

보안 과제( ), 일반 과제(  ) / 공개(  ), 비공개( )

## 농생명산업기술개발 사업 최종보고서

발 간 등 록 번 호

11-1543000-002209-01

# 빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화 최종보고서

2018. 04. 03.

주관연구기관 / 국립공주대학교

농 립 축 산 식 품 부

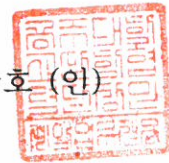
# 제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화”  
(개발기간 : 2015.12.18 ~ 2017. 12.17)과제의 최종보고서로 제출합니다.

2018. 04. 03.

주관연구기관명 : 공주대학교산학협력단 서창호 (인)



주관연구책임자 : 박 용 진

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의  
합니다.

## 보고서 요약서

과제고유번호	115078-2	해 당 단 계 연 구 기 간	2015.12.18. -2017.12.17.	단 계 구 분	
연구사업명	단 위 사 업	농식품기술개발사업			
	사 업 명	농생명산업기술개발사업			
연구과제명	대 과 제 명	(해당 없음)			
	세 부 과 제 명	빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화			
연구책임자	박용진	해당단계 참 여 연구원 수	총: 24 명 내부: 3 명 외부: 21 명	해당단계 연 구 개 발 비	정부:200,000천원 민간:       천원 계:200,000천원
		총 연구기간 참 여 연구원 수	총: 24 명 내부: 3 명 외부: 21 명	총 연구개발비	정부:200,000천원 민간:       천원 계:200,000천원
연구기관명 및 소 속 부 서 명	공주대학교산학협력단			참여기업명	
위 탁 연 구	연구기관명:			연구책임자:	
<p>최근 기후 변화 속에서도 고 부가가치 쌀의 안정적 생산을 위 해, 벼의 주요자원 유래 수발아/침수저항성을 전지놈 염기서열 재분석 기술, 정밀 형질 분석기반 GWAS (Genome Wide Association Analysis)등 최첨단 빅 데이터(대용량 유전체 데이터)를 활용하여 관련 유용 유전자/분자표지 마커를 대량발굴하 고, 이를 활용해 수발아/침수저항성을 고 부가가치 벼에 도입 하는 유전체육종기반을 구축하고, 벼 신품종의 산업화기반을 구축하였음</p>				<p>보고서 면수 108</p>	

## 국문 요약문

	코드번호	D-01
연구의 목적 및 내용	<p>가. 연구개발 목표</p> <p>본 연구는 최근 기후 변화 속에서도 고 부가가치 쌀의 안정적 생산을 위해, 벼의 주요자원 수발아/침수저항성을 전지놈 염기서열 재분석 기술, 정밀 형질 분석기반 GWAS (Genome Wide Association Analysis) 등 최첨단 빅데이터(대용량 유전체 데이터)를 활용하여 관련 유용 유전자/분자표지 마커를 대량발굴하고, 이를 활용해 수발아/침수저항성을 고 부가가치 벼에 도입하는 유전체육종기반을 구축하고, 벼 신품종의 산업화 기반을 구축하는데 있음</p> <p>나. 연구개발 내용</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>(1) 수발아/침수저항성 유전자원 스크리닝 표준기술을 정립과 유용자원 육종소재를 선발</li> <li>(2) 벼 육성종 및 재래종 등 유용자원의 유전체재분석 및 SNP/InDel data mining</li> <li>(3) 수발아/침수저항성 관련 GWAS 분석을 통한 후보유전자 발굴</li> <li>(4) GWAS 등 유전체 육종 기반 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 품종육성 기반 구축</li> <li>(5) 신규 개발 중인 벼 품종의 농민 RPC 단체와 협력하여 브랜드 쌀 개발 및 산업화 추진</li> </ol>	
연구개발성과	<p>가. 자원 스크리닝 및 유전체 재분석</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>(1) 국가 보유 유전자원의 수발아/침수 저항성 평가 및 우수 자원 선발 (수발아 저항성 선발: 418점 중 125점, 침수 저항성 150점 중 17점 선발)</li> <li>(2) 수발아 및 침수저항성 유전자원 활용도 제고를 위한 관련 유용 유전자원 유전체 재분석 (18점)</li> </ol> <p>나. 대용량 유전체 데이터를 활용한 수발아/침수 저항성 관련 유용 유전자 대량 발굴(수발아 저항성 관련 유용 유전자 4개, 침수 저항성 관련 유용 유전자 각각 3개 발견)</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>(1) 유용 유전자 대량 발굴을 위한 전장 유전체 연관 분석 (Genome wide association analysis, 수발아 저항성 관련 유용 유전자 4개, 침수 저항성 관련 유용 유전자 각각 3개 발견)</li> <li>(2) GWAS 분석 기반 수발아/침수 저항성 관련 후보 유전자 발굴</li> <li>(3) 후보 유전자 Haplotyping에 의한 FNP (Functional Nucleotide Polymorphism) 탐색</li> <li>(4) 관련 향미 품종관별용 프라이머 세트 특허 출원</li> </ol> <p>다. 수발아/침수 저항성 우수 품종 벼 육성을 위한 기반 구축 및 산업화</p>	

	<p>(1) 이전 농기평 과제 연계선 상에서 산업화를 지속적으로 추진</p> <p>(2) 관련 저항성 고 부가가치 기능성 벼로 도입을 통한 유용 중간모본 생산 체계화(수발아 및 침수저항성 특성조사를 기반으로 43개 교배조합을 작성, 인공교배를 실시하여 대표적인 F<sub>1</sub>은 여교배를 추진함)</p> <p>(3) 개발대상 벼 육성소재에 대한 재배안정성 평가 및 보급종 생산 (현재 개발대상 벼 고세대 계통에 대해 농업적 특성조사 및 재배안정성 평가 수행함 )</p> <p>(4) 신규 품종의 지역브랜드 시제품 개발 및 대량양산 생산 체계 구축 (2017년 5개 업체에서 6천 톤 이상을 생산하여 각각의 브랜드로 판매하고 있으며 진상벼 제품 판매액은 100억 원으로 추정)</p>				
<p>연구개발성과의 활용계획 (기대효과)</p>	<p>가. 경제적 · 산업적 측면</p> <p>(1) 수발아/침수 저항성 유전자원의 활용도 제고와 고 부가가치 벼 신품종육성을 통한 농가소득 증대</p> <p>(2) 사업화 원료 소재의 안정적 생산 시스템 구축을 위해 농협/영농법인/농가들과의 유기적 협력관계를 통한 쌀 생산 수급 체계의 개선</p> <p>(3) 수발아/침수 저항성 유전자원 활용도 제고, 이를 통한 농가의 안정적인 수익 기반 창출</p> <p>(4) 신규 브랜드쌀 개발을 통한 농업부분의 부가가치 창출 및 고용증대 효과</p> <p>나. 기술적 측면</p> <p>(1) 유전자 Specific DNA Marker를 활용하여 한국 고유 수발아/침수 저항성 유전자의 대량 확보</p> <p>(2) 연관분석(Association)을 통해 수발아/침수 저항성 관련 대량 유전자 발굴, 분자표지개발과 연계하여 과학적이고 체계적인 유전체 기반 벼 품종육성시스템 기반 구축</p> <p>(3) 유전체 정보 활용을 통한 수발아/침수 저항성 유전자 특이 (gene-specific) DNA 마커개발 등 분자유종 및 응용생명공학 연구 분야에 유용한 정보 제공</p> <p>(4) 원예작물 등 다른 재배작물의 앞으로 추진될 GWAS기반 유전체 육종에 대한 선행연구로 기여</p>				
<p>중심어 (5개 이내)</p>	<p>기후변화</p>	<p>내재해성</p>	<p>내수발아</p>	<p>침수저항성</p>	<p>유전체육종</p>

# 영문 요약문

## < SUMMARY >

	코드번호	D-02
Purpose& Contents	<p>The main purpose of this study is to develop a research infrastructure for genomics-assisted breeding and industrialized agriculture to make preparations for the stable production of rice, protecting against continued climate change experienced on the Earth. The whole genome re-sequencing data are analyzed to find genetic markers related to useful agricultural traits, such as pre-harvest sprouting (PHS) and submergence resistance from major rice sources. The genes are then used in genome-wide association study (GWAS), and the new genes found are introduced into elite lines by marker assisted back-crossing.</p>	
Results	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Genetic resource screening and selection               <ol style="list-style-type: none"> <li>(1) A total of 31 PHS resistant accessions and 17 submergence resistant accessions were identified by the evaluation of genetic resources and selection of useful resources</li> <li>(2) High-throughput genome re-sequencing with 150 rice accessions</li> </ol> </li> <li>2. Large-scale discovery of genes useful for immature / immune system from the high-throughput genome re-sequencing data               <ol style="list-style-type: none"> <li>(1) GWAS from 150 resequencing accessions with linear mixed model</li> <li>(2) Genomics-assisted analysis for large-scale gene identification                   <ul style="list-style-type: none"> <li>-A total of 4 PHS resistant candidate genes and 3 submergence resistant candidate genes were identified by GWAS</li> <li>-A total of 35 functional nucleotide polymorphism (FNP) were detected by candidate gene haplotyping</li> </ul> </li> <li>(3) A total of 8 sets of fragrance markers were developed and a patent application was submitted for them</li> </ol> </li> <li>3. Developing the infrastructure for breeding and commercializing superb resistant varieties in PHS and submergence               <ol style="list-style-type: none"> <li>(1) Continuing commercialization as succession of our previous IPET projects</li> <li>(2) A total of 43 cross combination related in PHS and submergence developed and back-crossed as part of the standardization of useful intermediate breeding rice for the development of a high level of value-added to the rice</li> <li>(3) An investigation into the agricultural characteristics and yield stability of breeding lines</li> <li>(4) Development of local brand prototypes of new varieties and mass</li> </ol> </li> </ol>	

	production system (\$1,000 million in estimated sales from 6,000 tons of ' Jinsang' rice)				
Expected Contribution	<p>1. Economic and industrial aspects</p> <p>(1) Promoting the usage of PHS and submergence resistant genetic resources, and increasing farm income via the development of high added value products</p> <p>(2) Establishment of a stable rice supply and demand system through close cooperation between farmers, farming/agricultural association corporations, and the National Agricultural Cooperative Federation</p> <p>(3) The Expansion of stable income sources for farmers by utilizing PHS and submergence resistant resources</p> <p>(4) Creation of additional value-added, and the expansion of employment through the development of a new brand of rice</p> <p>2. Technical aspects</p> <p>(1) Securing Korean original alleles using gene target molecular markers</p> <p>(2) GWAS assisted marker development used as the first step towards establishing a scientific and systematic genome-based breeding system in rice breeding</p> <p>(3) Providing experiential knowledge for molecular breeding and applied biotechnology especially genomics-assisted breeding in disaster resistance</p> <p>(4) Providing experiential knowledge to the breeding of other plants, such as horticultural crops</p>				
Keywords	Climate change	Abiotic stress	Pre-harvest sprouting(PHS) tolerance	Submergence tolerance	Genome assisted breeding

**영문목차**  
**< CONTENTS >**

1. Summary .....	10
2. International and domestic status of technology .....	19
3. Methods and results .....	22
4. The ratio of achievement compared to the aim .....	83
5. Achievements and application plan .....	85
6. Information of the latest technology .....	91
7. Security rating of R & D achievement .....	92
8. Facilities and equipments .....	92
9. Report of safety management .....	92
10. Representative research achievements of R & D achievements .....	95
11. Etc .....	96
12. References .....	96



## < 목 차 >

제1장 연구개발과제의 개요 .....	10
제1절 연구개발의 목적, 필요성 및 범위 .....	10
제2절 연구 성과 목표 대비 실적 .....	13
제2장 국내외 기술개발 현황 .....	19
제1절 국내외 기술개발 현황 .....	19
제2절 연구결과가 국내외 기술개발현황에서 차지하는 위치 .....	21
제3장 연구수행 내용 및 결과 .....	22
제1절 연구방법 및 내용 .....	22
제2절 연구개발 성과 .....	30
제3절 연구 결과 .....	39
제4장 목표달성도 및 관련분야 기여도 .....	83
제1절 목표달성도 .....	83
제2절 관련분야 기여도 .....	84
제5장 연구결과의 활용계획 .....	85
제1절 실용화/산업화 계획 .....	85
제2절 교육, 지도, 홍보 등 기술확산 계획 .....	85
제3절 특허, 품종, 논문 등 지식재산권 확보계획 .....	88
제4절 추가연구, 타연구에의 활용 여부 .....	89
제6장 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보 .....	91
제7장 연구개발결과의 보안등급 .....	92
제8장 국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황 .....	92
제9장 연구개발과제 수행에 따른 연구실 등의 안전조치 이행실적 .....	92
제10장 연구개발과제의 대표적 연구실적 .....	95
제11장 기타사항 .....	96
제12장 참고문헌 .....	96

<별첨> 자체평가의견서

# 제1장 연구개발과제의 개요

코드번호	D-03
------	------

## 제1절 연구개발의 목적, 필요성 및 범위

### 1. 연구개발의 목적

본 연구는 최근 기후 변화 속에서도 고 부가가치 쌀의 안정적 생산을 위해, 벼의 주요 자원 유래 수발아/침수저항성을 전지놈 염기서열 재분석 기술, 정밀 형질 분석기반 GWAS (Genome Wide Association Analysis)등 최첨단 빅 데이터(대용량 유전체 데이터)를 활용하여 관련 유용 유전자/분자표지 마커를 대량발굴하고, 이를 활용해 수발아/침수저항성을 고 부가가치 벼에 도입하는 유전체육종기반을 구축하고, 벼 신품종의 산업화기반을 구축하는데 있음

### 2. 연구개발의 필요성

#### 가. 연구개발대상 기술의 경제적·산업적 중요성

##### (1) 경제적·산업적 중요성 : 쌀은 국가차원의 가장 중요한 식량안보 작물

- 쌀은 핵심식량작물 중 하나이며 특히 국내에 있어서는 쌀 생산이 농업 외에 농공업, 서비스업 등 국가 경제전반과 보건 및 안보에 미치는 영향이 대단히 큼
- 현재 국내 쌀 생산은 급격한 기후변화로 생산량의 변동이 심함
- 쌀은 단순 소비재와는 근본적으로 달라서 쌀 부족에 의한 가격상승과 품귀 현상은 국가의 경제적, 사회적, 보건적 그리고 안보적 혼란을 조장하고 국가의 경쟁력을 치명적으로 약화시킬 것으로 전망되며 이에 대한 근본적인 대책이 조속히 마련돼야 함
- 수발아는 등숙기의 잦은 강우와 도복 등으로 벼를 포함한 밀, 보리 등의 곡식 작물의 종자가 이삭에 붙어있는 상태로 발아하게 되는 현상인데, 수발아가 발생되면 수량이 감소할 뿐 아니라 품질이 저하됨
- 일반적으로 수발아 길이가 3mm 이상이 되면 수량은 반으로 줄어들고 유백미, 동할미, 무백미 등의 증가로 완전미가 현저

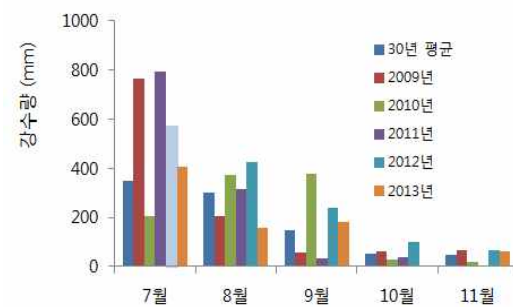
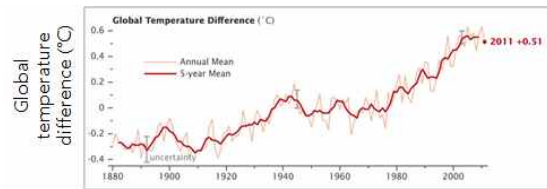


그림 1 세계적으로 일어나는 이상 고온 현상 (상)과 한반도 내의 7월~11월간 강수량 변화 (하)



그림 2 수발아 피해 사례

하게 감소하여 상품으로서 가치를 잃고 밥맛도 대단히 나빠짐

- 최근 30년 동안 벼 등숙기의 폭우가 잦아져 근본적인 대책 수립이 시급함
- 또한 생육이 불안정한 유묘시기의 폭우로 인한 침수 피해는 생산량에 직접적으로 악영향을 끼칠 수 있으며 미래에 한반도 내 닥칠 수 있는 재난으로 사료됨

## (2) 기술적 중요성 : 국내 작물에 최초 시도되는 GWAS기반 유전체육종 pipeline 구축

- 유전체학은 2008년부터 본격화 된 Next Generation Sequencing (NGS) 기술의 혁신으로 비약적인 발전이 이루어졌음
- 벼와 같이 염기서열이 밝혀진 작물에서는 reference sequence(표준유전체) 정보에 다른 개체의 염기서열을 비교하는 re-sequencing 방법을 통해 염기서열 정보를 통합시키고 생물 정보학적 알고리즘으로 개체의 유전자 개체간의 특성 및 변이를 확인하여 농업 우수 형질에 관련된 유용 대립유전자 및 분자 표지마커를 GWAS (Genome Wide Association Study)로 대량 발굴할 수 있게 되었음
- 현재 수발아, 침수저항성 및 내재해성에 대한 연구가 세계적으로 많이 이루어지고 있지만 효율적으로 육종에 활용 가능한 유용 유전자는 indica나 aus 생태형에서 유래된 수발아의 Sdr4 와 침수저항성의 Sub1A 외에 잘 알려진 바 없음

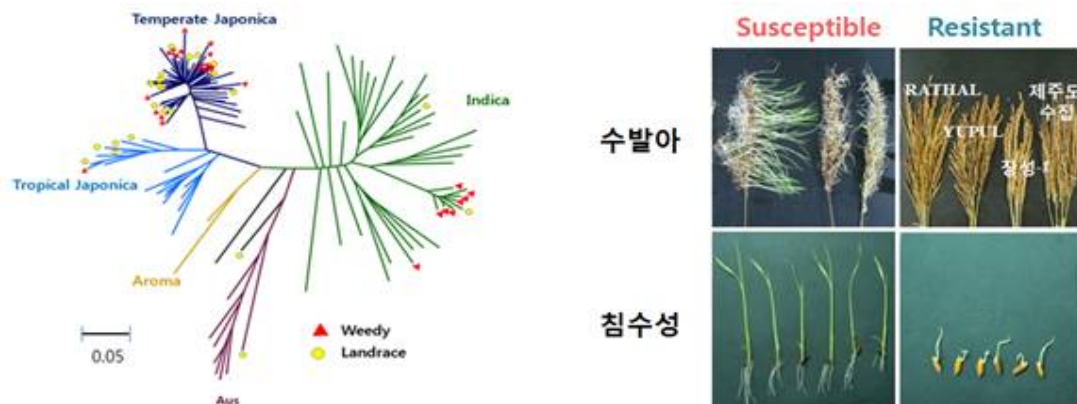


그림 3 1.4M SNP기반으로 작성된 벼 핵심집단의 phylogenetic tree (좌)와 집단 내 한국 자생 잡초성 벼를 포함한 수발아 및 침수저항성 유전자원

- 국내 벼 핵심집단의 선행연구에서 핵심집단에 포함된 자생 잡초성 벼는 온대 자포니카 생태형 이외에 indica생태형과 열대자포니카 생태형 등 다양한 생태형에 포함되어 있음이 처음으로 밝혀짐 (He et al., 2017)
- 벼의 수발아 및 침수 저항성 sources는 indica, aus type의 외국 도입종에서 주로 발견되었으나, 국내 자생 잡초성벼 (weedy type)등 에서도 발견됨. 따라서 국가 고유자원 활용도 제고를 위해, 이러한 유전자원의 미래 육종적 활용이 중요함
- 예를 들면 기 보유 벼 핵심집단에는 30점 밖에 포함되어 있지 않으나, 국내 농업유전자원센터에는 943점의 인디카 계열 자생 잡초성 벼가 보존되어 있음
- 따라서 수발아 및 내재해성에 대한 유용 유전자 발굴을 위해 이러한 유전자원을 활용한 GWAS 및 유전체 정보 기반 연구가 시급함

나. 연구의 필요성 및 범위

(1) 향/기능성 특성이 결합된 내재해성 벼 유용 소재 개발

- 향미는 밥을 지을 때 구수한 밥 냄새가 온 집안에 가득하고 가까운 이웃까지 느낄 수 있을 만큼 향이 매우 진한 쌀을 말하는데, 특히 취반 시 팍콘과 같은 향이 발산되는 쌀로서 중국, 인도, 파키스탄 등 동남아시아 지역에서 오래전부터 재배하고 있는 고급미이며 일반미에 비해 2~3배 정도 높은 가격에 거래되고 있음
- 이러한 향미는 직접 취반용으로 이용되는데 향이 강한 경우 일반 쌀에 5~10% 정도 섞어서 밥을 지으면 구수한 밥 냄새를 나게 하면서 밥맛을 좋게 해줌
- 2011년 4월 경 중국(대련) 현지의 쌀 가격을 볼 때, 일반 향미는 쌀 kg당 837원 (a)~1,040원(b)에 판매되고 있었음
- 이는 일반 쌀과 비슷한 가격이나, 고급 향미품종인 도화향(c)의 경우 kg당 2,003원으로 2배 이상의 가격에 판매되고 있었음 (그림 5)

Indica type	Japonica type	미확인	Total
943	624	470	2037

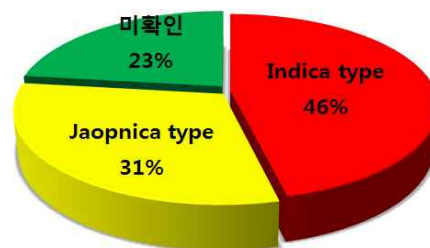


그림 4 농업유전자원센터에서 보존되어 있는 국내 자생 잡초성 벼 현황



a. 자포니카 향미      b. 인디카 향미      c. 고급 향미(도화향)  
 ¥35.5/5kg (837원/kg)      ¥44.3/5kg (1,044원/kg)      ¥85/5kg (2,003원/kg)

그림 5 중국(대련) 현지의 쌀 제품(환율 ¥1 = ₩ 177.84, 2011. 10. 20기준)

- 특히, 중국 강소성에서 개발된 향미 중 ‘Nanjing 46’ 은 현재 시중가격 보다 3배 정도 비싸게 거래되고 있고 출시 된지 3년 만에 연간 강소성 등 3개성에서만 60만 ha가 중국내에서 재배되고 있어서 연간 6조 위엔 이상의 농가소득을 올리고 있으며 연간 600억 위엔 이상의 종자판매 순수익을 기록하고 있음 (그림 6)
- 이는 고품질 향미 재료의 중요성을 시사해 주고 있을 뿐만 아니라 현재 국내 쌀 산업 침체에 대한 대안의 실효성을 직접적으로 제시 해주고 있음
- 따라서 본 연구는 벼 유전자원의 수탈아 저항성 및 기후 대응성의 정밀 이용성 평가를 추진하여 전장유전체연관분석(GWAS, Genome Wide Association Analysis)기반 유용 유전자 탐색 및 유전자기능 분석으로 신품종 개발을 위한 유전자원 활용 유전체 육종 인프라를 구축하는 연구임

- 이 연구는 국내 작물분야에서 최초로 시도하는 유전 자원 유전육종, 유전체기술 및 생물정보 등을 통합하여, 수발아/침수 저항성 관련 유용 유전자 및 분자표지 마커들의 효율적인 발굴과 이를 Molecular Designed Breeding에 적용하여 기후변화에 선제적으로 대응할 수 있는 향미품종 등 고 부가가치 벼 품종육성 기반을 구축하는 것을 최종 목표로 함



## 제2절 연구 성과 목표 대비 실적

그림 6 Nanjing 46, 2,760원/Kg

### 1. 정성적 성과

#### 가. 수발아/침수저항성 벼 자원 스크리닝

- 수발아/침수저항성 자원 스크리닝 표준기술 정립
- 인디카 자원 포함 벼 유전자원의 수발아 및 침수 저항성 평가 및 우수 자원 선별
- 대상 유전자원에 대한 수발아/침수 저항성 평가 후 결과를 DB화
- 수발아/침수저항성 자원 농업형질 평가 및 기능성 평가

#### 나. 수발아/침수저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS 기반 구축

- 수발아 및 침수저항성 유전자원 활용도 제고를 위한 유전체 재분석
- 3개의 다른 reference에 대해 Assembly를 추진
- 각 표준유전체를 기반으로 유전 변이 (SNP 및 InDel) 동정 및 DB화

#### 다. GWAS 기반 관련 유전자 확보 및 관련 유용 전자 및 분자표지 마커 대량 발굴

- 수발아/침수 저항성 관련 GWAS분석
- GWAS 분석을 통한 수발아/침수 저항성 후보유전자 발굴
- 후보 유전자 haplotyping에 의한 유용 functional polymorphism (FNP) 동정 및 분자표지 마커 개발

#### 라. 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축

- 향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 벼 품종 육성을 위한 중간모본 개발 및 산업 소재화 (특허 출원 1건)
- 개발대상 벼 육성소재에 대한 재배안정성 평가 및 보급종 생산
- 새로운 지역브랜드 쌀 상품 시제품 생산 및 대량양산 체계 구축







표 1 “진상벼” 사업화실적 현황

구분	기술실시 계약 업체명	제품명	2016~2017년 매출액 (백만원)
1	면천농협미곡종합처리장	진상미	630
2	(주)경성미가	싱싱미, 갓 찼은 쌀	1,830
3	수라청연합농협RPC	수라청 진상미	5,988
4	팔탄농협	윤기고슬 찰기소슬	1,969
5	여주시마을정미소	자채쌀	1,735
합 계			12,152

- “진상벼” 는 2016년 5개 업체가 3,150톤을 판매하였고 2017년에는 4개 업체에서 6,000여 톤을 생산하여 3,100톤을 판매하였으며 2016~2017년 제품 판매액은 약 121.5 억원임

표 4 “진상2호” 사업화 실적 현황

구분	기술실시 계약 업체명	제품명	2017년 매출액 (백만원)
1	(주)농업회사법인 금벌	사람한테 참 좋은쌀	100
2	면천농협	무농약 쌀	1,105
3	월드그린 영농조합법인	섬섬옥미	200
합계			1,405

- “진상2호” 2017년 3개 업체에서 700톤 이상 생산하였으며 제품 판매액은 14억원임

표 5 “예농2호” 사업화 실적 현황

구분	기술실시 계약 업체	2018년 예상 재배량(톤)
1	월드그린 영농조합법인	200

- “예농2호” 현재 1개 업체와 기술실시 계약을 체결하여 사업화를 위한 종자생산을 하였으며 2018년 200톤 규모로 재배 예상

라. 논문

- SCI 논문 목표 1건, 실적 5건 (중복사사), SCI 논문 2건 Revision 중

- ① Genome-wide Association Mapping of Polyphenol Contents and Antioxidant Capacity in



Whole-Grain Rice, J Agric Food Chem (2016) (중복사사)

- ② Genome-wide association study of eating and cooking qualities in different subpopulations of rice (*Oryza sativa* L.), BMC Genomics (2016) (중복사사)
- ③ Genetic variation architecture of mitochondrial genome reveals the differentiation in Korean landrace and weedy rice, Scientific Report (2017) (중복사사)
- ④ Genome wide association study on the germination ability at low temperature and preharvest sprouting resistance in rice (Plant Biotechnology Journal) **revision 중**
- ⑤ SUBMERGENCE 1 (SUB1) gene diversity in KRICE\_CORE (Rice) **revision 중**

마. 학술발표

- 학술발표 목표 2건, 실적 3건

- ① Quiescence Vs Elongation strategy to develop Anaerobic Rice in Korean Rice Heuristic Set (2016 한국육종학회)
- ② Tolerance of anaerobic conditions caused by flooding during direct seeding and germinated seedling (International Conference of the Genetics Society of Korea 2016)
- ③ Genome-wide association study and gene sets analysis for understanding (PAG ASIA 2017)

바. 홍보전시

- 홍보전시 목표 1건, 실적3건

<박람회 참가>

No.	박람회 시작일	박람회 종료일	행사명칭	참여품목
1	2016.09.27	2016.09.29	제15차 세계한상대회	쌀

<언론 홍보 실적>

No.	홍보일	매체명	제목
1	2017.12.12	뉴스브라이트	국립종자원, ‘2017년 대한민국우수품종상’ 대회 수상품종 8점 선정·시상
2	2017.12.26	중앙신문	여주 ‘진상벼’ 전용실시권 계약 체결

## 국립종자원, '2017년 대한민국우수품종상' 대회 수상품종 8점 선정·시상

기사입력 2017.12.12 14:27

국립종자원은 '2017년 대한민국우수품종상' 대회를 통해 선정된 8개 수상품종에 대해, 오는 14일 디케이호텔(서울 양재동)에서 김중훈 농업혁신총괄부 차관보와 종자산업 관계자가 참석한 가운데 시상식을 개최한다고 밝혔다.

