

벼 흰잎마름병 저항성 유전자(*Xa-1*, *Xa-3*) 연관 RFLP 마커 탐색

강현중*[†] · 김현순** · 남정권** · 이영태* · 이승엽*** · 김석동****

*농촌진흥청 연구관리국, **호남농업시험장 벼육종재배과, ***원광대학교 식물자원과학부, ****작물시험장

Mapping of RFLP Markers Linked to Bacterial Blight Resistant Genes (*Xa-1*, *Xa-3*) in Rice

Hyeon Jung Kang*[†], Hyun Soon Kim**, Jeong Kwon Nam**, Young Tae Lee*,
Seong Yeob Lee***, and Suk Dong Kim****

*Rural Development Administration, Suwon 441-707, Korea

**Nat'l Honam Agri. Exp. Sta., Iksan 570-080, Korea

***Division of Plant Resources, Wonkwang Univ., Iksan 570-749, Korea

****Crop Experiment Station, Suwon 441-707, Korea

ABSTRACT : Bacterial blight caused by *Xantomonas oryzae* pv. *oryzae* is one of the most serious diseases of rice especially in southern area of Korea. Three races, K₁, K₂ and K₃, are the most dominant species. To improve rice breeding efficiency using marker assisted selection, some RFLP markers were surveyed for polymorphism between resistant and susceptible to K₁ and K₃. And, 127 doubled-haploid (DH) lines derived from Milyang121/HR11650-1-4-2 and 131 DH lines derived from Milyang123/HR10624-AC5 were evaluated to bacterial blight (K₁ and K₃). Milyang121 and HR10624-AC5 have *Xa-1*, resistant to K₁ race, and Milyang123 has *Xa-3*, resistant to K₁ and K₃ race. Three markers, RZ590, RZ536 and RG303, showing polymorphism between parents and resistance gene, *Xa-1* and *Xa-3*, were analysed in the two combinations of DH lines. The segregation pattern of resistant DH population of Milyang123/HR10624-AC5 to susceptible showed 3:1 and 1:1 in K₁ and K₃ race. In three RFLP markers, RZ590 was linked to *Xa-1* on chromosome 4, and RZ536 and RG303 were linked to *Xa-3* on chromosome 11. The map distance between *Xa-1* and RZ590 was 3.1cM on chromosome 4, and *Xa-3* and RZ536/RG303 were 7.6/16.0cM on chromosome 11, respectively. The results of RFLP mapping will be useful for the selection and pyramiding of bacterial blight resistant genes.

Keywords : Bacterial blight, Doubled haploid (DH), Marker assisted selection (MAS), Molecular map

우리나라에서 벼 흰잎마름병은 비바람을 동반한 태풍과 침수가 빈번한 남부지역에서 주로 발생하고 있으며, 최근에는 산

간지에서도 발생되어 수량감소와 함께 천립중 감소, 등숙불량 및 미질을 저하시키는 주요 병해의 하나이다. 현재까지 20여 개의 흰잎마름병 저항성 유전자가 밝혀져 신품종 육성에 활용되어 왔으며, 이 중 *Xa-1*과 *Xa-3* 유전자가 주로 한국에서 발병하는 흰잎마름병에 저항성을 나타낸다고 보고되었다(Shin *et al.*, 1995, 1998; Lin *et al.*, 1996). 최근 여러 종류의 저항성 유전자를 한 품종에 집적시키기 위한 연구가 이루어지고 있는데, Shin *et al.*(1998, 2000)은 교배육종을 통하여 *Xa-1*, *Xa-2*, *Xa-3*에 대한 근동질 유전자 계통과 *Xa-1/Xa-3* 및 *Xa-2(Xa-1)/Xa-3* 유전자가 집적된 계통을 육성한 바 있으며, RAPD 또는 RFLP 마커를 활용하여 두 개 이상의 저항성 유전자를 한 품종에 집적시킨 계통들도 육성되고 있다(Huang *et al.*, 1997; Yoshimura *et al.*, 1995). 이와 같이 DNA 표지인자를 이용한 주요 농업형질의 mapping과 선발이 점차 육종과정에서도 중요하게 활용되고 있다.

