

## 벼 밀양 23호 × 기호벼 재조합 자식계통의 지역에 따른 품질 특성 관련 QTL 분석

곽태순\*† · 여준환\* · 은무영\*\* · 차영순\*\*

\*상지대학교 환경식물공학과, \*\*농촌진흥청 농업생명공학연구원

### QTL for Quality Properties in the Milyang23 × Gyhobyeo Recombinant Inbred Lines by Different Locations

Tae-Soon Kwak\*†, Jun-Hwan Yeo\*, Moo-Young Eun\*\*, and Young-Soon Cha\*\*

\*Life Science and Natural Resources College, Sangju University, Wonju 220-702, Korea

\*\*National Institute of Agricultural Biotechnology, RDA, Suwon 441-100, Korea

**ABSTRACT :** The purpose of this study was to locate the quantitative trait loci (QTL) associated with quality properties in the recombinant inbred lines derived from the 'Milyang 23' and 'Gihobyeo' cross. Four quality-related traits; protein content, amylose content, fat acid content and sensory value were measured. Eight QTLs for protein content were detected on chromosomes 1 (two loci), 3, 6, 7 and 8 (three loci), each accounting for 6.0%~15.2% of the phenotypic variation. Three QTLs for amylose content were detected on chromosomes 6 and 7 (two loci), each explaining from 7.3% to 24.4% of the phenotypic variation. Six QTLs for fat acid content were detected on chromosomes 2 (two loci), 3, 6 (two loci) and 7, each explaining from 5.5% to 14.0% of the phenotypic variation. Six QTLs for sensory value were detected on chromosomes 2, 6, 7(two loci) and 8 (two loci), each accounting for 5.5%~10.3% of the phenotypic variation.

**Keywords:** rice, protein, amylose, fatty acid, grain quality value, QTL, M/G RIL

벼는 세계인구가 주식으로 이용하는 작물 중 하나로써 중요 식량작물의 한 축을 이루고 있다 우리나라 또한, 주요 식량작물로 이용되고 있다. 그러나 시대의 흐름에 따라 육종 목표의 변화가 일어나고 있다. 과거 우리나라는 식량의 부족으로 쌀의 양적 증산에만 치중하였다. 그러나 근래에 와서는 쌀의 양적 증산의 안정과 소비자의 소득수준 향상 및 식생활의 변화로 인하여 양적 증산보다는 질적인 면으로 영양학적 가치와 식미 등에 많은 관심이 커지면서 고도의 양질벼 육종으로 전환되어 왔다. 쌀의 품질은 이화학적 특성에 의하여 많은 영향

을 받는다 특히, 단백질함량과 아밀로오스함량이 주요한 인자로 작용하는데, 단백질함량은 높을수록 벼의 품질이 떨어지며, 아밀로오스함량은 쌀의 조리특성과 밥의 조직감이나 광택 등 식미를 결정하는 주요 요인으로 알려져 있다(Goodman & Rao, 1984).

벼의 염색체는 n=12개이며, 이배체 식물로서 단자엽 식물 중에서 비교적 작은 계통을 가지고 있는 작물이다 (Arumuganathan & Earle, 1991) 벼 연관군 지도의 작성은 Nagao & Takahashi(1963)에 의하여 12개 연관군으로 구성된 최초의 벼 유전자지도가 보고되었으며, 우리나라에서는 Cho *et al.*(1998a)에 의하여 통일형의 밀양 23호와 자포니카형 기호벼의 재조합 자식성 유전집단(M/G RIL)에 의하여 기본 분자유전자 지도가 작성되어 있다.

분자 생물학의 발달로 형질 발현과 관련하여 여러 개의 유전자가 관여하는 양적형질에 대해서도 유전자의 염색체상 위치를 구체적으로 찾을 수 있는 유전자 지도 작성이 가능하게 되었다(Yano & Sasaki, 1997). 또한, Tanksley(1993)는 양적형질 유전자좌 분석을 통하여 각각의 형질발현에 영향을 미치는 유전자의 수와 염색체의 위치뿐만 아니라 각 유전자의 상대적 기여도에 관한 정보도 얻을 수 있음을 보고하였다

육종적으로 중요한 형질들의 분자표지유전자들이 많이 개발되어 있으며, 도열병 저항성 유전자(Yu *et al.*, 1991; Ronald *et al.*, 1992), 향미 유전자(Ahn *et al.*, 1992), 감광성 유전자(Mackill *et al.*, 1993), 왜성 유전자(Cho *et al.*, 1994) 및 유묘활력 유전자(Redona & Mackill, 1996)등 많은 농업적 형질들에 대한 분자표지유전자들이 개발되었다

