

## 벼 중간잡종 ILs 집단 이용 저온발아성 및 까락 유전자 분석

송미희, 이승준, 리홍린, 안상낙\*

충남대학교 식물자원학부

### Mapping QTLs Controlling Low-temperature Germinability and Awn Using an *Oryza sativa* × *O. rufipogon* ILs

Mi-hee Song, Seung-Joon Lee, Le Hung Linh, and Sang-Nag Ahn\*

Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

#### 실험목적

화영벼와 *O. rufipogon*(W1944)의 교잡에서 얻어진 ILs(Introgression Lines)을 이용하여 저온발아성 및 까락과 관련된 QTLs를 확인하고자 실시하였다.

#### 재료 및 방법

o 식물재료

1) 양 친 : 화영벼, *O. rufipogon*(W1944)

2) 분리세대 : CR105 계통[(Hwayeongbyeol/ *O. rufipogon* BC1F6 RIL)/2\*Hwayeong]BC1F3 62 계통

o 방법

1) 저온발아성 : 62개 계통별 20개의 종자를 15°C 저온조건에서 9일간 2반복으로 검정.

2) 까락 측정 : 38개 계통별 까락의 유무에 의해 세 그룹으로 분류(1= non, 2=medium, 3=long).

3) QTLs 분석 : Data Desk 4.0을 이용하여 single-point analysis(SPA) 수행.

#### 결과 및 고찰

○ 화영벼와 *O. rufipogon*(W1944)을 교잡하여 얻어진 전체 120개의 BC1F6 계통 중에서 저온발아성이 양호한 한 계통을 선발하였다. 선발된 계통에 화영벼를 여교배하여 BC1F1 세대까지 진전시킨 후, 이를 CR105로 명명하고 2회 자식시켜 62계통별 BC1F3 종자를 확보하였다.

○ BC1F3를 이용 QTL 분석을 한 결과, 염색체 1번의 RM472 부근 지역에서 저온발아성에 관여하는 QTL *ltg1*과 염색체 8번의 RM331 부근 지역에서 까락에 관여하는 QTL이 탐지되었다. 이는 120개의 RILs 집단을 이용하여 검정된 QTLs과 동일한 지역에 위치하였다.

○ 120개의 RILs을 이용하여 탐지된 QTL *ltg2*는 BC1F3 계통을 이용한 실험에서는 탐지되지 못하였는데, 이는 계통 선발 과정에서 RM5651 하나만을 이용하였기 때문에 저온발아성 유전자가 선발되지 못하였거나, 유전자의 효과를 검정할 수 있을 정도로 표본의 크기가 크지 않았기 때문으로 생각된다.

○ RM331 등은 까락과 연관된 마커로서, 까락 형질 선발시 마커로 유용하게 이용될 수 있다.

연락처 : 안상낙 E-mail : ahnsn@cnu.ac.kr 전화 : 042-821-5728

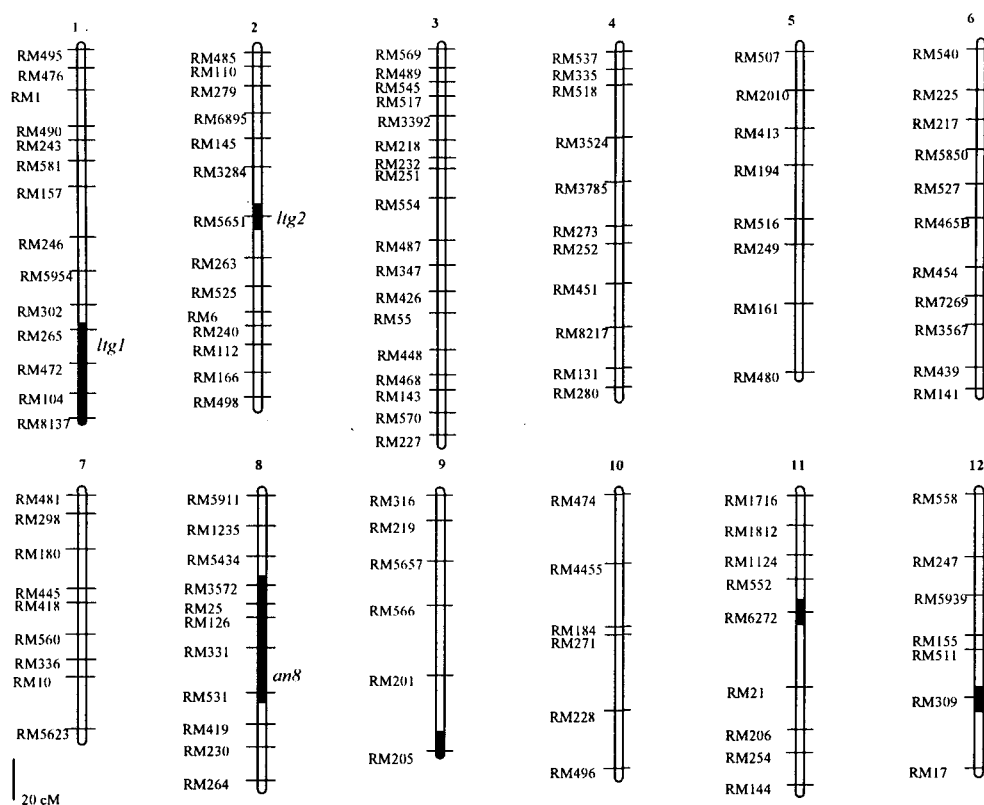


Fig. 1. Graphical genotype of the CR105 line. The solid black regions represent W1944 segments, and the white regions represent Hwayeong regions. QTLs were represented to the right of the chromosomes.

Table 1. Putative QTLs detected for low-temperature germinability and awn in the CR105 line

Gene	Chr.	Marker interval	Increased effect <sup>a</sup>	R <sup>2</sup>
<i>ltg1</i>	1	RM265-RM472	Hwayeong	10.9
<i>awn</i>	8	RM331-RM531	W1944	12.3

<sup>a</sup> : The source of the allele causing an increase in the trait measurement

Table 2. Comparison of germination ratio of different combinations of the genotypes at the two loci

Genotype		RM5651* (Chr. 2)			Mean**
		1	2	3	
RM472* (Chr. 1)	1	72.8	80.0	77.0	76.6a
	2	55.3	63.3	53.7	57.4b
	3	63.0	57.8	70.0	63.6b
Mean		63.7a	67.0a	66.9a	69.2

\* 1: Hwayeong homozygotes, 2: Hwayeong/W1944 heterozygotes, 3: W1944 homozygote.

\*\* In the mean row and column, numbers followed by the same letter are not significantly different at the 5% level.