벼에서 최초의 RFLP map은 McCouch 등(1988)에 의해 보고되었는데, 우리나라에서도 MG RILs을 이용한 고밀도 유전자 지도가 작성되었으며, 이를 이용하여 양적형질에 대한 유전분석이 가능하게 되었다(Kang, 1996; Cho *et al.*, 1998). 이러한 QTL분석은 유용형질들과 RFLP 표지인자간의 연관관계를 구명하여 gene tagging을 하고, 표지인자를 이용하여 유용형질을 선발함으로써 육종의 효율을 증진시키는데 있다. 최근 널리 이용되고 있는 microsatellite 마커는 품종 및 개체간에 높은 다형성을 보이기 때문에 고밀도 분자유전자 지도의 작성이 가능해졌고, MAS(Marker assisted selection)가 실질적인 육종방법으로 활용될 수 있도록 하였다. MAS는 육종과정 중에 목표형질과 연관된 유전자형을 선발함으로써 육종의 효율성을 증진시킬 수 있으며, 이미 흰잎마름병 저항성 유전자들과 밀접하게 연관된 DNA 마커들이 밝혀지고 있다

[†]Corresponding author: (Phone) +82-31-299-2618 (E-mail) kanghj@rda.go.kr <Received November 5, 2002>

(Yoshimura *et al.*, 1995; Sanchez *et al.*, 1999, 2000; Sheng *et al.*, 2000).

본 연구는 흰잎마름병 저항성 유전자와 연관된 마커를 탐색하고, 약배양 계통에 대한 흰잎마름병 저항성 유전자(*Xa-1* and *Xa-3*)와의 연관분석을 통하여 유전자 지도를 작성하고자 수행하였다.

재료 및 방법

공시재료 및 흰잎마름병 검정

본 연구에 사용된 재료는 흰잎마름병 저항성 유전자와 연관된 마커를 탐색하고자 밀양121호/HR11650-1-4-2 조합의 약배양 127계통과 밀양123호/HR10624-AC5 조합의 약배양 131계통을 이용하였다. 교배친으로 이용된 밀양121호와 HR10624-AC5는 K₁에 저항성인 *Xa-1* 유전자를 가지고 있으며, 밀양123호는 K₃에 저항성인 *Xa-3* 유전자를 가지고 있다(Table 1). 흰잎마름병 검정은 K₁, K₃ 균주를 PSA 배지에 28°C에서 3일간 배양하여, 10⁸~10⁹ cells/ml의 밀도로 최고분얼기에 엽선단 5 cm 부위에 절엽접종하였다. 접종 3주일 후에 포장에서 병반장의 진전 정도를 육안으로 판정하여 절엽된 상태에서 더 이상 진전이 없는 경우는 저항성으로, 절엽된 부분에서 병반장이 진전되는 경우는 이병성으로 판단하여 조사하였다.

Southern 분석 및 연관 분석

식물체의 DNA 추출, 제한효소 처리, 전기영동, Southern blotting은 Causse *et al.*(1994)의 방법을 일부 변형하여 수행하였다. 벼 잎을 5~10 g 채취하여 유발에 넣고 액체질소로 급속냉동시킨 상태에서 미세한 분말로 마쇄한 다음 시료가 녹지 않은 상태로 50 ml cap tube에 옮겨 담았다. 2×CTAB DNA 추출 buffer와 섞어서 60°C 항온수조에서 20분 동안 반응시키면서 2~3회 가볍게 혼합한 후 Chloroform:Isoamylalcohol (24:1)혼합용액으로 불순물 제거를 2회 실시하여 상등액을 새 튜브에 옮기고, 동일량의 isopropanol을 넣어 잘 섞은 다음 -20°C에 30분간 두어 DNA를 얻기게 하였다. DNA를 70% 에탄올에 씻어 15 ml tube에 4 ml TE buffer를 넣고 60°C 항온수조에서 DNA를 녹인 다음, 10 mg/ml RNase를 4 µl 넣고 실온에 30분간 처리하여 RNA를 분해시킨 후 7,500×g로 12분간 원심분리하여 상등액을 새 튜브로 옮긴 후 분석에 이용

하였다. Southern blotting을 위해 genomic DNA를 *DraI*, *HindIII*, *EcoRI*, *EcoRV*, *PstI* 등 5개의 제한효소로 자른 후 전기영동하여 gel을 0.25 N HCl용액에 10분간 shaking하여 depurination 시켰다. Gel을 증류수에 한번 씻고 0.4 M NaOH buffer로 capillary transfer를 이용하여, nylon membrane (Amersham Hybond N+)에 DNA를 전이시킨 다음, nylon membrane을 2×SSC buffer에 2분간 침적, 중화시켜 Southern 분석에 이용하였다. Southern 분석법은 비방사능법(Boehringer-Mannheim)을 이용하였다. Probe는 DIG-labelling법을 이용하여 labelling하였으며, Prehybridization과 hybridization 과정을 거친 후 DIG에 대한 형광 발색시약인 CSPD를 이용하여 X-ray film에 현상하여 밴드를 확인하였다.

