벼 아종간 잡종불임 관련 양적형질 유전자좌와 이상분리와의 관계

서울대학교 : 진중현, 추상호, 강문수, 조혜리, 고희종*

Analysis of Inter-subspecific hybrid sterility QTLs and Their Relations to Segregation Distortion

Seoul National University : Joong-Hyoun Chin, Sang-Ho Chu, Wenzhu Jiang, Hye-Ri Cho, and Hee-Jong Koh*

실험목적

벼 아종간 (인디카/자포니카간) 교잡시 유발되는 잡종불임과 관련된 게놈의 위치를 확인하고, 그 유전적 특성을 분석하여, 벼 아종간 교잡 장벽을 극복하는 정보로 활용코자 함.

재료 및 방법

○ 공시재료

- 양친 : 다산벼 (인디카), TR22183 (자포니카)
- 분석집단 : 다산벼/TR22183 RILs (DT RILs) 166 개
  각 계통에 대한 양친 여교배집단
  - 165 다산벼//DT RIL (*i//i/j*), 162 TR22183//DT RIL (*j//i/j*)

○ 실험방법

- Genotyping and Mapping
  - o 227 microsatellite, STS markers
  - o Joinmap 3.0 (Threshold LOD 3.0), Qgene 3.06 (Threshold by 1,000 shuffles permutation), EPISTACY
- Phenotyping
  - o 일반농업형질 - DTH (출수기), CL (간장), PL (수장), CTS (유묘기 내냉성), SH (탈립성), GLWR (정조장폭비), BLWR (현미장폭비), SD (착립밀도), SF (임실률), PF (화분임성), KCL(염소산칼리저항성), PH(페놀반응), ADV(알칼리붕괴도)
  - o 잡종불임 관련형질 - SFI(spikelet fertility with Dasanbyeo(*indica*) backcrossed) PFI(pollen fertility with Dasanbyeo *(indica)* backcrossed), SFJ(spikelet fertility with TR22183 *(japonica)* backcrossed), PFJ(pollen fertility with TR22183 *(japonica)* backcrossed)

실험결과

○ 벼 아종간 잡종불임 양적형질 유전자좌는 5 번 염색체의 S05009~S05014A (SFI), S05004~S05029, RM267~RM249 (이상 SFJ), S05004~S05029, S05036~RM413 (이상 PFI), RM122~S05029, RM593~RM249 (이상 PFJ)에서 동정되었다. 또, 8 번 염색체에 세포질효과에 의한 잡종불임 QTL 이 동정되었다.

○ 5 번 염색체 잡종불임 QTL 의 LOD 값의 변화는 각 좌위별 이상분리의 경향과 유사하여 잡종불임 QTL 과 allele 경합과 관련이 있는 것으로 생각되었다.

연락처 : 고희종 E-mail : heejkoh@snu.ac.kr 전화 : 02-880-4541

Table 1. QTLs identified for inter-subspecific hybrid fertility and agronomic traits

