

Oryza sativa X *O. grandiglumis* 여교배 계통을 이용한 주요형질 관련 QTLs 유전분석

윤동범¹, 강경호², 김현정¹, 권수진³, 서정필², 정오영², 안상낙^{1*}
¹충남대학교 농업생명과학대학, ²작물시험장, ³농업생명공학연구원

Confirming QTLs for agronomic traits using an Advanced Backcross from a cross between *Oryza- sativa* and *O. grandiglumis*

¹Yoon DB, ²Kang KH. , ¹Kim HJ , ³Kwon SJ, ²Suh JP, ²Jeong OY , and ^{1*}Ahn SN

¹College of Agri. & Life Sci. Chungnam National University

²National Institute of Crop Science

³National Institute of Agricultural Biotechnology

실험목적

벼 *Oryza sativa* × *O. grandiglumis* 여교배 후대 계통을 이용하여 주요 농업형질에 관여하는 QTL을 탐지하고, 연관 분자표지를 개발함

재료 및 방법

○ 식물재료 : 양친(Hwaseongbyeon, *O. grandiglumis*)과 HG101(화성/*O. grandiglumis* BC₅F₆ progeny)
화성/HG101 F_{2:3} 150개 계통

F_{2:3} 150개 계통 중 선정된 1개 계통(CR1242)의 22개 F_{3:4} 계통

○ 실험방법

- 1) 조사형질 : 출수기, 간장, 수장, 수수, 수당립수, 아밀로스함량, 립장, 립폭, 립후, 천립중, 립장폭비, 주당 수량. (완전임의 배치 2반복)
- 2) DNA 분석 : SSR 마커
- 3) QTLs 분석 : QGENE program, SAS program.

실험결과

1. 150개의 F_{2:3} 계통을 이용하여 12개의 형질에 관여하는 39개의 QTLs이 탐지되었다.
이 중 18개 유전자좌는 *O. grandiglumis*에서 유래한 대립유전자가 관련 형질을 개선시켰다.
2. F_{2:3} 집단에서 탐지된 QTLs 확인을 위해 *O. grandiglumis* 단편이 최소로 이입된 1개 계통(CR1242)을 선발하였고 세대진전을 시켜 22계통을 육성하였다.
3. 22개의 F_{3:4} 계통 CR1242에서 9개의 형질에 관여하는 26개의 QTLs이 탐지되었다.
이 중 11개의 QTLs이 F_{2:3} 집단에서 탐지된 QTLs과 동일한 위치에서 탐지되었는데 2번 염색체(RM290-RM561)와 11번 염색체(RM224-RM144)에서 각각 4개씩 탐지되었다.
(Table 1, Fig.1..)

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

Table 1. Comparison of means for 9 traits among three genotypic classes at the loci in F₄ lines.

Trait	QTL	marker	Chr.	P	Mean			Allele effect
					H/H ^b	H/G	G/G	
DTH	<i>dth4^a</i>	RM255	4	0.0277	107	108	109	0.5
CL	<i>cll1</i>	RM224-RM144	11	0.0133	90	-	94	2.0
PL	<i>pl2</i>	RM290	2	0.0014	24	-	22	-1.0
	<i>pl7</i>	RM478-RM429	7	0.0094	23	22	22	-0.5
PN	<i>pn11^a</i>	RM224	11	0.0030	10	-	12	1.0
TGW	<i>tgw2^a</i>	RM290-RM561	2	0.0001	22.9	-	26.6	1.85
	<i>tgw3</i>	RM218	3	0.0366	23.7	22.9	26.6	1.45
	<i>tgw6</i>	RM539	6	0.0343	26.1	27.4	23.8	-1.15
	<i>tgw11^a</i>	RM224-RM144	11	0.0001	26.9	-	23.3	-1.8
GT	<i>gt1</i>	RM529	1	0.0492	2.39	2.30	2.28	-0.01
	<i>gt2^a</i>	RM290	2	0.0001	2.22	-	2.40	0.09
	<i>gt3</i>	RM218	3	0.0025	2.26	2.33	2.40	0.07
	<i>gt7^a</i>	RM478-RM429	7	0.0002	2.27	2.31	2.42	0.08
GW	<i>gt11^a</i>	RM224	11	0.0069	2.39	-	2.29	-0.05
	<i>gw2^a</i>	RM290	2	0.0001	3.34	-	3.68	0.17
	<i>gw3</i>	RM218	3	0.0109	3.43	3.56	3.70	0.14
	<i>gw7</i>	RM478-RM429	7	0.0029	3.46	3.59	3.70	0.12
LW	<i>gw11^a</i>	RM224	11	0.0111	3.65	-	3.46	-0.1
	<i>lw1</i>	RM529	1	0.0389	2.89	3.01	3.05	0.08
	<i>lw2^a</i>	RM290	2	0.0001	3.12	-	2.88	-0.16
	<i>lw3-1</i>	RM218	3	0.0085	3.06	2.95	2.88	-0.09
YD	<i>lw3-2^a</i>	RM411	3	0.0002	3.86	3.08	2.99	-0.44
	<i>lw7</i>	RM478-RM429	7	0.0002	3.05	2.96	2.85	-0.1
	<i>lw11</i>	RM224-RM144	11	0.0165	3.90	-	3.03	-0.44
	<i>yd2</i>	RM290	2	0.0124	21.4	-	24.9	1.75
	<i>yd4</i>	RM255	4	0.0138	22.9	25.9	27.3	2.2

