

## 벼멸구 저항성과 도복관련 형질과의 관계분석

김석만\* · 친 양\* · 손재근\*<sup>†</sup>

\*경북대학교 농업생명과학대학

### Analysis of Relationship between Resistance of Brown Planthopper and Traits Related to the Lodging in Rice

Suk-Man Kim\*, Yang Qin\*, and Jae-Keun Sohn\*<sup>†</sup>

*\*Department of Agronomy, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea*

**ABSTRACT** This study was conducted to analyze the relationships between resistance of brown planthopper and traits related to the lodging in rice. For the linkage analysis of traits tested in this study, a genetic linkage map was created with 162 DNA markers spanning 12 rice chromosomes based on 120 doubled haploid (DH) lines, which were derived from a cross between Samgang', a *Tongil* type cultivar with BPH resistance, and 'Nagdong', a japonica cultivar. QTLs were identified to analyze the agronomic traits including lodging by composite interval mapping. Thirteen QTLs were detected for five traits comprised of plant length (PL), 3rd internode length (3rdIL), moments (Mo), lodging index (LI), and breaking weight (BW). The relationships between the BPH resistance and agronomic traits including lodging revealed that two QTLs (qBPR7, qBPR8) were linked to traits related to lodging. Two QTLs, qBPR7 and qBPR8 on chromosome 7 (RM531-7042) and 8 (RM1148-RM544) showed associations with moments and 3rd internode length, respectively.

**Keywords** : BPH resistance, lodging, QTL, rice

**벼멸구**는 열대아시아 지역에서 산발적으로 발생하는 해충이었으나 다수확 품종이 도입되던 1960년대 이후 대량 번식하기 시작하였다. 현재 동아시아와 동남아시아의 벼 재배 전역에 분포하면서 벼 수확량에 막대한 피해를 주고 있다(Gallagher *et al.* 1994, Way & Heong 1994). 벼멸구에 대한 저항성 품종육종에 대한 국내연구는 1971년 농촌진흥청 작물과학원에서 처음 시작되었고 1976년에 최초의 벼멸구 저항성 품종인 '밀양30호'가 개발된 이후 '삼강'을 포함

하는 13개의 통일형 저항성 벼 품종이 육성되었다. 자포니카형 벼의 경우 최초의 저항성 품종인 '화청'이 1980년도 중반에 개발되었으나 도복, 미질 등과 같은 열악형질로 인하여 농가 선호도가 높지 않았다. 자포니카형 벼멸구 저항성 품종의 육종성고가 부진한 이유는 자포니카형 벼에서는 뚜렷한 저항성원이 없는 점(Ha *et al.* 2000, Kim & Sohn, 2005), 벼멸구 저항성이 도복, 미질불량, 불임성 등과 같은 열악형질과 연관되어 있는 점(Kaneda, 1984), 벼멸구 저항성 검정에서 저항성의 발현시기가 인디카에 비해 자포니카가 늦게 나타나는 점(Yeo & Sohn 1995) 등이 지적되어 왔다. 그중에서도 벼멸구 저항성 품종 육종에 있어 가장 어려운 점은 벼멸구 저항성 인자를 도입하는 과정에서 열악형질이 함께 발현하는 것이다(Kaneda, 1984, Yeo & Sohn 1995). 기존 교배육종방법에서는 벼멸구 저항성 유전자가 열악형질 유전자와 밀접하게 연관되어 있을 경우 열악형질만을 제거하기가 어려웠다. 그러나 DNA marker등을 이용한 분자육종기술이 개발되면서 이러한 문제점에 대한 해결책이 제시되고 있다. 특히 질적 유전자뿐만 아니라 미동유전자에 의한 양적형질 유전자좌(QTL; quantitative trait loci)도 분석할 수 있고 각각의 QTL과 관련된 표지인자도 선별할 수 있어서 기존의 저항성 육종에서 해결하기 어려웠던 양적저항성 개체의 선별 효율도 크게 향상되고 있다(Chen *et al.* 2001, Gad & Juvik 2001, Jena *et al.* 2003, Ramalingam *et al.* 2002). 그렇기 때문에 자포니카의 벼멸구 저항성이 실제 알려진 열악형질들과 밀접하게 연관되어 있다면 QTL 분석을 통한 상호관계를 밝힘으로써 열악형질이 제거된 벼멸구 저항성 개체 선별이 더욱 용이하게 될 것이다.