김중훈보는 총 80품종이 출품되어 서류심사, 현지심사, 종합심사의 엄격한 과정을 거쳐 최종 8개 품종이 선정되었다.

서류심사(1차)를 통과한 총품종중 농약(1명)·심사위원이 재배현장을 직접 방문하여 현지심사(2차)함으로써 품종 성능을 살펴평가하였고, 이 결과를 종합심사(3차)에서 종합적으로 판단했다고 전했다.

김중훈 차관의 대동결산본 벼종 '청남' 품종을 육성한 우리농업진흥청 김희규 대표가 수상하게 되었다. '청남'은 월동(越冬) 재배용으로 상숙(수확)기가 늦어, 동해권 농경이 시차되는 4~5월까지 공급할 수 있는 품종이다.

월동재우는 전남 해남·무안·신안군 등의 해안지역에서 주로 재배되고 있는데 '청남' 벼주는 월동재우 종자시장의 40~50%를 점유하고 있다.

국립종자원 수상품종으로는 국립식량과학원 바이오에너지자원연구소의 고구마 '홍원미'와 국립원예특작과학원 사과연구소의 사과 '얼머랑' 품종이 선정되었다.

'홍원미' 고구마는 상숙(수확)이 빠른 다수확 품종으로 맛이 좋은 기능성 호박고구마이다. 기존 '물미'보다 생산성이 26~48% 정도 높고 늦에 출근 상황에서 '물미'에는 없는 베타카로틴을 함유하고 있다.

'얼머랑' 사과는 7월 중하순에 수확이 가능할 정도로 상숙(수확)이 빨라서 이듬해 운송되는 붓사과 '쓰거루'를 대체할 수 있는 품종이다. 외관풍采인 '쓰거루'보다 껍질이 얇고 식감이 좋다.

농업혁신식품부장관상에는 서프라이더 배 '진상', 유니클레백의 말리농시스 '무너뎃딩', 국립식량과학원 농부작물부의 배 '지집이', 경상북도농업기술원 상수장미채취연구소의 딸기 '쁘다', 농우바이오의 유 'RCH1188' 품종이 선정되었다.

'진상' 배는 유행과 질병의 중간정도 침해를 받는 부드러운 식감이 특징이다.

'무너뎃딩' 말리농시스는 껍질이 얇고 휘파람의 색깔과 휘파람 선 모양으로 출몰하게 생길 수 있어 재배관리가 용이한 품종이다. 맛은 중산에도 불구하고 향이 이상 강해(기름)를 방지하는 고소득 품종이다.

'세밀리' 배는 국내 배 최초로 분자표지(DNA 기술)를 활용하여 육종기간을 단축한(12~17년) 품종으로 재배면적이 확대되고 있는 품종이다.

'쁘다' 딸기는 겨울철 하우스 재배용으로 크기(早熟) 수확 가능하고 단맛과 신맛의 적절한 조화로 식이 우수하며 껍질이 크고(2.4g) 단단한 다수확 품종이다.

'RCH1188' 유는 김남도 신선휘 '우슬농산물(정광산)' 부문 수상품종이다. 무 토양이 원동할이고 무 전체 색이 배색인 우수한 재료를 나타내는 품종으로 13년 첫 중국 수출이후 매년 30톤 이상의 수출실적을 달성한 품종이다.

국립종자원은 "앞으로도 '대한민국우수품종상' 대회가 육종가의 우수 신 품종개발 의욕 고취 및 종자산업의 중요성에 대한 국민적 공감대 확산에 기여할 수 있도록 엄정하고 공정한 대회 운영 및 출품품종 심사에 만전을 기해나갈 계획"이라고 밝혔다.

[이산희 기자 sun@sundog.kr]

<저작권자유스프라이트 & www.newswrite.net 무단전재-재배포금지.>

2016. 1. 30

중앙신문

이산희 기자 sun@sundog.kr

인쇄특가

## 중앙신문

1000 독도 1000

뉴스 1000

## 여주 '진상배' 전용실시권 계약 체결

최종호 기자 sun@2017.12.26 12:08



여주시에서는 지난 26일 (주)시드피아와 '진상배' 전용실시권 설정 계약을 체결하고 '진상배'를 여주발의 대표품종으로 육성한다고 밝혔다.

'진상배'는 2011년 (주)시드피아에서 품종등록을 한 품종으로 여주시에서는 2013년부터 황남진상배 단지 180ha를 조성해 '청남' 일괄농업 진상배 '자재'라는 브랜드를 내걸고 서울 신세계백화점 등 5개 백화점 및 지역 내 글로벌 등에 고급딸기 유통을 해 소비자로부터 좋은 반응을 얻고 있다.

이에 여주시는 향후 여주의 대표딸기 육성하기 위해 지역 내 농업인 및 8개 농업 조합원, 통합RCC과 등과 3회 이상의 간담회를 가진 후 (주)시드피아와 '진상배'의 전용실시권계약을 체결하게 됐다.

여주시 관계자는 "진상배는 여주시에서 5년 동안 재배를 해오며 소비자들의 많은 사랑을 받아왔고 또한 친척의 배 농사 주산지인 여주와 재배특성이 매우 잘 맞는 우수한 품종으로 향후 여주발의 대표품종으로 육성을 하여 여주 농업인들의 소득증대에 크게 기여하도록 노력하겠다"고 말했다.

김덕수 여주시농업기술센터 소장은 "현재 재배되고 있는 수확되는 한국 어디서나 재배되고 있어 차별성이 없는 데 어떻게 특화된 '진상배'는 법적으로 여주시 농업인만 재배 할 수 있어 여주발 경쟁력있고도 농업소득 증대에 크게 기여할 수 있게 되어 매우 기쁘다" 고 말했다.

농업기술센터와 농정과는 따르면 '진상배'의 육종 보급과 확대를 위해 2018년에 '진상배'를 1250ha의 GAP단지로 추진기로 하고, '진상배'의 품질관리를 위해 여주시농업기술센터 딸기농업기술을 활용해 유통하기 전에 엄격한 품질 검사를 실시하고 '진상배'의 홍보를 위하여 대방일보, 여주발의 명성을 높이기 위해 노력하겠다고 전했다.

http://www.jeongang.com/news/articlePrint.html?news=4414

1/2

그림 7 진상배 우수품종 선정, 전용실시권 계약 체결 등 홍보 기사

사. 기타 (수상실적)

- ① 우수발표상, 2016 한국육종학회, “Quiescence Vs Elongation Strategy for Direct Seeding Approach in Korean Rice Core Set”

## 제2장 국내외 기술개발 현황

코드번호

D-04

### 제1절 국내외 기술개발 현황

#### 1. 국내외 기술개발 현황

##### 가. 기후 변화 대응을 위한 수발아/침수 저항성 관련 연구 현황

- 수발아는 곡물의 수량과 품질을 떨어뜨리기 때문에 수발아 저항성은 곡물육종의 세계적인 육종목표가 되고 있음 (Zhang et al., 2014)
- 2010년 PNAS에 게재된 연구에서 일본 Group은 Japonica(Nipponbare) 와 Indica(Kasalath)를 이용한 map based cloning으로 수발아 조절 유전자인 Sdr4 (Seed dormancy 4)를 발표. 염색체 7번에 위치한 Sdr4의 기능은 휴면을 유도하고 휴면 후 발아를 억제함 (Sugimoto et al., 2010)
- 수발아와 종자휴면에 대한 분자메커니즘은 아직까지 명확하게 밝혀지지 않았으며 곡물의 수발아 문제를 극복하기 위해 더 많은 유전자를 탐색하여야 함 (Lee et al., 2017)
- Magwa 등(2016)은 association mapping을 통하여 다양한 벼 유전자원의 발아와 관련된 16개의 유전자좌를 보고하였음
- Sub1A는 침수저항성(flood resistance)에 관여하는 유전자로서 Indica 및 Aus 생태형 (Ecotype)의 벼 자원에서만 발견되었음. 2006년 Sub1A유전자가 동정되면서 (Xu et al., 2006) flood resistance에 대한 품종 육성이 가속화 되었고, 그 결과 2010년에 홍수 피해가 심각한 필리핀, 인도네시아 그리고 방글라데시에서 Sub1A 기반 mega variety가 출시되었음 (Neeraja et al., 2007; Septiningsih et al., 2009; Iftekharuddaula et al., 2011; Ismail et al., 2013)
- 2010년에 PNAS에 발표된 Sdr4와 2006년에 “Nature지”에 발표된 Sub1A 이외에 아직까지 벼 유전자원에서 벼 육종에 효과적으로 활용될 수 있는 추가적인 신규 유전자원 및 관련 유전자의 동정사례는 전무한 실정임

#### Sub1A is an ethylene-response-factor-like gene that confers submergence tolerance to rice

Kenong Xu<sup>1</sup>, Xia Xu<sup>1</sup>, Takeshi Fukao<sup>2</sup>, Patrick Canlas<sup>1</sup>, Reyce Maghirang-Rodriguez<sup>1</sup>, Sigrid Heuer<sup>1</sup>, Abdelbagi M. Ismail<sup>3</sup>, Julia Bailey-Serres<sup>2</sup>, Pamela C. Ronald<sup>1</sup> & David J. Mackill<sup>1</sup>

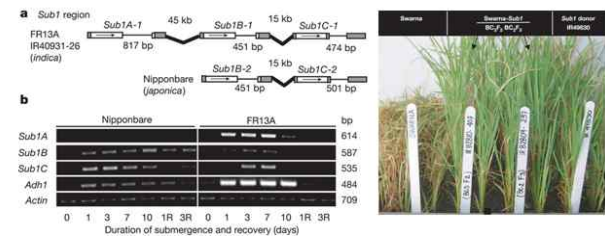


그림 8 Nature지에 게재된 침수 저항성 관련 유전자 *Sub1A* 연구 사례

##### 나. 벼의 유전체재분석

- Next generation sequencing (NGS)는 최근 다양한 유전적 배경을 가지는 복잡한 특성에 관련된 후보 유전자를 검출하는 데 사용되고 있으며, haplotype map에 기반한 GWAS는 쌀의 다양한 농업적 특성에 대한 몇 가지 후보 유전자가 밝혀짐 (Huang et al., 2010)
- 미국 코넬대학 벼 유전자원 연구팀은 국제미작연구소 자원을 대상으로 하여, 세계 82개 국가에서 수집된 413개의 벼 유전자원을 선발하여 44,100 SNP array를 이용하여

genotyping을 실시하고, 34개 농업관련 형질을 조사하였음. 413개의 벼 유전자원은 5개의 생태형으로 구분되었음 (Michael et al. 2009)

- 2014년 국제미작연구소 (IRRI, International Rice Research Institute, BGI(Beijin Genome Institute), CAS (China Academy of Science)의 컨소시엄으로 전세계에서 수집된 약 3000점의 유전자원 및 품종의 유전체 재분석을 완료하였음
- 최근 GWAS기반 유전체 연구 동향은 외부로 드러나는 표현형 평가뿐만 아니라 transcriptome, proteome, metabolome 분석에서 얻어지는 대량의 유전자 및 대사물질 각각의 발현량 및 함량을 표현형으로 하여 GWAS 분석이 수행하여 이로부터 이들 유전자의 발현 및 대사물질 함량에 관여하는 유전자를 대량으로 동정하고자 시도함
- 그 예로 일본 동경이화학연구소 Saito박사와 Yano박사의 공동 연구팀은 175점의 벼 자원을 대상으로 flavone-C glycoside를 포함한 metabolome 기반 GWAS분석을 수행하였고, 89 metabolite의 양적변화와 연관되는 323개의 associated region을 동정하였음 (Matsuda et al., 2014)

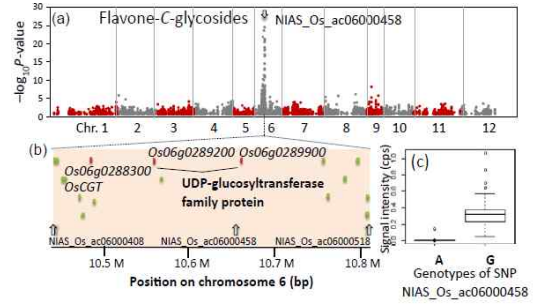


그림 9 Flavone-C-glycoside 표현형 기반 GWAS결과 (출처: Matsuda et al. 2014)

## 2. 국내외 연구현황 비교 및 필요 연구 분야

### 가. 기후변화 대응 관련 벼의 수발아/침수 저항성 연구 필요 분야

- 유전체 정보의 증가는 몇몇 주식 작물에 편중되어 있고 유전체 정보가 있는 벼에서도 겉으로 드러나거나 단일 물질 동정에 의한 GWAS연구에 머물러 있는 연구 시작단계에 있음
- 특히 수발아 및 기타 기후변화 적응 연구에 아직 다양한 유전자원의 유전체 정보를 한꺼번에 활용할 수 있는 GWAS연구도 초기 단계에 불과 함
- 향후 예상되는 기후변화에 선제적으로 대비하기 위해서 수발아 및 내홍수성과 같은 재난저항성 관련 유전자 확보가 절실히 요구됨
- 또한 유용 유전자 발굴 후 이를 고 부가가치 벼에 도입하는 체계가 신속히 이루어 질 수 있는 시스템 개발이 요구됨

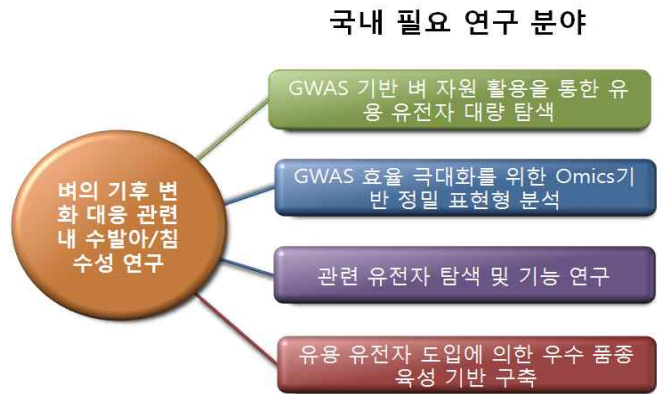


그림 10 국내·외 연구 동향 분석을 통한 기후 대응 관련 벼의 GWAS기반 수발아/침수 저항성 연구 필요 분야

## 제2절 연구결과가 국내외 기술개발현황에서 차지하는 위치

### 가. 세계 최고 수준의 빅데이터를 활용한 수발아/침수 저항성 관련 유용 유전자 대량 발굴

- 유전체 재분석 및 참조유전체 Assembly를 통한 대량 유전체 정보를 구축하고 이를 기반으로 유전변이 정보(SNP/InDel)를 동정하고 DB를 구축함. 이는 식물 유전연구에 생물정보학을 적극 활용한 사례로 국내 뿐만 아니라 국외에서도 정상수준임
- 구축된 유전체 정보와 유전체 재분석 자원은 국내 대학 및 연구소에 무상으로 기술이전을 하고 있으며 기업에는 유상으로 기술이전을 하고 있음
- 빅데이터를 활용한 GWAS 분석 및 동정된 후보유전자의 haplotype 변이 분석 등의 기술은 세계최고 수준이며 본 연구진의 생물정보학적, 통계학적 처리 기술을 교육사업을 통해 국내 연구진에 노하우를 전수하고 있음

### 나. 유용 유전자를 고 부가가치 기능성 벼로 도입하여 유용 중간모본 생산

- 수발아/침수 저항성 등 유용 유전자를 동정하여 이를 중간찰, 향미 등 고 부가가치 벼 품종에 도입하고 분자마커를 이용한 여교배와 선발을 통해 효율적인 중간모본 생산기술은 국내외적으로 정상수준이며 향미기반 고품질 벼 품종 생산을 위한 향미판별용 프라이머 세트는 특허출원하였음

### 다. 육성된 고 부가가치 벼 품종의 생산 및 산업화의 성공 모델

- 벼 품종의 개발과 보급은 지금까지 국가주도로 이루어졌으며 농민들은 벼 품종에 대해 로열티를 지급하지 않고 종자를 사용할 수 있었음. 현재는 민간기업이 벼 품종을 육성하고 있으나 농민들의 로열티 지급에 대한 거부감 등으로 인해 산업화가 활발히 이루어지지 않고 있음.
- 본 연구진의 기 수행된 농림수산물기술평가원 농생명산업기술 개발사업 (110136-5) 지역연계브랜드과제와 연계되어 추진하고 있는 진상벼의 사업화와 본 연구의 결과로 사업화를 진행하고 있는 진상2호, 예농2호는 성공적으로 사업화를 진행하고 있음
- 본 연구를 통해 육성된 품종의 사업화를 주도하고 있는 (주)시드피아는 진상벼, 진상2호 등의 성공적인 사업화를 통하여 2018년 1월 23일 ‘농업보국’의 뜻을 계승해 혁신과 창조적인 연구로 농업발전에 기여한 농업인과 학자에게 주어지는 “제4회 한광호 농업상 시상식”에서 첨단농업인상을 수상하였음 (그림 34)



### 제3장 연구수행 내용 및 결과

코드번호	D-05
------	------

#### 제1절 연구방법 및 내용

##### 1. 벼 수발아 저항성 스크리닝

###### 가. 공시재료 및 재배방법

- 유전체 재분석 자원 총 294점 중 재래종, 도입품종, 잡초성벼 등이 포함된 핵심집단 133점 및 국내 육성품종 154점을 연구재료로 사용하였으며 공주대학교 실험포장에 1주 1본으로 이앙. 재식거리는 표준재배보다 간격이 넓은 30x25cm로 이앙하였으며 재배관리는 농촌진흥청 표준재배법을 준용하여 재배하였음

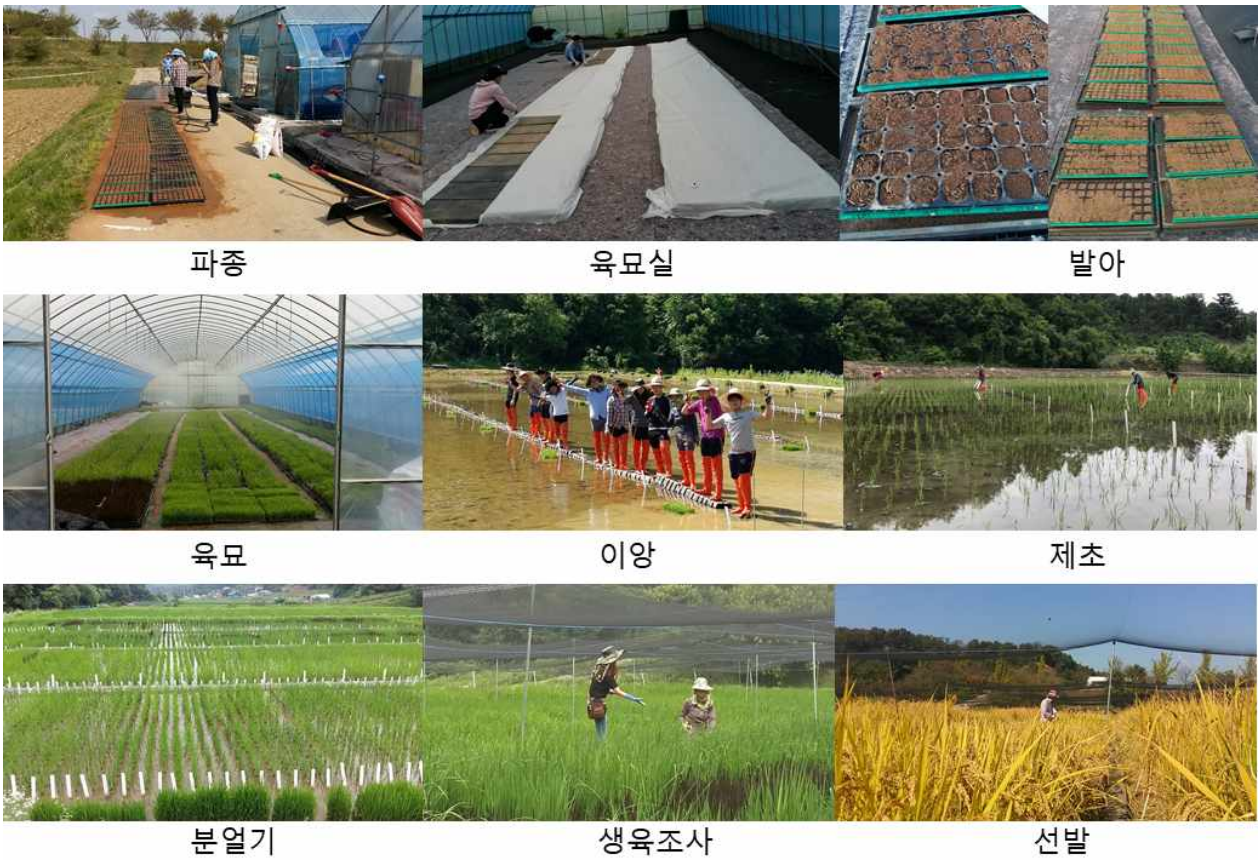


그림 11 재배관리 및 생육조사

###### 나. 수발아 자원 스크리닝 표준기술 정립

- 수발아 표현형 조사를 위해 개화 후 45일된 벼 이삭을 물에 4시간 침지한 후 트레이에 탈지면을 깔고 물을 충분히 준 후 이삭을 올리고 27℃에서 7일간 보관. 이삭 내 총 벼씨 중 발아 한 벼씨의 비율을 조사함