Southern 분석 결과 나타난 DNA 표지인자와 흰잎마름병 저항성 형질간의 연관관계를 분석하였으며, 표지인자들의 유전적 거리는 Kosambi centi Morgan으로 나타내었다.

결과 및 고찰

약배양 계통의 흰잎마름병 저항성 분리

공시한 2조합 258 계통에 대한 흰잎마름병 저항성 검정 결과는 Table 2에서 보는 바와 같다. 밀양121호/HR11650-1-4-2 조합에서는 교배친으로 이용된 밀양121호만이 *Xa-1* 유전자를 가지고 있기 때문에, K₁ race에 대하여 저항성과 감수성이 1:1로 분리하였다. 밀양123호/HR10624-AC5 조합에서는 밀양123호가 K₁, K₂, K₃에 모두 저항성인 *Xa-3* 유전자를 가지고 있고, HR10624-AC5는 K₁에 저항성인 *Xa-1* 유전자를 가지고 있기 때문에, K₁ race에 대하여 3:1, K₃ race에 대하여는 1:1의 분리비를 보여 두 조합 모두 이론상 분리비와 일치하였다. 약배양 계통에서 흰잎마름병 저항성의 분리는 조합에 따라 차이는 있으나 저항성 계통의 출현빈도가 높으며, 유전적으로도 안정성이 있다. 약배양 계통의 조합에 따른 흰잎마름병 저항성 분리의 차이는 특정형질간의 연관, 배지에 첨가하는 생장조절제에 대한 소포자 반응의 선택적 효과 및 약배양 기간 중 서로 다른 유전자형의 소포자간 경합 등의 원인으로 특정 형질의 분리가 이론적 기대치와는 다르게 나타날 수도 있으며, 검정 계통수가 적을 때에는 이러한 요인이 더 크게 나타날 수도 있다(Chen *et al.*, 1982; Chen *et al.*, 1983; Lee *et al.*, 1992). 본 연구에서는 약배양에 의한 검정 계통수

Table 1. Reaction to the races of bacterial blight and agronomic characteristics in parental rice varieties.

Parent	Resistance gene	Reaction to race			Chromosome number	Heading date	Culm length (cm)
		K ₁	K ₂	K ₃			
Milyang 121	<i>Xa-1</i>	R	S	S	4	8.18	76
Milyang 123	<i>Xa-3</i>	R	R	R	11	8.17	73
HR11650-1-4-2	-	S	S	S	-	8.11	81
HR10624-AC5	<i>Xa-1</i>	R	S	S	4	8.21	71

Table 2. Segregation of resistance to the pathogene of bacterial blight in anther culture lines of two cross.

Cross combination	Race of bacterial blight	No. of line (%) [*]			Expected ratio	χ^2
		R	S	Total		
Milyang121/HR11650-1-4-2	K1	61(48.0)	66(52.0)	127	1 : 1	1.95
Milyang123/HR10624-AC5	K1	101(77.1)	30(22.9)	131	3 : 1	0.31
	K3	74(56.5)	57(43.5)	131	1 : 1	2.20

*R; Resistant, S; Susceptible

가 조합당 130여 계통으로 비교적 많고, *Xa-1*과 *Xa-3*가 단순 우성으로 유전하기 때문에(Shin *et al.*, 1995; 1998), 이론상 분리비와 잘 일치한 것으로 생각되었다. Yang *et al.*(1988)도 밀양74호/Dasukei 2 조합의 흰잎마름병 K₁ 균주에 대한 저항성 유전분석에서 저항성과 감수성이 A₂집단에서는 1:1 분리를, F₂집단에서는 3:1로 분리하여 단순우성인자에 의하여 지배된다고 하여 본 연구결과와 같았다.