따라서 본 논문에서는 대표적인 도복관련 형질들에 대한 QTL 분석을 수행하고 벼멸구 저항성과 도복 등의 열악형질 간의 관계분석 결과를 보고하고자 한다.

<sup>†</sup>Corresponding author: (Phone) +82-53-950-5711  
(E-mail) jhsohn@knu.ac.kr < Received July 8, 2009 >

## 재료 및 방법

### 식물재료

벼멸구 저항성과 도복 등의 열악형질들간의 연관을 분석하기 위하여 벼멸구 저항성 품종인 ‘삼강’(통일계)과 감수성 품종인 ‘낙동’(자포니카)을 교배친으로 사용하였다. 이들의 F<sub>1</sub> 식물체로부터 약을 배양한 후 재분화시켜 순화과정을 거쳐 double haploided(DH) 120계통을 육성하였다(Kim 2007). 공시한 집단은 경북대학교 실습 포장에 이양한 후 농촌진흥청 벼 표준재배법에 준하여 육성 재배하였다.

### 유전자 지도 작성

‘삼강/낙동’ 조합 DH 집단의 유전자 지도를 작성하기 위하여 162개 DNA marker(SSR:73, STS:89)를 선발하여 전체 길이가 1,884 cM이고 평균 marker간 거리가 11.6 cM인 연관지도를 작성하였다. 이 유전자 지도는 동일집단을 이용하여 Kim(2007)에 의해 작성된 genetic map에 12번 염색체의 벼멸구 저항성 부분에 집중된 DNA marker 개수를 수정한 것으로 연관분석에는 MAP Manager QTXb 2.0(Manly & Olson, 1999)를 이용하였고 Map function은 Kosambi를 적용하였다.

### 조사형질의 특성평가 및 QTLs 분석

벼멸구 저항성 평가를 위한 생물검정에는 Ha *et al.*(2000)이 제안한 집단 검정법을 수행하였으며 저항성 평가는 벼멸구 접종 후에 나타나는 벼의 반응을 0에서 9까지 단계로 나누어 개체별로 resistance score(RS)를 부여하는 방법으로 수행되었다(Kim, 2007). 벼의 도복과 관련된 QTL을 탐색하기 위하여 ‘삼강/낙동’ 집단의 초장, 3절간장, 모멘트, 도복지수, 좌절중 등을 조사하였다. 초장은 간장과 수장의 합으로, 3절간장은 논 표면에서 3번째로 위치한 마디의 길이를 측정하였다. 모멘트는 초장에 생체중을 곱하여 계산하였

으며, 도복지수는(모멘트/3절간좌절중)×100의 계산식으로 구하였다. 좌절중은 지상부 10 cm에 위치한 마디의 중심부를 좌절시키기 위한 최대 무게를 반복 측정하여 구하였다. 벼 생체를 좌절시키기 위해서는 논에서 표본을 채취하여 측정할 부위만을 잘라 만능물성 측정기(TA-XT plus texture analyser, SMS, USA)를 이용하여 측정하였다. 생체 중 수분함량이 좌절중에 영향을 미칠 수 있으므로 표본 채취 후 3시간 이내에 측정하였다. 도복관련 특성들은 10반복으로 조사하고 그 평균치를 구하여 QTL 분석에 사용하였다.

QTL mapping에는 QTL Cartographer Version 2.5가 사용되었으며, 분석시 Composite interval mapping을 이용하여 QTL mapping이 수행하였다. LOD는 2.5이상의 것을 채택하였으며, 각 형질별로 1,000회의 permutation을 실시하였다.