M/G RIL을 이용한 양적형질 유전자좌 분석에 있어 Kang *et al.*(1998a)은 출수일수에 관여하는 4개의 QTLs를 찾았으며, 간장에 관여하는 1개의 QTL을 찾았다고 보고하였으며, 쌀의 화학적 특성에 대한 양적형질 유전자좌 분석에 있어서도 아미

†Corresponding author (Phone) +82-33-730-0512 (E-mail) tskwak@mail.sangju.ac.kr <Received September 10, 2004>

로오스함량은 7, 8번 염색체에서 각각 1개, K 함량은 6, 7번 염색체에서 각각 1개, Mg/K 및 지방산함량은 7번 염색체에서 각각 1개, 회분은 7, 8번 염색체에서 각각 1개의 QTL이 있음을 보고하였다(Kang *et al.*, 1998b). 또한, M/G RIL의 유묘 관련 양적형질 유전자좌 분석(Pi *et al.*, 2001), 약배양시 캘러스 형식 및 식물체 재분화 능력과 관련된 양적형질 유전자좌 분석(Kwon *et al.*, 2000)이 보고되어 있다.

본 연구는 품질에 관여하는 형질들의 유용 유전자를 발굴할 목적으로, 벼의 품질과 관련된 유전자의 염색체상의 위치를 밝히고자 원주, 대구 및 익산 지역에서 재배하여 수확한 밀양 23호/기호벼 조합의 재조합 자식성 유전집단 164 계통(M/G RIL : Milyang 23/Gihobyeo recombinant inbred lines)의 단백질함량, 아밀로오스함량, 지방산함량 및 식미평가를 이용한 양적형질 유전자좌를 분석하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다

## 재료 및 방법

### 공시재료 및 처리내용

공시재료로는 밀양 23호와 기호벼가 교배된 재조합 자식성 유전집단 164계통(M/G RIL: Milyang 23/Gihobyeo recombinant inbred lines)을 공시하였다. 양적형질 조사는 양적형질의 지역간 변이성을 알아보기 위하여 원주, 대구 및 익산지역에서 2002년 각 계통별로 재배되어 채종된 종자를 이용하였다. 양적형질의 조사 방법은 지역에 따라 계통별로 재배된 정조를 도정 후 Kett사의 AN-700을 이용하여 아밀로오스함량, 단백질함량, 지방산함량 및 식미평가를 각각 계통별로 3반복 조사하였다

### 양적형질 유전자좌(QTL) 분석

벼의 품질관련 형질들의 QTL 분석은 농촌진흥청 농업생명공학연구원서 밀양 23호와 기호벼가 교배된 재조합 자식성 유전 집단 164 계통을 이용하여 작성된 M/G RI 유전자지도(Cho *et al.*, 1998b)를 이용하였다. M/G RI 164 계통의 품질관련형질인 아밀로오스함량, 단백질함량, 지방산함량 및 식미평가를 이용한 QTL 분석은 QGENE(Nelson 1997) 프로그램을 이용하였으며, interval mapping analysis(Lander & Botstein, 1989) 방법에 의하여 분석을 실시하였다. 신뢰도에 있어서는 신뢰도가 높은 QTL을 찾기 위하여 LOD(logarithm of odds) 2.0 이상인 값을 선택하였다

