

A total of 1,402 genome-specific primers have been designed and 814 loci containing SNPs have been discovered. SNPs were unexpectedly abundant in the A and B genomes, averaging 1 SNP/200 bp, but rare in the D genome. Most of the SNPs detected in the D genome were between *T. aestivum* and synthetic wheats. Some of the loci containing SNPs in wheat have been mapped using a highly polymorphic *Ae. tauschii* F₂ population. A public SNP database have been constructed. The data base shows among others sequences of the 23 wheat lines, indicates nucleotide showing a SNP in wheat, and the sequences of genome specific PCR primers for the amplification of target DNA from polyploid wheat.

* corresponding author: Tel. 031-290-6731, e-mail: heohy@rda.go.kr

(O2-03)

DNA marker를 이용한 벼멸구 저항성 선발

이종희^{1,*}, 여운상¹, 광도연¹, 박동수¹, 오병근¹, 구연충¹, 손재근²
¹ 작물과학원 영남농업연구소, ² 경북대학교 농학과

본 연구에서는 자포니카형의 벼멸구 저항성 육종 효율을 향상시키기 위하여 벼멸구 저항성 유전자 *Bph 1*을 가진 '삼강벼'를 1회친으로 사용하고, 자포니카 감수성 품종인 '낙동벼'를 반복친으로 5회 여교잡한 집단(SNBIL; BC₅F₅)을 이용하여 벼멸구 저항성과 DNA marker간의 연관분석을 실시한 결과, RM28472, RM28479, RM28493 및 RM28504가 *Bph 1*과 완전연관되어 있었으며, 이 marker들은 12번 염색체의 물리지도 AP008218의 23.1 ~ 23.5 Mb사이에 위치하고 있었다. 완전연관된 marker들 가운데 agarose gel에서 다형성을 나타내는 RM28493을 벼멸구 저항성에 대한 marker assisted selection (MAS)용 DNA marker로 선발하였다. 여교잡집단에서 육성된 벼멸구 저항성 계통과 고품질인 '주남벼'를 교배하여 약배양 집단 38계통에 대해 RM28493의 MAS 활용성을 검토한 결과, 저항성 유전자형을 가진 계통은 20계통이었고 감수성 유전자형을 가진 계통은 18계통으로 나타났다. 이 결과는 생물검정 결과와 일치하여 RM28493이 MAS에 직접 사용될 수 있음을 입증할 수 있었다. 또한, 본 연구에서 개발된 벼멸구 저항성 연관 marker인 RM28493은 다양한 유전자원에서 저항성품종과 감수성품종을 뚜렷하게 구분하고 있어서 앞으로 DNA marker를 이용한 저항성 개체 선발에 광범위하게 활용될 수 있을 것으로 사료된다. 분자유종시스템에 적용하고자 RM28493을 이용하여 저항성 개체를 선발한 다음 2회 여교잡 하였으며, BC₂F₁세대에서 MAS를 실시하여 복교잡(A*3/C//B*3/C)을 실시하였다. 최종적으로 복교잡 F₁세대에서 MAS를 실시하여 Homozygous F₁ 식물체를 선발하였다.

*주저자: Tel. 055-350-1156, e-mail: ccrijih@rda.go.kr

(O2-04)

고추 탄저병 저항성 QTLs과 연관된 분자표지 개발

윤재복^{1,*}, 홍지화², 도재왕¹, 이준대^{1,3}, 양동철⁴, 박효근¹
¹서울대학교 농생명과학 창업보육센터 (주)고추와 육종, ²국립종자관리소 동부지소, ³서울대학교 농업생명과학대학 원예학과, ⁴농우바이오(주) 육종연구소