### 농업형질과 벼멸구 저항성과의 관계분석

벼멸구 저항성 유전자와 주요 농업형질과의 관계 분석에는 SSR marker와 STS marker로 작성된 ‘삼강/낙동’ DH 조합의 연관지도를 이용하였다. 3절간장, 좌절중, 초장, 모멘트, 도복지수와 같은 도복관련 형질과 간장, 수장, 수수, 출수일수와 관련된 QTL을 유전자 지도상에 위치시키고 각각의 QTL과 벼멸구 저항성관련 유전자의 관계를 분석하였다. 그리고 120계통의 DH 집단을 반복 검정하여 매번 저항성을 보인 20계통을 선발하여 저항성 계통군으로, 항상 감수성으로 조사된 20계통을 감수성 계통군으로 나누어 두 집단을 대상으로 조사된 8개 형질에 대한 유의성(t-test) 검정을 수행하였다.

## 결과 및 고찰

### 도복관련 특성 분석

주요 도복관련 특성 조사를 위하여 공시된 집단의 초장, 3절간장, 좌절중 등을 각 계통별로 조사하였다(Table 1). ‘삼

**Table 1.** Variation of agronomic traits related to lodging in 120 DH lines derived from a cross of ‘Samgang / Nagdong’

Traits	Samgang	Nagdong	DH lines	
			Mean	Range
Plant length (PL)	99.4±6.9 <sup>a)</sup> cm	102.0±4.2 cm	91.9±19.4 cm	44.4-136.5 cm
3rd internode length (3rdIL)	10.1±2.3 cm	12.8±1.9 cm	11.6±3.3 cm	4.8-20.2 cm
Breaking weight in 3rd internode (BW)	1105.1±64.8 g	702.2±94.5 g	695.1±214.3 g	352.9-1474.9 g
Lodging index (LI)	150.7±18.0	162.1±20.1	128.7±46.8	44.6-277.3
Moments (Mo)	1553.6±120.7	1137.6±205.7	900.7±301.0	265.9-1919.7

a): Mean±SD.

강/낙동’ DH 120 계통의 초장은 44.4~136.5 cm의 넓은 범위에 분포하며 정규분포에 가까운 변이양상을 나타내었으며, 3절간장도 집단의 평균치가 양친의 평균값과 유사한 11.6 cm를 나타내면서 4.8~20.2 cm의 범위로 연속적인 변이분포를 보였다. 좌절중은 352.9~1474.9 g 범위로 평균값이 양친의 평균치보다 작은 695.1 g으로 정규분포 형태를 보였다. 모멘트와 도복지수도 비교적 넓은 변이폭을 가지면서 연속적인 빈도분포를 나타내었다.

**도복관련 형질간의 상관관계 및 QTL 분석**

‘삼강/낙동’ 조합의 120 DH 계통에서 조사된 도복관련 형질들 간의 상관관계를 조사 한 바(Table 2), 초장은 좌절중 및 모멘트, 3절간장은 모멘트 및 도복지수와 각각 고도로 유의한 정의 상관관계를 보였다. 좌절중은 모멘트와는

고도로 유의한 정의 상관관, 도복지수와는 고도로 유의한 부의 상관관을 나타내었다. 모멘트는 도복지수와도 정의 상관관을 나타내어 조사된 모든 도복관련 형질들과 고도의 유의한 정의 상관관계를 보였다. Lim *et al.*(1992)은 벼 포장도복정도와 도복관련 형질에 대한 상관분석 결과 도복지수와 좌절중은 부의 상관관계에 있으며, 모멘트와 도복지수는 정상관관을 나타내었다고 하였다. Chang *et al.*(1999)은 초장은 좌절중과 정의 상관관, 도복지수는 3절간장과 정상관을 보였다고 하여 도복관련 형질의 상관관계에서 본 연구 결과와 일치되는 경향이였다. 그러나 초장은 3절간장 및 도복지수와 고도로 유의한 상관관계를 나타내었다고 하여 본 연구의 결과와 다르게 나타났는데 이는 연구에 이용된 품종이나 잡종 집단의 유전적 배경이 다르고 재배지역의 환경조건이 다른 데서 비롯된 결과로 사료된다.

