 : Q gene, QTL mapper 프로그램 이용.

결과 및 고찰

- o 3개 형질에서 7개 QTL이 LOD 2.0 이상인 주효과가 있었고, 9개 좌위쌍이 주효과/epistasis 효과가 있었다.
- o 출수기는 3번과 8번 염색체의 RM 231, RM 44 locus, 간장은 2번 염색체의 RM 6 locus와 수장은 1,3,5,7번 염색체의 RM 251, RM 200, RM 164, RM 2 locus 부위에 분포하고 있었다.
- o 출수기(DH)의 유전력은 0.179였고, 2개의 주효과 QTLs의 표현형 변이의 27.2%를 설명 할 수 있었고, 주효과/epistasis 상가적 작용이 21.4%, 상위적 작용이 17.4%를 설명 할 수 있었다.
- o 간장(CL)의 유전력은 0.318로 높았고 1개의 주효과 QTL이 표현형 변이의 8.7%를 설명 할 수 있었고, 주효과/epistasis 상가적 작용이 13.4%, 상위적 작용이 20.3%를 설명 할 수 있었다.
- o 수장(PL)의 유전력은 0.227이었다. 4개의 주효과 QTLs가 표현형 변이의 34.4%를 설명 할 수 있었고, 주효과/epistasis 상가적 작용이 31.7%를 설명 할 수 있었으나, 상위적 작용은 없었다.

연락처 전화 : 0527-350-1161, E-mail : Hawg@nyaes.go.kr

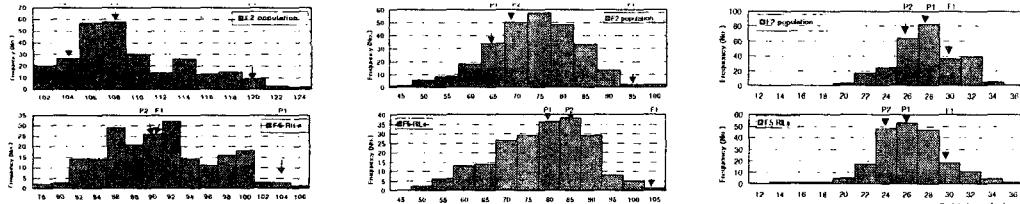


Fig. 1. Distribution of days from seeding to heading, culm length (cm) and panicle length (cm) in F_2 populations and F_5 RILs of IR 66738-118-1-2 / Gayabyeo cross
: p_1 = Former parent, p_2 = Later parent.

Table 1. Estimation of heritability of days from seeding to heading, culm length and panicle length in F_5 RILs of IR 66738-118-1-2 / Gayabyeo cross ($n=210$)

Characters	Mean \pm SD		Heritability (Coefficients of regression)	Correlation coefficients
	F_2 population	F_5 RILs		
Days to heading	108 \pm 5.1	90 \pm 5.8	0.179	0.156**
Culm length (cm)	72 \pm 9.4	75 \pm 11.7	0.318	0.281**
Panicle length (cm)	27 \pm 2.9	25 \pm 3.1	0.227	0.221**

** : Significant at 1% level

Table 2. Putative main effect of QTLs affecting days from seeding to heading, culm length, panicle length in F_5 RILs of IR 66738-118-1-2 / Gayabyeo cross

Traits	QTLs	Markers bordering the QTLs	Site of left marker(cM)	LOD	R ^c	Additive gene effect
Days to heading	qDH-3	RM22-RM231	8	3.95	0.091	-1.84
	qDH-8	OSR 7-RM 44	38	5.95	0.181	-2.59
Culm length	qCL-2	RM 6-RM240	0	3.42	0.087	3.69
	qPL-1	RM200-RM 1	0	4.29	0.075	-0.96
Panicle length	qPL-3	RM251-RM 16	4	5.77	0.143	1.34
	qPL-5	RM164-RM 31	0	3.47	0.071	0.94
	qPL-7	RM 2-RM 11	2	2.22	0.055	-0.83

Table 3. Putative main effect QTLs/epistatic QTLs affecting days from seeding to heading, culm length and panicle length in F_5 RILs of IR 66738-118-1-2 / Gayabyeo cross

Traits	Epistatic QTLs	Main effect A				Main effect B				Epistatic effect (A x B)		
		Markers bordering the epistatic QTLs	Site of QTLs	Main effect R ^c	Additive gene effect	Markers bordering the epistatic QTLs	Site of QTLs	Main effect R ^c	Additive gene effect ^d	LOD	Epistatic effect R ^c	Additive gene effect
Days to heading	epDH-3,9	RM231 -OSR13	0	0.080	-1.78	OSR29 -RM201	0	0.000	0.21	4.58	0.000	0.94
	epDH-8,9	OSR 7 -RM 44	44	0.134	-2.30	RM201 -OSR12	0	0.000	0.36	6.90	0.000	-0.07
General contributions	epDH-10,11	RM244a-OSR1	14	0.000	-0.54	RM21 -RM206	2	0.000	-0.22	5.51	0.174	-2.62
	Additive			0.214		Epistasis					0.174	
Clum length	epCL-2,10	RM 6 -RM240	2	0.134	-5.10	RM258-OSR33	2	0.000	1.92	4.99	0.086	4.10
	epCL-3,3	RM 22 -RM231	0	0.000	1.03	RM168-RM 55	2	0.000	1.25	4.72	0.123	-4.90
General contributions	Additive			0.134		Epistasis					0.203	
	epPL-1,10	RM200 -RM 1	0	0.068	-0.98	RM244a-OSR1	0	0.000	0.38	4.77	0.000	-0.07
Panicle length	epPL-1,7	RM246 -OSR27	8	0.000	-0.29	RM2 -RM 11	6	0.066	-0.96	2.97	0.000	0.48
	epPL-2,5	RM53 -RM211	2	0.000	-0.22	RM163 -RM164	0	0.064	0.95	3.62	0.000	-0.34
General contributions	epPL-3,6	RM251 -RM16	4	0.188	1.62	RM217 -RM50	14	0.000	0.13	5.86	0.000	-0.50
	Additive			0.317		Epistasis					0.000	