## 결과 및 고찰

### 미질 특성 검정

M/G RI 164 계통의 지역에 따른 미질 특성에 대한 빈도분포를 조사한 바 다음과 같다(Fig. 1). 지역에 따른 단백질함량

에 있어 원주에서 밀양 23호는 70%, 기호벼가 6.1% 이었으며, 익산은 밀양 23호가 5.5%, 기호벼가 6.8%이었다. 또한, 대구에서는 밀양 23호가 4.2%, 기호벼가 4.6%로 타 지역보다 단백질함량이 낮은 것으로 나타났다. 분포범위에 있어서는 원주는 5.9~14.0%, 익산은 5.5~12.0% 사이에 분포하였으며, 대구는 4.2~9.5%로 대구에서 재배한 M/G RI 계통이 다른 지역보다 낮은 단백질함량으로 분포되어 있음을 알 수 있었다. 또한, 양친의 범위보다 높은 단백질함량을 나타내는 초월분리 현상도 나타났으며 변이 폭도 넓게 분포되어 있음을 알 수 있었다. 아밀로오스함량에 있어서는 원주는 밀양23호 20.07%, 기호벼 20.23%로 나타났으며, 익산은 밀양 23호가 20.47%, 기호벼가 20.30% 이었다. 대구에서는 밀양 23호가 20.73%, 기호벼는 20.43%로 나타났으며, 분포범위에 있어서는 원주 19.4~20.5%, 익산 19.5~20.7%, 대구 19.7~20.7%의 변이 폭을 보였다. 지방산함량은 원주의 밀양 23호 26.7 KOHmg/100 g, 기호벼 27.2 KOHmg/100 g이었으며, 익산은 밀양 23호 29.7 KOHmg/100 g, 기호벼 27.6 KOHmg/100 g, 대구는 밀양 23호 30.7 KOHmg/100 g, 기호벼 29.2 KOHmg/100 g을 나타내었으며, 분포범위는 원주 21.2~29.1 KOHmg/100 g, 익산 21.6~30.1 KOHmg/100 g, 대구 23.8~36.6 KOHmg/100 g을 나타내었다. 양질의 평가 기준이 되는 식미평가치에 있어서는 원주 밀양 23호는 66을 기호벼는 71을 보였으며, 익산은 밀양 23호 73, 기호벼 65 대구에서는 밀양 23호가 81, 기호벼가 79를 나타내었다. 또한, 분포범위에 있어서는 원주 41~71, 익산 44~72, 대구 51~81을 나타내었다. 지역에 따른 단백질, 아밀로오스, 지방산함량 및 식미평가치에 있어서는 원주는 단백질함량을 제외한 아밀로오스, 지방산함량 및 식미평가치에 있어 밀양 23호 보다 기호벼가 높게 나타났으나, 익산 및 대구에서는 밀양 23호의 단백질함량이 기호벼보다 낮고, 아밀로오스함량, 지방산함량 및 식미평가치는 높은 것으로 나타났다. 품질 특성 형질들의 지역간 차이가 일어나는 원인은 자연환경의 차이에 의한 것으로 추정된다. 특히, 단백질함량과 식미평가치는 환경변화에 대하여 민감한 반응을 보였으며, 아밀로오스함량 및 지방산함량은 환경변화에 대한 반응이 적은 것으로 판단된다

### 양적형질 유전자좌(QTL) 분석

M/G RI 164 계통의 지역에 따른 단백질함량, 아밀로오스함량, 지방산함량 및 식미평가치에 대한 QTL을 분석한 결과 원주에서 7개, 대구에서 10개 그리고 익산에서 6개의 유의성 있는 QTLs가 검정되었다(Table 1, Fig. 2)

원주에서의 7개의 QTLs 중 단백질함량은 6번과 8번 염색체에서 각 1개씩 QTLs가 검정되었고, 아밀로오스함량과 지방산함량 QTL은 6번 염색체에서 1개씩 확인되었다. 또한, 식미평가치에 있어서는 6번, 7번 및 8번 염색체에서 각각 1개씩 QTLs가 검정되었다 이들 각 QTL을 qPRO6, qPRO8-2,