Southern 분석

지금까지 밝혀진 20여개의 흰잎마름병 저항성 유전자 중 한국의 우점 균계에 저항성을 보이는 *Xa-1*, *Xa-2* 및 *Xa-3*는 주동 유전자에 의한 저항성 반응을 보이기 때문에(Shin *et al.*, 1995; Shin *et al.*, 1998), DNA 표지인자를 이용한 선발 기술을 실제 육종에 적용할 수 있을 뿐만 아니라, 비교적 손쉽게 MAS를 이용하여 한 품종에 여러 저항성 유전자를 집적시킨 품종육성도 가능하다(Huang *et al.*, 1997; Yoshimura *et al.*, 1995). 본 연구에 사용된 밀양121호와 HR10624-AC5는 흰잎마름병균 K₁ 균주에 대한 1개의 주동 유전자 *Xa-1*이 관여하는 고도 저항성을 보이며, 밀양123호는 1개의 주동유전자 *Xa-3*가 K₁, K₂, K₃ 균주에 대하여 중도 저항성을 갖고 있다. 이에 따라 교배친 간에 다형성을 보이는 특정 probe를 탐색하기 위하여 genomic DNA를 *DraI*, *HindIII*, *EcoRI*, *EcoRV*, *PstI* 등 5개의 제한효소로 잘라 Southern 분석을 한 결과 RG303, RZ536, RZ590 등 3개의 probe만이 다형성을 보였다. 이를 이용하여 공시 계통들의 RFLP 분석을 한 결과, 계통간에 뚜렷한 다형성을 나타내었다(Fig. 1). RG303과 RZ536은 11번 염색체에 있으며, RZ590은 4번 염색체 상에 존재하는데, 이들 외에도 지금까지 흰잎마름병 저항성을 가진 교배친 간에 다형성을 보이는 몇가지 마커들이 보고되어 있다(Lin *et al.*, 1996; Huang *et al.*, 1997; Yoshimura *et al.*, 1995).

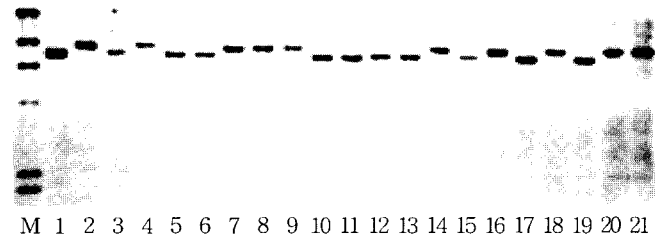


Fig. 1. Southern profiles of the RZ590 marker (Genomic DNA was digested with *PstI*). M : size marker (λ *HindIII*), 1 : Milyang123, 2 : HR10624-AC5, 3~21 : DH lines.

연관분석

포장에서 조사한 흰잎마름병 저항성 결과와 실내에서 RFLP 분석을 통한 DNA 표지인자와의 연관관계를 살펴본 결과는 Table 3(*Xa-1*) 및 Table 4(*Xa-3*)와 같다. 밀양121호/HR11650-1-4-2 조합에서 약배양 계통의 *Xa-1* 유전자에 대한 RZ536과 RG303의 밴드변이에 의한 유전자형을 분석한 결과, 약 50% 내외의 계통들이 흰잎마름병 저항성 결과와는 독립적인 것으로 나타났다. 밀양123/HR10624-AC5 조합에서는 약 44%의 계통들이 RG303의 밴드변이에 의한 유전자형과는 독립적으로 나타났으며, RZ590은 *Xa-1*과 4번 염색체상에서 약 3.1cM의 거리로 가장 밀접한 연관을 보였으며(Table 3), 4계통만이 교차가 관찰되었다. *Xa-1* 유전자에 대하여 RZ590을 이용한 흰잎마름병에 대한 저항성 계통의 선발효과는 96.9%를 나타내었다. 또한 밀양123/HR10624-AC5 조합에서 흰잎마름병 저항성 유전자 *Xa-3*와 연관된 마커는 11번 염색체에 위치한 RZ536과 RG303으로 각각 7.6cM, 16.0cM의 조환가를 보였으며, RZ536마커를 이용한 흰잎마름병 저항성 계통의 선발효과는 92.4%로 나타났다(Table 4).