**Table 2.** Correlation coefficients among five traits related to lodging in the DH population derived from a cross ‘Samgang / Nagdong’

	PL	3rdIL	BW	Mo	LI
Plant length (PL)	1.00				
3rd internode length (3rdIL)	-0.05 <sup>ns</sup>	1.00			
Breaking weight in 3rd internode (BW)	0.58 <sup>**</sup>	0.02 <sup>ns</sup>	1.00		
Moment (Mo)	0.48 <sup>**</sup>	0.49 <sup>**</sup>	0.47 <sup>**</sup>	1.00	
Lodging index (LI)	-0.06 <sup>ns</sup>	0.45 <sup>**</sup>	-0.37 <sup>**</sup>	0.45 <sup>**</sup>	1.00

\*, \*\*: Significant at P=0.05, P=0.01, respectively.

**Table 3.** Putative main-effect QTLs for agronomic traits related to lodging detected by composite interval mapping in the DH population

Traits	QTL	Marker interval	Chromosome	LOD <sup>a)</sup>	Add.	R <sup>2</sup> <sup>b)</sup>
PL	qPTL1	RM486-RM315	1	5.95	9.68	0.29
	qPTL11	1121-11022	11	2.70	7.69	0.13
BW	qBW1	RM1287-RM493	1	2.53	86.41	0.07
	qBW8	8024-8026	8	3.89	78.7	0.12
LI	qLI1	RM486-RM6696	1	4.58	19.9	0.17
	qLI6	RM528-RM176	6	3.64	-17.40	0.13
	qLI12	RM519-RM463	12	2.69	-16.40	0.09
Mo	qMo1	RM486-RM315	1	4.75	151.00	0.20
	qMo7	RM560-RM351	7	3.62	122.00	0.13
3rdIL	q3rdin1	RM486-RM6696	1	3.52	1.19	0.10
	q3rdin6	RM528-RM176	6	4.47	-1.44	0.18
	q3rdin8	RM1148-RM544	8	6.29	1.42	0.18
	q3rdin12	6837-RM1584	12	4.29	-1.52	0.21

a) Maximum-likelihood LOD score for the individual QTL.

b) Phenotypic variation explained by individual QTL.