Colletotrichum spp.에 의해서 유발되는 고추 탄저병은 우리나라를 포함하여 아시아의 몬순지역에 있어서 고추 재배 및 생산에 가장 심각한 피해를 주고 있는 병이다. 병원균의 우점종은 나라와 지역에 따라서 달라질 수 있는데 *C. acutatum* 병원균은 우리나라, 대만, 중국, 인도네시아의 포장에서, *C. capsici*는 태국, 인도의 포장에서 실제 탄저병 발병에 관여하는 우점종인 것으로 확인되었다. 가장 효과적인 방제방법으로서 내병성 육종을 들 수 있으나 지금까지 여러 가지 이유에 의하여 단 하나의 저항성 품종도 재배되지 못 하는 실정이다. 따라서 본 연구에서는 병 저항성 품종 육성을 위한 기초 연구로서 탄저병 저항성 유전분석을 QTL mapping 방법을 통하여 수행하였고 각각의 QTLs에 연관된 분자표지를 개발하여 직접적으로 MAS에 이용함으로써 선발의 효율성을 높일 수 있는지에 관하여 논의 하였다. QTL 분석은 저항성 유전자원인 *Capsicum baccatum* 'PBC81'과 이병성 계통인 *C. annum* 'Matikas'의 중간교잡으로부터 유래한 introgressed BC₁F₂ 집단을 사용하였고 AFLP와 SSR 표지인자를 사용하여 mapping하였다. 분리집단의 표현형 분석은 *C. acutatum*과 *C. capsici*에 속하는 2개의 isolates를 사용하였으며 동정된 QTL 부근에 연관된 분자표지를 개발하기 위하여 target BSA 방법을 사용하였다. QTL 분석 결과 서로 다른 두개의 isolates에 대하여 각각 1개의 major QTL과 다수의 minor QTLs을 동정하였고 target BSA를 통하여 각각의 major QTL에 연관된 분자표지들을 개발하였다. MAS를 위한 선발 효율성 분석을 위하여 major QTL 단독과 다른 loci에 존재하는 monor QTLs의 조합으로 비교한 결과 서로 다른 loci에 존재하는 분자표지들을 같이 사용하는 것이 효율성을 높인다는 결론을 얻었으며 현재까지 개발된 분자표지들을 사용할 경우 약 83%의 선발 효율성이 있음을 증명하였다.

*주저자: Tel. 031-296-5797, e-mail: yoonjb2@snu.ac.kr

(O2-05)

Estimating Genetic diversity of Rice (*Oryza sativa* L.) Germplasm using microsatellite markers

Jong-Wook Chung¹, Sok-Young Lee¹, Kyung-Ho Ma¹, Jung-Ro Lee¹, Gi-An Lee¹, Anupam Dixit¹, Hee-Kyoung Kang², Seung-Keun Jong³ and Yong-Jin Park⁴

¹National Institute of Agricultural Biotechnology, RDA, Suwon, Korea, 441-744

²Department of Plant resources, Kongju National University, Yesan, Korea, 314-702

³Department of Crop Science, Chungbuk National University, Cheongju, Korea, 361-763

⁴IPGRI-APO, PO Box236, UPM Post, Serdang 43400, Malaysia

Genetic diversity of 1,870 accessions of rice, *Oryza sativa*, which consist of five groups, i.e., 228 landraces, 442 breeding lines, 515 weedy strains, 637 introduced lines and 48 IRRI core collection lines, was evaluated using 18 fluorescently labeled microsatellite markers. A total of 506 alleles were detected at the 18 microsatellite loci. The number of alleles per marker locus ranged from 13 to 56 with an average of 28. Gene diversity for the 18 microsatellite loci ranged from 0.479 to 0.940 with an average of 0.822, and the size difference of alleles varied from 28bp to 144bp. Gene diversity was highly significantly correlated with the highest allele frequency, the number of alleles and the number of rare alleles.

The number of alleles per marker locus, the number of group specific alleles and the average of gene diversity within a group were used to compare genetic diversity among groups. The number of alleles per marker locus ranged from 218 for the Korean breeding lines to 435 for the introduction lines. The number of group specific alleles ranged from 6 for the weedy strains to 86 for introduction lines. The average gene diversity varied from 0.659 for Korean landraces to 0.835 for introduction lines. Genetic diversity tend to be greater as the number of