^a The loci was detected at the same location in the F_{2,3} population

^b H/H, H/G, G/G ; Hwaseongbyeo homozygotes, Hwaseongbyeo/HG heterozygotes, and HG101 homozygotes, respectively

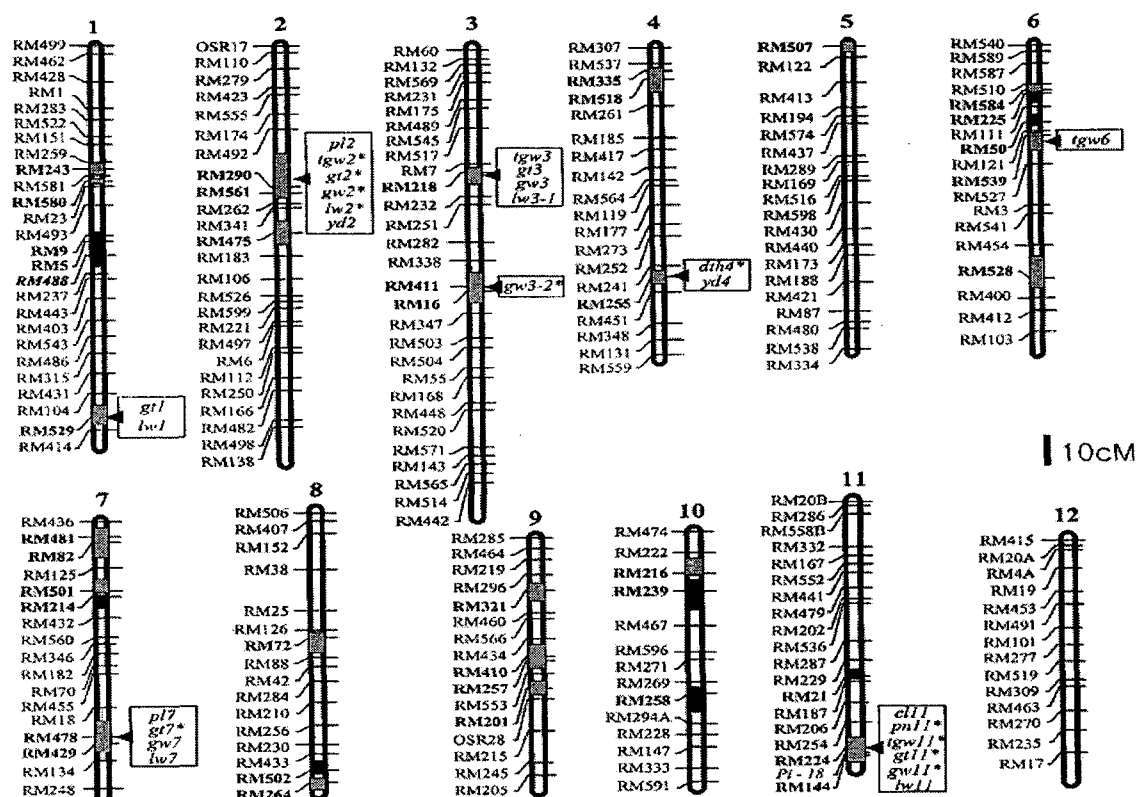


Fig. 1. Graphical genotype of the line, CR1242. Black boxes with SSR markers in bold mark the *O. grandiglumis*-specific genomic regions introgressed into HG101, and gray boxes indicate the heterozygous regions. The asterisk means same location in the F_{2,3} population.