

## 재배벼의 두 생태형 구분을 위한 PCR 마커 탐색

작물시험장 : 권수진\*, 안상낙, 홍하철, 문현팔  
 영남농업시험장 : 최해춘

### PCR Markers for *Indica* and *Japonica* Differentiation in Rice (*Oryza sativa* L)

National Crop Experiment Station : Soojin Kwon, Sang-Nag Ahn, Ha-Cheol Hong, Hun-Pal Moon  
 National Yeongnam Agricultural Experiment Station : Hae-Chune Choi

#### 시험목적

재배벼의 품종군(인디카, 자포니카) 특이적 PCR 마커를 개발하여 이를 품종의 분류 및 보호에 이용하고자 함

#### 재료 및 방법

- 공시재료 : 우리나라 장려품종 163품종 및 대조품종 3품종 (자포니카 123, 통일 42, 인디카 3)
- 실험 방법
  - 유전 분석 : RAPD 와 microsatellite 마커
  - 유전적 거리 산출( Nei, 1987) 및 cluster 분석(UPGMA에 의한 dendrogram)

#### 결과 및 고찰

- 42개의 PCR-based 마커를 이용한 장려품종 165품종의 유전적 거리를 이용하여 cluster 분석을 실시한 결과 123품종은 자포니카로, 통일형 42품종은 인디카와 같은 그룹에 속하였다(Fig 1).
- 24개의 RAPD 마커 중 12개의 RAPD 마커는 생태형 특이적 밴드를 발생시켰다. 이 중 OPP-01과 OPU-06은 자포니카, OPA-07과 OPP-16은 인디카에만 특이적인 밴드를 예외품종 없이 발생시켰다. 특히 OPT-07과 OPU-06은 두 생태형 모두에 특이적인 밴드를 동시에 발생시켰다. 9개의 RAPD 마커에 의한 생태형 특이적 밴드 중 완전하게 생태형을 구분하지 못하는 밴드가 발생하였는 데 특히, 통일형에서는 농안벼 등이, 자포니카에는 농립나 1호, 상남발벼 등이 다른 밴드 양상을 보였다(표 1).
- 18개의 microsatellite 마커 중 8개의 마커가 두 생태형간 서로 차이를 보였으며 CT469와 CT522는 예외품종 없이 생태형 특이적 차이를 보였다. 나머지 6개의 microsatellite 유전자 좌에서는 완전하게 생태형을 구분하지 못하였는 데 특히, 통일형에서는 농안벼, 자포니카에서는 대립벼 등 4품종이 각각 자포니카 그리고 인디카 특이적인 밴드 양상을 보였다(표 1).

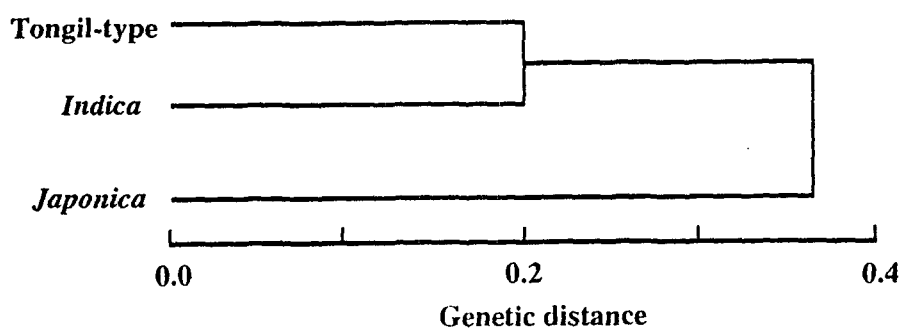


Figure 1. Cluster diagram based on the average GDs with 168 rice cultivars

Table 1. Characteristics of subspecies-specific allele as detected by 20 markers

Marker designation	Total no. of alleles	Size(bp) and no. of subspecies-specific alleles		No. of exceptional cultivars	
		<i>Indica</i>	<i>Japonica</i>	<i>Indica</i>	<i>Japonica</i>
OPA-07	2	150	-	0	0
OPD-08	7	450	-	0	1
OPE-04	4	400	-	0	1
OPE-07	3	-	900	0	1
OPE-14	9	450	-	0	2
OPP-01	5	-	650	0	0
OPP-16	3	600	-	0	0
OPT-07	4	1,800	-	0	2
OPU-06	8	-	1,400	1	0
		750	-	0	2
		-	550	0	0
		-	700	0	1
		-	800	3	0
OPU-09	3	-	900	6	1
		-	750	0	2
		-	900	0	3
OPW-02	6	-	550	0	1
CT206	6	220 (4)* <	208, 210 (2)	1	0
RM164	6	220, 226 (2)	230, 240 (2)	2	0
		250	260		
CT469	6	110 (4) <	98, 100 (2)	0	0
CT6	4	186, 188 (2)	180, 182 (2)	1	0
CT522	13	126-130 (2)	136 (11) <	0	0
CT531	3	154, 160(2)	150	1	1
CT14	8	140	150-180 (5)	0	2
		190, 194 (2)	-		
CT462	10	130 (5) >	136 (5) <	0	1

( )\* : Number of subspecies-specific alleles  
(a locus having more than 2 alleles is indicated)