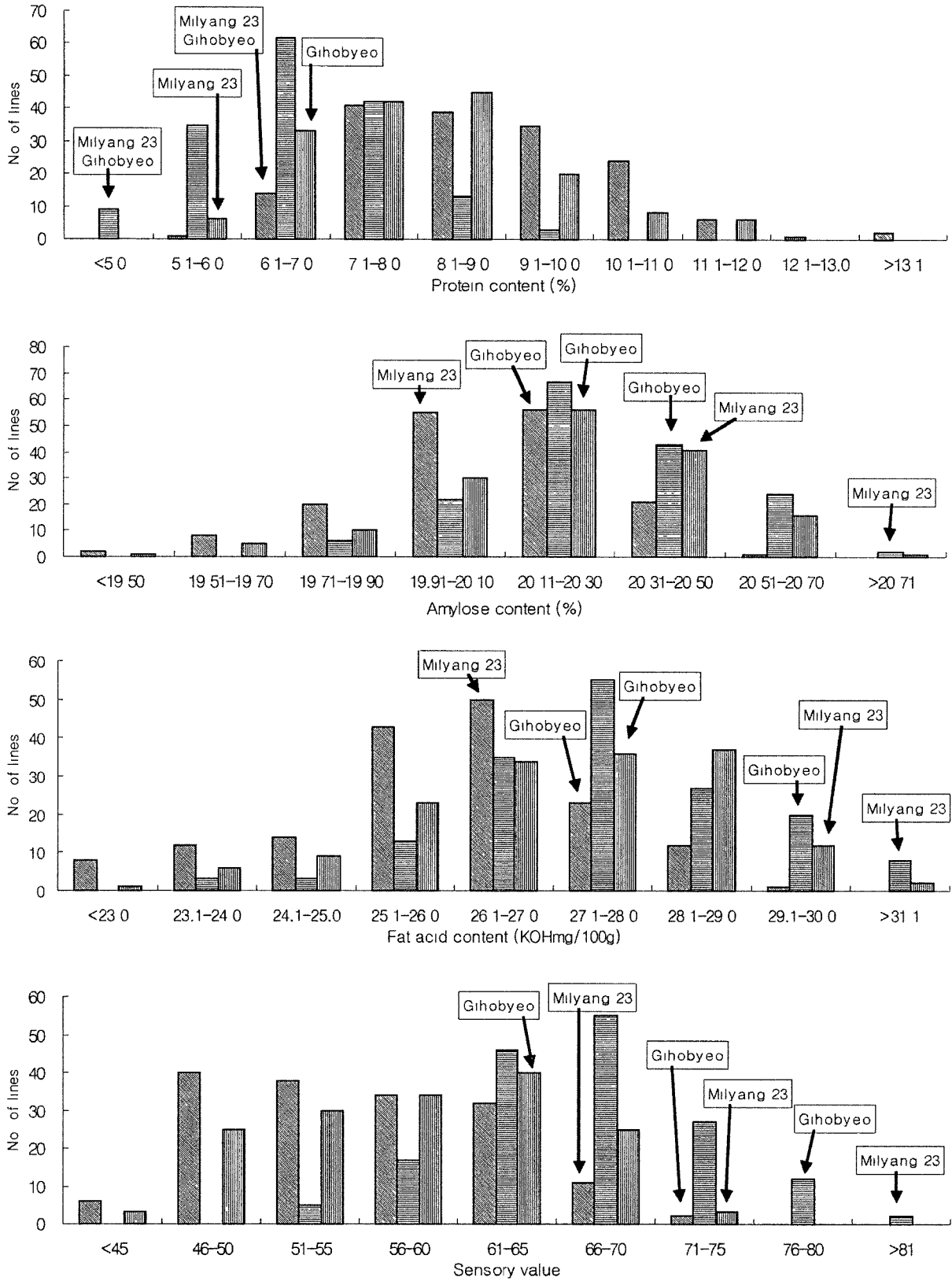


Fig. 1. Frequency distribution of quality properties in the M/G RILs by the locations. ▨: Wonju, ▩: Daegu, ▪: Iksan.

