

## PB-022

## 국내 육성 벼 품종의 아밀로스 함량과 유전자형 간의 상관관계

이소명<sup>1</sup>, 권영호<sup>1</sup>, 신동진<sup>1</sup>, 차진경<sup>1</sup>, 박소연<sup>1</sup>, 이종희<sup>1\*</sup>, 고종민<sup>1</sup>So-Myeong Lee<sup>1</sup>, Young-Ho Kwon<sup>1</sup>, Dongjin Shin<sup>1</sup>, Jin-Kyung Cha<sup>1</sup>, So-Yeon Park<sup>1</sup>, Jong-Hee Lee<sup>1\*</sup>, Jong-Min Koh<sup>1</sup><sup>1</sup>농촌진흥청 국립식물과학원 남부작물부

## [서론]

벼는 세계 3대 식량작물 중 하나로서, 재배종 벼인 *Oryza sativa* L.은 크게 인디카와 자포니카 두 아종으로 나뉜다. 국내에서 육성된 벼 품종은 전분 특성이 다양하지만 이에 대해 체계적으로 형질과 유전자형 간 상관관계를 분석하고, 데이터베이스를 만드는 작업은 아직 이루어지지 않았다. 본 논문에서는 국내 육성 벼 300품종에 대해 조기재배 조건에서 아밀로스 함량을 분석하고, 전분 생합성 관련 유전자에 대한 KASP 마커 분석을 시행하여 유전자형, 아밀로스 함량에 따라 품종들을 구분하였다.

## [재료 및 방법]

식물체 재료는 2019년 밀양에서 조기재배한 국내 육성 벼 300품종의 백미 및 쌀가루 시료를 이용하였다. 아밀로스 함량은 Juliano et al.(1986) 의해 0.1g의 쌀가루를 플라스크에서 요오드 용액과 반응시킨 뒤 스펙트로미터로 흡광도를 측정하여 환산하여 얻었다. 유전자형 분석에 이용한 KASP 마커는 Ji et al.(2018)을 참고하여 제작하였으며, 총 4개의 마커를 이용했다.

## [결과 및 고찰]

GBSS I 유전자영역의 아밀로스 함량에 관련된 3개의 SNP 및 *du1* 유전자 영역의 아밀로스 함량에 관련된 1개의 SNP에 대해 KASP 마커를 이용하여 유전자형을 분석하였으며, 아밀로스 함량과 비교분석하였다.

고아밀로스 유전자 특이적인 GBSS-Wxa 마커는 각각 C/A SNP로 구분되며, C SNP를 가진 품종은 고아미 등 11 품종이었다. C SNP를 가진 그룹의 아밀로스 함량은 25.3-42.8% 범위 내에 분포하였다. 이중 도담쌀은 42.8%로 가장 높았으며 이는  $Wx^a$  유전자와 다른 유전자를 가지고 있기 때문이다. 한편 GBSS-Wxa 마커에서 T SNP를 가지고 있는 품종은 288개였고, 아밀로스 함량 범위가 8.0~31.8% 였으며 평균은 18.0%였다. GBSS-Wxa 마커 검정시  $Wx^a$ 를 갖고 있지 않은 것으로 나타난 288 품종은 다시 살펴 품종 특이적인 GBSS-wx 마커와 저아밀로스 품종 특이적인 GBSS-wxm<sub>q</sub> 마커를 이용하여 분석하였다.

GBSS-wx 마커는 GBSS I 5번째 엑손 영역의 Indel 영역을 타겟으로 제작한 마커로 살펴 품종을 특이적으로 구분한다. 해당 마커는 T/G SNP로 구별되며, 이 중 T SNP를 가진 품종이 살펴로 구분되었다. 또한  $Wx$  유전자의 3번째 엑손 영역의 결손으로 인해 저아밀로스 특성을 나타내게 하는  $wx-mq$  유전자를 갖고 있는 품종은 월백과 미호 등 2 품종이며 아밀로스 함량은 각각 11.6%, 11.2%이었다.

또한 GBSS I 유전자중  $Wx^b$  유전자를 갖고 있으면서 저아밀로스 품종인 백진주와 백진주 1호는 10번 염색체 *du1* 유전자 특이적인 마커로 구별 가능했고, 아밀로스 함량은 백진주가 9.1%, 백진주 1호가 11.5%이고 평균은 10.2%였다.

\*주저자: Tel. +82-55-350-1168, E-mail. ccriljh@korea.kr