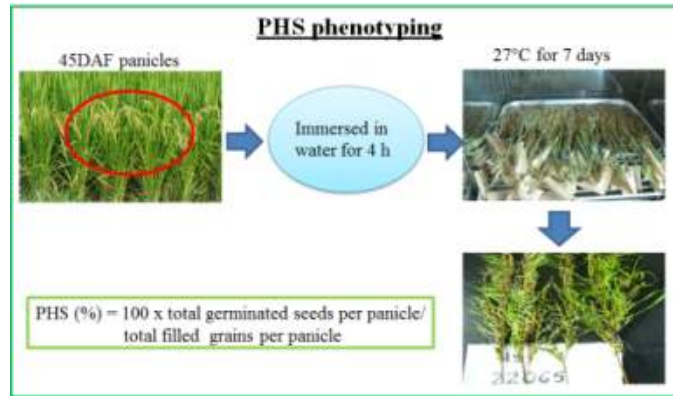


그림 12 수발아 표현형 검정

**다. 휴면지수(Dormancy Index; DI), 발아지수(Germination index; GI), ABA 반응조사**

- 출수 후 45일에 수확한 종자 50개를 페트리디쉬(90x15mm)안에 흡수지 위에 올려놓고 12시간 광조건에서 27°C 7일간, 13°C 에서 14일 보관. 4반복 실험 수행. 수확 후 휴면은 Strand et al.(1965)의 방법을 조금 변형시켜 13일과 27일에 각각 발아한 것을 계산해서 다음과 같이 휴면지수를 계산함

$$\text{Dormancy index(DI)} = (2 \times \text{D13} + \text{D27})/3,$$

D13과 D27은 각각 침지 후 13일과 27일 후의 발아하지 않은 종자의 비율임

- Germination at day 7(D7), germination at day 14(D14), Germination index(GI)
  - 7일 후 발아(D7)와 14일 후 발아(D14)율은 백분율로 계산함(발아종자/전체종자x100). 발아 후 14일까지 매일 각각의 종자에 대한 GI를 Reddy et al.(1985)의 방법으로 다음과 같이 계산

$$\text{GI} = (14n_1+13n_2+\dots+1n_{14})/14N,$$

1일 2일 발아된 종자는 n1, n2, n3, n4으로 표시하였고, 전체 종자의 수를 14N으로 표시하였음

- ABA 반응 조사
  - 종자 50개를 4반복으로 페트리디쉬(90x15mm)안에 수분 흡수지 위에 올려놓고 50uM ABA(시그마 케미컬) 10ml 용액을 처리하여 27°C에서 14일 배양. 발아된 씨앗은 실험이 끝난(14일) 에 발아율을 계산함

**라. 모래물이 실험방법과 인공강우 실험방법 비교**

- 2017년 공시재료를 418점으로 확대하여 사용하였으며 공주대학교 실험포장에 30x25cm 간격으로 1주 1본 이양재배하여 실험재료로 사용. 공시재료 418점의 출수기는 7월 15부터 9월 18일로 출수기가 2달 이상 차이를 보임(그림 14). 벼의 등숙이 등숙기간의 온도에 크게 영향을 받는 점을 고려하여 출수 후 일평균 기온을 적산한 적산온도를 활용함
- 모래물이 방법을 이용한 수발아 실험을 위해 적산온도가 1200도일 때 자원당 3개의 이삭을 채취. 60x20x5cm 플라스틱 상자에 탈지면을 2겹깔고 이삭이 잠길 정도로 물

을 충분히 준 후 27°C에서 7일 동안 매일 일정한 시간에 발아율을 조사. 이삭 내 전 체 범씨 중 발아한 범씨의 비율을 계산함(그림 15)

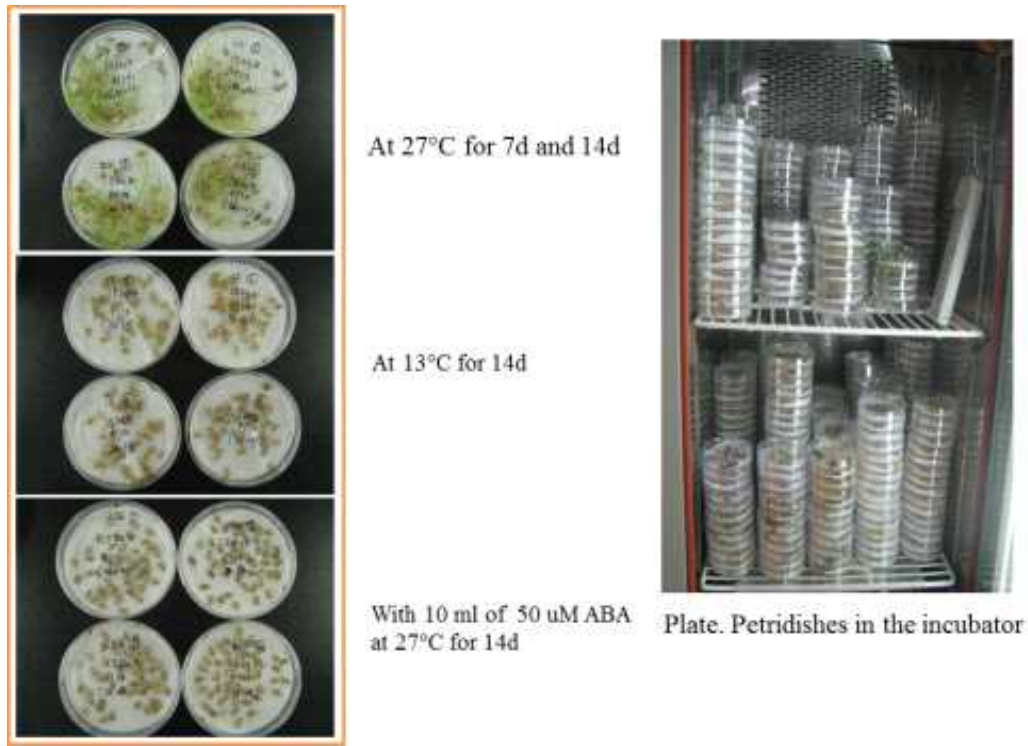


그림 13 수발아 표현형 검정을 위한 조건 및 발아사진

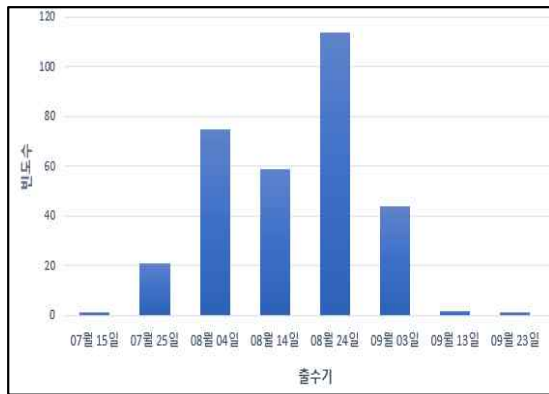


그림 14 핵심집단 418점의 출수기 분포



그림 15 모래묻이 방법을 이용한 수발아 조사

- 인공강우 실험은 418점의 유전체재분석 자원을 출수 후 적산온도가 1200도일 때 포장에서 식물체를 포트에 옮겨 심고 인공강우실로 옮겨서 실시. 인공강우 실험은 분무노즐이 설치된 비닐하우스에서 측창과 천창을 열고 실시하였으며 9시간 동안 (08:30~17:30) 분무처리 하였으며 15분 분무 15분 휴지 형태로 14일 동안 조사(그림 16)





그림 16 수발아 인공강우 실험

- 모래물이 방법과 인공강우 실험 각각의 발아지수와 활력지수를 산출. 발아지수(GI)는 미국의 공식종자검사자협회(AOSA, 1983)의 공식을 따름

## 2. 벼 침수저항성 스크리닝

### 가. 공시재료 및 재배방법

- 4℃ 저온창고에 보관 중인 유전체 재분석 자원 294점의 종자를 사용하여 종자 발아 (종자 소독 후 10일 배양, 25℃) 후 2주간 물에 침수시켜 관련 표현형을 조사
- 선행연구에서 국내 재래종 및 외국 도입종에서 수발아에 강한 저항성 유전자원들이 선발되었기 때문에 국내 유전자원 활용도 제고 측면에서 국내 육성종보다는 국내 고세대 계통과 외국도입종에 평가의 우선순위를 둠
- 침수저항성 시험 전 종자소독을 실시하고 발아율이 80% 이상인 것을 확인하고 실험에 사용함
- 침수저항성 기내(in vitro) 실험은 활력이 좋은 건전종자를 소독 후 페트리디쉬에서 25℃ 10일 동안 발아 시킨 후 10립씩 3반복으로 15ml 튜브에 옮기고 침수시켜 2주간 배양(25℃, light/dark, 12hr/12hr) 하여 검정

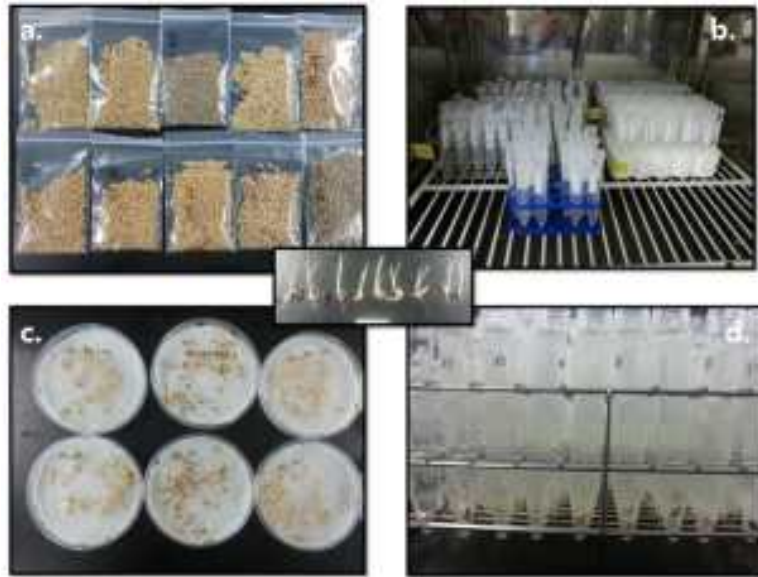


그림 17 침수저항성 기내 검정. a. 활력이 좋은 건정 종자 선정, b. 기내 발아(소독 후 10일, 25°C), c와 d. 길이가 10cm이상 되는 튜브에서 최대 2주간 배양 (25°C, light/dark, 12hr/12hr)

- 10일동안 발아 시킨 종자를 플라스틱 연결포트에 파종하고 25~27°C의 물에 2주 동안 침수시킴. 파종 후 1~2주의 발아율과 가장 긴 잎과 뿌리의 길이, 잎과 뿌리의 수, 생존율, 자엽초 길이 등을 기록하였음



그림 18 침수저항성 포장 검정 예시. 발아 후 10일 된 종자를 포트에 넣고 (좌) 흙을 얇게 덮어 물에 1-2주간 침지시켜 자엽초의 길이를 측정

- 침수저항성 포트실험은 발아한 건전종자를 50구 연결포트에 파종하고 2주간 생육시킨 후 침수 1~2주일 후 표현형 조사



발아



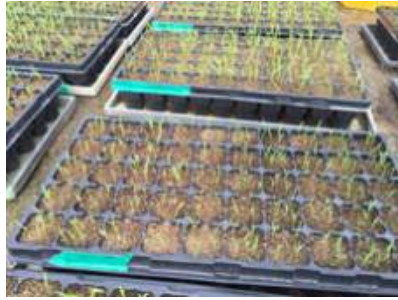
건강하게 발아된 종자 선발 후 파종



파종 포트 준비



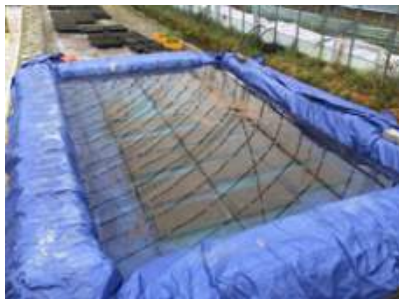
파종



대조군 파종 후 1주 사진



대조군 파종 후 2주 사진



파종 포트 침수



침수 1주일



침수 2주일

그림 19 침수성 표현형 조사를 위한 준비 단계

### 3. 수발아/침수저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS 분석

#### 가. 수발아 및 침수저항성 유전자원 활동도 제고를 위한 유전체 재분석

##### (1) 벼 유전체 재분석 자원의 포장재배

- 유전체 재분석 자원 294점의 유전체 재분석을 추진하기 위해 포장재배를 수행함
- 유전체재분석 자원에 대해 1주에서 DNA를 추출하고 DNA를 추출한 1주에서 수확한 종자를 파종
- 혼종 방지를 위해 30 x 30 cm 재식밀도로 1주 1본으로 총 20주에 대해 1 Line으로 포장이앙
- 당해연도 1 Line 중 1-2 주의 이삭 20개를 이삭상태로 수확 종자용 기본 식물로 종자활용(반영구 보존)
- 유묘기에 bulk로 sampling 한 자원은 그해 동일 자원 종자를 이용하여 파종함





그림 20 유전체재분석 자원 종자 보관 저온저장고 외부, 내부 사진 및 자원증식도

## (2) 벼의 유전체 재분석 방법

벼의 전체 게놈(whole genome)에 대한 유전체재분석을 수행하였으며, 염색체(chromosome) 각각에 대한 단일염기다형성(single nucleotide polymorphism, SNP) 및 Insertion, Deletion 영역을 분석함

(가) 유전체 재분석 방법을 보면,

- ① 시료 샘플링 : 실험포장에서 1주 1본으로 재배된 잎을 샘플링하여 동결 건조 후 genomic DNA를 DNeasy® Plant Mini Kit(QIAGEN)를 이용하여 추출
- ② g-DNA 정량 : 샘플링된 g-DNA 농도는 최소 30ng/μl가 되게 함
- ③ DNA QC(Quality Control)
  - Fluorescence 농도 측정 : Quant-iT BR assay kit (Q32850, Invitrogen)의 프로토콜에 따라 시료를 희석한 후 Qubit machine(Invitrogen)을 이용하여 ds\_DNA의 농도를 측정
  - UV 농도 측정 : Tecan F200(Tecan, Switzerland) 장비를 사용하여 OD 측정
  - 전기영동: 0.7% agarose gel에 Fluorescence 기준DNA 30ng loading하여 확인
  - Trinean Xpose(Trinean, Belgium) : Xpose 장비를 이용하여 ds\_DNA 농도, OD값, Sample impurity를 측정
- ④ Sequencing : library construction과정을 거쳐 HiSeq 2500(Illumina)을 이용하여 short read sequence 생산
- ⑤ Data mapping 및 assembly : BWA, samtools, snpEff등의 BioTool을 이용하여 Mapping, Sequencing Depth 및 Coverage 확인, Variant Calling을 하여 fastq형식의 RawData 파일을 생성함

(나) 유전체 재분석 결과를 이용한 SNP 및 In/Del 영역 확인

- ① Data Analysis : 생성된 fastq형식의 파일을 이용하여 Data calling 및 annotation을

수행함

- ② Filtering 단계 : mapping 및 calling된 fastq 파일의 정확도(accuracy) 확인과 sequencing에 이용된 adaptor, Low quality reads를 제거함. Cutadapt, sickle tool이용함
- ③ Mapping 및 Sorting 단계 : Read를 Genome에 붙이는 과정. BWA, Bowtie, GMAP tool 이용함
- ④ Remove Duplication 단계 : 같은 sequence의 read가 중복되어 mapping되어 있을 경우 제거를 하는 단계. Samtools이용
- ⑤ Variant Calling 단계 : Mapping 결과를 해석하여 SNP(Single Nucleotide Polymorphism) 영역을 찾는 작업. Variant 종류는 SNP, Insertion(유전자 삽입), Deletion(유전자 결손)임. Samtools, GATK tool 이용
- ⑥ Variant Annotation 단계 : Variant에 대한 추가 정보 수집. 요구사항은 VCF분석에 사용한 Reference의 Variant정보가 있어야 함
- ⑦ 벼의 유전체 염기서열인 IRGSP 1.0(International Rice Genome Sequencing Project)과 비교하여 각 염색체 상대적인 단일염기다형성 수를 측정함

#### 4. 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축

- 향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 품종 육성을 위한 교배를 실시
- 현재 개발대상 벼 고세대 계통에 대해 출수기, 간장, 수장, 수수, 영화수, 현미천립중 등 농업적 특성조사 및 재배안정성, 미질특성 평가 수행함

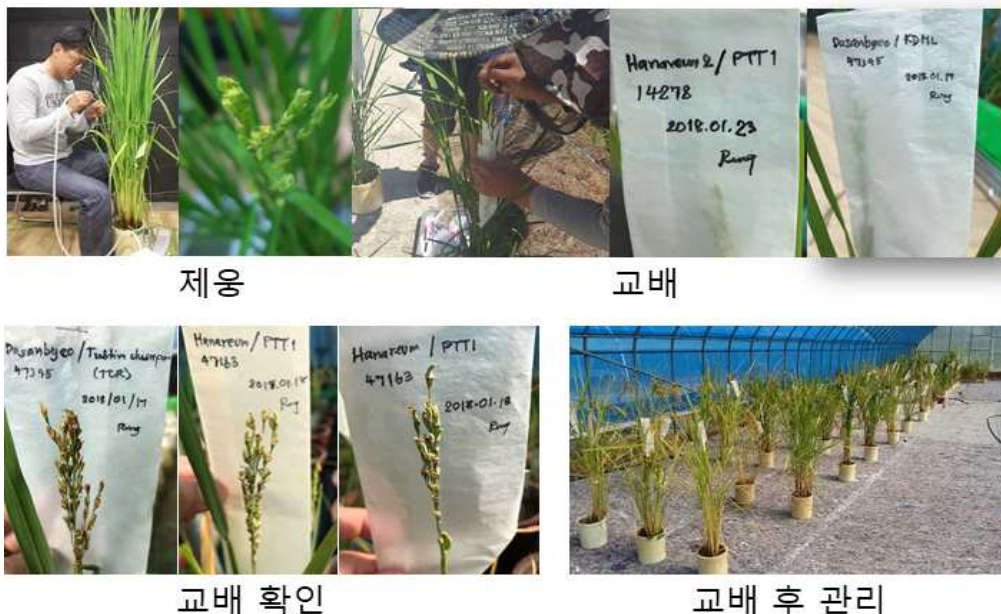
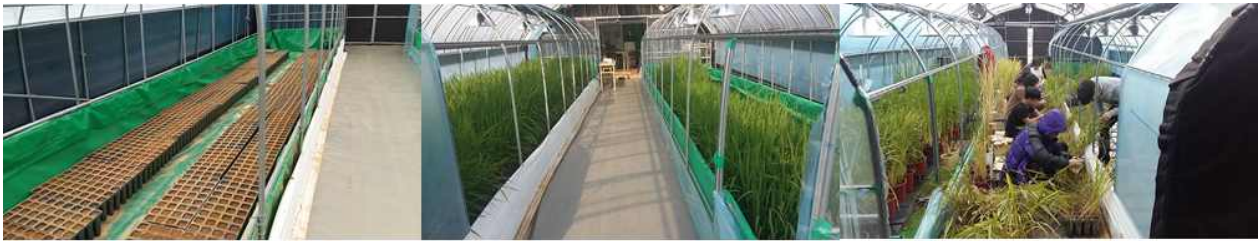


그림 21 유용 유전자 도입을 위한 인공교배



파종

재배

수확

그림 22 세대축진을 위한 온실 재배

## 제2절 연구개발 성과

### <정량적 성과>

성과목표	사업화지표										연구기반지표								
	지식 재산권			기술 실시(이전)		사업화					기술인증	학술성과			교육지도	인력양성	정책 활용·홍보		기타(타연구활용등)
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표			정책활용	홍보전시	
												SCI	비SCI						
1차년도	목표												1						
	실적					5							2*	2			1	1	
2차년도	목표	1				1							1	1	1			1	
	실적	1*			1	500만원	3	135억					3*	1				2	
합계	목표	1				1							1	1	2			1	
	실적	1*			1	500만원	8	135억					5*	3				3	
달성율	50%					800%							250%	150%				300%	

\*: 이중사사

가. 지식재산권

- 지식재산권 출원 목표 1건, 실적 1건 (이중사사)

출원 연도	특허명	출원인	출원국	등록기탁번호	과제 기여율
2016	향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도	박용진 김규원 추상호	대한민국	10-2017-0156090	50%

- 향미 기반 내재해성 품종 육성을 위해 향미 품종판별용 프라이머 세트를 개발하여 특허를 출원함
- 본 발명은 향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 벼 품종 육성을 위한 중간모본 개발을 효율적으로 하기 위한 것으로 향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도에 관한 것임. 본 발명의 향미 품종 판별용 프라이머 세트는 벼 8번 염색체의 Badh2 유전자 5' UTR의 3bp 결실로 인한 변이; 엑손 2의 7bp 결실로 인한 변이; 엑손 7의 8bp 결실로 인한 변이; 엑손 12의 3bp 결실로 인한 변이; 엑손 13의 3bp 삽입으로 인한 변이; 및 엑손 14의 1bp 삽입으로 인한 변이로 구성된 군에서 선택된 하나 이상의 변이를 포함하는 Badh2 유전자의 변이를 특이적으로 검출할 수 있으므로, 일반 벼 품종과 향미 품종을 보다 신속, 정확하게 판별할 수 있음
- 엑손 14의 1bp 삽입으로 Badh2 유전자 변이를 검출할 수 있는 프라이머 세트는 인공교배로 제조된 F2 세대에서 향미 특성을 가진 품종을 정확하게 판별할 수 있으므로, 향미 품종의 개량에 유용하게 사용할 수 있음

향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도  
Primer set for Discrimination of Aromatic Rice and Use Thereof

생체정보 공개인증 | 특허정보

특허정보 | 특허정보 | 특허정보 | 특허정보 | 특허정보 | 특허정보 | 특허정보 | 특허정보

(5) No. CL C120 1/68(2019.01.01)

(5) CPC C12N 1/68(2019.01.01)

(2) 출원번호/일자 1020170156090 (2017.11.22)

(7) 출원인 공주대학교 산학협력단

(1) 등록번호/일자 1020170141195 (2017.12.22)

(1) 공고번호/일자 1020170141195 (2017.12.22)

(6) 국제출원번호/일자 1020170141195 (2017.12.22)

(6) 국제공제번호/일자 1020170141195 (2017.12.22)

(3) 우선권정보  
발명상태 공개  
심사진행상태  
심판사정  
구분/권유권관리 신규 / 특허  
광출원번호/일자 1020150092410 (2015.06.29)  
관련 출원번호 1020150092410  
기술이전 계약  
상사청구부심일자 1(2017.11.22)  
상사청구판수 14

본 발명은 향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도에 관한 것으로, 본 발명의 향미 품종 판별용 프라이머 세트는 Badh2 유전자 5' UTR의 3bp 결실로 인한 변이; 엑손 2의 7bp 결실로 인한 변이; 엑손 7의 8bp 결실로 인한 변이; 엑손 12의 3bp 결실로 인한 변이; 엑손 13의 3bp 삽입으로 인한 변이; 및 엑손 14의 1bp 삽입으로 인한 변이로 구성된 군에서 선택된 하나 이상의 변이를 포함하는 Badh2 유전자의 변이를 특이적으로 검출할 수 있으므로, 일반 벼 품종과 향미 품종을 보다 신속, 정확하게 판별할 수 있는 효과가 있다.

또한, 엑손 14의 1bp 삽입으로 Badh2 유전자 변이를 검출할 수 있는 프라이머 세트는 인공교배로 제조된 F2 세대에서 향미 특성을 가진 품종을 정확하게 판별할 수 있으므로, 향미 품종의 개량에 유용하게 사용할 수 있다.