이상의 결과를 기초로 흰잎마름병 저항성 유전자 *Xa-1*과 *Xa-3*에 대하여 연관을 나타내는 RZ590, RZ536, RG303 마커

Table 3. Linkage analysis of *Xa-1* and markers to rice bacterial blight.

Combination	Marker	Chromosome No.	Linkage to resistance	Non-linkage	Combination value to <i>Xa-1</i> (%)
Milyang121/HR11650-1-4-2	RZ536	11	65 (51.2%)	62 (48.8%)	independent
	RG303	11	59 (46.5%)	68 (53.5%)	independent
Milyang123/HR10624-AC5	RZ590	4	127 (96.9%)	4 (3.1%)	3.1 ± 1.5
	RG303	11	73 (55.7%)	58 (44.3%)	independent

Table 4. Linkage analysis of *Xa-3* and markers to rice bacterial blight.

Combination	Marker	Chromosome No.	Linkage to resistnace	Non-linkage	Combination value to <i>Xa-3</i> (%)
Milyang123/HR10624-AC5	RZ536	11	121 (92.4%)	10 (7.6%)	7.6 ± 2.3
	RG303	11	110 (84.0%)	21 (16.0%)	16.0 ± 3.2

와의 연관지도는 Fig. 2와 같다. K_1 균주에 대한 저항성과 연관된 RZ590 마커는 4번 염색체에서 3.1cM 정도 떨어져 있으며, K_3 균주에 저항성을 나타내는 RZ536과 RG303 마커와는 11번 염색체에서 각각 7.6cM, 16.0cM 정도 떨어져 있는 것으로 나타났다. 이러한 결과는 Causse *et al.*(1994)과 Yoshimura *et al.*(1992)이 작성한 분자유전자 마커의 위치와 표현형 마커의 위치와의 연관관계와 동일한 결과를 나타냈다.

현재까지 밝혀진 흰잎마름병 저항성 유전자는 20여개가 밝혀져 있으며, 이중 우리나라에서 발병되는 K_1 , K_2 , K_3 의 세 우점 균주에 대한 저항성 유전자로는 *Xa-1*이 K_1 에 대하여 고도 저항성 반응을 보이고, *Xa-2*는 K_1 , K_2 에 대하여 고도 저항성 반응을 보이며, *Xa-3*는 K_1 , K_2 및 K_3 에 대하여 중도 저항성 반응을 보인다(Shin *et al.*, 2000). 이러한 저항성 유전자와 연관된 DNA 표지인자의 개발은 근동질 유전자 계통 및 다계통종 육성과 실제 육종과정에서 MAS(marker assisted-selection)를 통하여 유용하게 이용될 수 있다(Mohan *et al.*, 1997; Sanchez *et al.*, 2000; Sheng *et al.*, 2000). 최근 몇가지 벼 흰잎마름병 저항성 유전자와 연관된 표지인자들이 밝혀졌는데, Sanchez *et al.*(1999)과 Zhang *et al.*(1996)은 열성 유전자 *xa-13*이 RG136과 8번 염색체 상에 4cM 이내로 연관되어 있다고 하였고, Yoshimura *et al.*(1995)은 *xa-5*와 RZ390, RG556, RG 207이 5번 염색체 상에 2.3cM, *Xa-3*과 *Xa-4*는 XNpb181과 11번 염색체 상에 1.7cM으로 연관되어 있음을 보고하였다. Singh *et al.*(2000)은 *xa-5*, *Xa-13* 및 *Xa-21*을 MAS에 의하여 한 계통에 집적시킨 결과 더욱 안정적인 저항성을 보였다고 하였다. 본 연구에서 *Xa-3*와 연관된 것으로 밝혀진 RZ536 및 RG303은 위에 보고된 결과보다는 유전적 거리가 비교적 먼편이지만, 4번 염색체상에서 *Xa-1*과 연관된 것으로 밝혀진 RZ590는 약 3.1cM의 거리로 가장 밀접한 연관

을 보여, 벼 흰잎마름병 저항성 유전자의 집적과 조기선발 등에 효율적으로 활용될 수 있을 것으로 기대되었다. 특히 *Xa-21*은 지금까지 밝혀진 모든 균주에 대하여 저항성을 보이는 유전자로서 우리 나라 품종에도 이를 도입할 필요가 있으며, 금후 본 연구결과를 바탕으로 이러한 저항성 유전자가 집적되어 균주의 변이에 안정성 있는 품종을 육성할 계획이다.

