

## 벼멸구 저항성 여교잡 집단의 등숙특성 QTL 분석

영남농업연구소; 이종희<sup>†</sup>, 여운상, 곽도연, 박동수, 오병근, 구연충, 김호영  
경북대학교 농학과 손재근

### QTL Analysis of Ripening Traits in Backcross Inbred Lines Containing BPH Resistance Gene in Rice

Yeongnam Agricultural Research Institute : J.H. Lee\*, U.S Yeo, D.Y. Kwak,  
D.S. Park, B.G. Oh, Y.C. Ku, H.Y. Kim,  
Kyungpook National University : J.K. Sohn

#### 실험목적

벼멸구 저항성이 도입된 여교잡 집단의 등숙율 및 현미완전미율에 대한 QTLs 분석을 통하여 고품질 벼멸구 저항성 품종육성을 위한 기초자료로 활용하고자 수행함.

#### 재료 및 방법

##### ○ 공시재료

통일형 품종인 삼강벼의 벼멸구 저항성유전자 *Bph1*을 자포니카 품종인 낙동벼로 도입하고자 BCnF<sub>1</sub> 세대에서 벼멸구 저항성을 검정하여 저항성인 계통을 낙동벼로 5회 여교배하여 육성한 BC<sub>5</sub>F<sub>5</sub> 세대(backcross inbred lines; BIL) 130계통을 이용하였음.

##### ○ 실험방법

- 재배방법 : 계통당 3열씩 주당 3본으로 이앙하여 보통기 보비재배함.
- 등숙관련 형질조사
  - o 등숙율 : 계통당 3주씩 수확후 염수선하여 완전립과 불완전립의 비율로 구함
  - o 현미완전미율 : 미립판별기(RN-500, Kett, Japan)을 이용하여 조사
  - o 벼멸구 저항성 검정 : 벼멸구 생태형 I을 접종하여 집단 중요검정법
- QTL분석
 

유전자 지도 작성은 McCouch *et al.*(2002)이 보고한 유전자지도에 의거하여 위치와 거리를 표시하였으며, Mapmaker(v2.0) program에 의해 연관분석, QGENE program(V3.06)에 의해 등숙관련 QTL을 분석 하였다.

#### 실험결과

- 벼멸구 저항성 계통들은 감수성 계통들에 비해 등숙율 및 현미완전미율이 유의하게 높았으며, 수당립수는 감소하였음.
- QTL 분석에서 등숙율과 현미완전미율은 벼멸구 저항성 유전자가 포함된 RM3813-RM5609사이에서 등숙관련 QTL(*gfr12*)와 현미완전미율 관련 QTL(*bhr12*)이 탐색되었으며, 각각 전체 표현형 변이의 23%와 21%를 설명 가능한 것으로 분석 되었음.

---

<sup>†</sup> Corresponding author: (Phone) 055-350-1156 (E-mail) ccrljh@rda.go.kr

Table 1. Correlation coefficients among six traits in the BILs derived from Samgnabyeo × Nagdongbyeo.

Traits	PL <sup>b</sup>	NPH	NSP	GFR	BHR
No. of panicle per hill(PNH)	-0.099 ns				
No. of spikelet per panicle(NSP)	0.329 **	-0.354 **			
Grain filling ratio(GFR)	-0.186 *	-0.066 ns	-0.387 **		
Head rice ratio (BHR)	-0.087 ns	0.100 ns	-0.386 **	0.566 **	
Yield	0.232 **	0.071 ns	0.223 **	-0.143 ns	-0.261 **

<sup>b</sup>PL : panicle length \* , \*\* ; Significant at P = 0.05, P = 0.01

Table 2. Putative QTLs detected for grain filling ratio and head rice ratio of brown rice in backcross inbred liens.

Traits	QTL	Marker	Chr.	LOD	P	R <sup>2</sup> (%)	Allele effect
Grain filling ratio	<i>gfr12</i>	RM3813-RM5609	12	7.59	0.0000	23.0	2.04
Head rice ratio	<i>bhr12</i>	RM3813-RM5609	12	6.82	0.0000	21.0	1.82

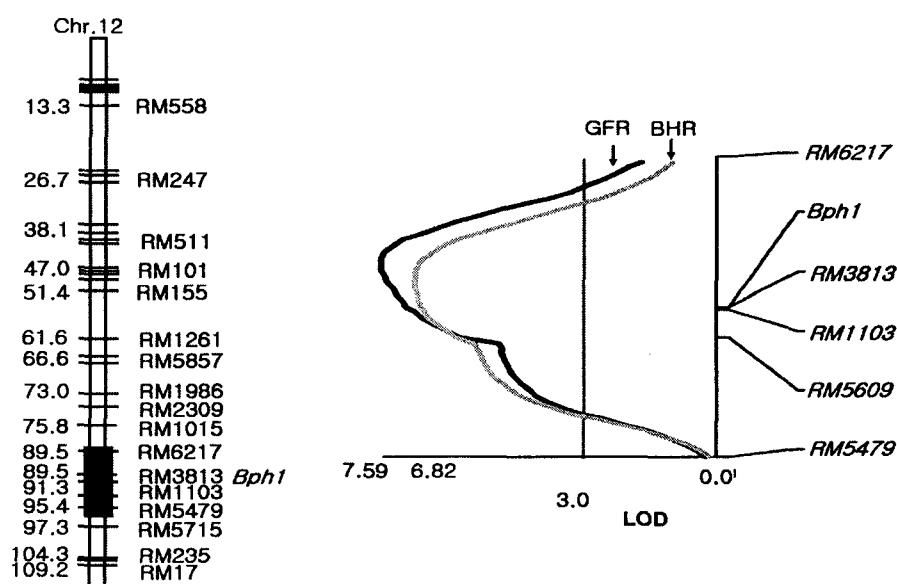


Fig. 1. Mapping of QTLs and lagarithm of odds (LOD) score detected for grain filling ratio and head rice ratio of brown rice in backcross inbred liens.

The solid bar represent introgression region derived from donor parent Samgangbyeo