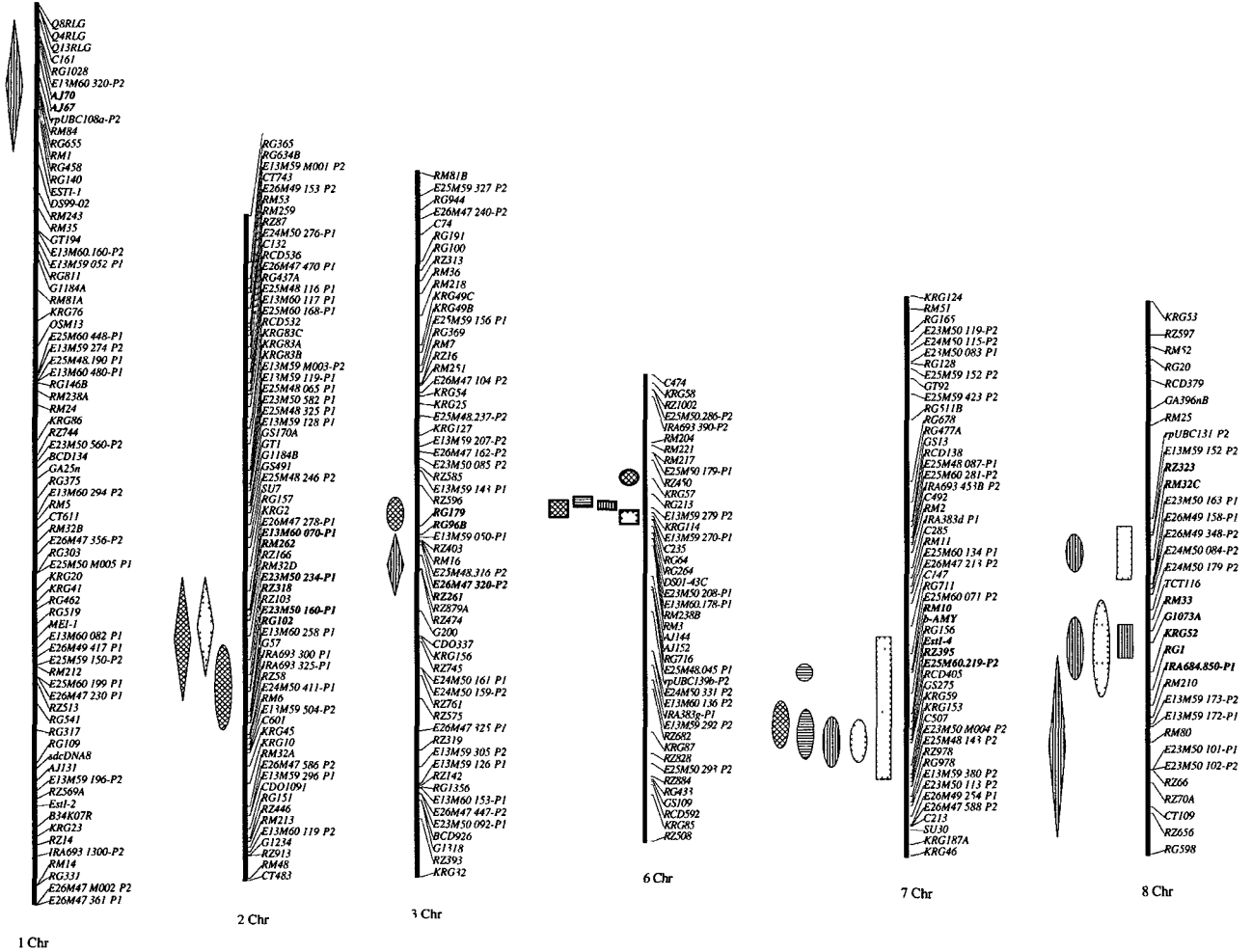


Fig. 2. QTL detected for chemical properties in the M/G RILs by the locations. □: Wonju, ○: Daegu, ◇: Iksan, ▨: Protein cont, ▩: Amylose cont, ▧: Fat acid cont, ■: Sensory value

qAMY6, qFAT6-1, qSEN6, qSEN7-2 및 qSEN8-2로 명명하였다. qPRO6은 E13M59.279-P2~RG213 사이에, qPRO8-2는 G1073A~RM33, qAMY6은 qPRO6과 동일한 위치에서 확인되었다 또한, qFAT6-1과 qSEN6은 KRG114~E13M59.279-P2의 동일한 위치에 QTL이 확인되었다 qSEN7-2는 b-AMY~RM10, qSEN8-2는 RM32C~RZ323 사이에 각각 위치하고 있음이 확인되었다 대구에서 확인된 10개의 QTLs 중 단백질함량은 7번과 8번 염색체에서 각 1개의 QTLs, 아밀로오스함량은 7번 염색체에서 2개의 QTLs, 지방산함량은 2번, 3번, 6번 및 7번 염색체에서 각각 1개씩 QTLs가 확인되었다 또한 식미평가치에 있어 7번과 8번 염색체에서 1개씩 QTLs가 위치하고 있었다. 이들 QTLs는 각각 qPRO7, qPRO8-1, qAMY7-1, qAMY7-2, qFAT2-1, qFAT3, qFAT6-2, qFAT7, qSEN7-1 및 qSEN8-1로 각각 명명하였다 qPRO7은 RZ395~Est1-4 사이에, qPRO8-1은 KRG52~G1073A, qAMY7-1은 E25M60 219-P2~RZ395, qAMY7-2는 b-AMY~RM10, qFAT2-

1은 RG102~E23M50 160-P1, qFAT3은 RG96B~RG179, qFAT6-2는 RG213~KRG57 사이에 확인되었으며, qFAT7, qSEN7-1은 qPRO7과 동일한 위치에 있었으며, qSEN8-1은 G1073A~RM33 사이에 위치하고 있음이 확인되었다 또한, 익산에서 확인된 6개의 QTLs 중 단백질함량에 있어서는 1번 염색체에서 2개, 3번과 8번 염색체에서 각 1개씩 검정되었으며, 지방산함량 및 식미평가치는 2번 염색체에서 각 1개씩 확인되었다. 그러나 아밀로오스함량에 있어서는 관련된 유의성 있는 QTL이 탐색되지 않았다 이들 각 QTL을 qPRO1-1, qPRO1-2, qPRO3, qPRO8-3, qFAT2-2 및 qSEN2로 명명하였으며, qPRO1-1은 RG140~RG458, qPRO1-2는 AJ67~AJ70, qPRO3은 RZ261~E26M47.320-P2, qPRO8-3은 IRA684.850-P1~RG1, qFAT2-2는 RZ318~E23M50.234-P1 및 qSEN2는 RM262~E13M60.070-P1에 위치하고 있음을 알 수 있었다.