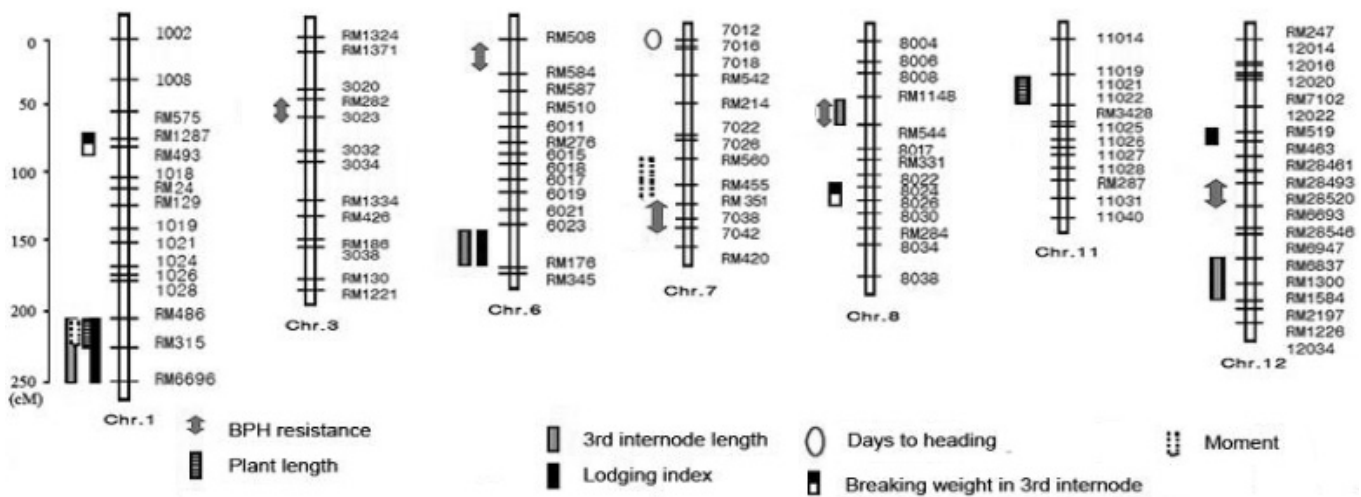
도복관련형질에 대한 QTL을 분석하여 유전자지도상에 위치시킨 바 초장, 출수기, 3절간장, 모멘트, 도복 및 좌절중과 관련된 13개의 QTLs이 6개 염색체 상에 분포하였다 (Table 3). 초장관련 QTL은 1번(qPTL1)과 11번(qPTL11) 염색체에서, 좌절중 관련 QTL은 1번(qBW1)과 8번(qBW8) 염색체에서 각각 한 개씩 위치하였다. 도복지수관련 QTL은 1번(qLI1)과 6(qLI6)번 그리고 12(qLI12)번 염색체에서 탐색되었는데 3~17% 범위에서 표현형을 설명하였다. 모멘트와 관련된 QTL인 qMo1과 qMo7은 각각 1번과 7번 염색체상에 존재하면서 13%와 20%로 모멘트의 표현형 변이를 나타냈다. 3절간장은 1(q3rdin1), 6(q3rdin6), 8(q3rdin8), 그리고 12(q3rdin12)번 염색체 상에 위치하면서 10~21% 수준에서 3절간에 관여하는 것으로 조사되었다. 1번 염색체상의 RM486과 RM315 사이에 위치한 초장 관련 qPTL1은 LOD가 5.95였으며 표현형 변이가 29%의 비교적 높은 수준에서 초장에 관여하는 것으로 조사되었으며, 모멘트의 경우 초장과 동일한 위치에서 LOD 4.75의 qMo1이 탐색되었다. 뿐만 아니라 도복지수 및 3절간장 관련 QTL 역시 qPTL1과 동일한 영역에서 각각 1개씩 탐색되었다. 특히, 1번 염색체의 RM486과 RM6693사이의 영역에서는 초장, 도복지수, 모멘트 및 3절간장에 관여하는 4개의 QTL이 존재하였는데, 이 영역은 초장과 관련해서 major QTL을 포함한 총 13개의 QTL이 보고되어있고(Hittalmani *et al.* 2002), 간장과 관련해서도 9개의 QTL이 확인되었다(Yoshida *et al.* 2002). 그 밖에도 간장, 수장, 엽장 등 길이와 관련된 다수의 QTL들이 동일한 영역에 존재하는 것으로 보고(Takeuchi *et al.* 2001, Yamamoto *et al.* 2001, Hittalmani *et al.* 2002,

Mei *et al.* 2003)된 것으로 보아 이 영역에 초장과 도복관련 QTL들이 많이 존재하고 있음을 알 수 있다. 본 연구에서 6번 염색체에 위치한 것으로 탐색된 두 개의 도복관련 QTL (qLI6, q3rdin6,)은 다면발현에 의해 하나의 gene이 두 형질에 관여하고 있는 것으로도 사료되며, Kashiwagi & Ishimaru. (2004)이 밝힌 줄기 직경과 도복저항성 관련 QTL과 동일한 영역에 위치하고 있었다.

