

Oryza sativa X *O. grandiglumis* 근동질 유전자 계통이용 주요 형질 관련 QTLs의 확인
윤동변*, 강경호**, 김현정*, 홍성미**, 권수진***, 서정필**, 정오영**, 안상낙*
*충남대학교 농업생명과학대학, **작물시험장, ***농업생명공학연구원

Confirmation of quantitative trait loci for agronomic traits using near isogenic lines from a cross between *Oryza sativa* and *O. grandiglumis*

Yoon DB[†], Kang KH^{**}, Kim HJ^{*}, Hong SM^{*}, Kwon SJ^{***}, Suh JP^{**}, Jeong OY^{**}, and Ahn SN^{*}
^{*}College of Agri. & Life Sci. Chungnam National University
^{**}National Institute of Crop Science
^{***}National Institute of Agricultural Biotechnology

실험목적

벼 *Oryza sativa* × *O. grandiglumis* 근동질 유전자 계통을 이용하여 주요 농업형질에 관여하는 QTL을 확인하고, 연관 분자표지를 개발함

재료 및 방법

○ 식물재료 : 양친(Hwaseongbyeo, *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, 립장, 립폭, 립후, 천립중, 립장폭비, 주당 수량. (완전임의 배치 3반복)
- 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 집단에서 탐지된 QTLs 확인을 위해 *O. grandiglumis* 단편이 최소로 이입된 1개 계통 CR1242를 선발하여 세대진전을 시켜 22개의 계통을 육성하였다.
2. 22개의 F_{3:4} 계통 CR1242에서 9개의 형질에 관여하는 26개의 QTLs이 탐지되었다. 이 중 11개의 QTLs이 F_{2:3} 집단에서 탐지된 QTLs과 동일한 곳에 위치하였다. (Table 1)
3. Two-way ANOVA를 실시한 결과 천립중과 립폭에서 상위성이 탐색되었는데, 천립중의 경우 2번 염색체의 RM290에서는 *O. grandiglumis*의 대립유전자를 RM224에서 화성벼의 대립유전자를 가진 조합에서 가장 높은 값을 보였다.(Table 2)
4. 염색체 2번(RM290)과 11번(RM224-RM144)에서 동일 locus에 여러 형질관련 QTL이 탐지되었는데 이와같이 동일한 지역에 여러 형질에 관여하는 유전자가 밀집하고 있는 것이 연관에 의한 것인지, 다면발현에 의한 것인지 확인 중이다.

[†] Corresponding author: (Phone) 042-821-5728 (E-mail) ahnsn@cnu.ac.kr

Table 1. Comparison of means for 9 traits among three genotypic classes at the loci in F_{3.4} lines.

Trait	QTL	marker	Chr.	P	Mean			Allele effect
					H/H ^b	H/G	G/G	
DTH	<i>dth4</i> ^a	RM255	4	0.0277	107	108	109	0.5
CL	<i>cl11</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</i> ^a	RM224	11	0.0030	10	-	12	1.0
TGW	<i>tgw2</i> ^a	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</i> ^a	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</i> ^a	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</i> ^a	RM478-RM429	7	0.0002	2.27	2.31	2.42	0.08
	<i>gt11</i> ^a	RM224	11	0.0069	2.39	-	2.29	-0.05
GW	<i>gw2</i> ^a	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
	<i>gw11</i> ^a	RM224	11	0.0111	3.65	-	3.46	-0.1
LW	<i>lw1</i>	RM529	1	0.0389	2.89	3.01	3.05	0.08
	<i>lw2</i> ^a	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
	<i>lw3-2</i> ^a	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
YD	<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

Table 2. Epistatics loci for 1,000-grain weight and grain width in the F_{3.4} lines.

Trait	Marker 1(a)		Marker 2(b)		P	a ₁ b ₁	a ₁ b ₃	a ₂ b ₁	a ₂ b ₃	a ₃ b ₁	a ₃ b ₃	Type
	Name	Chr.	Name	Chr.								
TGW	RM290	2	RM224	11	0.0005	28.0	23.4	-	-	29.1	27.2	a ₁ b ₃ <a ₃ b ₃ <a ₁ b ₁ <a ₃ b ₁
	RM218	3	RM224	11	0.0001	28.8	23.4	27.9	-	29.2	27.2	a ₁ b ₃ <a ₃ b ₃ <a ₂ b ₁ <a ₁ b ₁ <a ₃ b ₁
GW	RM290	2	RM224	11	0.0009	3.50	3.68	-	-	3.26	3.67	a ₃ b ₁ <a ₁ b ₁ <a ₃ b ₃ <a ₁ b ₃

1: Hwaseong homo, 2: hetero, 3: *O. grandiglumis* homo