단백질함량과 관련하여 원주, 대구, 익산에서 확인된 8개의 QTLs가 설명할 수 있는 표현형 변이는 최소 60%에서 최대

**Table 1.** Characteristics of QTLs associated with protein, amylose, fatty acid content and quality value in 164 M/G RILs by the location

Traits	Location	QTLs	Chr.	Marker interval	LOD <sup>a</sup>	Variation(%) <sup>b</sup>	Additive effect <sup>c</sup>
Protein content	Wonju	qPRO6	6	E13M59.279-P2~RG213 <sup>d</sup>	5.9	15.2	2.1
		qPRO8-2	8	G1073A~RM33	2.8	7.5	0.5
	Daegu	qPRO7	7	RZ395~Est1-4	4.1	10.9	-0.4
		qPRO8-1	8	KRG52~G1073A	3.1	8.3	0.4
	Iksan	qPRO1-1	1	RG140~RG458	2.2	6.0	0.5
		qPRO1-2	1	AJ67~AJ70	2.6	7.0	0.5
		qPRO3	3	RZ261~E26M47.320-P2	2.2	9.9	-0.5
	qPRO8-3	8	IRA684.850-P1~RG1	2.3	6.2	0.5	
Amylose content	Wonju	qAMY6	6	E13M59.279-P2~RG213	9.9	24.4	2.5
	Daegu	qAMY7-1	7	E25M60.219-P2~RZ395	2.7	7.3	0.1
		qAMY7-2	7	b-AMY~RM10	3.3	8.9	0.1
Fatty acid content	Wonju	qFAT6-1	6	KRG114~E13M59.279-P2	5.1	13.3	2.2
	Daegu	qFAT2-1	2	RG102~E23M50.160-P1	2.9	7.7	0.5
		qFAT3	3	RG96B~RG179	2.7	7.3	0.5
	qFAT6-2	6	RG213~KRG57	2.0	5.5	0.5	
	qFAT7	7	RZ395~Est1-4	5.4	14.0	0.6	
	Iksan	qFAT2-2	2	RZ318~E23M50.234-P1	2.0	5.5	1.1
Sensory value	Wonju	qSEN6	6	KRG114~E13M59.279-P2	2.0	5.5	4.5
		qSEN7-2	7	b-AMY~RM10	2.0	5.5	2.0
	qSEN8-2	8	RM32C~RZ323	2.2	6.1	-2.2	
	Daegu	qSEN7-1	7	RZ395~Est1-4	3.9	10.3	2.1
		qSEN8-1	8	G1073A~RM33	2.4	6.5	-1.8
	Iksan	qSEN2	2	RM262~E13M60.070-P1	2.6	7.0	3.1

a : Maximum likelihood LOD score for individual QTLs

b : Phenotypic variation explained by each QTL

c : Positive values indicated that alleles from Milyang 23 are in the direction of increasing the trait score, and negative values indicated that alleles from Gihobyeo are in the direction of increasing the score.

d : DNA markers with maximum likelihood LOD score between the two flanking markers

15.2%로 나타났다. 단백질함량과 관련한 QTLs 중 qPRO6, qPRO8-2, qPRO8-1, qPRO1-1, qPRO1-2 및 qPRO8-3은 밀양 23호의 대립유전자에 의해, qPRO7 및 qPRO3은 기호벼의 대립 유전자에 의하여 단백질함량이 증가하는 것으로 분석되었다. 아밀로오스함량에서 확인된 3개의 QTLs의 표현형 변이는 7.3~24.4% 이었으며, 지방산함량과 관련하여 확인된 6개의 QTLs가 설명할 수 있는 표현형 변이는 5.5~14.0%로 나타났으며, 아밀로오스함량과 지방산함량에서 탐색된 QTLs는 모두 밀양 23의 대립유전자에 의하여 증가하는 것으로 나타났다. 또한 식미평가치에 있어서 6개의 QTLs가 확인되었는데 이들의 표현형 변이는 5.5~10.3%이었으며, qSEN6, qSEN7-2, qSEN7-1 및 qSEN2는 밀양 23호의 대립유전자에 의해, SEN8-2 및 qSEN8-1은 기호벼의 대립유전자에 의하여 식미평가치가 높아지는 것을 알 수 있었다. 그리고 대구에서 확인된 qSEN8-1과 원주에서 확인된 qPRO8-2는 동일한 위치에서 확인되었지만 유전자의 상가적 효과는 -1.8과 0.5로 상반된 양상을 보였다. 밀양 23호와 기호벼의 식미평가치에 있어 원주에

서는 기호벼가 밀양 23호보다 식미평가치가 높았으며, 대구 및 익산에서는 밀양 23호가 기호벼보다 식미평가치가 높게 나타났다. 뿐만 아니라 단백질함량은 식미평가치와 관련이 높은 것으로 알려져 있고, 원주에서는 기호벼의 단백질함량이 낮아 식미평가치가 높은 것으로 판단되며, 대구와 익산에서는 밀양 23호의 단백질함량이 기호벼보다 낮아 식미평가치가 높은 것으로 생각된다. 이러한 이유는 원주는 밀양 23호보다 기호벼의 재배적 적지로 생각되며, 대구와 익산에서는 기호벼보다 밀양 23호의 재배에 있어 유리한 것으로 판단된다.