**도복관련형질과 벼멸구 저항성과 관계분석**

Kim(2007)은 본 실험에서 사용한 것과 동일한 ‘삼강/낙동’ DH 120계통을 이용하여 벼멸구 저항성 및 주요 농업형질 관련 QTL을 보고한 바 있다. 이중 벼멸구 저항성과 관련된 major QTL은 qBPR12를 포함하여 qBPR3, qBPR6, qBPR7 그리고 qBPR8 등을 도복관련 QTL과 비교 분석한 결과 7번과 8번 염색체상에서 벼멸구 저항성 QTL들이 도복 및 주요 농업형질관련 QTL과 관련되어 있음을 확인하였다 (Fig. 1). 7번 염색체의 모멘트관련 QTL(qMo7)은 벼멸구 저항성 qBPR7과 그리고 3절간장(q3rdin8) 관련 QTL은 8번 염색체에서 각각 서로 연관이 있는 것으로 분석되었다. 그러나 연관된 형질들은 모두 ‘삼강’에서 유래한 것으로 즉 벼멸구 저항성 인자가 도입되면 간장이나 3절간장이 길어진다는 보고(Jeon *et al.* 1999, Yeo *et al.* 2002, Lee *et al.* 2005)와는 상반된 것으로 나타났다.

한편, 공시된 DH 집단을 각각 20계통씩 벼멸구 저항성 군과 감수성 군으로 나누어 각 조사 형질별로 T-test를 수행한 결과(Table 4) 도복지수와 3절간장에서 두 계통 군 간에 유의한 차이가 확인되었다. 이것은 저항성 군의 도복지수가



**Fig. 1.** Chromosomal locations of QTLs for BPH resistance and several agronomic traits in 120 DH lines derived from a cross between ‘Samgang’ and ‘Nagdong’.

**Table 4.** Comparison of agronomic traits between 20 BPH resistance and 20 susceptible lines selected in the 120 DH population derived from a cross 'Samgang / Nagdong'

Traits <sup>a)</sup>	Parents		Mean of DH lines		T-value <sup>b)</sup>
	Samgang	Nagdong	R-lines	S-lines	
3rd IL (cm)	10.1	12.8	10.9±2.3	13.3±3.1	-2.12*
DH (days)	101.6	108.0	99.8±7.7	101.4±10.4	-0.39 <sup>ns</sup>
NP	11.6	14.9	15.1±1.8	16.2±2.4	-1.28 <sup>ns</sup>
CL (cm)	77.6	83.9	68.2±13.0	76.1±12.7	-1.45 <sup>ns</sup>
Pl (cm)	21.7	18.1	19.5±1.9	19.3±1.6	0.18 <sup>ns</sup>
BW (g)	1,031.5	702.2	719.8±174.3	723.2±218.9	-0.04 <sup>ns</sup>
Mo	1,533.0	1,137.0	804.4±293.1	1045.3±306.5	-1.88 <sup>ns</sup>
LI	150.7	162.1	115.5±37.8	151.2±43.7	-2.16*

<sup>a)</sup> 3rd IL: 3rd internode length, DH: Days to heading, NP: Number of panicle, CL: Culm length, Pl: Panicle length, BW: Breaking weight in 3rd internode, Mo: Moment, LI: Lodging index, <sup>b)</sup> \*, \*\*: Significant at P=0.05, P=0.01, respectively, <sup>p)</sup> <sup>ns</sup>: not significant at 5% level.

감수성 군에 비해 낮고, 3절 간장은 짧게 나타나 저항성 군이 감수성 군에 비해 도복에 강함을 의미하는 것으로 QTL 비교결과와 마찬가지로 저항성 군에서 3절 간장이 짧아지는 것으로 나타났다.

도복과 벼멸구 저항성에 대한 QTL 및 T-test 그리고 상관 분석 비교 결과는 저항성 중간모본의 특성 차이에서 비롯된 결과로 저항성 계통 군의 3절간장이 '낙동'보다 짧았던 '삼강'에서 유래했기 때문인 것으로 사료된다. 그리고 저항성 친인 '삼강'이 반왜성 유전자(sd-1)를 가지고 있기 때문에 삼강에 유래한 인자들이 벼의 신장과 관련된 형질인 초장, 3절간장 등에 영향을 주어 도복에 영향을 준 것으로 추정되나 앞으로 보다 깊이 있는 검토가 요망된다. 본 연구의 결과에서 알 수 있듯이 교잡 초기세대에서는 벼멸구 저항성 계통 군은 저항성인 '삼강'의 표현형을 따르고 감수성 계통 군은 '낙동'의 표현형으로 나타나는 경향이였다. 이런 이유에서 저항성은 오히려 키가 작고 상대적으로 도복에 강하였으나 여교잡을 수행하면서 벼멸구 저항성 개체만 선발되는 과정 중에 저항성 계통이 키가 커지는 등의 열악형질이 유전자 상호작용 등에 의해 수반될 가능성이 있을 것으로 사료된다.