제출 일자 : 2018-01-18 10-2017-0156090

**【이 발명을 지원한 국가연구개발사업】**

**【과제고유번호】** 1711049791

**【부처명】** 과학기술정보통신부

**【연구관리 전문기관】** 한국연구재단

**【연구사업명】** 종근연구차 지원사업

**【연구과제명】** 빅데이터 유전체정보 기반 진화연관 획득 유전자들의 탐색 및 기능분화 해커니즘 규명

**【기여율】** 1/2

**【주관기관】** 공주대학교 산학협력단

**【연구기간】** 2017.03.01 ~ 2022.02.28

---

**【이 발명을 지원한 국가연구개발사업】**

**【과제고유번호】** 1545013682

**【부처명】** 농림축산식품부

**【연구관리 전문기관】** 농림수산식품기술기획평가원

**【연구사업명】** 농림축산식품연구개발사업

**【연구과제명】** 빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화

**【기여율】** 1/2

**【주관기관】** 공주대학교 산학협력단

**【연구기간】** 2016.12.18 ~ 2017.12.17

그림 23 향미기반 내재해성 품종 육성을 위한 향미 판별용 프라이머 세트 특허 출원

나. 기술실시







품 판매액은 14억원임

표 7 “진상2호” 사업화 실적 현황

구분	기술실시 계약 업체명	제품명	2017년 매출액 (백만원)
1	(주)농업회사법인 금별	사람한테 참 좋은쌀	100
2	면천농협	무농약 쌀	1,105
3	월드그린 영농조합법인	섬섬옥미	200
합계			1,405

③ “예농2호” 월드그린 영농조합법인에 독점실시 계약 체결, 2018년부터 생산 판매 예정

표 8 “예농2호” 사업화 실적 현황

구분	기술실시 계약 업체	2018년 예상 재배량(톤)
1	월드그린 영농조합법인	200



그림 25 사업화를 통해 현재 판매중인 제품

라. 논문

- SCI 논문 목표 1건, 실적 5건 (중복사사, 2건 SCI 저널에 revision 중)

게재 연도	논문명	저자명	학술지명 Vol.(No)	국내 외 구분	SCI 구 분	과제 기여 율
2016	Genome-wide Association Mapping of Polyphenol Contents and Antioxidant Capacity in Whole-Grain Rice	Feifei Xu Jinsong Bao Tae-Sung Kim Yong-Jin Park	J Agric Food Chem 64(22)	국외	SCI	50%
2016	Genome-wide association study of eating and cooking qualities in different subpopulations of rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Feifei Xu Jinsong Bao Qiang He Yong-Jin Park	BMC Genomics 17(1)	국외	SCI	50%
2017	Genetic variation architecture of mitochondrial genome reveals the differentiation in Korean landrace and weedy rice	Wei Tong Qiang He Yong-Jin Park	Scientific reports 7	국외	SCI	50%
투고	Genome wide association study on the germination ability at low temperature and preharvest sprouting resistance in rice	Kyu-Won Kim Aye Aye Khaing Wei Tong Win Htet Oo Myeonghyun Min Sang-Ho Chu Yong-Jin Park	Plant Biotechn ology Journal (Revison 중)	국외	SCI	50%
투고	SUBMERGENCE 1 (SUB1) gene diversity in KRICE_CORE	Kyu-Won Kim Win Htet Oo Jung-Rye Nam Yong-Jin Park	Rice (Revison 중)	국외	SCI	50%

- ① 유전체재분석 결과를 이용하여 폴리페놀 및 항산화물질 함량에 대한 GWAS 분석을 수행한 결과 5개 이상의 페놀 관련 형질에 관여한 3개의 유전자위와, 두 개 이상의 FP (Free Phenol) 형질에 관여하는 두개의 유전자위를 발견하였음. 본 연구에서 발견된 페롤산 유전자는 새로운 유전자로 추정됨
- ② 전장유전체연관분석을 수행한 결과 총 29개의 밥맛과 연관된 유전자를 발견함. 특히, 9번 염색체에 존재하는 2개의 양적형질유전자좌(QTL)는 전분 반죽의 점성 특성에 관계된 isoamylase 3 유전자와 연관되어 있는 것이 보였음. 또한 1번 염색체에 존재하는

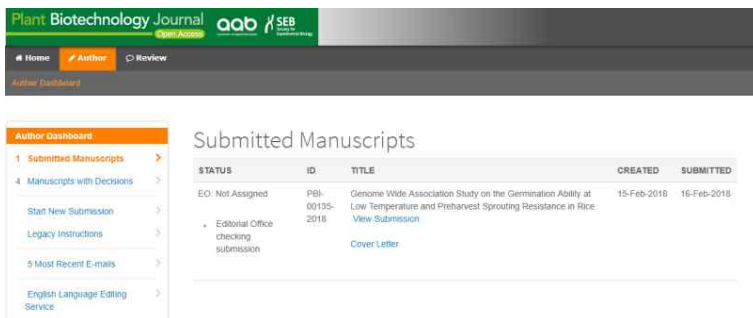
1개의 QTL은 starch synthase IV-1 유전자와 일관성 있게 연관된 것으로 나타났으며, 7번 염색체에 존재하는 QTL은 붕괴점도와 노화점도와 관계되어 있었음

③ 한반도 기후 변화에 따른 국내 재배종의 생산량이 급감할 경우 기후변화에 대응한 신속한 신품종 육성이 필요한데 이를 해외에서 도입할 경우 나고야 의정서 발효에 따라 막대한 외화를 지불해야 함. 기후변화 대응 자원설발을 위해 국내 자생 잡초성 벼 및 재래종의 유전분석을 실시하여 저널에 발표함



그림 26 SCI 저널에 발표한 논문

④ 수발아 저항성에 대한 GWAS 분석 결과 Plant Biotechnology Journal에 투고



⑤ 침수저항성 유전자의 다형성 RICE지에 투고



마. 학술발표

- 학술발표 목표 2건, 실적 3건 (목표대비 150% 달성)

- ① Quiescence Vs Elongation strategy to develop Anaerobic Rice in Korean Rice Heuristic Set (2016 한국육종학회)
  - 핵심집단을 이용하여 침수저항성 벼 품종 개발을 위한 최소신장과 최대신장 전략
- ② Tolerance of anaerobic conditions caused by flooding during direct seeding and germinated seedling (International Conference of the Genetics Society of Korea 2016)
  - 벼 핵심집단에 대한 침수조건에서 직파와 발아 후 파종을 하였을 경우, 내 침수 관련 형질 조사를 통해 국내 재래종 자원 선발 및 관련 유전자 동정
- ③ Genome-wide association study and gene sets analysis for understanding candidate genes involved in salt tolerance at the rice seedling stage (PAG ASIA 2017)
  - 유묘기 내염성과 관련된 후보유전자를 이해하기 위한 GWAS와 유전자 세트 분석

바. 홍보전시

- 홍보전시 1건, 실적3건 (목표대비 300% 초과달성)

<박람회 참가>

No.	박람회 시작일	박람회 종료일	행사명칭	참여품목
1	2016.09.27	2016.09.29	제15차 세계한상대회	쌀

- ① “진상벼” 홍보를 위한 ‘제 15차 세계 한상대회’ 참가
  - 수라청 연합농협 미곡처리장에서 사업화 중인 ‘수라청 진상미’의 제품 홍보를 위해 제15차 세계한상대회에 참가하여 시식행사 및 홍보 진행
  - 해외 수출 추진을 위해 해외 바이어와 미팅을 진행 했으며 미국, 홍콩, 태국 등의 바이어와 수출 협의 진행 중



그림 27 제15차 세계한상대회 시식행사 및 홍보

<언론 홍보 실적>

No.	홍보일	매체명	제목
1	2017.12.12	뉴스브라이트	국립종자원, ‘2017년 대한민국우수품종상’ 대회 수상품종 8점 선정·시상
2	2017.12.26	중앙신문	여주 ‘진상벼’ 전용실시권 계약 체결

② 2017년 12월 경기도 여주시와 지역특화품종으로 전용실시 계약 체결

- 진상벼는 2017년 12월 21일 경기도 여주시에 전용실시권 계약을 체결하였으며 이 내용은 6개 일간지 등에 소개 됨

③ ‘진상벼’ 2017년 대한민국우수품종상 농림축산식품부장관상 수상

- ‘진상벼’는 2017년 12월 14일 ‘2017년 대한민국우수품종상’ 농림축산식품부장관상을 수상하였으며 이 소식은 16개 일간지, 방송 등에 소개 됨

## 국립종자원, '2017년 대한민국우수품종상' 대회 수상품종 8점 선정·시상

기사일련 2017.12.14:27

국립종자원은 '2017년 대한민국우수품종상' 대회를 통해 선정된 8개 수상품종에 대해, 오는 14일 디케이호텔(서울 양재동)에서 김충준 농업혁신식품부 차관보와 종자산업 관계자가 참석한 가운데 시상식을 개최한다고 밝혔다.

금년도에는 총 80품종이 출품되어 서류심사, 현지심사, 종합심사의 일정하고 공정한 3단계 심사를 거쳐 최종 8개 품종이 선정되었다.

서류심사(1차)를 통과한 품종품종을 분야별(5개) 심사위원이 객관적평가를 직접 현장하에 현지심사(2차)함으로써 품종 상성을 살필수 있게 하였고, 이 결과를 종합심사(3차)에서 종합적으로 판단했다고 밝혔다.

금년도 상여의 대용품종은 벼주 '청남' 동충을 유성된 우리종교 김하규 대표가 수상하게 되었다. '청남'은 밀동(재주) 재배용으로 성숙(수확)기가 늦어 품배 수 양곡이 시작되는 시드라이프(3차)에서 종합적으로 우수하게 선정되었다.

결합제주는 청남, 백남, 우산, 신안군 등의 해안지역에서 주로 재배되고 있는데 '청남' 벼주는 밀동벼주 종자시장의 40~50%를 점유하고 있다.

국립종자원 수상품종으로는 국립식량과학원 바이오에너지작물연구소의 고구마 '종원미'와 국립원예특작과학원 사과연구소의 사과 '별미향' 품종이 선정되었다.

'종원미' 고구마는 성숙(수확)이 빠른 다수확 품종으로 맛이 좋은 기능성 옹근고구마이다. 기존 '돌이'보다 생산성이 26~46% 정도 높고 늦은 생장으로서 '돌이'에는 없는 베타카로틴을 함유하고 있다.

'별미향' 사과는 7월 중하순에 수확이 가능한 상태로 성숙(수확)이 빨라서 여름철 유통되는 것사과 '쓰가루'를 대체할 수 있는 품종이다. 미국종종인 '쓰가루'보다 과즙이 많고 식감이 좋다.

농림축산식품부 장관상에는 시드라이프 배 '청상', 유니클렙의 알레닉시스 '유니클렙', 국립식량과학원 남부작물부에서 '식일미', 경상북도농업기술원 상수정리과채류연구소의 딸기 '윈다', 농우바이오의 유 'RCH188' 품종이 선정되었다.

'청상' 배는 껍질과 접합의 중간정도 절기를 갖는 부드러운 식감의 품종이다.

'유니클렙' 알레닉시스는 색상과 맛과 향이 뛰어나 식용색소가 백미로 신 모양으로 출품하게 될 수 있어 재배권리가 용이한 품종이다. 인공 색소에도 불구하고 향과 맛과 향과 맛과 향을 유지하는 고소득 품종이다.

'식일미' 배는 국내 배 최초로 분자표지(DNA 기술)를 활용하여 육종기간을 단축(12~7년) 품종으로 재배면적이 확대되고 있는 품종이다.

'윈다' 딸기는 겨울철 하우스 재배용으로 조기(早熟) 수확 가능하고 단맛과 신맛의 적절한 조화로 식미가 우수하며 과실이 크고(23.4g) 단단한 다수확 품종이다.

'RCH188' 푸는 금년도 신상품 '수송품종상'(최우수) 품종이다. 푸 모양이 원통형이고 푸 전체 색이 백색인 우수한 과육을 나타내는 품종으로 13년 실 양곡 수출 이후 매년 30만 이상의 수출실적을 달성한 품종이다.

국립종자원은 "앞으로도 '대한민국우수품종상' 대회가 품종개발의 우수 신종개발의 촉매 고위 및 종자산업의 중요성에 대한 국민적 공감대 확산에 기여할 수 있도록 임차하고 공정한 대회 운영 및 출품품종 심사에 만전을 기해나갈 계획"이라고 밝혔다.

[이전회 기자 sun@sundog.kr]

<저작권자>뉴스브리프 & www.newsbrifo.net 무단전재-재배포금지.>

2018. 1. 30

중앙신문

인쇄특기

## 중앙신문

HOME 뉴스 특별

### 여주 '진상벼' 전용실시권 계약 체결

바로유 기자 2017.12.26 18:28



여주시에서는 지난 21일 (주)시드라이프와 '진상벼' 전용실시권 실행 계약을 체결하고 '진상벼'를 여주만의 대표품종으로 육성한다고 밝혔다.

'진상벼'는 2011년 (주)시드라이프에서 품종육종을 한 품종으로 여주시에서는 2015년부터 황실진상도 단지 180ha를 조성해 '청남' 김금남계 진상벼를 '재배'라는 브랜드를 내걸고 서울 신세계백화점 등 5개 백화점 및 지역 내 골프장 등에 고급쌀로 유통을 해 소비자로부터 좋은 반응을 얻고 있다.

이에 여주시는 향후 여주의 대표쌀로 육성하기 위해 지역 내 농업인 및 8개 농업 조합, 통합PPC센터 등과 3회 이상의 간담회를 거친 후 (주)시드라이프와 '진상벼'의 전용실시권계약을 체결하게 됐다.

여주시 관계자는 "진상벼는 여주시에서 5년 동안 재배를 해오며 소비자들의 많은 사랑을 받아왔고 또한 한해의 벼농사 주산지인 여주와 재배특성이 매우 잘 맞는 우수한 품종으로 향후 여주만의 대표품종으로 육성을 하여 여주 농업인들의 소득증대에 크게 기여하도록 노력하겠다"고 말했다.

김하규 여주시농업기술센터 소장은 "현재 재배되고 있는 추형벼는 전국 어디서나 재배되고 있어 차별성이 없는 데 이면에 매달린 '진상벼'는 법적으로 여주시 농업인만 재배 할 수 있어 여주쌀 경쟁력제고와 농업소득 증대에 크게 이바지 할 수 있게 되어 매우 기쁘다"고 말했다.

농업기술센터와 농협과에 따르면 '진상벼'의 빠른 보급과 확대를 위해 2018년에 '진상벼'를 1250ha의 GAP단지로 추진키로 했으며, '진상벼'의 품질관리를 위해 여주시농업기술센터 맞춤형분석실을 활용해 유통하기 전에 엄격한 미질 평가를 실시하고, '진상벼'의 홍보를 강화해 대량수요 여주만의 경쟁력을 높이기 위해 노력하겠다고 전했다.

http://www.jeongang.com/news/articlePrint.html?idxno=4414

1/2

## 그림 28 진상벼 우수품종 선정, 전용실시권 계약 체결 등 홍보 기사

### 사. 기타 (수상실적)

- ① 우수발표상, 2016 한국육종학회, “Quiescence Vs Elongation Strategy for Direct Seeding Approach in Korean Rice Core Set”



### 제3절 연구 결과

#### 1. 유전체 재분석 및 참조유전체 Assembly 추진

##### 가. 유전체 재분석

- 유전체재분석을 위해 염기서열 분석된 294개 벼 자원의 5' -3' 방향으로 생산된 read는 각 position 별로 평균적으로 31에서 40 이상의 quality score를 보이며, 전체 quality score의 최빈값은 36에서 39 근처로 매우 양호한 수준임. 전체적으로 높은 sequence quality를 보이는 것으로 판단됨. 또한 GC content 비율의 최빈값은 39에서 43 근처로서 theoretical distribution을 비교적 잘 근사하는 것으로 보임

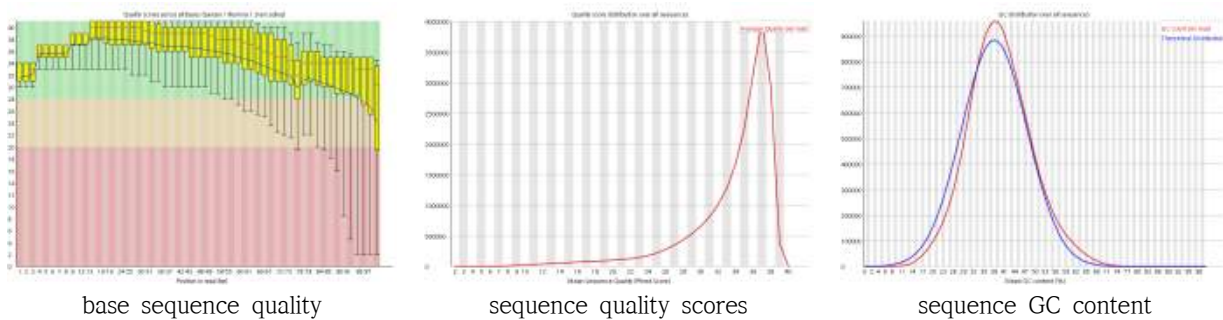


그림 29 벼 294점의 5' - 3' 방향 유전체 시퀀싱 퀄리티

- 현재 유전체재분석을 위해 염기서열 분석된 294개 벼 자원의 3' - 5' 방향으로 생산된 read는 각 position 별로 평균적으로 31에서 40 이상의 quality score를 보이며, 전체 quality score의 최빈값은 34에서 38 근처로 매우 양호한 수준임. 전체적으로 높은 sequence quality를 보이는 것으로 판단됨. 또한 GC content 비율의 최빈값은 39에서 43 근처로서 theoretical distribution을 비교적 잘 근사하는 것으로 보임



그림 30 벼 294점의 3' - 5' 방향 유전체 시퀀싱 퀄리티

- 앞선 결과를 바탕으로, 주요후보품종의 유전체재분석 결과 정리하면 다음과 같음. 평균적으로 Sequence read는 42,501,315개이며, Mapping rate는 96.41%로 나타남. 또한 Mean depth는 9.83X이며, 유전자영역의 Mean depth는 9.38X, total SNP/InDel의 개수는 1,153,554로 나타남

표 9 벼의 유전체재분석 결과 정리

Accession No.	Sequence read	Mapping rate(%)	Mean depth	Mean depth in gene region	Total SNP/InDels
294	42,501,315	96.41	9.83X	9.38X	1,153,554 (115,355,359)

나. 참조유전체에 대해 Assembly 추진

- Hi-seq 2500 (Illumina) 장비를 이용, 신규 핵심집단에 대해 점 시료에 대해 각각 평균 9X 이상의 coverage로 벼 294점에 대해 염기서열 재분석을 수행함
- 선행 연구에서 각 reference당 특이적인 유전체 부위의 존재 가능성이 발견되었기 때문에 genetic comprehensiveness를 최대화하기 위해 유전체 재분석 후 3개의 reference에 대해 Assembly를 추진
- 비용 및 기술적 효율성을 고려하여 다른 NGS기반 genotyping 방법(GBS(Genotyping by sequencing)혹은 Chip) 방법도 활용될 수 있음
- 또한 각 표준유전체를 기반으로 유전변이를(SNP 및 InDel) 동정하고 DB화 함
- 인디카 표준유전체(93-11)에 유전체 재분석 완료자원 294점을 mapping하여 신규 InDel 및 SNP allele을 확보함
- 각 표준유전체 별 유전 변이 (SNP 및 InDel) 동정 및 DB화

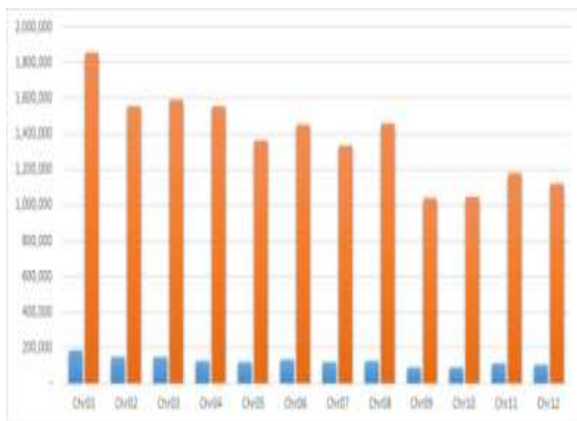


그림 31 표준유전체의 각 염색체별 SNP 및 InDel 동정

표 10 인디카 표준유전체 93-11의 mapping 결과

Chromosome	InDel	SNPs
Chr01	183,540	1,861,176
Chr02	146,864	1,558,560
Chr03	144,673	1,591,159
Chr04	128,239	1,553,570
Chr05	115,174	1,366,119
Chr06	130,204	1,451,550
Chr07	117,931	1,333,765
Chr08	123,691	1,461,954
Chr09	91,287	1,040,058
Chr10	91,124	1,047,373
Chr11	108,534	1,176,380
Chr12	104,201	1,117,817
	1,381,261	16,559,481

2. 벼 수발아 저항성

가. 벼 수발아 저항성 자원 스크리닝

- 유전자원 294점 중 missing data를 제외한, 287점의 벼 자원 중, 133종의 핵심집단 (HS), 154종의 국내 육성종(KB)에 대한 수발아 정도를 조사한 결과, 두 집단에서 수발



아 저항성을 보이는 다수의 자원을 찾을 수 있었음

- 그러나 KB집단(55.2%)이 HS집단(78.2%)에 비해 수발아 감수성 자원의 비율이 낮았음. 비교해보면 PHS저항성(<30% PHS)이 있는 것이 HS 보다 KB가 두 배임(그림 32)
- 이는 현대 육성종 사이에서 녹색혁명 유전자로 불리는 semi-dwarfism1 gene (sd1)으로부터 영향을 받았을 것으로 추측됨

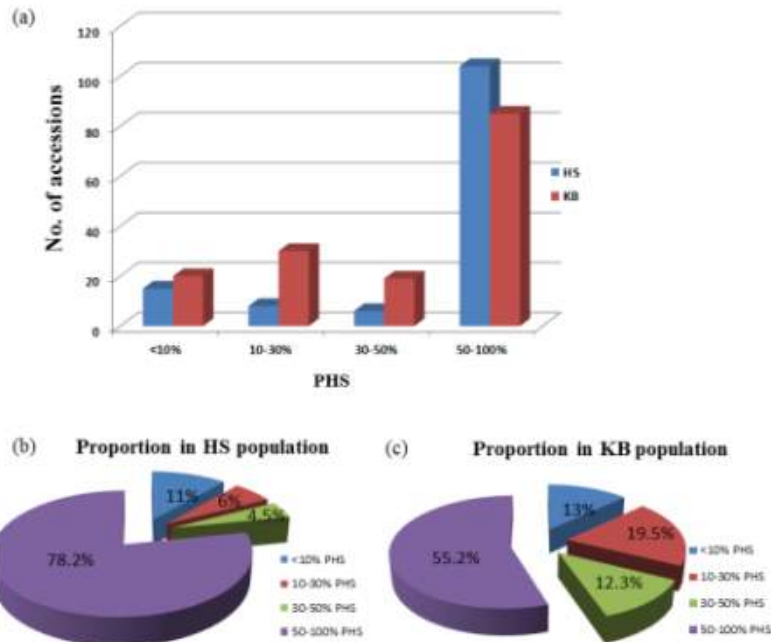


그림 32 (a) 133점의 핵심집단(HS), 154점의 국내육성종(KB)의 수발아 저항성 및 감수성 비율. (b)와(C) 각각 HS와 KB 집단의 내 수발아 저항성 및 감수성의 비율

- 두 집단 모두 거의 모든 발아관련 형질이 다양한 분포를 가지고 있었음. 14일 후 발아율(D14)에서 HS그룹은 14일 이후에도 발아율이 증가하지 않았음. 이는 해당 종자가 깊은 휴면 상태에 있었기 때문일 것으로 추정됨. 양 집단에서 휴면지수(DI)가 매우 낮은 자원이 발견되었음
- HS그룹과 KB그룹 사이에서 검사된 수발아와 관련형질 사이의 관계 그리고 모든 형질들은 서로 유의한 상관을 보였음. 수발아에 초점을 맞추어, HS집단은 D7이 가장 높은 상관(0.802)을 보였고, GI(0.799)가 뒤를 따랐음. KB집단은 GI(0.724)가 가장 높은 상관을 보이고 D7(0.720)이 뒤를 따름. 하지만, 저 값들이 양 집단 안에 유사하다해도 수발아와 지속적으로 연관됨을 나타냄. DI와 ABA는 수발아와 상대적으로 낮은 상관을 보였고 수발아 특징과 그들에 부합하지 않는 것을 연관된 양 집단 안에서 다른 세 개와 보여줌. 이것은 아마도 휴면과 발아에 연관된 다른 호르몬 신호의 효과가 더 크기 때문일 것으로 추정함

표 11 수발아 사이의 연관된 계수와 핵심집단 사이의 연관된 특징

HS	D7	D14	DI	GI	ABA	KB	D7	D14	DI	GI	ABA
D14	0.921 **					D14	.802 **				
	<.001						<.001				
DI	-0.793 **	-0.708 **				DI	-.884 **	-.655 **			
	<.001	<.001					<.001	<.001			
GI	0.982 **	0.944 **	-0.804 **			GI	.968 **	.892 **	-.873 **		
	<.001	<.001	<.001				<.001	<.001	<.001		
ABA	0.719 **	0.744 **	-0.660 **	0.718 **		ABA	.801 **	.856 **	-.692 **	.858 **	
	<.001	<.001	<.001	<.001			<.001	<.001	<.001	<.001	
PHS	<b>0.802 **</b>	0.755 **	-0.635 **	<b>0.799 **</b>	0.669 **	PHS	<b>.720 **</b>	.621 **	-.670 **	<b>.724 **</b>	.625 **
	<.001	<.001	<.001	<.001	<.001		<.001	<.001	<.001	<.001	<.001

\*\* highly significant at 0.01 level. PHS: preharvest sprouting; D7: germination at 7<sup>th</sup> day; D14: germination at 14<sup>th</sup> day of germination test; DI: dormancy index at harvest; ABA: germination with ABA treatment; GI: germination index