Cho *et al.* (2004)에 따르면 일품벼/모로베레칸의 186 RILs에 대한 아밀로오스함량 QTL 분석에서 6번 염색체의 RM190~RM540에 위치함을 보고했고, 이(2000)는 농안벼/BG276의 272 RILs에 대한 아밀로오스함량 QTL 분석에서 6번 염색체의 RM217~A3-5에 위치하였다고 보고하였다. 또한, Kang *et al.* (1998b)에 따르면, 아밀로오스함량에 있어 7번, 8번 염색체에서 각 1개의 유의성 있는 QTL이 확인되었으며, 단백질함량과 지방산함량에서는 유의한 QTL이 탐색되지 않았다고 보고

하였다. 본 시험에 있어서 LOD가 2.0 이상으로 유의성이 있는 QTL이 단백질함량에서는 원주 2개, 대구 2개 및 익산에서 4개의 유의성 있는 QTLs가 확인되었고, 아밀로오스함량에서는 원주 1개 및 대구에서 2개의 유의성 있는 QTLs가, 지방산함량에서는 원주 1개, 대구 4개 및 익산에서 1개의 유의성 있는 QTLs가 확인되었다. 아밀로오스함량에 있어 Cho *et al.*(2004)과 이(2000)가 보고한 위치와는 동일치 않았지만 6번 염색체에서 유의성 있는 QTL을 확인할 수 있었다 또한, 대구의 qAMY7-1과 Kang *et al.*(1998b)이 보고한 7번 염색체의 AMY1과 동일한 위치에 있음이 확인되었다. 이와 같이 연구자들의 실험결과에 따라 차이가 나타나는 것은 공시 재료의 유전적 차이 및 환경의 영향에 따른 것으로 추정되고 있다.

## 적 요

M/G RIL 164 계통과 그 유전자지도를 이용하여 지역에 따른 벼의 품질과 관련된 양적형질 유전자좌(QTL)를 분석한 결과를 보면 다음과 같다

M/G RIL 164 계통의 지역에 따른 단백질함량, 아밀로오스함량, 지방산함량 및 식미평가치에 있어 빈도분포는 정규분포에 가까운 연속변이를 보였으며, 양친의 범위를 벗어나는 초월분리 현상을 나타내었다. 또한 지역에 따라 품질형질의 분포범위의 폭이 다양하게 나타났으며, 단백질함량은 원주>익산>대구>익산>원주의 순으로 나타났으며, 아밀로오스함량, 지방산함량 및 식미평가치는 대구>익산>원주의 순으로 나타났으며

품질에 관련된 QTLs 분석에 있어 단백질함량과 관련하여서는 8개의 QTLs를 확인하였으며, 1번 염색체에서 2개, 3번, 6번, 7번 염색체에서 각각 1개, 8번 염색체에서 3개의 QTLs를 확인할 수 있었으며, 이들 8개의 QTLs가 설명할 수 있는 표현형 변이는 6.0~15.2%로 나타났다. 아밀로오스함량과 관련하여 6번 염색체에서 1개, 7번 염색체에서 2개의 QTLs를 확인하였다 3개의 QTLs가 설명할 수 있는 표현형 변이는 7.3~24.4%로 나타났다. 지방산함량과 관련하여서는 2번과 6번 염색체에서 각각 2개, 3번과 7번 염색체에서 각각 1개의 QTLs를 분석하였으며, 6개의 QTLs로 설명할 수 있는 표현형 변이는 5.5~14.0%를 보였다. 식미평가치와 관련된 QTLs는 2번과 6번 염색체에서 각각 1개, 7번과 8번 염색체에서 각각 2개의 QTLs가 분석되었으며, 그 6개의 표현형 변이는 5.5~10.3%로 나타났다.