이러한 문제들은 앞으로 벼멸구 저항성 및 열악형질 관련 특이 DNA marker들을 본 연구에서 개발된 QTL 영역에서 개발하여 MAS를 통하여 저항성 개체를 선발하는 과정에서 해결할 수 있을 것으로 생각된다.

## 적 요

도복과 관련된 주요 형질인 초장, 3절간장, 좌절중 등에

대한 QTL을 분석을 수행하였으며 도복과 벼멸구 저항성과의 연관 관계에 대한 QTL 및 유의성을 분석하였다.

1. 초장, 3절간장, 모멘트, 도복지수, 좌절중과 같은 도복 관련 형질에 대한 QTL을 분석하여 총 13개의 유의성 있는 QTL이 6개의 염색체상에서 확인되었다.

2. 벼멸구 저항성과 주요 농업형질관련 QTL과의 연관관계를 분석한 바, 7번과 8번 염색체 상의 qBPR7, qBPR8은 각각 모멘트(qMo7)와 도복(q3rdin8) 관련 QTL에 연관되어 있었다.

3. Mapping 집단을 저항성 계통군과 감수성 계통군으로 나누어 8개 형질에 대한 차이를 조사한 바, 3절간장과 도복 지수에서 두 집단간에 유의성이 인정되었다.

4. 저항성을 가지는 계통은 간장 및 3절간장 등이 '삼강'의 영향으로 '낙동'에 비하여 짧은 경향이였으며 이는 신장과 관련된 도복성향에 있어 본 집단에서는 벼멸구 저항성이 강하게 연관이 되었다는 분석결과를 찾을 수 없었다.

## 사 사

본 연구는 농촌진흥청 바이오그린 21사업 (과제번호:2010-0301-061-178-001-03-00)의 지원에 의해 이루어진 것임.

## 인용문헌

Chang, J.K., H.Y. Kim, U.S. Yeo, S.J. Lim, K.Y. Lee, H.C. Choi, S.C. Kim, and J.K. Sohn. 1999. Varietal difference and factor analysis of lodging tolerance in wet-seeded rice. Korea J. Breed. 31(3): 232-238.

