

## 벼 중간잡종 NILs 집단 이용 농업적 형질과 관련된 유전자의 고밀도 지도 작성

송미희, 사소파, 홍성미, 윤동범, 강주원, 안상낙<sup>†</sup>  
충남대학교

### Fine mapping of QTLs for Agronomic Traits using NILs from a cross between *Oryza rufipogon* and *O. sitiva*

M.H. Song, X. Xie, S.M. Hong, D.B. Yoon, J.W. Kang, S.N. Ahn  
College of Agri. & Life Sci., Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

#### 실험목적

화성벼와 *Oryza rufipogon* 교잡에서 얻어진 NILs를 이용하여 수수 및 반불임성 비롯한 농업적 특성에 관련된 QTL을 탐지하고자 본 실험을 실시하였다.

#### 재료 및 방법

- 공시재료
  - 양친 : *Oryza rufipogon* (IRGC 105491), Hwaseongbyeon
  - 분리세대 : BC4F3 50계통, BC4F4 200계통
- 실험방법
  - 1) 특성평가 : 출수기, 수수수, 간장, 수장, 수당립수 및 임실률
  - 2) DNA 마커 및 지도 작성 : SSR maker, mapmaker V3.0
  - 2) QTL분석 : Data Desk 4.0을 이용한 single-point analysis(SPA) 및 QTL cartographer V3.0을 이용한 composite interval mapping(CIM)

#### 실험결과

- 총 200개의 BC4F4 계통에서 마커 분석을 실시한 결과, 염색체 4번, 5번, 7번 및 8번에 *O. rufipogon*의 단편이 삽입되었으며, 많은 계통들이 임실률 및 수수 수등의 농업적 형질에서 모본인 화성과는 다른 특성을 보였다.
- QTL 분석결과, 염색체 4번의 long arm지역에서 임실률 및 수수와 관련된 QTL이 탐지되었으며, 표현형 변이 값은 각각 20.4% 및 14.6%였다.
- 현재 임실률 및 수수수와 관련된 QTLs를 포함한 NILs를 보유하고 있으며, 차후 여러번의 여교잡 및 MAS를 통하여 목표유전자를 포함한 최소한의 *O. rufipogon*의 단편이 삽입된 NILs를 선발할 예정이다. 또한 선발되어진 NIL은 불임성과 관련된 유전적 메카니즘을 연구하거나 임실률 및 분월수와 관련된 유전자 cloning에 좋은 재료가 될 것이라 사료된다.

<sup>†</sup> Corresponding author: (Phone) 042-821-5728 (E-mail) ahnsn@cnu.ac.kr

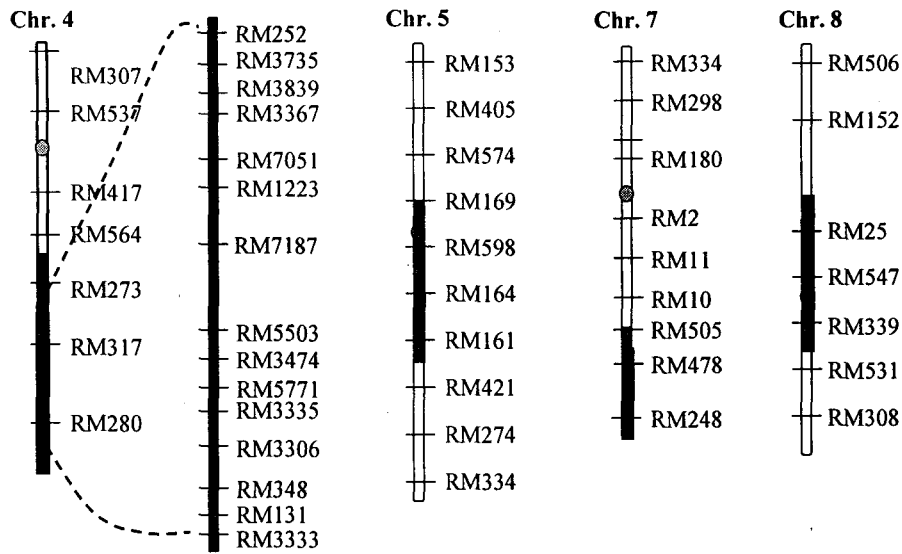


Fig. 1. Graphical genotype of BC3F4 lines. The solid black regions represent *O. rufipogon* segments, and white regions represent Hwaseong segments.

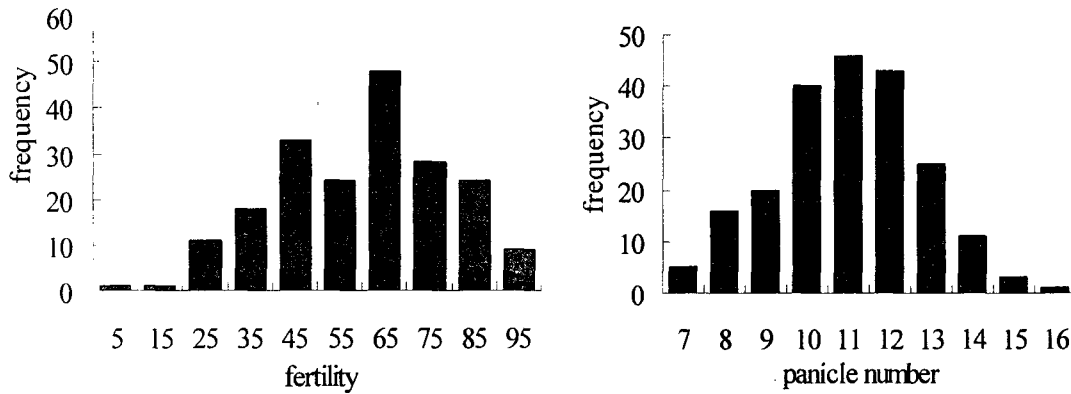


Fig. 2. Frequency distribution of fertility and panicle number in the 200 BC3F4 lines

Table 1. Putative QTLs detected for panicle number and semi-sterility in BC3F4

QTL	Chr.	marker interval	Phenotypic mean <sup>a</sup>			R <sup>2b</sup>	P-value
			HH	HR	RR		
<i>pn4</i>	4	RM3474-RM3333	10.2	11.7	12.4	20.4	<0.0001
<i>S-9(?)</i>	4	RM273-RM280	68.3	71.1	53.0	14.6	<0.0001

<sup>a</sup> HH: Phenotypic means of the Hwaseongbyeo homozygote, <sup>b</sup>HR: Phenotypic means of the Hwaseongbyeo/*O. rufipogon* heterozygote, <sup>c</sup>RR: Phenotypic means of *O. rufipogon* homozygote <sup>d</sup>: Percentage of the phenotypic variance explained by the QTL