

## 벼 등숙기 침관수 피해에 따른 동화산물 분배양상 및 전사체 특성 분석

이현석<sup>1\*</sup>, 최경진<sup>1</sup>, 황운하<sup>1</sup>, 정재혁<sup>1</sup>, 정한용<sup>1</sup>, 윤종탁<sup>1</sup>, 안승현<sup>1</sup>, 이진휘<sup>1</sup>

<sup>1</sup>전북 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 작물재배생리과

### [서론]

벼(*Oryza sativa*)는 세계적으로 중요한 식량 공급원이다. 최근 온실가스 축적 등에 따른 기후 온난화 및 이상기상현상 발생의 증가는 식물체의 성장과 발달에 심각한 장애를 일으켜, 식량안보에 심각한 위협을 주고 있다. 그 중에서도 과거 기상자료로 예측 가능한 최대강수량 범위를 넘어서는 집중호우의 빈번한 발생으로 농경지 침수 발생 빈도가 증가 할 것으로 예상되며, 이러한 상황은 벼 생산량을 급격하게 감소시킬 것이다. 벼 침관수에 관련된 연구는 침수 저항성 특성을 조절하는 SUB1 gene을 주요한 Target으로 한 연구가 주로 많이 진행되어 왔다. 최근에는 새로운 침관수 저항성 품종 육종 프로그램 개발을 위하여 침관수 저항 특성을 조절하는 SUB1 관련 QTL외에 SUB1의 침수저항 특성과 결합하여 새로운 효과를 줄 수 있는 또 다른 QTL 및 다양한 gene들을 찾기 위한 노력을 기울이기 시작하였으며, 이에 관련한 생리적, 분자생물학적 수준에서의 연구는 미비한 상황이다. 본 시험에서는 등숙기 침관수 처리에 따른 동화산물 분배 특성의 분석 및 침관수 조건에서 종실, 줄기, 잎 각 기관별로 발현의 차이를 나타내는 유용유전자(DEGs)를 선별하고, 침관수 조건에서 나타나는 형질들을 특징짓는 유전적 요인이 무엇인지 정확하게 파악하여 등숙기 침관수 적응 품종 육종을 위한 소재, DNA Marker 제작에 활용 할 수 있는 기초정보를 제공하고자 한다.

### [재료 및 방법]

본 시험에서는 남평벼를 사용하였으며, 1/5000a 포트에 3개체씩 이양하여, 침관수 처리 전까지 자연기상조건에서 재배하였다. 침관수 처리는 국립식량과학원 인공기상동 내 침관수 처리 시설을 이용하였으며, 침수처리 시 평균기온은 24 °C(최고 19 °C/최저 29°C), pH는 7~7.5로 설정하였으며, 청수와 탁수로 나누어 구분하여 처리하였는데, 탁수조건은 논흙을 이용하여 용존산소량 및 차광조건에 초점을 두어 조성하였다. 또한 침관수 처리에 의한 일사량 변화를 분석하기 위하여, 처리별로 오전 11시 동일한 시간에 일사량을 측정하였고, 청수 및 탁수처리의 일사량은 수중 지엽높이에서 측정하였으며, 자연광대비 청수 59 %, 탁수는 94 %가 차광된 조건에서 출수 후 7일, 14일 각 등숙 시기별로 침관수 처리가 진행되었다.

### [결과 및 고찰]

등숙기 침관수 피해 시 줄기로 동화산물 분배율이 증가함에 따라, 종실로의 분배율은 감소하는 것을 확인 하였으며, 이러한 줄기로의 동화산물 분배율의 증가는 침관수 회피작에 따른 지상부 신장을 위한 것으로 보인다. 이러한 분배양상은 조직내 sucrose의 축적을 유도하는 즉 sink activity에 관여하는 sucrose phosphate synthase가 종실 및 잎에서 대조구 대비 발현량이 감소하였으며, sucrose 전류와 관련된 sucrose transporter가 종실과 잎에서는 감소한 반면 줄기에서는 증가 하였던 것을 통해 확인 할 수 있었다. 종실로 전류된 sucrose로부터 합성된 UDP-glucose가 α-D-glucose-1P로 전환되는 과정에 관련된 gene의 발현 차이는 없었으나, 이후 α-D-glucose-1P이 전분합성의 최종기질인 ADP-glucose로 전환되는 과정부터 amylose, amylopectin로 합성되는 과정에 관련된 starch synthase, starch branching enzyme 등을 암호화하는 gene들은 down regulation 되는 것을 확인 하였다. 또한 침관수 처리에 따라 종실, 줄기, 잎 각 기관별로 유의한 발현차이를 나타내는 유용유전자들을 선별하였으며, clustering 분석을 통하여 선별된 유전자들의 발현패턴을 분석하고 C1에서 C8까지 cluster group을 정리하였다. 선별된 유용유전자들을 KEGG mapper를 이용하여 광합성, 호흡, 동화산물, 전분합성과 관련된 각 대사과정을 분석하였으며, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, trehalose 6-phosphate phosphatase, phosphoenolpyruvate carboxykinase 등의 각 대사과정에서 특이적인 반응을 보여 침관수 피해 시 역할구명이 좀 더 필요하다고 생각된 유용유전자들을 발굴하였다.

### [사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ011364032017)의 지원에 의해 수행되었다

\*주저자: Tel. 063-238-5267, E-mail. gustjr1029@korea.kr