Trait	Chrom.[1]	Interval	r^{2}(%)[2]	LOD[3]	A[4]	Trait	Chrom.	Interval	r^{2}(%)	LOD	A
CL	1	S01140~S01160	11 59	4 44	-4 78	SF	4	S04077~RM317	10 48	3 99	-4 77
	1	S01160~RM104	9 40	3 56	-3 81		7	RM118~S07099	8 21	3 09	4 84
SH	1	S01140~S01160	23 00	9 42	13 23		7	S07099~RM420	9 45	3 58	5 37
	1	S01160~RM104	16 13	6 34	9 91	ADV	1	RM84~RM283	9 24	3 43	-0 38
DTH	7	S07103~RM420	8 27	3 11	2 45		8	RM72~RM126	8 15	3 01	0 37
	8	RM350~RM342A	25 08	10 41	4 61		9	S9093 5~RM278	8 90	3 30	0 33
	8	RM342A~S08090	18 54	7 39	3 87		11	S11028~S11055B	9 67	3 60	-0 37
	10	RM467~RM216	8 09	3 04	2 29	PH	2	S02054~S02057	8 39	3 16	0 25
	10	S10001A~S10048	11 00	4 20	2 63		4	S04077~S04128	39 83	18 31	0 61
GLWR	2	RM475~S02057	9 41	3 54	0 08		4	S04129~RM124	9 00	3 40	0 25
	7	S07103~RM420	8 52	3 19	-0 09	Hybrid-sterility related					
BLWR	2	RM475~S02081	13 89	5 36	0 07	SFI	5	S05009~S05014	9 20	3 46	5 26
	2	S02085~RM71	9 23	3 47	0 07	SFJ	5	S05004~S05029	26 12	10 65	-13 98
GW	3	S03046~RM251	8 16	3 05	-0 96		5	RM267~RM249	18 99	7 41	-12 29
	5	RM161~RM440	8 44	3 16	0 9		8	RM72~RM342A	10 57	3 93	12 02
	5	RM440~RM538	10 61	4 02	1 07		8	RM342A~S08066	11 86	4 44	11 82
	5	RM538~RM421	7 98	2 98	0 96	PFI	5	S05004~S05029	19 72	7 87	9 52
	7	S07103~RM420	8 26	3 09	0 85		5	S05036~RM413	9 33	3 51	6 23
	12	RM20A~RM4A	11 21	4 26	-1 32	PFJ	5	RM122~S05029	20 79	8 20	-16 14
KCL	1	RM600~RM312	9 39	3 47	0 25		5	RM593~RM249	17 83	6 91	-14 3

[1] Chrom : No. of chromosome [2] r^{2} : effectiveness of QTL

[3] LOD . Logarithm of odds number [4] A : additive effect of positive allele

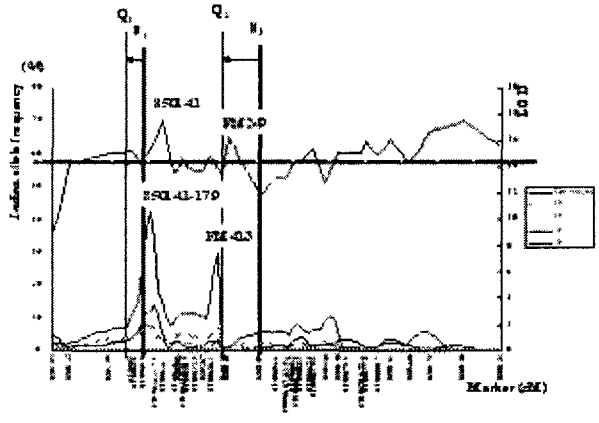

Figure 1. Hybrid sterility QTLs and related E-QTLs for some agronomic traits on chromosome 5

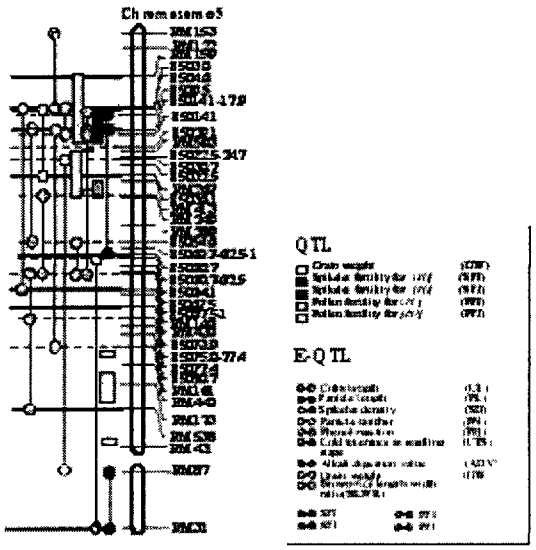

Figure 2. Relationship between hybrid sterility QTLs (Q) and segregation distortion (S) on chromosome 5 in DT RIL