○ 시험집단에서 두 주요 그룹을 대변하는 자포니카와 인디카를 관찰함

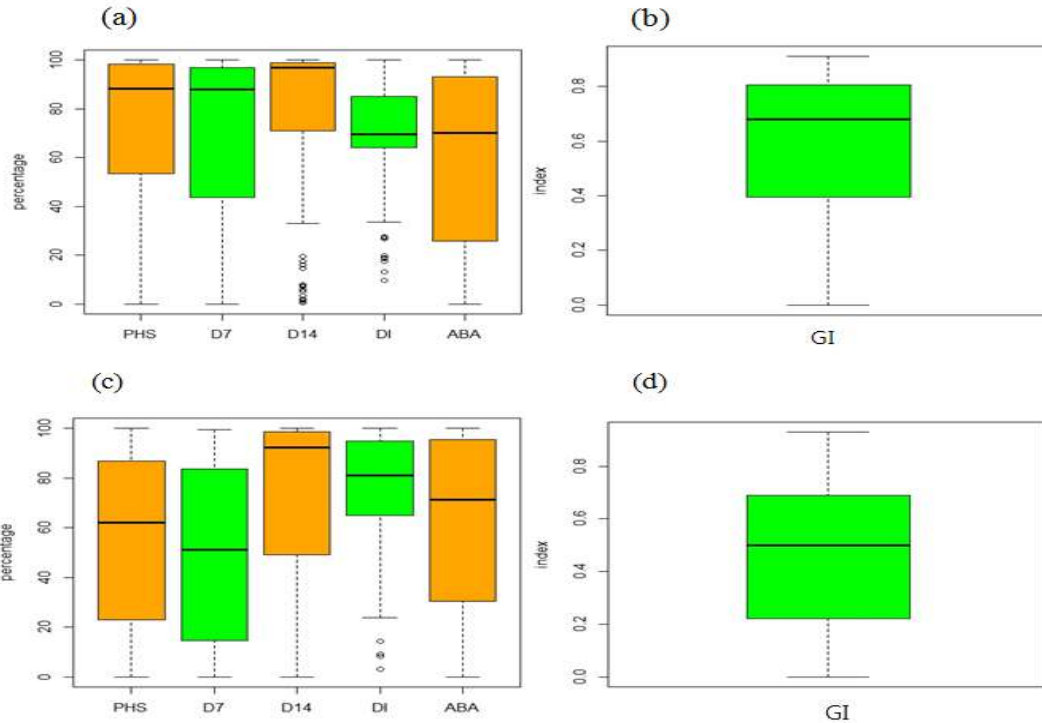


그림 33 133점의 핵심집단(HS) 및 154점의 국내 육성종(KB)의 수발아 및 관련 형질 박스 plot; (a), (b): 핵심집단; (C), (d): 국내 육성종; PHS: preharvest sprouting; D7: germination at 7<sup>th</sup> day; D14: germination at 14<sup>th</sup> day of germination test; DI: dormancy index at harvest; ABA: germination with ABA treatment; GI: germination index

**나. 수발아 실험 방법간 비교**

- 모래물이 실험과 인공강우 실험에서 각각의 표현형 값들을 조사하였음
- 모래물이 실험과 인공강우 실험에서의 수발아율을 비교하면 모래물이 실험에서 중위값은 24.445%, 평균값 35.179% 였음, 인공강우 실험에서는 중위값이 7.38%, 평균값 10.73% 이었음

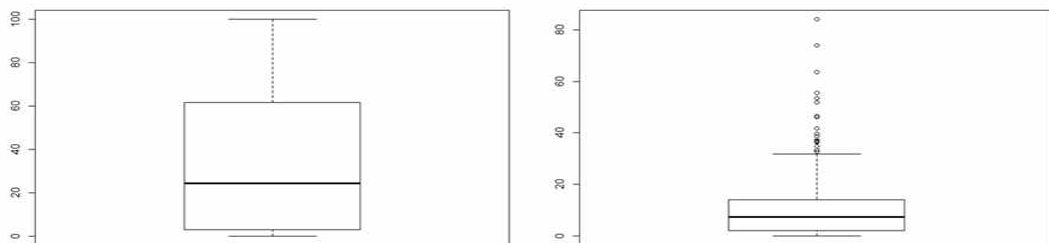


그림 34 모래물이 실험과 인공강우 실험 GER 통계값 비교 Box plot

- 모래물이 실험과 인공강우 실험에서의 평균 발아길이를 비교하면 모래물이 실험에서 중위값은 1.265cm, 평균값 1.883cm였음, 인공강우 실험에서는 중위값이 0.55cm, 평균

값 0.66cm 이었음

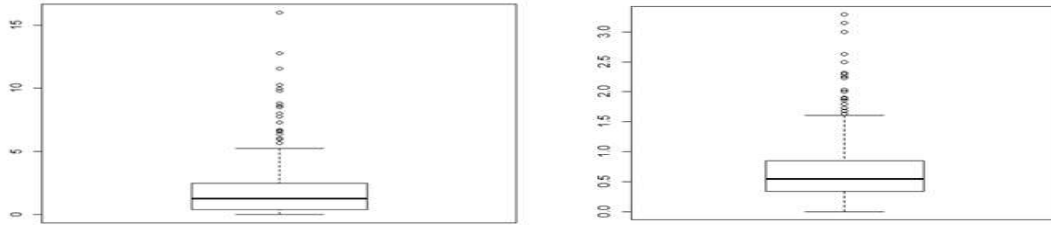


그림 35 모래물이 실험과 인공강우 실험 AV. length 통계값 비교 Box plot

- 모래물이 실험과 인공강우 실험에서의 발아일을 비교하면 모래물이 실험에서 중위값은 3일, 평균값 2.808일 이었음, 인공강우 실험에서는 중위값이 5일, 평균값 4.692일 이었음

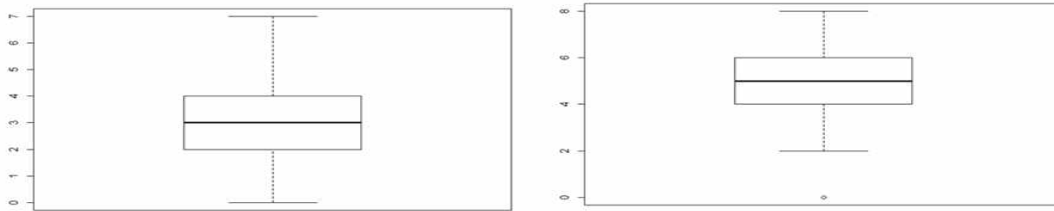


그림 36 모래물이 실험과 인공강우 실험 Day 통계값 비교 Box plot

- 모래물이 실험과 인공강우 실험에서의 발아지수를 비교하면 모래물이 실험에서 중위값은 0.3774, 평균값 0.3443 이었음, 인공강우 실험에서는 중위값이 0.3912, 평균값 0.3548 이었음
- 조만성에 따른 모래물이 실험과 인공 강우 실험 표현형을 비교하면, 모래물이 실험
- 조만성에 따른 모래물이 실험과 인공 강우 실험 표현형을 비교하면, 모래물이 실험에서는 표14 과 같이 수발율이 극조생이 56%로 가장 높았고 중만생, 중생, 조생 순으로 수발아율이 높았음
- 발아된 유아의 길이는 극조생이 5.12cm 로 가장 길었으며, 중만생, 중생, 조생 순으로 길었음

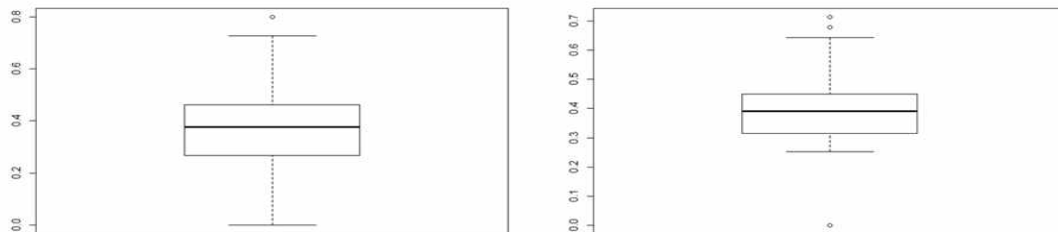


그림 37 모래물이 실험과 인공강우 실험 GI 통계값 비교 Box plot

- 발아시작일은 극조생이 2.45일로 가장 짧았으며, 중만생, 중생, 조생 순으로 짧았음

- 발아 지수는 중만생이 가장 높았고, 중생, 극조생, 조생 순으로 길었음

표 12 모래물이 실험

	수발아율(%)	발아길이(cm)	발아시작일(day)	발아지수
극조생	56	5.12	2.45	0.51
조생	27	1.28	3.72	0.33
중생	33	1.44	3.29	0.32
중만생	40	2.22	3.23	0.35

- 인공강우 실험에서는서는 표3 와 같이 수발아율이 극조생이 18%로 가장 높았고 조생, 중생, 중만생순으로 수발아율이 높았음
- 발아된 유아의 길이는 중만생이 0.83cm 로 가장 길었으며, 조생, 극조생, 중생 순으로 길었음
- 발아시작일은 극조생이 5.15일로 가장 짧았으며, 조생, 중생 조생 순으로 짧았으며 발아지수는 중생이 가장 높았고, 중생, 조생, 중만생 순으로 길었음

표 13 인공강우 실험

	수발아율(%)	발아길이(cm)	발아시작일(day)	발아지수
극조생	18	0.52	5.05	0.42
조생	14	0.81	5.28	0.33
중생	11	0.49	5.47	0.33
중만생	6	0.83	5.79	0.39

- 모래물이 실험에서 수발아율 20% 미만인 극조생 품종은 조운, 운봉, 백일미, 운두, 한설, 주남조생이 있음을 확인하였음
- 80% 이상인 극조생 품종으로는 농백, 고운, 조평, 송전3호, Avangard, Debzera, 쌀벼 17, Liman Belozernij가 있음을 확인하였음
- 조생종 품종에서는 수발아율 0%인 품종은 TCHAMPA, PUKHI, 적진주벼, 설레미, 눈큰 흑찰1호, 온다미, 추풍벼, 진미벼, 대찬, 밀양30호가 있었음
- 수발아율 0% 초과 20% 미만인 품종은 12-A-17, 조생흑찰, 화왕, 밀양21호, ZILANICA, 산호미, 소백벼, DULAR, 금오벼, 새상주, 단양-9, 만추벼, 맛드림, 해담쌀, 오대벼, 상주찰, 중화벼, 인월벼, 발나라, 삼백벼, 운광, 수보, 진옥이 있음을 확인하였음
- 수발아율 80%이상인 품종은 사두초, 울조조, 표도, AKAINE, YANG-SHA-TSAN, 샤레벼-94-1-B, Urasan이 있었음
- 중생종 품종에서는 수발아율 0%인 품종인 조생통일, 통일찰, DHARIAL, 영풍벼, 다청, 남영, 밀양22호, 중생골드, 황금벼, 세계진미, SPIN MERE, 수원 255호, 다산벼, 쌀벼 22, 용주, 다산1호, 한강찰1호, 12141, 가야벼, 신광벼, 삼강벼, 소두조, 아름, 풍산이

있었음

- 수발아율 0% 초과 20% 미만인 품종은 밀양 42호, BP444, 미면, SP-698, 고시히카리, 청아, 안다벼, 설향찰벼, 흑설, 적진주찰, 산들진미, BALA, 소조황, 천석, BP603, 청담, 몽돈찰벼, KAGI, MS11, 백각화라, 동진찰벼, 상주벼, 말그미, CARTUNA, 삼남벼, 봉광, YUNG YUEN CHUEN ZIM, 만석벼, 풍미, 제주북제주-2002-521, 신선찰벼, AGBEDE, 새오대가 있음을 확인하였음
- 수발아율 80%이상인 품종은 화영벼, 수광, 단광화라, HSIANG-HA-TSAN, 평북3, 단양-7, 조타조, 보석찰, 팔공벼, 고령-6, 청송앵미 4, 320048, 서안벼, 영해벼, 화선찰벼, 포천장망메벼, 12269, 남선 34호 있었음
- 중만생종 품종에서는 수발아율 0%인 품종인 한아름, 백양벼, 농안벼, Tal, 목양, 중원벼, Mushkan 41, 밀양 50호, 남풍벼, 낙동벼가 있었음
- 수발아율 0% 이상 20% 미만인 품종은 남평벼, 제주북제주-2002-171, Gou 405, 큰눈, SD-11, 만미, 통일, 청청벼, 은누리, 대보, 눈보라, 고품, 한강찰, 다미, 서남벼, 미광, 농호벼, 청도-화양-12, 강찬가 있음을 확인하였음
- 수발아율 80%이상인 품종은 섬진벼, 신동진벼, 풍옥, 드래찬, 인천강화수집-16, 진백, 다다조, 두도가 있었음
- 인공강우 실험에서 수발아율 20% 미만인 극조생 품종은 운두, 백일미, 주남조생, 둔내벼, 한설, 조운, 진설찰, 운봉벼, 신운봉벼, 흑진주벼, CHIH-TSAO-HE, 고운, Debzera, BP066이 있음을 확인하였음
- 조생종 품종에서는 수발아율 0%인 품종은 PUKHI, TCHAMPA, 소백망수도, 쥐입파리벼, 온다미, 눈큰흑찰1호, 설레미, 12-A-17, 단양-9, 밀양30호, 사두초가 있었음
- 수발아율 0% 초과 20% 미만인 품종은 상주찰, 금영, 추풍벼, 산호미, 운광, 조안, 중화벼, ZILANICA, 늘벼, 조생흑찰, 인월벼, 밀양21호, 삼천벼, 밭나락, 대찬, 농립나1호, DULAR, 진옥, 진미벼, 금오벼, 수보, 삼백벼, 치악벼, 만추벼, 설악벼, 조광, 황금보라, 청백찰, YANG-SHA-TSAN, 조아미, 내풍벼, 샬레벼-94-1-B, 충남1호, 오대벼, 수원 301호, 12-A-5, 운미, 화왕, 제주북제주-2002-115, 해담쌀, ANBAW C7이 있음을 확인하였음
- 중생종 품종에서는 수발아율 0%인 품종인 YUNG YUEN CHUEN ZIM, 남일, 산도, 조생통일, 청아, 통일찰, 풍미, 남영, 다칭, 밀양22호, 영풍벼, 세계진미, 12141, 다산1호, 용주, 한강찰1호, 흑설, 신광벼, 삼강벼, 소두조, BP444, 아름, 풍산이 있었음
- 수발아율 0% 초과 20% 미만인 중생종 품종은 다산벼, 적진주찰, SPIN MERE, 밀양 42호, 쌀벼 22, 말그미, 산들진미, 흑광벼, 몽돈찰벼, SP-698, 중생골드, 소조황, 미면, 가야벼, DHARIAL, 수원 255호, 설향찰벼, 청담, 천석, 신선찰벼, 고시히카리, 백각화라, 황금벼, VICTORIA F.A, BALA, BP603, CARTUNA, 동진찰벼, 그루벼, MS11, 문장벼, KAGI, 동해진미, 만석벼, 제주북제주-2002-561, Red Rice, 오각, 제주북제주-2002-521, 상주벼, 팔공벼, 만월벼, 샬레벼-163-1-B, SAN-LI-SHUN, 상미벼, TUN SART, 보석흑찰, 백곡나, 수형한도, 정중화, 봉광, 평북3, 호남조생, AGBEDE, 흑남벼, 삼남벼, 320048, TAICHUNG-WOO-TSAN, 오리도, 상남발벼, 영해벼, 포천장망메벼, 청송앵미 4, 12-A-24, 진부벼, 냉조, 단광화라, 서안벼, 영남조생, 순천-5, 녹양을 확인하



였음

- 수발아율 80%이상인 품종은 수광이 있음
- 중만생종 품종에서는 수발아율 0%인 품종에는 한아름, 눈보라, 백양벼, 남평벼, Tal, 목양, Mushkan41, 낙동벼, 농안벼이 있었음
- 수발아율 0% 초과 20% 미만인 품종은 중원벼, 통일, 대보, SD-11, 서광, 청도-화양-14, 다다조, 한강찰, 큰눈, 제주북제주-2002-171, HATADANI, 고품, 청청벼, 남풍벼, 서남벼, Gou 405, 신백, 진흥, 인부지도, NIAN CHI SHI, 온누리, 만미, NEWREX, 청도-화양-12, 청남, 농호벼, 다보, 삼광, 수원 159호, 밀양 50호, 다미, 화신1호, 계화벼, 하이아미, 미소미, 강찬, 인천강화수집-16, Daw Dam, 미광, 서해, 일미벼, 수안, 두도, 12-A-14, SD-25, 백옥찰, 아랑향찰벼, 한마음, 양조벼, 새나라, 만금벼, 강백, 팔달, 신농흑찰, 동안벼, 호농, 백설찰, 새고아미, 흥진주, 수려진미, 밀양 88호, KENG CHI JU, 동오벼, 풍옥, 성주-3, 선향흑미, 미향벼, 수라벼, 신동진벼, 섬진벼, 영덕, 고아미벼, 칠보, 진백, 보드라미, 대립벼 1호, 새일미 등이 있음을 확인하였음

#### 다. 수발아와 관련형질의 전장유전체연관분석(GWAS)

##### (1) 수발아 GWAS 분석

- 수발아저항성은 많은 요인에 의해 통제되는 복잡한 특성이 있음 (그림 48)
- PHS 형질의 경우, 임계치 수준은 PHS에 대한 QQ 플롯에 기초하여 p 값  $\log_5$ 로 설정하였음 (그림 48)
- 염색체 4, 5, 8, 9 및 10에서 p 값이 5 이상의 많은 관련 유전자가 관찰되었으며 4,5 번 염색체에서 후보유전자는 개별 염색체의 QQ-플롯을 기반으로 도출하였음(표 48)
- SNPs / Indels의 cluster는 수발아저항성과 관련이 없는 것으로 밝혀진 에틸렌 반응인자 유전자, OsERF1, OsERF94 및 스트레스 관련 단백질 키나아제 인 GMPK2=PROTEIN kinase 근처 염색체 4에서 일관되게 발견되었음
- 5 번 염색체에서 Os05g0180600 (PI3K) 유전자는 수발아저항성과 유의한 연관성을 보였음
- Os05g0180300 (Leucine-rich repeat, 식물 특이적 단백질 포함) 근처의 일부 SNP도 수발아저항성과 관련이 있는 것으로 밝혀졌음
- 염색체 8, Os09T0338200 (BTB / POZ 유사 단백질 포함), Os09g0442700 (OsDDM1a), Os09g0442400도 수발아저항성과 관련이 있는 것으로 밝혀졌음
- 현재 패널에서 염색체 2의 AMY1A와 염색체 1의 OsVP1과 같은 PHS와 관련된 알려진 유전자가 높은 관련 피크 영역 (그림 27)의 200kb와 300kb 내에서 PHS에 상대적으로 덜 연관되어있으며 발아와 관련이 있는 다른 알려진 유전자도 관찰되었음
- 상대적으로 더 큰 p값을 보였으며 에틸렌 생산에 중요한 aminocyclopropane-1-carboxylic acid oxidase 2 (ACO2) 유전자와 AMY3A는 각각 17287202와 17287202의 게놈 위치에서 수발아저항성과 관련이 있는 것으로 밝혀졌음

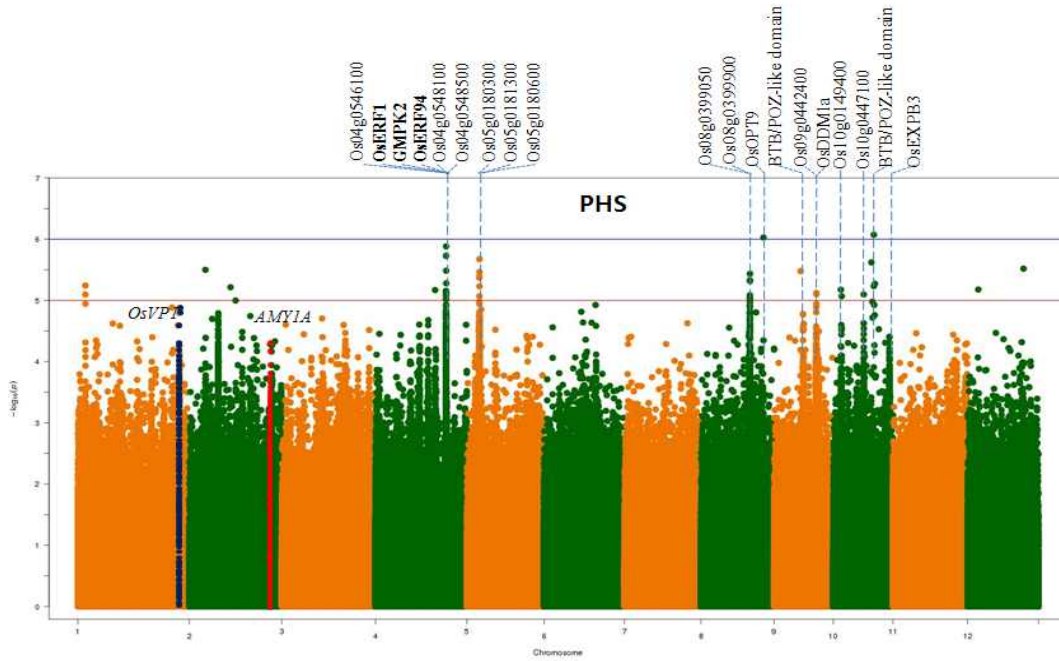


그림 38 수발아 GWAS 분석에 대한 Manhattan plot. 피크 SNP와 인접한 후보유전자는 위쪽에 나타냄. 수발아저항성과 관련된 알려진 유전자와 200 kb 범위와 300 kb 범위에 있는 SNP는 각각 적색과 파란색으로 나타냄

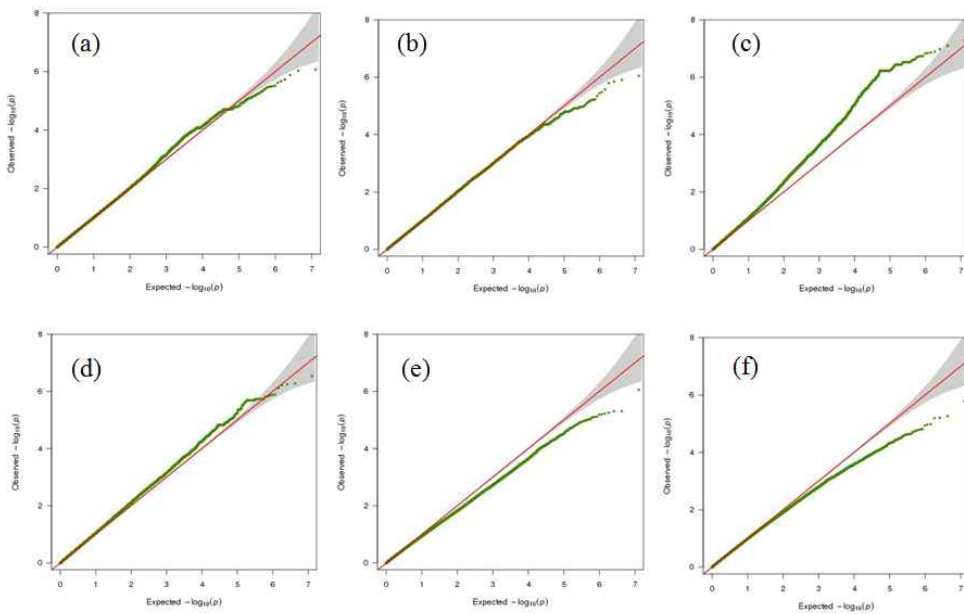


그림 39 수발아저항성(a), 7일 발아(b), 14일 발아(c), 발아지수(d), ABA 반응(e), 휴면지수(f)에 대한 Genomewide QQ-plots

표 14 수발아저항성 연관 SNP의 유전자 좌위

Chr	Position (IRGSP 1)	P.value	maf	R <sup>2</sup>	FDR_ P	Loci	Description
4	27417082	1.31E-06	0.12	0.34	0.12	Os04g0547800	Conserved hypothetical protein
4	27411586	1.87E-06	0.12	0.34	0.12	Os04g0547600	<i>OsERF94</i> , Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein
4	27434553	3.28E-06	0.11	0.33	0.12	Os04g0548100	Similar to OSIGBa0106P14.3 protein
4	27469463	5.25E-06	0.12	0.32	0.12	Os04g0548500	Similar to OSIGBa0106P14.6 protein
4	23151628	6.77E-06	0.26	0.32	0.12	Os04g0463700	Similar to ADL064Wp
4	27343950	6.99E-06	0.12	0.32	0.12	Os04g0546100	Similar to
4	27355095	7.15E-06	0.11	0.32	0.12	Os04g0546300	OSIGBa0101C23.10 protein Similar to GMPK2=PROTEIN kinase
4	27428565	9.52E-06	0.12	0.31	0.12	Os04g0548000	Protein of unknown function DUF862, eukaryotic domain containing protein
4	27475119	1.20E-05	0.11	0.31	0.12	Os04g0548700	<i>OsHox17</i> , Homeodomain-like containing protein
4	27376228	1.87E-05	0.11	0.30	0.12	Os04g0546800	<i>OsERF1</i> , <i>OsERF93</i> , Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein
5	4857033	2.12E-06	0.13	0.30	0.11	Os05g0180600	Similar to Phosphatidylinositol 3-kinase, root isoform. (PI3- kinase) (PtdIns-3-kinase) (PI3K) (SPI3K-5)
5	4897368	3.43E-06	0.11	0.29	0.11	Os05g0181300	Conserved hypothetical protein
5	4824632	4.04E-06	0.15	0.29	0.11	Os05g0180300	Leucine-rich repeat, plant specific containing protein
8	24307050	9.38E-07	0.06	0.32	0.35	Os08g0492000	<i>OsOPT9</i> , Oligopeptide transporter 9, Similar to Glutathione transporter
8	19070073	3.68E-06	0.38	0.30	0.35	Os08g0399900	Hypothetical protein
8	19035703	4.69E-06	0.13	0.30	0.35	Os08g0399050	Similar to OSIGBa0096F13.8 protein
9	10309518	3.32E-06	0.11	0.31	0.23	Os09g0338200	BTB/POZ-like domain containing protein
9	16461202	7.55E-06	0.15	0.30	0.23	Os09g0442700	<i>OsDDM1a</i> , Decrease in DNA Methylation 1a
9	16449779	7.90E-06	0.16	0.30	0.23	Os09g0442400	t-snare domain containing protein
10	15778155	8.47E-07	0.09	0.33	0.38	Os10g0439333	Similar to BTB/POZ domain containing protein
10	14829875	2.40E-06	0.06	0.31	0.38	Os10g0420800	Similar to cDNA clone:J013149A17, full insert sequence
10	16198705	5.35E-06	0.06	0.30	0.38	Os10g0447100	Similar to Ubiquitin-conjugating enzyme