- Chen, S., C.G. Xu, X.H. Lin and Q. Zhang. 2001. Improving bacterial blight resistance of '6078', and elite restorer line of hybrid rice, by molecular marker-assisted selection. *Plant Breeding* 120: 133-137.
- Gad, G.Y. and J.A. Juvik. 2001. Comparison of phenotypic and marker-assisted selection for quantitative traits in sweet corn. *Crop Science* 41: 645-655.
- Gallagher, K.D., P.E. Kenmore and K. Sogawa. 1994. Judicial use of insecticides deter planthoppers outbreak and extend the life of resistance varieties in southeast Asian rice. In Denno RF, Perfect JT(eds) *Planthopper: their ecology and management*. Chapman and Hall, New York, 599-614.
- Ha, W.H., K.M. Kim and J.K. Sohn. 2000. Detection of resistance gene to brown planthopper(*Nilaparvata lugens* Stal.) using RFLP and Isozyme marker in rice. *Korean J. Breed.* 32(4): 319-322.
- Hittalmani, S., H.E. Shashidhar, P.G. Bagali, N. Huang, J.S. Sidhu, V.P. Singh and G.S. Khush. 2002. Molecular mapping of quantitative trait loci for plant growth, yield and yield related traits across three diverse locations in a doubled haploid rice population. *Euphytica* 125: 207-214.
- Jena, K.K., H.P. Moon and D.J. Mackill. 2003. Marker assisted selection - A new paradigm in plant breeding. *Korean J. breed.* 35(3): 133-140.
- Jeon Y.H., S.N. Ahn, H.C. Choi, T.R. Hahn and H.P. Moon. 1999. Identification of a RAPD marker linked to a brown planthopper resistance gene in rice. *Euphytica*. 107: 23-28.
- Kaneda, C. 1984. Studies on breeding japonica rice resistant to the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* Stal. *Bull. Natl. Agric. Res. Cent.* 2: 1-74.
- Kashiwagi, T. and K. Ishimaru. 2004. Identification and functional analysis of a locus for improvement of lodging resistance in rice. *Plant Physiology* 134: 676-683.
- Kim, S.M. 2007. Molecular mapping and DNA marker-assisted selection of resistance genes to brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stal.) in rice. PhD Thesis. Kyunpook National University, Korea.
- Kim, S.M. and J.K. Sohn. 2005. Identification of a rice gene (*Bph1*) conferring resistance to brown planthopper using STS markers. *Mol. Cells*. 20(1): 30-34.
- Lee, J.H., U.S. Yeo, D.Y. Kwak, D.S. Park, B.G. Oh, Y.C. Ku, H.Y. Kim and J.K. Sohn. 2005. QTL analysis for ripening traits of BPH resistant backcross inbred lines in rice. *Korean J. Breed.* 37(5): 295-299.
- Lim J.T., H.J. Lee, K.S. Cho and D.S. Song. 1992. Analysis of lodging related characteristics in rice plants. *Korean J. Crop.* 37(1): 78-85.
- Manly, K.F. and J.M. Olson. 1999. Overview of QTL mapping software and introduction to Map Manager QT. *Mamm Genome*. 10: 327-334.
- Mei, H.W., L.J. Luo, C.S. Ying, Y.P. Wang, X.Q. Yu, L.B. Guo, A.H. Paterson and Z.K. Li. 2003. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred rice population and two testcross populations. *Theor. Appl. Genet.* 107: 89-101.
- Ramalingam, J., H.S. Basharat and G. Zhang. 2002. STS and microsatellite marker-assisted selection for bacterial blight resistance and waxy genes in rice, *Oryza sativa* L. *Euphytica* 127: 255-260.
- Takeuchi, Y., H. Hayasaka, B. Chiba, I. Tanaka, T. Shimano, M. Yamagishi, K. Nagano, T. Sasaki and M. Yano. 2001. Mapping quantitative trait loci controlling cool-temperature tolerance at booting stage. *Breeding Science* 51: 191-197.
- Way, M.J. and K.L. Heong. 1994. The role of biodiversity in the dynamics and management of insect pests of tropical irrigated rice - a review. *Bull Entomol Res.* 84: 567-587.
- Yamamoto, T., F. Taguchi-Shiobara, Y. Ukai, T. Sasaki and M. Yano. 2001. Mapping quantitative trait loci for days-to-heading, and culm, panicle and internode lengths in a BC1F3 population using an elite rice variety, Koshihikari, as the recurrent parent. *Breeding Science* 51: 63-71.
- Yeo, U.S. and J.K. Sohn. 1995. Effective screening methods and inheritance of resistance to brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stal.) in rice. *Korean J. Breed.* 27(4): 372-379.
- Yeo, U.S., D.Y. Kwak, S.J. Lim, W.G. Ha, J.H. Cho and J.K. Sohn. 2002. Relationship between agronomic traits and resistance to brown planthopper in japonica RIL population. *Korean J. Breed.* 34: 148-143.
- Yoshida, S., M. Ikegami, J. Kuze, K. Sawada, Z. Hashimoto, T. Ishii, C. Nakamura and O. Kamijima. 2002. QTL analysis for plant and grain characters of sake-brewing rice using a doubled haploid population. *Breeding Science* 52: 309-317.