적 요

우리나라 자포니카 품종의 흰잎마름병 저항성 유전자와 연관된 마커를 탐색하기 위하여, 밀양121호, 밀양123호 및 HR10624-AC5 등을 교배친으로 한 두 조합의 약배양 계통을 재료로 흰잎마름병 저항성 유전자(*Xa-1* and *Xa-3*)와 DNA 마커 간의 연관분석을 통하여 유전자 지도를 작성하고자 수행하였던 결과를 요약하면 다음과 같다.

1. K_1 균주에 대한 흰잎마름병 저항성 검정결과, 밀양121호/HR11650-1-4-2에서는 저항성과 감수성이 1:1로 분리하였으며, 밀양123호/HR10624-AC5 조합의 K_1 및 K_3 균주에 대한 검정결과는 각각 3:1과 1:1로 분리하여 이론치에 합당하였다.
2. 교배친에 대하여 *DraI*, *HindIII*, *EcoRI*, *EcoRV*, *PstI* 등 5가지 제한효소에 대한 다형현상을 검정한 결과, RZ590, RG303, RZ536 등 3개의 마커가 다형현상을 나타내었다.
3. 흰잎마름병 포장저항성 검정결과와 RFLP 마커와의 연관 분석 결과 *Xa-1* 유전자는 RZ590과 4번 염색체 상에서 3.1 ± 1.5 cM으로 연관되어 있었으며, *Xa-3* 유전자는 RZ536 및 RG303과 11번 염색체 상에서 각각 7.6 ± 2.3 및 16.0 ± 3.2 cM으로 연관되어 있었다.
4. 11번 염색체 상에서 *Xa-3*와 RZ536 및 RG303은 “*Xa-3* - RZ536 - RG303” 순으로 위치하였다.

인 용 문 헌

- Causse, M.A., T.M. Fulton, Y.G. Cho, S.N. Ahn, J. Chunwongse, K. Wu, J. Xiao, Z. Yu, P.C. Ronald, S.E. Harrington, G. Second, S.R. McCouch, S.D. Tanksley. 1994. Saturated Molecular Map of the Rice Genome Based on an Interspecific Backcross Population. *Genetics* 138 : 1251-1274.
- Chen, C.C., W.L. Chiu, L.J. Yu, S.S. Ren, W.J. Yu. 1983. Genetic analysis of anther-derived plants of rice; independent assortment of unlinked genes. *Can. J. Genet. Cytol.* 25 : 324-328.
- Chen, C.M., C.C. Chen, M.H. Lim. 1982. Genetic analysis of anther-derived plants of rice. *J. Hered.* 73 : 49-52.

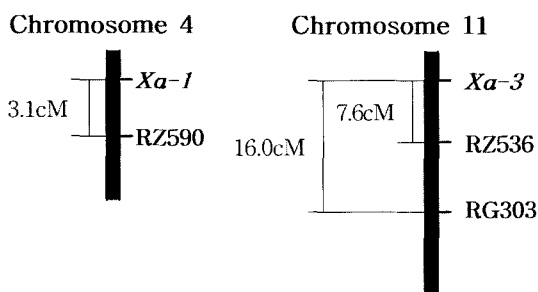


Fig. 2. Genetic map of *Xa-1* and *Xa-3* linked with RFLP markers, RZ590, RZ536 and RG303, to rice bacterial blight.