E2-21 kDa 2 (EC 6.3.2.19)  
 (Ubiquitin- protein ligase 5)  
 (Ubiquitin carrier protein 5)  
 Similar to proline-rich protein

10 2966728 6.69E-06 0.20 0.30 0.38 Os10g0149400

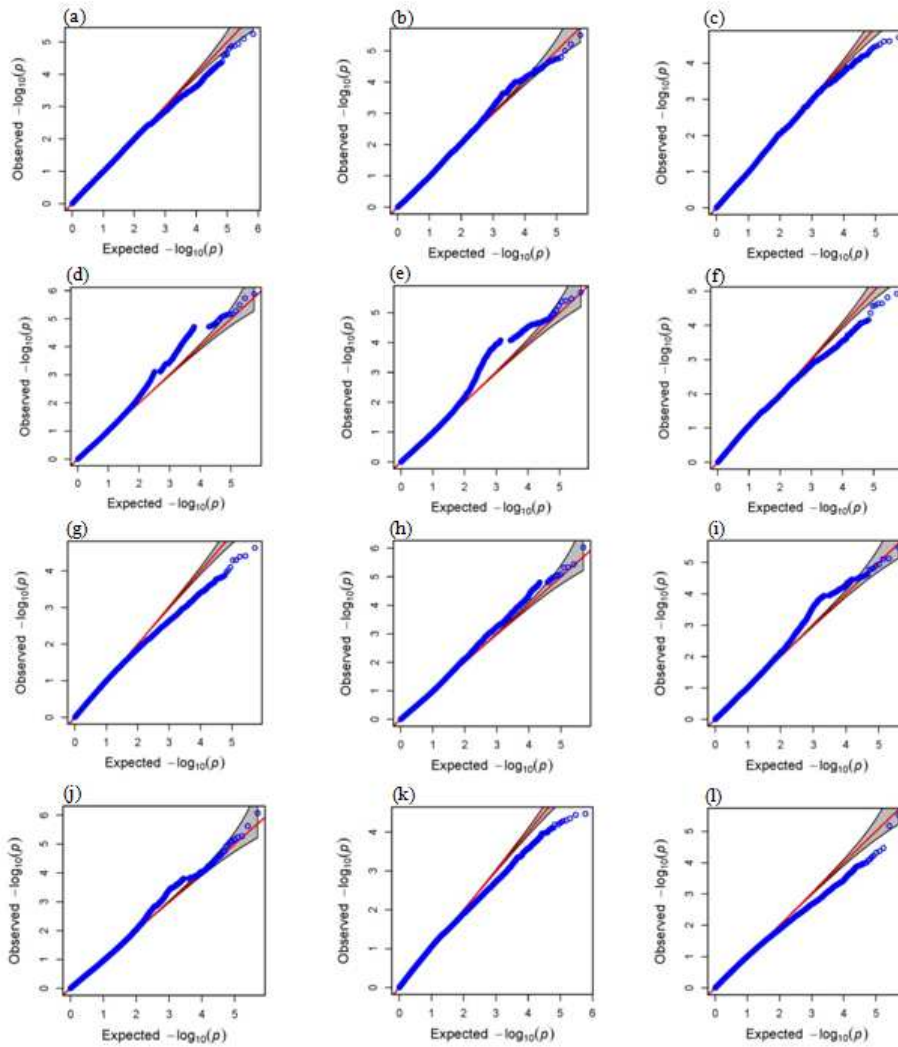


그림 40 전체 염색체에 대한 수발아저항성 QQ-plots

**(2) 7일 발아(D7)와 14일 발아(D14) 실험 결과**

- 일부 품종에는 발아가 지연되었으며 대립 유전자의 다른 네트워크가 D7 에서 D14 일 사이의 형질 변화와 관련이 있는지를 결정하기 위해 각 형질에 대한 GWAS가 수행되었음 (그림 41, 42)
- 유의 수준의 임계 값은 QQ- 플롯을 기준으로 각각 D7과 D14에 대해 5와 6으로 설정 되었음 (그림 43)
- 많은 GWAS 피크의 많은 유전자가 D7과 D14와 연관되어있는 것으로 관찰되었음 (표 17, 18)

- 유의한 GWAS 피크는 D7의 2번, 4번 및 10 번 염색체에서 발견되었고, 2 번, 3 번, 4 번, 7 번, 8 번, 10 번 및 11 번 염색체는 D14 형질에서 발견되었음

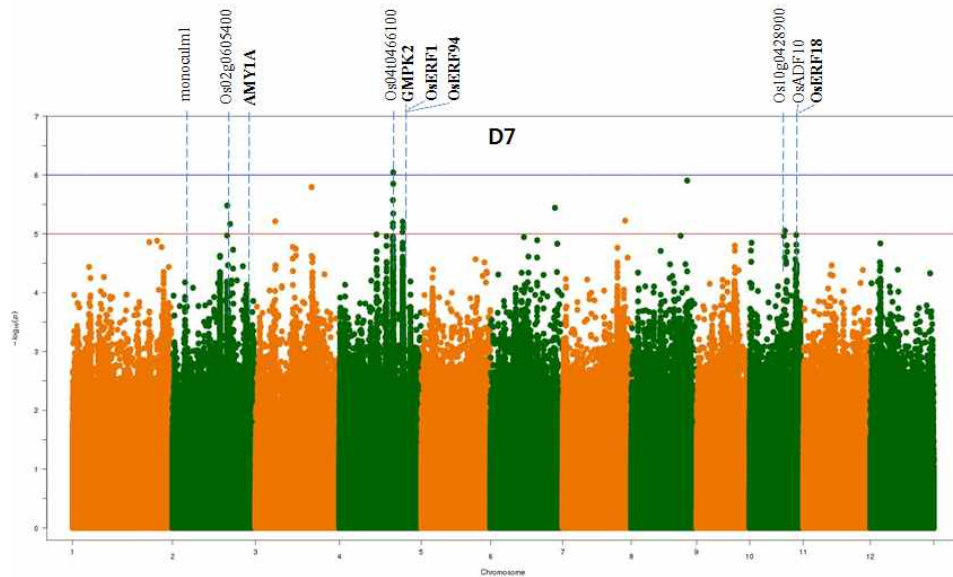


그림 41 7일 발아율(D7) GWAS 분석에 대한 Manhattan plot. 피크 SNP와 인접한 후보유전자는 위쪽에 표시함

- GWAS 피크는 D7 및 D14에서 유사한 경향이 있었지만, D14는 더 많은 유전자와 더 유의적으로 관련되었으며, *OSERF1*, *OSERF94*, *GMPK2* = PROTEIN kinase 근처의 매우 중요한 SNP 클러스터가 D7보다 D14와 더 관련이 높은 것으로 관찰되었음
- *Os04g0463800*, *Os04g0466100* (세포 분열 단백질 FtsH 유사 단백질과 유사), 염색체 2의 *OSERF9* 및 염색체 10의 *OSERF18*과 같은 여러 SNP도 쌀의 발아 지연과 관련이 있음
- *AMY1A* 근처의 SNP 클러스터는 D7과 D14 모두에서 임계값이 미만이지만 유전자가 두 형질 모두에서 어느 정도 변이를 일으키는 원인이 될 수 있음
- 염색체 1의 *sd1*과 *Osvp1*과 같은 다른 알려진 유전자도 중요한 피크 영역에서 200kb 범위 내에서 D14와 관련이 있는 것으로 보임. 염색체 7의 종자 휴면 4 (*Sdr4*)도 유의 피크 영역에서 30kb 떨어진 거리에서 D14와 관련이 있는 것으로 나타났음 (그림 42)

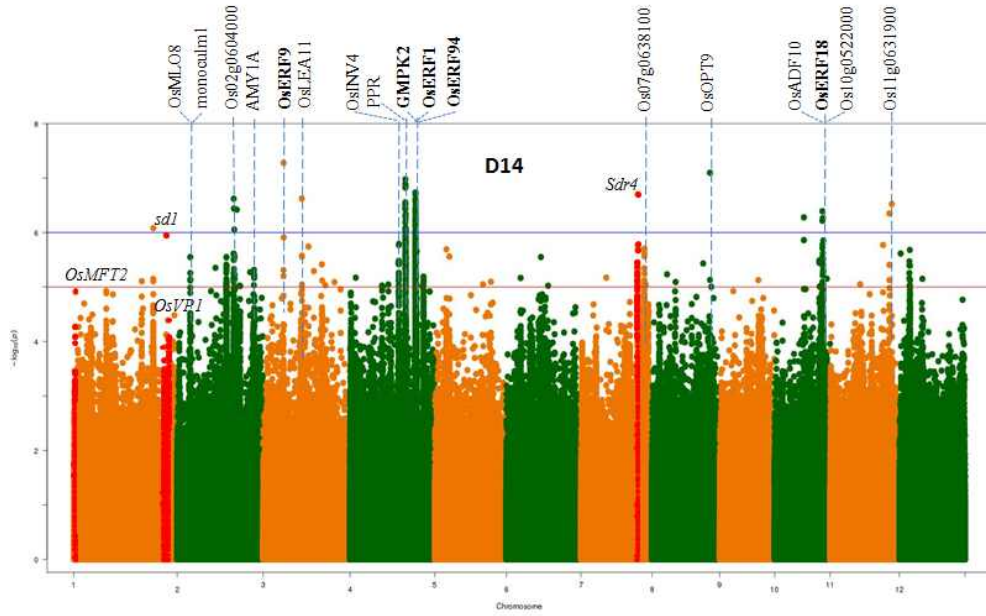


그림 42 14일 발아(D14) GWAS분석에 대한 Manhattan plot. 피크 SNP와 인접한 후보유전자는 위쪽에 나타냄. 수발아저항성과 관련된 알려진 유전자와 200 kb 범위있는 SNP는 적색으로 나타냄

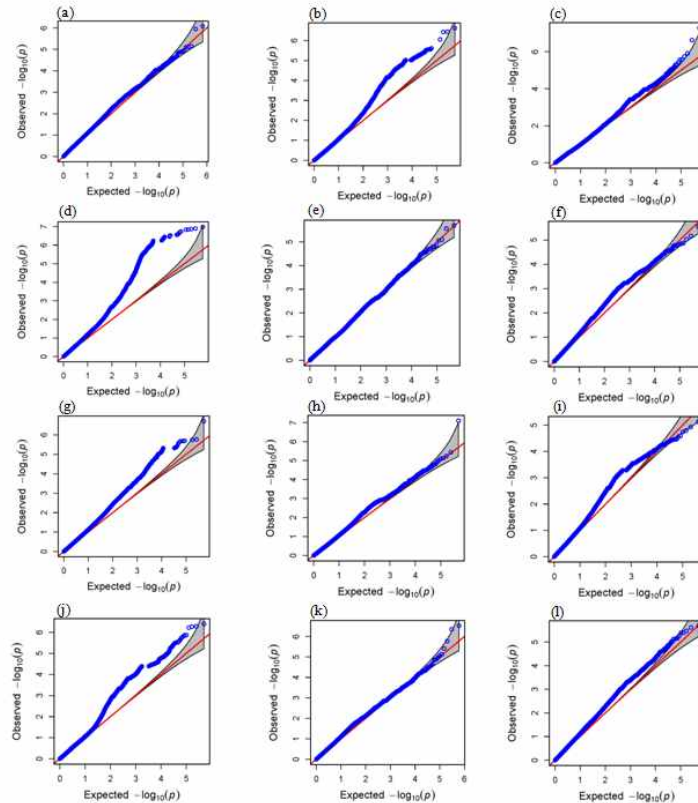


그림 43 14일 발아에 대한 전체 염색체의 QQ-plots



표 15 7일 발아(D7)와 유의한 SNP의 유전자 좌위

Chr	Position (IRGSP 1)	P.value	maf	R <sup>2</sup>	FDR_ P	Loci	gene description
2	23718409	3.31E-06	0.12	0.32	0.51	Os02g060540 0	C2 calcium-dependent membrane targeting domain containing protein
2	24962731	6.80E-06	0.11	0.31	0.51	Os02g062590 0	Conserved hypothetical protein
4	23312125	9.00E-07	0.12	0.40	0.15	Os04g046610 0	Similar to Cell division protein FtsH-like protein
4	23161200	2.67E-06	0.15	0.38	0.15	Os04g046390 0	Conserved hypothetical protein
4	23314148	4.50E-06	0.17	0.37	0.15	Os04g046660 0	Agmatine deiminase domain containing protein
4	27411586	6.22E-06	0.12	0.37	0.15	Os04g054760 0	Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein
4	23158671	7.62E-06	0.14	0.37	0.15	Os04g046380 0	Pentatricopeptide repeat domain containing protein
4	27343950	9.33E-06	0.12	0.36	0.15	Os04g054610 0	Similar to OSIGBa0101C23.10 protein
10	15259171	8.86E-06	0.27	0.28	0.68	Os10g042890 0	Similar to BTB/POZ domain containing protein

### (3) 발아지수 (Germination index, GI)

- 단기간에 종자가 얼마나 빨리 싹트는 지 조사하여 발아지수를 평가하고 그 특성에 대한 GWAS를 수행하였음
- 발아지수는 ABA 반응 및 휴면 지수보다 일관되게 수발아저항성에 기여하였음 (표 17)
- 2, 3, 4, 7, 8 번 염색체의 SNP는 GI와 관련이 있는 것으로 나타났음(그림 44, 표 17)
- 4번 염색체의 SNP가 가장 유의 한 연관성을 보임. OsERF1, OsERF94, GMPK2 = PROTEIN kinase는 다른 형질 (PHS, D14, D7)에서와 같이 GI와 유의 한 상관관계가 있음이 관찰되었음
- Os04g0466100 (세포 분열 단백질 FtsH 유사 단백질과 유사), Os04g0466600 (Agmatine deiminase 도메인 포함 단백질), Os04g0463700 (ADL064Wp와 유사)의 유전 영역은 OsI 유전자보다 GI와 유의하게 관련이 있었음
- 염색체 2, 3, 7, 8 번 염색체상의 SNP와 4 번 염색체와의 연관성은 염색체 4에서와 같이 유의하지는 않았지만, 이 SNP는 GI에 기여할 수 있으며, 일부 유전자는 PHS 관련 유전자로 이전에 알려져 있음 (예 : 염색체 2의 AMY1A, LEA 3 번 염색체). 염색체 2에서 Os02g0548700 및 OsMLO8 근처의 SNP는 또한 GI와 유의 한 관련이 있었음. 3 번 염색체에서 OsERF9 근처의 SNP와 Os03g0642900의 genic region (Hydrolase 유사 단백질과 유사)이 GI와 관련이 있는 것으로 밝혀졌음(그림 44)

표 16 Significant associated signals of D14

Chr	Position (IRGSP 1)	P.value	maf	R <sup>2</sup>	FDR_ P	Loci	Description
1	33239512	8.31E-07	0.26	0.49	0.38	Os01g0784450	Hypothetical protein GDSL esterase/lipase protein
2	23660959	2.40E-07	0.11	0.46	0.05	Os02g0604000	38, Similar to alpha-L-fucosidase 2 C2 calcium-dependent
2	23718409	3.63E-07	0.12	0.45	0.05	Os02g0605400	membrane targeting domain containing protein Similar to Ankyrin-kinase
2	23883851	8.83E-07	0.13	0.44	0.05	Os02g0608500	protein (Fragment)
3	8579868	5.25E-08	0.10	0.46	0.03	Os03g0262150	Hypothetical gene
3	16195169	2.38E-07	0.07	0.44	0.06	Os03g0399532	Similar to phosphatidylinositol-4-phosp hate 5-kinase family protein
3	8637253	1.23E-06	0.10	0.42	0.22	Os03g0263000	OsERF9, Ethylene response factor 9, Similar to TINY-like protein OsLEA11
3	16253745	2.68E-06	0.07	0.40	0.25	Os03g0400700	
4	23158671	1.06E-07	0.14	0.51	<0.01	Os04g0463800	Pentatricopeptide repeat domain containing protein Conserved hypothetical
4	23161194	1.28E-07	0.14	0.51	<0.01	Os04g0463900	protein
4	23312125	1.38E-07	0.12	0.51	<0.01	Os04g0466600	Agmatine deiminase domain containing protein
4	27338986	1.86E-07	0.11	0.51	<0.01	Os04g0545700	Transferase family protein
4	27376228	1.86E-07	0.11	0.51	<0.01	Os04g0546800	OsERF93, OsERF1, Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein
4	23149116	3.01E-07	0.15	0.50	<0.01	Os04g0463700	Similar to ADL064Wp
4	23145837	3.01E-07	0.15	0.50	<0.01	Os04g0463600	Myb/SANT-like domain domain containing protein
4	27504304	3.11E-07	0.09	0.50	<0.01	Os04g0549600	OsDjA6, Heat shock protein
4	23140984	3.63E-07	0.16	0.50	<0.01	Os04g0463500	DnaJ family protein OASB1, anthranilate synthase beta subunit 1, Anthranilate synthase beta 1 subunit
4	27436094	3.68E-07	0.11	0.50	<0.01	Os04g0548100	Similar to
4	27343950	3.88E-07	0.12	0.50	<0.01	Os04g0546100	OSIGBa0106P14.3 protein Similar to
4	27419999	4.35E-07	0.12	0.50	<0.01	Os04g0547800	OSIGBa0101C23.10 protein Conserved hypothetical protein
4	27355095	4.36E-07	0.11	0.50	<0.01	Os04g0546300	Similar to GMPK2=PROTEIN kinase

4	23307330	4.54E-07	0.18	0.50	<0.01	Os04g0466100	Similar to Cell division protein FtsH-like protein
4	27411586	5.26E-07	0.12	0.49	<0.01	Os04g0547600	OsERF94, Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein
4	27364256	5.90E-07	0.11	0.49	<0.01	Os04g0546500	Similar to Oleosin
4	27425045	5.90E-07	0.11	0.49	<0.01	Os04g0547900	Anti-sense to fibroblast growth factor protein GFG family protein
4	27476609	5.90E-07	0.11	0.49	<0.01	Os04g0548700	OsHox17, Homeodomain-like containing protein
4	27468525	5.90E-07	0.11	0.49	<0.01	Os04g0548500	Similar to OSIGBa0106P14.6 protein
4	23328400	8.63E-07	0.16	0.49	<0.01	Os04g0466700	Armadillo-type fold domain containing protein
7	23766756	1.98E-07	0.11	0.50	0.06	Os07g0585200	Bifunctional inhibitor/plant lipid transfer protein/seed storage domain containing protein.
8	24307050	8.00E-08	0.06	0.44	0.04	Os08g0492000	OsOPT9,Oligopeptide transporter 9, Similar to Glutathione transporter
10	19975505	4.05E-07	0.47	0.41	0.07	Os10g0516900	Conserved hypothetical protein
10	20162852	5.46E-07	0.28	0.41	0.07	Os10g0521100	OsADF10, Similar to Actin-depolymerizing factor 6 (ADF-6)
10	20359185	1.41E-06	0.07	0.39	0.07	Os10g0523900	Ethylene response factor 18, OsERF18, Similar to AP2 domain containing protein
11	25839462	3.01E-07	0.07	0.45	0.13	Os11g0648800	Hypothetical conserved gene
11	24833377	4.48E-07	0.06	0.45	0.13	Os11g0631900	Domain of unknown function DUF591 domain containing protein

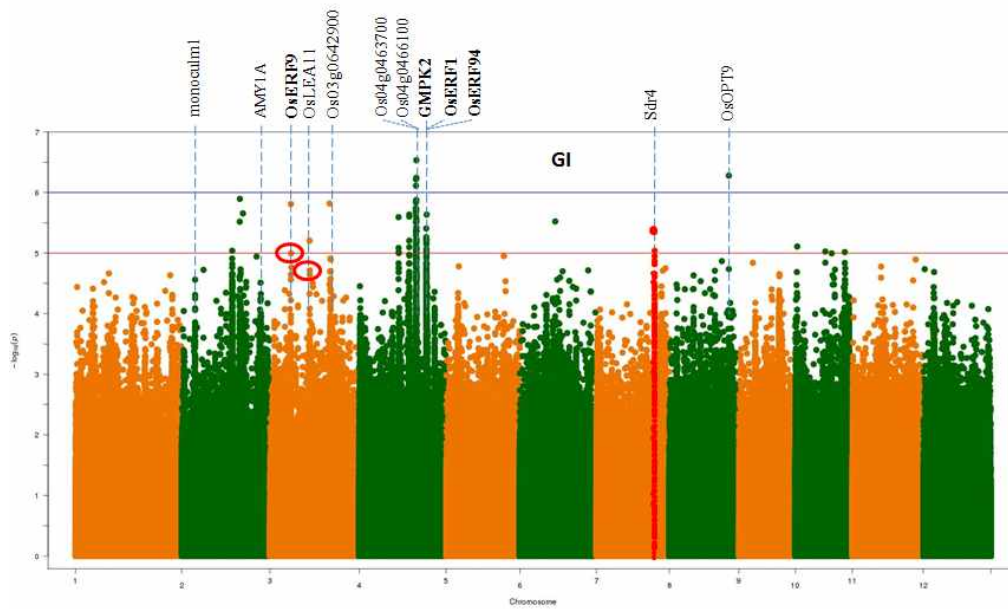


그림 44 발아지수(GI) GWAS분석에 대한 Manhattan plot. 피크 SNP와 인접한 후보유전자는 위쪽에 표시함

표 17 발아지수(GI)와 연관있는 SNP의 유전자 좌위

Chr	Position (IRGSP 1)	P.value	maf	R <sup>2</sup>	FDR_ P	Loci	Description
2	23718409	1.28E-06	0.12	0.39	0.29	Os02g0605400	C2 calcium-dependent membrane targeting domain containing protein
2	24962731	2.21E-06	0.11	0.38	0.29	Os02g0625900	Conserved hypothetical protein
2	23660959	3.03E-06	0.11	0.38	0.29	Os02g0604000	GDSL esterase/lipase protein 38, Similar to
2	20600386	9.17E-06	0.26	0.36	0.29	Os02g0548900	alpha-L-fucosidase 2 Similar to threonine endopeptidase
3	24366451	1.52E-06	0.28	0.36	0.42	Os03g0636800	OsNek1, LSTK-1-like kinase
3	8579868	1.55E-06	0.10	0.36	0.42	Os03g0262150	Hypothetical gene
3	16195169	6.24E-06	0.07	0.33	0.73	Os03g0399532	Similar to phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase family protein
3	8637253	1.00E-05	0.10	0.33	0.73	Os03g0263000	OsERF9, ETHYLENE RESPONSE FACTOR 9, Similar to TINY-like protein
4	23312125	2.93E-07	0.12	0.45	0.04	Os04g0466100	Similar to Cell division protein FtsH-like protein
4	23161194	6.05E-07	0.14	0.44	0.04	Os04g0463900	Conserved hypothetical protein

4	23314148	1.33E-06	0.17	0.43	0.04	Os04g0466600	protein Agmatine deiminase domain containing protein
4	23158671	1.36E-06	0.14	0.43	0.04	Os04g0463800	Pentatricopeptide repeat domain containing protein
4	23150000	1.85E-06	0.15	0.43	0.04	Os04g0463700	Similar to ADL064Wp
4	23145837	1.85E-06	0.15	0.43	0.04	Os04g0463600	Myb/SANT-like domain
4	23140984	2.05E-06	0.16	0.43	0.04	Os04g0463500	domain containing protein OASB1, anthranilate synthase beta subunit 1, Anthranilate synthase beta 1 subunit
4	20415688	2.31E-06	0.25	0.42	0.04	Os04g0413200	OsINV4, Similar to Cell wall invertase (EC 3.2.1.26)
4	27504304	2.32E-06	0.09	0.42	0.04	Os04g0549600	OsDjA6, Heat shock protein DnaJ family protein
4	16055933	2.55E-06	0.21	0.42	0.04	Os04g0340300	Terpenoid synthase domain containing protein
4	23328400	3.81E-06	0.16	0.42	0.04	Os04g0466700	Armadillo-type fold domain containing protein
4	27343950	3.93E-06	0.12	0.42	0.04	Os04g0546100	Similar to OSIGBa0101C23.10 protein
4	27363309	5.46E-06	0.12	0.41	0.04	Os04g0546500	Similar to Oleosin
4	27472577	6.03E-06	0.11	0.41	0.04	Os04g0548500	Similar to OSIGBa0106P14.6 protein
4	27338986	6.03E-06	0.11	0.41	0.04	Os04g0545700	Transferase family protein
4	27376228	6.03E-06	0.11	0.41	0.04	Os04g0546800	Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein
4	27411586	6.70E-06	0.12	0.41	0.04	Os04g0547600	ERF1, ERF93, Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein.
4	27434553	7.17E-06	0.11	0.41	0.04	Os04g0548100	Similar to OSIGBa0106P14.3 protein
4	20409009	7.99E-06	0.26	0.41	0.04	Os04g0413000	Similar to OSIGBa0134P10.6 protein
4	23336418	8.30E-06	0.16	0.41	0.04	Os04g0467100	Similar to OSIGBa0115M15.9 protein
4	27417082	9.36E-06	0.12	0.41	0.04	Os04g0547800	Conserved hypothetical protein
4	16103506	9.66E-06	0.23	0.41	0.04	Os04g0340800	Conserved hypothetical protein
4	27355095	9.93E-06	0.11	0.41	0.04	Os04g0546300	Similar to GMPK2=PROTEIN kinase
7	23766756	4.51E-06	0.11	0.42	0.43	Os07g0585200	Bifunctional inhibitor/plant lipid transfer protein/seed storage domain containing protein.