## 사 사

본 연구는 바이오그린 21사업의 연구지원에 의해 수행되었으며, 이에 감사드립니다

## 인 용 문 헌

- Ahn, S., C. N. Bollich, and S. D. Tanksley. 1992 RFLP tagging of a gene for aroma in rice. *Theor Appl Genet* 84 : 825-828
- Arumuganathan, K. and E. D. Earle. 1991 Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Molecular Biology Reporter* 9 : 208-218
- Cho, Y. C., H. C. Hong, J. P. Suh, Y. P. Jeong, I. S. Choi, M. K. Kim, Y. G. Kim, H. C. Choi, and H. G. Hwang. 2004 Mapping of QTLs related to grain quality and shape in japonica x javanica of rice. *Korean J. Breed* 36(suppl 1) : 408-409
- Cho, Y. G., M. Y. Eun, S. R. McCouch, and Y. A. Chae. 1994 The semi-dwarf gene, sd-1, of rice (*Oryza sativa* L.) 2. Molecular mapping and marker assisted selection. *Theor Appl Genet* 89 : 54-59.
- Cho, Y. G., M. R. Kang, Y. W. Kim, Y. T. Lee, M. Y. Eun, and T. Y. Chung. 1998a Development of RFLP framework map of rice (*Oryza sativa* L.) using recombinant inbred population derived from Milyang23/Gihobyeeo cross. *Korean J. Breed* 30(3) : 289-297.
- Cho, Y. G., S. R. McCouch, M. Kuiper, M. R. Kang, J. Pot, J. T. M. Groenen, and M. Y. Eun. 1998b Integration map of AFLP, SSLP and RFLP markers using a recombinant inbred population of rice (*Oryza sativa* L.) *Theor Appl Genet* 97 : 370-380
- Goodman, D. E. and R. M. Rao. 1984 Amylose content and puffed volume of gelatinized rice. *J. Food Sci* 49 : 1204
- Kang, H. J., Y. G. Cho, Y. T. Lee, M. Y. Eun, and J. U. Shim. 1998a QTL mapping of genes conferring days to heading, culm length and panicle length based on molecular map of rice (*Oryza sativa* L.). *RDA J. Crop Sci.* 40(2) : 55-61
- Kang, H. J., Y. G. Cho, Y. T. Lee, Y. D. Kim, M. Y. Eun, and J. U. Shim. 1998b QTL mapping of genes related with grain chemical properties based on molecular map of rice. *Korean J. Crop Sci.* 43(4) : 199-204
- Kwon, Y. S., K. M. Kim, Y. G. Cho, M. Y. Eun, and J. K. Sohn. 2000 Quantitative trait loci(QTL) associated with callus formation and plant regenerability in anther culture of rice. *Korean J. Breed* 32(3) : 266-271
- Lander, E. S. and D. Botstein. 1989 Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics* 121 : 185-199.
- Lee, J. H. 2000. Molecular genetic analysis of quantitative trait loci related to rice yield, yield component and grain quality. Ph. D. Thesis Dissertation, Kwangwon National U. 72-78
- Mackill, D. J., M. A. Salam, Z. Y. Wang, and S. D. Tanksley. 1993. A major photoperiod sensitivity gene tagged with RFLP and isozyme markers in rice. *Theor Appl Genet* 85 : 536-540
- Nagao, S. and T. Takahashi. 1963 Trial construction of twelve linkage groups in Japanese rice. *Genetical studies on rice plant XXVII J. Fac. Agr. Hokkaido Univ.* 53(1) : 72-130
- Nelson, J. C. 1997 QGENE software for marker-based genomic analysis and breeding. *Molecular Breeding* 3 : 239-245
- Pi, J. S., Y. S. Kwon, K. M. Kim, Y. S. Cha, M. Y. Eun, and J. K. Sohn. 2001 Analysis of QTLs associated with seedling vigor in rice (*Oryza sativa* L.) *Korean J. Breed* 33(3) : 186-190
- Redona, E. D. and D. J. Mackill. 1996 Mapping quantitative trait loci for seedling vigor in rice RFLPs. *Theor Appl Genet* 92 : 395-402

- Ronald, P. C., B. Albano, R. Tabien, L. Abenes, K. S. Wu, S. McCouch, and S. D. Tanksley 1992 Genetic and physical analysis of rice bacterial blight disease resistance locus, Xa 21. *Mol. Gen. Genet.* 236 113~120
- Tanksley, S. D. 1993 Mapping polygenes. *Annu. Rev. Genet.* 27 205~233.
- Yano, M. and T. Sasaki 1997 Genetic and molecular dissection of quantitative traits in rice. *Plant Molecular Biology* 35 145~153
- Yu, Z. H., D. J. Mackill, J. M. Bonman, and S. D. Tanksley 1991. Tagging genes for blast resistance in rice via linkage to RFLP markers. *Theor. Appl. Genet.* 89 185~192