- Cho, Y.G., M.R. Kang, Y.W. Kim, Y.T. Lee, M.Y. Eun, T.Y. Chung. 1998. Development of RFLP Framework Map of Rice (*Oryza sativa* L.) using Recombinant Inbred Population Derived from Milyang23/Gihobyeo Cross. *Korean J. Breed.* 30 : 289-298.
- Huang, N., E.R. Angeles, J. Domingo, G. Magpantay, S. Singh, G. Zang, N. Kumaravadivel, J. Bennett, G.S. Khush. 1997. Pyramiding of bacterial blight resistance genes in rice: marker-assisted selection using RFLP and PCR. *Theor. Appl. Genet.* 95 : 313-320.
- Kang, H.J. 1996. QTL Mapping of Genes Conferring Agronomic Traits Based on Molecular Map in Rice. Ph. D Thesis. Seoul Nat'l Univ. 85p.
- Lee, S.Y., J.K. Lee, H.T. Shin, K.S. Lee. 1992. Inheritance of heading date and bacterial leaf blight resistance in rice anther culture A2 population. The collection of treatises on Dr. Man Sang Lee' 60th birthday. 370p.
- Lin, X.H., D.P. Zhang, Y.F. Xie, H.P. Gao, Q. Zhang. 1996. Identifying and mapping a new gene for bacterial blight resistance in rice based on RFLP markers. *Phytophthology* 86 : 1156-1159
- McCouch, S.R., G. Kochert, Z.H. Yu, Z.Y. Wang, G.S. Kush, W.R. Coffman, S.D. Tanksley. 1988. Molecular mapping of rice chromosomes. *Theor. Appl. Genet.* 76 : 815-829.
- Mohan, M., S. Nair, A. Bhagwat, T.G. Krishna, M. Yano, C.R. Bhatia, T. Sasaki. 1997. Genome mapping, molecular markers and marker-assisted selection in crop plants. *Mol. Breed.* 3 : 87-103.
- Sanchez, A.C., D.S. Brar, N. Huang, Z. Li, G.S. Khush. 2000. Sequence Tagged Site Marker-Assisted Selection for Three Bacterial Blight Resistance Genes in Rice. *Crop Sci.* 40 : 792-797.
- Sanchez, A.C., L.L. Ilag, D. Yang, D.S. Brar, F. Ausubel, G.S. Khush, M. Yano, T. Sasaki, Z. Li, N. Huang. 1999. Genetic and physical mapping of *xa-13*, a recessive bacterial blight resistance gene in rice. *Theor. Appl. Genet.* 98 : 1022-1028.
- Sheng, C., X.H. Lin, C.G. Xu, Q. Zhang. 2000. Improvement of Bacterial Blight Resistance of 'Minghui 63', an Elite Restorer Line of Hybrid Rice, by Molecular Marker-Assisted Selection. *Crop Sci.* 40 : 239-244.
- Shin, H.T., Shin, M.S., Cho, S.Y. 1998. Breeding of Near-Isogenic Lines for Resistance to Bacterial Blight in Rice. *Korean J. Breed.* 30 : 185-191.
- Shin, M.S., K.Y. Kim, B.K. Kim, J.C. Ko, J.K. Lee. 2000. Pyramiding of bacterial blight resistance genes in rice. *Korean J. Breed.* 34 : 22-26.
- Shin, M.S., H.T. Shin, S.Y. Lee. 1995. A new dominant gene closely linked with *Xa-1* for resistance to bacterial blight, *Xantomonas oryzae* pv. *oryzae*, in rice. *Korean J. Breed.* 27 : 367-371.
- Singh, S., J.S. Sidhu, N. Huang. 2000. Pyramiding three bacterial blight resistance genes (*xa5*, *xa13* and *Xa21*) using marker-assisted selection into indica rice cultivar PR106. *Theor. Appl. Genet.* 102 : 1011-1015.
- Yang, S.J., B.G. Oh, G.S. Chung, J.K. Sohn. 1998. Variability of anther-derived plants in rice (*Oryza sativa* L.) III. Variability of qualitative characters in anther-derived plants. *Korean J. Breed.* 20 : 18-21.
- Yoshimura, S., A. Yoshimura, A. Saito, N. Kishimoto, M. Kawase et al. 1992. RFLP analysis of introgressed chromosomal segments in three near-isogenic lines of rice for bacterial blight resistance genes, *Xa-1*:*Xa-3*, and *Xa-4*. *Jpn J. Genet.* 67 : 29-37
- Yoshimura, S., A. Yoshimura, N. Iwata, S.R. McCouch, M.L. Abenes, M.R. Baraoidan, T.W. Mew, R.J. Nelson. 1995. Tagging and combining bacterial blight resistance genes in rice using RAPD and RFLP markers. *Mol. Breed.* 1 : 375-387.
- Zhang, G., E.R. Angeles, M.L.P. Abenes, G.S. Khush, N. Huang. 1996. RAPD and RFLP mapping of the bacterial blight resistance gene *xa-13* in rice. *Theor. Appl. Genet.* 93 : 65-70.