8	24307050	5.26E-07	0.06	0.36	0.26	Os08g0492000	OsOPT9, Oligopeptide transporter 9, Similar to Glutathione transporter
---	----------	----------	------	------	------	--------------	--

**(4) 휴면지수(Dormancy index, DI)와 ABA 반응성**

- 수확시의 휴면과 ABA 반응성이 평가되었고, GWAS 분석을 수행함
- DI 및 ABA 반응에 관련된 유전자는 표 18, 표 19에 요약하였음. 이러한 특성들과의 연관성은 낮았으며 알려진 휴면 관련 유전자는 본 연구에서 관찰되지 않았음 (그림 34, 그림 35)
- ABA 수준과 반응성을 강조하는 알려진 유전자; OsVPL1, ABI5, Osaba1 및 RDO4 유전자는 비교적 큰 p 값에서 ABA 반응성과 가장 가까운 피크 관련 영역으로부터 200 kb 범위 내에서 더 낮은 분해능과 관련이 있는 것으로 관찰되었음
- 두 형질 모두에서 유전체(그림 45, 46)와 각 염색체의 QQ-플롯(그림 47, 48)을 기반으로 관찰된 빈도는 현재의 GWAS 연구에서 이러한 표현형의 부적합을 나타내는 예상 빈도보다 훨씬 낮았음

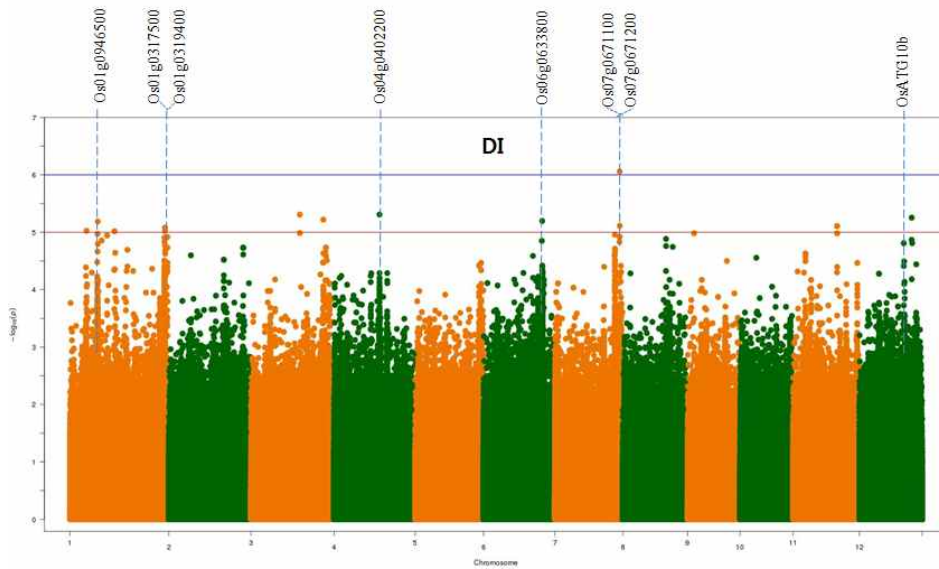


그림 45 휴면지수(DI) GWAS 분석에 대한 Manhattan plot. 피크 SNP와 인접한 후보유전자는 위쪽에 표시함



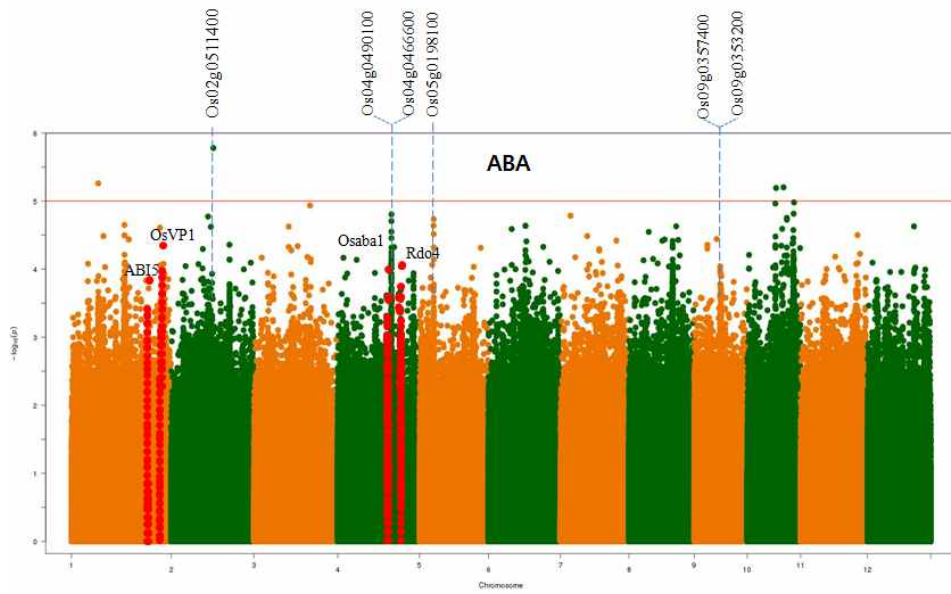


그림 46 ABA 반응 GWAS 분석에 대한 Manhattan plot. 피크와 인접한 후보 유전자는 위쪽에 표시함, 수발아저항성 유전자와 200kb 이내에 있는 SNP는 적색으로 나타냄

표 18 휴면지수(DI) 연관 SNP의 유전자 좌위

Chr.	Position	P.value	maf	R <sup>2</sup>	FDR_P	Loci	Description
	(IRGSP 1)						
1	12162206	6.48E-06	0.23	0.27	0.67	Os01g0319400	Protein of unknown function DUF247, plant domain
1	41595949	8.33E-06	0.13	0.26	0.67	Os01g0946500	containing protein Similar to Glucan endo-1, 3-beta-glucosidase GV (EC 3.2.1.39) ((1->3)-beta-glucan endohydrolase GV) ((1->3)-beta-glucanase isoenzyme GV) (Beta-1,3-endoglucanase GV)
1	7239225	9.43E-06	0.21	0.26	0.67	Os01g0230700	Hypothetical conserved gene
1	41561683	9.54E-06	0.09	0.26	0.67	Os01g0945300	Amino acid/polyamine transporter I family protein; Amino acid/polyamine
1	19522783	9.64E-06	0.33	0.26	0.67	Os01g0536501	transporter I family protein Disease resistance protein
3	21433071	4.93E-06	0.05	0.22	1.00	Os03g0582550	domain containing protein Hypothetical protein
3	31708820	6.04E-06	0.24	0.22	1.00	Os03g0765500	Hypothetical conserved gene
4	19929099	4.92E-06	0.40	0.26	0.99	Os04g0402200	Similar to RNA binding protein Rp120
6	25688242	6.35E-06	0.07	0.26	0.88	Os06g0633800	Amino acid transporter,

							transmembrane domain containing protein.
							Amino acid transporter, transmembrane domain containing protein.
7	28371493	8.77E-07	0.11	0.28	0.463	Os07g0671100	Hypothetical conserved gene
7	28375499	7.71E-06	0.11	0.24	1.000	Os07g0671200	Pentatricopeptide repeat domain containing protein

표 19 ABA 반응성 연관 SNP의 유전자 좌위

Chr	Position (IRGSP 1)	P.value	maf	$R^2$	FDR_P	Loci	Description
1	11594896	5.49E-06	0.42	0.47	0.89	Os01g0309100	Similar to anther-specific protein SF18
2	18300243	1.66E-06	0.37	0.45	0.92	Os02g0511400	Glucose/ribitol dehydrogenase family protein
10	15778155	6.28E-06	0.09	0.38	0.57	Os10g0439600	Similar to RNA-binding region containing protein 2 (Coactivator of activating protein-1 and estrogen receptors) (Transcription coactivator CAPER).

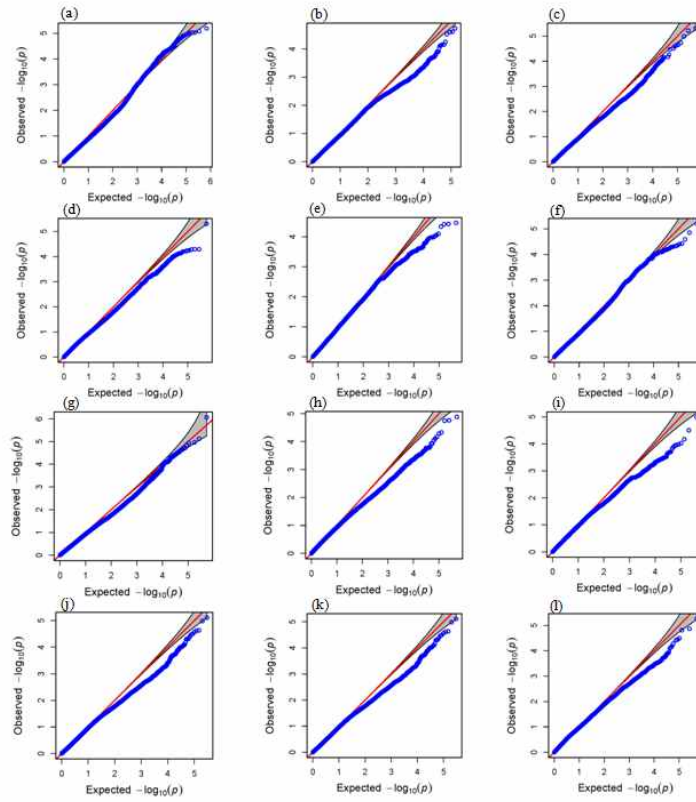


그림 47 휴면지수에 대한 전체 염색체의 QQ-plots

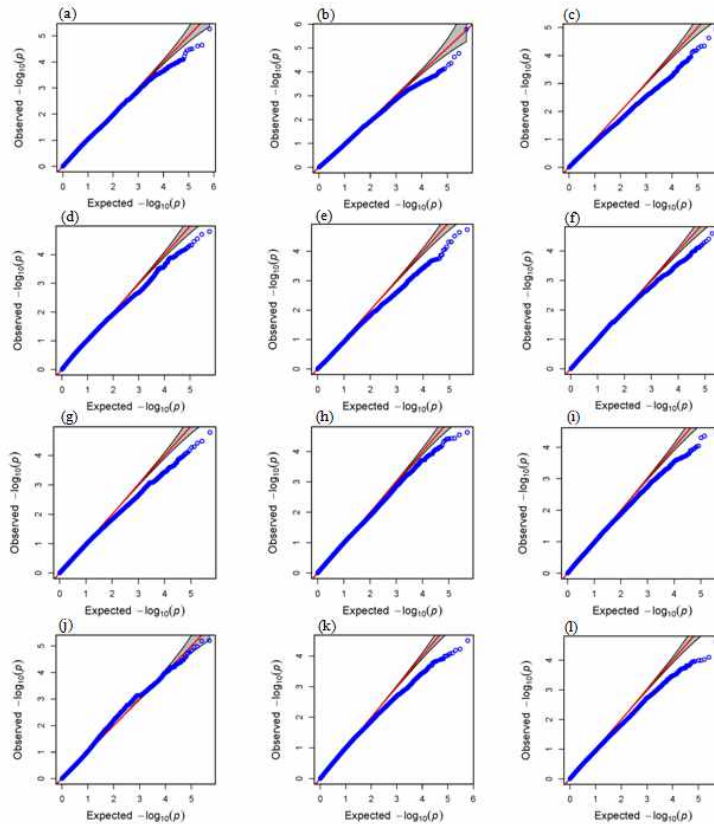


그림 48 ABA 반응 분석에 대한 전체 염색체의 QQ-plots

#### 라. 4번 염색체에 있는 후보유전자의 haplotype 변이 분석

- 관련 유전자들 중 일부 유전자는 PHS, D7, D14 및 GI와 같은 4 가지 특성과 관련이 있음이 밝혀졌음. 이 유전자 중 염색체 4번의 유전자 5 개 (GMPK2 = PROTEIN kinase, OsERF1, OsERF94, Os04g0548100, Os04g0548500 및 OSIGBa0101C23.10)가 haplotype 분석을 위해 선택되었음

##### (1) GMPK2-PROTEIN kinase (Os04g0546300)

- GMPK2 유전자에 대한 haplotype 변이 분석을 수행 한 결과, 엑손 및 인트론에 변이가 존재하고, 7개의 haplotype이 관찰되었음 (그림 49a)
- 엑손 및 인트론 부위 돌연변이를 갖는 제 1 haplotype 그룹은 수발아에 저항성을 보였음
- H2~H6 그룹의 자원들은 일부 엑손 및 인트론에서 변이를 가지고 있었으나 이들 자원은 수발아에 감수성을 나타냄. 변이가 없는 마지막 H7 그룹의 107점의 자원 중 7 점을 제외하고는 감수성을 보임
- 엑손 부위에 변화가 있는 6개의 위치 중 3개의 위치 (917, 1211 및 1848)는 nonsynonymous mutations을 나타냄(3bp 삽입으로 인한 글루타민 증가 1 개, A에서 G

로의 변화로 인한 세린의 글리신으로의 변화 및 C에서 T로 인한 트레오닌에서 이소류신으로의 변화). 917 위치에서의 3bp 결실은 글루타민 아미노산 단위의 증가를 일으키는 기능이 있음. 한 점의 자원에서 9bp의 결실을 보였으며, 3 개의 글루타민 단위가 감소했으나 이 자원은 수발아에 감수성을 보였음. 유사하게, 840 및 1848에서 변이를 갖는 또 다른 두 가지 자원은 수발아에 감수성을 나타냄. 그러므로 H1 haplotype 그룹의 수발아 저항성은 917위치에서 3bp 삽입 돌연변이에 의한 것일 것으로 추정함

#### (2) OsERF1 (Os04g0546800)

- OserF1 유전자의 코딩 영역에서 6개의 haplotype 그룹을 만드는 총 6개의 SNP와 2개의 InDel이 관찰되었음 (그림 49 b)
- 5개의 돌연변이가 엑손 부분에 있었지만, 3개는 난센스 돌연변이임. C가 T로 치환되는 83 위치의 SNP는 트레오닌에서 메티오닌으로의 아미노산 변화를 유발하였고, 175 위치에서의 6bp가 삽입되는 하나의 InDel은 2개의 글리신 단위를 증가시켰음. 이 두 돌연변이와 인트론상의 하나의 돌연변이를 가지는 H1 그룹은 수발아저항성을 보였음
- H2-H5 그룹은 1점의 자원을 제외하고는 수발아 감수성을 보였음. 변이가 없는 H6 그룹은 몇 점을 제외하고는 수발아 감수성을 보였음

#### (3) OsERF94 (Os04g0547600)

- GWAS 분석에서 OsERF94가 수발아와 유의한 관련이 있었으나 이 유전자의 haplotype에서 137개 유전자원 중 세 가지 haplotype 그룹만이 발견되었음 (그림 49c)
- H1 그룹과 H2 그룹에서 돌연변이가 관찰되었으나 ORF 영역으로부터 1877bp 위치에는 상류 영역의 고도로 연관된 돌연변이는 H1 그룹에서만 관찰되었음
- H3 그룹은 돌연변이가 없으며 일부 자원을 제외하고 감수성 그룹으로 확인되었음. 이것은 OsERF94의 프로모터 영역이 벼의 수발아 저항성에 영향을 미칠 수 있음을 의미함

#### (4) OSIGBa0106P14.3 protein (Os04g0548100)

- OSIGBa0106P14.3 단백질의 haplotype 그룹에서 다섯 개의 haplotype 그룹이 관찰되었으며 (그림 49d) 첫 번째 haplotype 그룹 만이 수발아 저항성 그룹으로 명확히 분류될 수 있었음. 이 그룹에서만 엑손의 SNP 돌연변이가 하나 발견됨. 그러나 이 돌연변이는 synonymous mutation으로 이 유전자의 상류 영역을 확인한 결과, 단백질 코딩 영역으로부터 멀리 떨어진 209 bp (27434713의 게놈 위치)의 위치에서 4 bp 삽입이 발견되었음. 아마도 이 4 bp 삽입 돌연변이 때문에 H1 그룹은 수발아 저항성을 갖고 있는 것으로 추정됨. 다른 유전자의 haplotype 변이와 마찬가지로, 수발아 저항성에도 불구하고 돌연변이가 없는 마지막 그룹에 속하는 예외적인 자원이 존재했음

(a) GMPK2  
Os04t0546300-01 3891 bp

position*	27354079	27354082	27354504	27354699	27354736	27354745	27355030	27355095	27355667	27356086	27356132	27356331	27356721			
REF	T	0	A	A	CAGCAGCAG	0	A	G	C	A	A	A	C			
ALT	G	T	G	G	-9	CAG	G	A	T	T	T	G	G	level	PHS%	total
H1	G	1	G	A	0	3	G	A	C	A	T	A	G	Resistant	13.4	16
H2	G	1	G	A	0	0	G	G	C	A	T	G	C	susceptible	76.8	10
H3	T	0	A	A	-9	0	A	G	C	A	A	A	C	susceptible	98.3	1
H4	T	0	A	A	0	0	A	G	T	A	A	A	C	susceptible	60.0	1
H5	T	0	A	G	0	0	A	G	C	A	A	A	C	susceptible	96.9	1
H6	T	0	A	A	0	0	A	G	C	T	A	A	C	susceptible	89.4	1
H7	T	0	A	A	0	0	A	G	C	A	A	A	C	susceptible	79.5	107
A.A change				Pro>Pro	-3Gln	+1Gln	Ser>Gly	Ala>Ala	Thr>Ile				Pro>Pro			137

(b) OsERF1  
Os04t0546800-01 1532 bp

position*	27371331	27371529	27372517	27372538	27372547	27372683	27372773	27372837			
REF.	0	G	G	C	G	0	C	A			
ALT.	A	C	C	T	C	GGCGGC	T	T	level	PHS%	total
H1	0	C	G	C	G	6	T	A	resistance	13.4	16
H2	0	C	G	C	G	0	T	A	susceptible	76.8	10
H3	0	G	C	T	C	0	C	A	susceptible	96.8	1
H4	1	G	G	C	G	0	C	A	susceptible	98.2	1
H5	0	G	G	C	G	0	C	T	susceptible	84.6	1
H6	0	G	G	C	G	0	C	A	susceptible	79.4	108
A.A change			Pro>Pro	Gly>Gly	Leu>Leu	(Gly)2	Thr>Met				137

(c) OsERF94  
Os04t0547600-01 1399 bp

Position*	27407246	27409430	27409520	27409731	27409771	27410248	27410258			
REF	G	G	G	G	C	G	0			
ALT	A	C	A	A	A	A	T	level	PHS %	total
H1	A	C	A	A	C	A	0	Resistance	13.41	16
H2	G	C	A	A	A	G	1	susceptible	76.79	10
H3	G	G	G	G	C	G	0	susceptible	79.78	111
A.A change		Pro>Pro	Val>Val	Ala>Thr	Ser>Tyr					137

(d) OSIGBa0106P14.3  
Os04t0548100-01 3266 bp

position*	27431444	27432039	27432249	27432257	27432276	27432316	27432611	27432768	27434333	27434553	27434592	27434593	27434911			
REF	G	C	C	T	C	G	C	C	C	C	A	C	0			
ALT	A	G	T	C	A	A	T	T	T	G	G	G	TATC	level	average	total
H1	A	G	T	T	C	G	T	T	T	G	G	G	4	resistance	13.4	16
H2	A	G	T	T	C	A	C	T	C	C	G	C	0	susceptible	79.7	12
H3	G	C	C	C	C	G	C	C	C	C	A	C	0	susceptible	71.9	4
H4	G	C	C	T	A	G	C	C	C	C	A	C	0	susceptible	87.7	2
H5	G	C	C	T	C	G	C	C	C	C	A	C	0	susceptible	79.7	103
A.A change									Ser>Ser							137

그림 49 137점의 핵심집단에서 4개의 유전자 (a) GMPK2 (b) OsERF1 (c) OsERF94, (d) OSIGBa0106P14.3 protein gene의 haplotype 변이

(5) OSIGBa0101C23.10 (Os04g0546100)

○ PHS 형질에 대한 GWAS 분석 결과는 또한 염색체 4번에 위치하는 OSIGBa0101C23.10 이 수발아와 유의하게 연관되어 있음을 보여 줌. 이 유전자는 길이가 1917 bp이며 엑손이 하나뿐으로 엑손 부분에 18개의 변이와 인트론에 4개의 변이가 그 유전자에서 관찰됨(그림 50). 놀랍게도, 핵심집단 137점 거의 모든 자원에서 27346568 ~ 27346569



와 27346571 ~ 27346573의 위치(27346570 제외)에서 heterozygous allele을 보였음

- 다른 자원에서 이 위치를 확인하기 위해 158점의 국내 육성 품종을 추가하여 이 유전자의 haplotype 변이를 조사한 결과 거의 모든 자원에서 heterozygous allele를 보임(그림 51). 이러한 이형 접합체(heterozygous allele)의 발생은 재조합 과정에서 heteroduplex 현상이 원인일 수 있으며 명확한 동형 접합체 돌연변이는 295점 중 16 점에서만 발견됨. 그러나 이 16점 중 5점이 H7의 한 하위 집단에 속하는 것으로 나타남

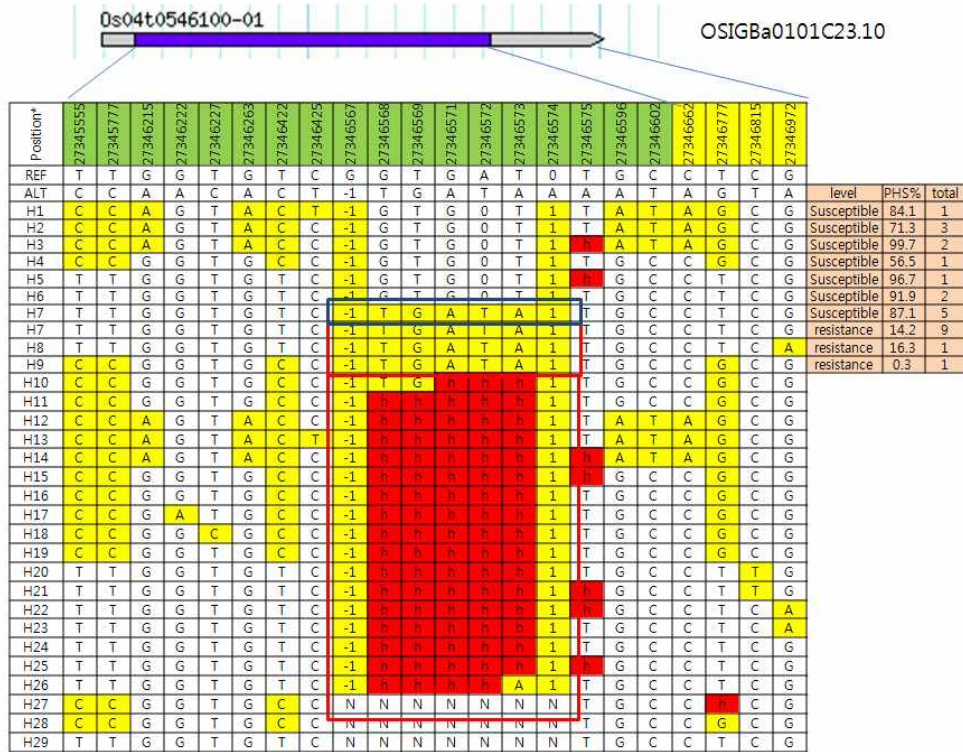


그림 50 295점(핵심집단과 국내육성 품종)의 OSIGBa0101C23.10 protein 유전자의 Haplotype 변이

- H7 그룹에서는 수발아에 대한 감수성 및 저항성을 토대로 두 그룹으로 세분하였으며 첫 번째 H7 그룹은 엑손에 돌연변이가 있음에도 불구하고 GMPK2 = PROTEIN kinase, OsERF1, OsREF94 및 Os04g0548100 돌연변이 그룹에 속했고 두 번째 H7 그룹에서 H9 그룹은 저항성 그룹을 나타냄
- 총 295점 중 단지 10점만이 이들 엑손 위치에서 돌연변이가 관찰되지 않아 수발아에 감수성을 나타냈고 이 heterozygous 대립 유전자를 보유하고 있는 272점은 다른 범위의 수발아 저항성을 보였음

(6) 4개의 유전자(GMPK2=PROTEIN kinase, OsERF1, OsERF94, Os04g0548100)와 OSIGBa0101C23.10의 상호작용

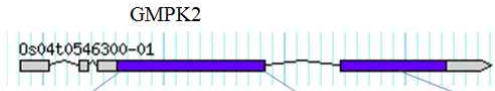
- GMPK2, OsERF1 및 OsERF94에서 두 개의 haplotype 그룹인 H1과 H2의 자원들은

Os04g0548100의 H2과 거의 동일한 것으로 나타남(그림 51). 각 유전자에서 H1 haplotype 그룹의 자원은 수발아 저항성을 보였으며 돌연변이가 없는 4가지 유전자의 마지막 haplotype 그룹에서 수발아 저항성 표현형으로 7점의 자원이 발굴됨

- 이러한 수용체는 OSIGBa0101C23.10 유전자의 엑손 영역상의 동종 접합성 돌연변이 대립 유전자 그룹 및 이형 접합 대립 유전자 그룹에 포함됨
- OSIGBa0101C23.10과 4개의 유전자 사이에는 상호 작용이 있을 수 있으며, 이는 OSIGBa0101C23.10과 수발아 저항성을 위한 이 4가지 유전자 사이의 불완전한 상위성이 관여할 수 있음

**(7) GMPK2=PROTEIN kinase, OsERF1, OsERF94 and Os04g0546100 (OSIGBa0101C23.10) in the wild rice gene pool**

- 야생벼의 수발아 관련 유전자의 SNP변이를 조사하기 위해 *O. rufipogon* 5점과 *O. nivara* 5점을 포함한 50점의 서열 데이터를 BGI 웹 사이트에서 다운로드하여 IRGSP 1의 Nipponbare의 참조 게놈과 일치시키고 SNP 콜링을 수행하여 이들 5개 유전자의 코딩 영역상의 SNP / InDels를 조사 하였음
- GMPK2 유전자 coding 영역에서, 많은 SNPs / InDels 위치가 특히 *O. rufipogon* 5wja 모두에서 발견되었으나(그림 51) 핵심집단 기능적으로 보이는 3bp 삽입의 대립 유전자는 BGI 자원에서 관찰되지 않았고 그 대신, *O. rufipogon* 한 점에서 같은 위치에 6 bp의 결실이 발견됨
- 본 연구의 일부 뉴클레오타이드 변화는 *rufipogon* 유전자 풀 또는 *nivara* 유전자 풀에서와 동일하게 나타남(그림 51, 52). 그림에서 야생 유전자 집합 풀에 다른 SNPs / InDel이 많았지만 핵심집단 137점에서 관찰된 SNPs / InDels 위치만 선택되어 야생벼와 비교하였음. 또한 OsERF1과 OsERF94의 코딩 영역에서는 *O. rufipogon*과 *O. nivara* 유전자 풀에 많은 SNPs / InDel이 존재함을 발견함(그림 53, 54)
- 그러나, OsERF1의 엑손에서 6bp 삽입의 대립 유전자는 BGI 가입에서 관찰되지 않았음 (그림 53). 한편, OSIGBa0101C23.10의 heteroduplex 대립 유전자는 50점의 자원 중 45종(그림 52, 55)에서 발견되었는데, 이 heteroduplex 영역은 조상부터 시작하여 heteroduplex 형성에 지금까지 저항 할 수 없다는 것을 나타냄



Position*	27354079	27354081	27354504	27354699	27354736	27354745	27355030	27355095	27355667	27356086	27356132	27356331	27356721
REF	T	G	A	A	CAGCAGCA	0	A	G	C	A	A	A	C
ALT	G	GT	G	G	-9	CAG	G	A	T	T	T	G	G
H1	G	1	G	A	0	3	G	A	C	A	T	A	G
H2	G	1	G	A	0	0	G	G	C	A	T	G	C
H3	T	0	A	A	-9	0	A	G	C	A	A	A	C
H4	T	0	A	A	0	0	A	G	T	A	A	A	C
H5	T	0	A	G	0	0	A	G	C	A	A	A	C
H6	T	0	A	A	0	0	A	G	C	T	A	A	C
H7	T	0	A	A	0	0	A	G	C	A	A	A	C
nivara/41	G	1	het	A	0	0	G	G	C	A	het	het	C
nivara/42	G	1	A	A	0	0	G	G	C	A	A	A	C
nivara/43	G	1	G	A	0	0	G	G	C	A	T	A	C
nivara/44	G	0	G	A	0	0	G	G	C	A	T	A	C
nivara/45	G	het	het	A	0	0	G	G	C	A	T	het	C
rufipogon/46	G	0	A	A	0	0	G	A	C	A	A	A	C
rufipogon/47	het	0	A	A	0	0	het	het	C	A	A	A	C
rufipogon/48	het	0	A	A	0	0	G	het	C	A	A	A	C
rufipogon/49	G	0	A	A	0	0	G	A	C	A	A	A	C
rufipogon/50	G	0	A	A	N	N	G	A	C	A	A	A	C

그림 51 137점의 핵심집단과 BGI 야생벼 10점(*O. rufipogon* and *O. nivara*)의 GMPK2 유전자의 haplotype 변이

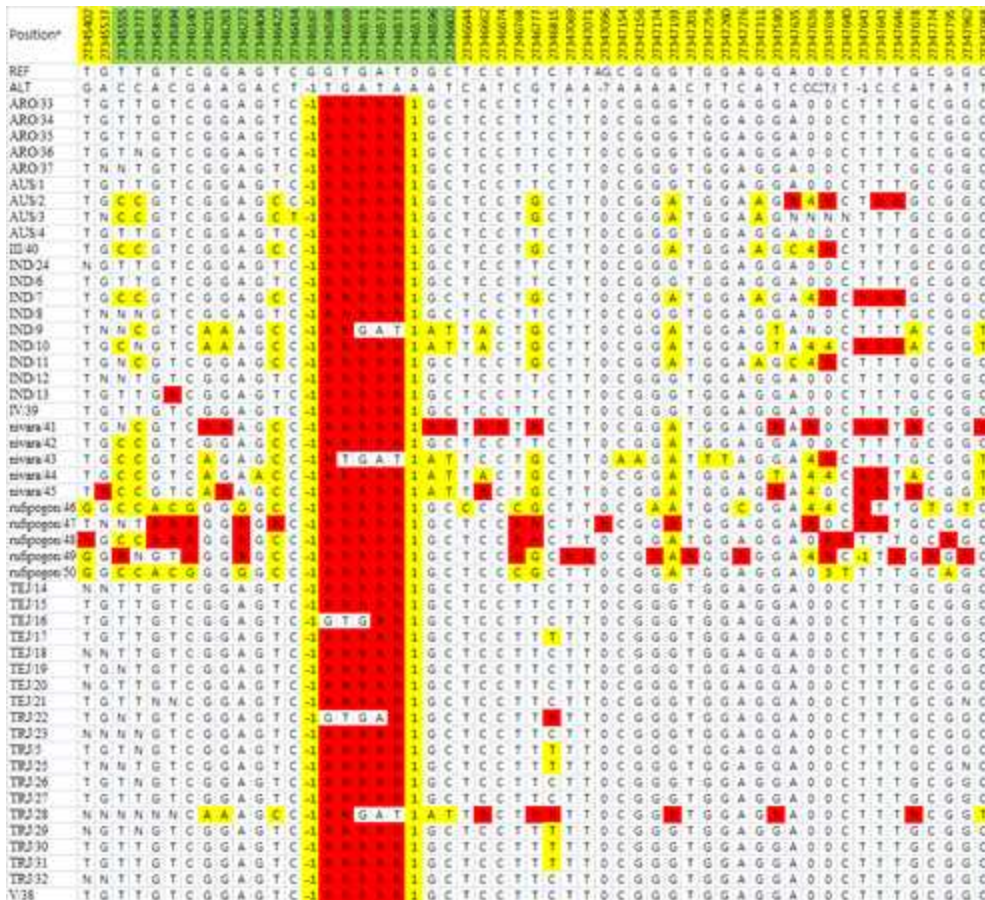


그림 52 BGI 50점의 Os4g0546100 (OsIGBa0101C23.10) 유전자의 haplotype 변이



OsERF1  
Os04t0546800-01

position*	27371331	27371529	27372517	27372538	27372547	27372683	27372773	27372837
	1529	1327	339	318	309	175	83	19
REF.	0	G	G	C	G	0	C	A
ALT.	A	C	C	T	C	GGCGGC	T	T
H1	0	C	G	C	G	6	T	A
H2	0	C	G	C	G	0	T	A
H3	0	G	C	T	C	0	C	A
H4	1	G	G	C	G	0	C	A
H5	0	G	G	C	G	0	C	T
H6	0	G	G	C	G	0	C	A
nivara/41	het	het	C	het	het	0	T	A
nivara/42	0	G	het	het	het	0	T	A
nivara/43	0	C	G	C	G	0	T	A
nivara/44	0	C	G	C	het	0	T	A
nivara/45	0	het	G	C	G	0	T	A
rufipogon/46	0	het	het	het	het	0	T	A
rufipogon/47	0	G	G	het	het	0	het	A
rufipogon/48	0	G	G	C	G	0	T	A
rufipogon/49	0	G	het	het	C	0	T	A
rufipogon/50	0	C	G	C	G	0	T	A

\*IRGSP 1

그림 53 137점의 핵심집단과 BGI 야생벼 10점(*O. rufipogon* and *O. nivara*)의 OsERF1 유전자의 haplotype 변이

OsERF94  
Os04t0547600-01

Position*	27409430	27409520	27409731	27409771	27410248	27410259
	445	535	746	786	1263	1274
REF	G	G	G	C	G	0
ALT	C	A	A	A	A	T
H1	C	A	A	C	A	0
H2	C	A	A	A	G	1
H3	G	G	G	C	G	0
nivara/41	G	het	het	N	het	0
nivara/42	C	A	A	N	A	0
nivara/43	C	A	A	C	G	0
nivara/44	C	A	A	C	G	0
nivara/45	C	A	A	het	G	het
rufipogon/46	C	G	G	C	het	0
rufipogon/47	N	G	G	N	het	0
rufipogon/48	het	N	G	C	G	het
rufipogon/49	C	G	G	C	A	0
rufipogon/50	N	G	G	C	A	0

그림 54 137점의 핵심집단과 BGI 야생벼 10점(*O. rufipogon* and *O. nivara*)의 OsERF94 유전자 haplotype 변이

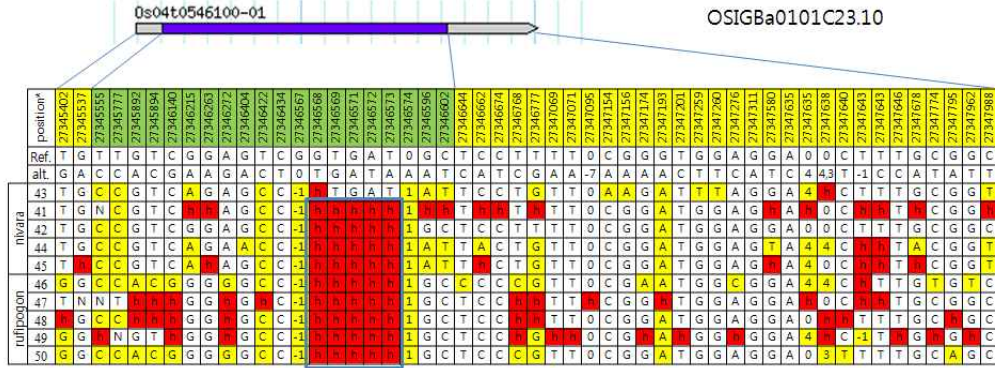


그림 55 137점의 핵심집단과 BGI 야생벼 10점(*O. rufipogon* and *O. nivara*)의 OSIGBa0101C23.10 protein 유전자의 haplotype 변이

### 3. 침수저항성

#### 가. 침수저항성 벼 자원 스크리닝 연구결과

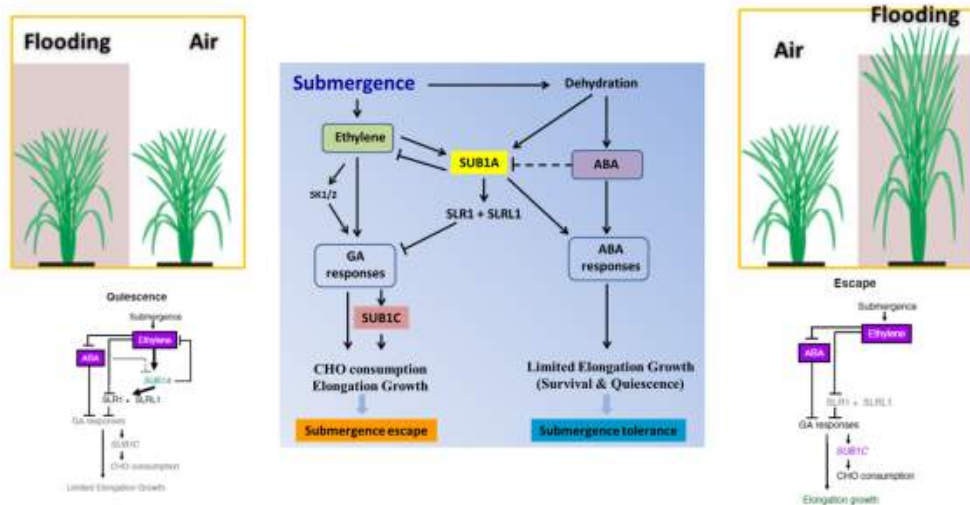


그림 56 침수저항성성 기작 및 생리적 경로

- 침수성에 관계된 특성은 휴지기, 신장, 민감성이 있음. 신장형은 대부분 자포니카에서 발견됨, 휴지기형은 모든 생태형에 존재. 인디카, Aus 생태형은 침수성에 Sub1A 유전자가 연관되어 있으나, 자포니카 신장형과 휴지기의 경우 Sub1 유전자들은 연관되어 있지 않아 침수저항성 관련 추가적인 유전자 동정이 필요함

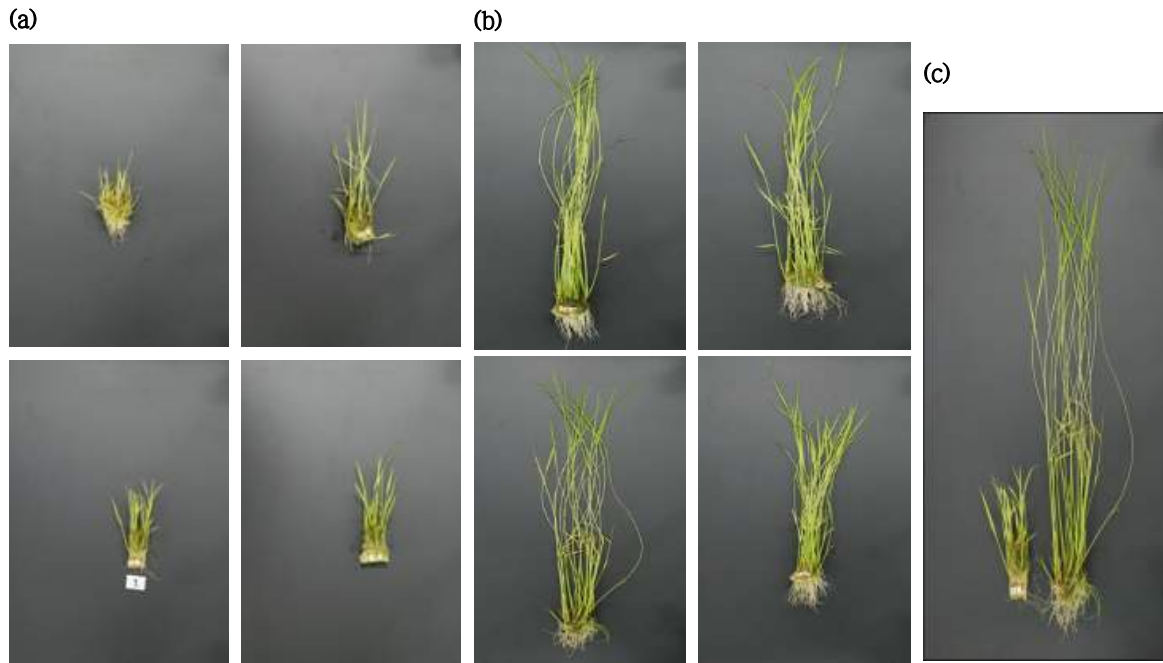


그림 57 (a) 최소신장(Quiescence) 그룹, (b) 최대신장(Elongation) 그룹, (c)최소신장 및 최대신장 (Quiescence VS Elongation) 그룹

표 20 침수성 관련 선발자원

Group	Variety Name	Ecotype	Longest Shoot Length(2W) (cm)	Root Length (cm)	No. of Root (ea)	No. of Leaf (ea)
Quiescence	HATADANI	Indica	0.62	0.61	0.60	0.61
	IR38	Indica	0.97	0.85	0.79	0.82
	CHIEM CHANK	Indica	1.09	1.09	1.09	1.09
	YUNG YUEN	Indica	1.13	1.08	1.05	1.07
	CHUEN ZIM					
	TCHAMPA	Aus	1.15	1.04	0.98	1.01
	RATHAL	Admixture	1.24	0.98	0.85	0.91
	오각(烏殼)	Indica	1.62	1.44	1.35	1.39
Elongation	소백망수도	Temperate japonica	13.86	7.93	4.97	6.45
	Debzera	Temperate japonica	11.11	6.89	4.78	5.83
	단양-38	Temperate japonica	10.30	6.27	4.26	5.26
	제주도 수집	Temperate japonica	10.14	6.39	4.51	5.45
	대구-담티-6-2	Temperate japonica	10.14	6.22	4.25	5.23
	화성-5	Temperate japonica	10.11	6.15	4.16	5.16
	BRITISH HONDURAS CREALLE	Tropical japonica	10.03	5.72	3.56	4.64
	BIKOM	Admixture	9.64	5.73	3.77	4.75
	쌀벼16	Temperate japonica	9.54	5.75	3.85	4.80
	고령-6	Temperate japonica	9.28	5.75	3.99	4.87



- 최소신장 그룹에서는 인디카 생태형인 HATADANI, IR38, CHIEM CHANK, YUNG YUEN CHUEN ZIM, 오각(烏殼), Aus 생태형인 TCHAMPA, admixture로 보이는 RATHAL이 선발되었으며, 최대신장 그룹에서는 자포니카형인 소백망수도(小白芒水稻), Debzera, 단양-38, 제주도 수집, 대구-담타-6-2, 화성-5, 열대자포니카형인 BRITISH HONDURAS CREALE, BIKOM, 쌀벼16, 고령-6이 선발되었으며, 총 17개체의 침수저항성 자원을 선발하였음

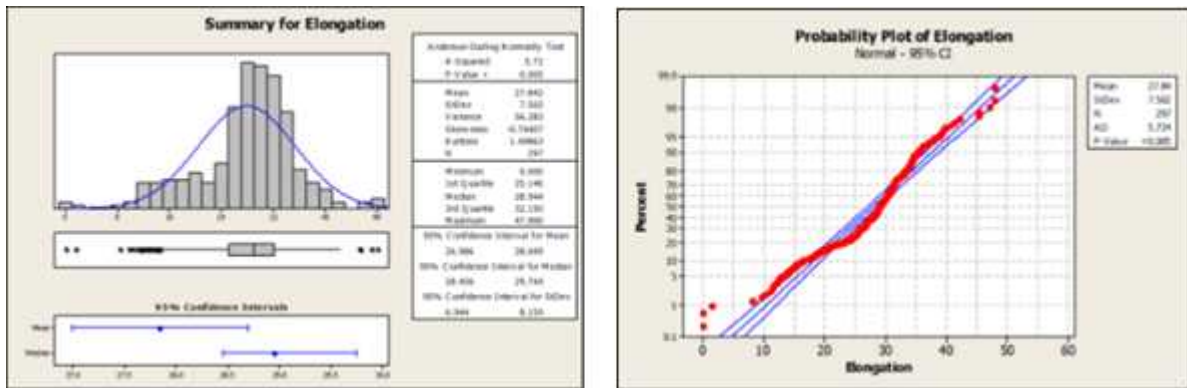


그림 58 혐기성 발아 2주후 긴 새싹길이의 분포

- 모든 표현형 분포 자료가 표현형 그룹(탈출(신장)의 증거와 일치한다. 중간 과 짧은 (민감성) 휴지기 중간과 짧은 그룹의 SUB1A는 예상되었다. 모든 표현형 자료에서 값, 중앙값, 표준오차가 95% 신뢰 간격이 관찰됨

표 19 어린싹길이, 뿌리길이, 잎의 수, 뿌리의 수 표현형 사이의 관계

	Shoot Length	Root Length	No. of Root
Root Length	0.993**	-	
No. of Root	0.958**	0.985**	-
No. of Leaf	0.983**	0.998**	0.994**

\*\* . Correlation is significant at the 0.01 level (2-tailed).

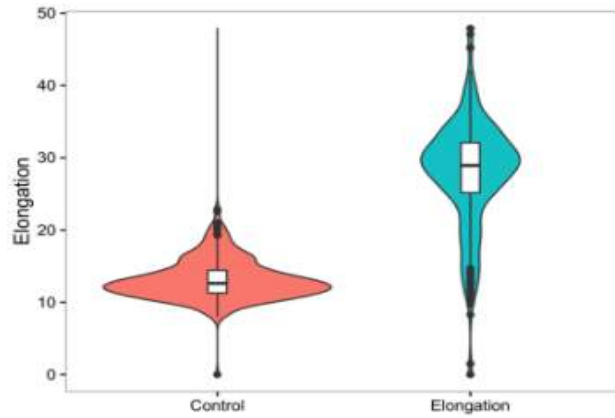


그림 59 신장의 바이올린 플롯 (개수, 평균간 비교)

- 신장 표현형과 침수와 조절 사이의 바이올린 플롯 비교 이 표는 박스 플롯과 밀도 플롯의 조합이다 각 측면은 회전되어 자리한 자료의 분포 모양을 보여줌. 사분범위의 중심을 대표하는 두꺼운 검은 막대, 길어진 얇고 검은 선은 95%신뢰 간격의 대표이고, 하얀 점은 중위값임

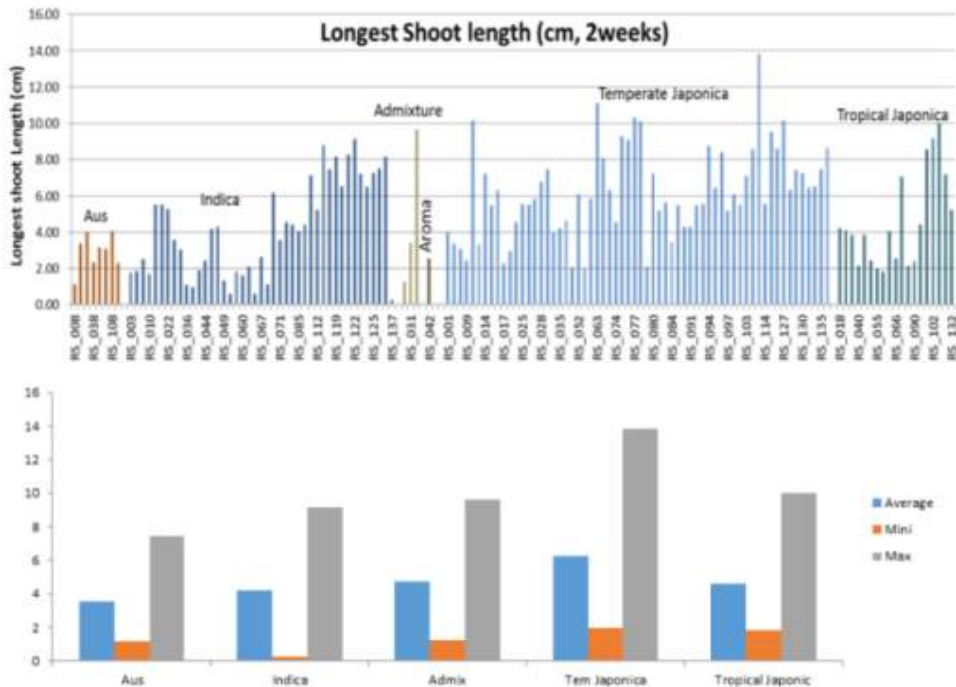


그림 60 벼 생태형 별 긴 새싹 길이(신장) 비교

- 우리가 자연형의 신장의 의미값을 비교할 때, 온대 자포니카와 인디카에서 가장 큰 신장을 찾았고, 신장이 열대 자포니카 와 AUS 형이 비교적 같은 결과를 나타냄. 그리고 최소 신장은 인디카형에서 관찰됨

- 현 집단에서 최소신장(Quiescence), 최대신장(elongation), 민감성(susceptible)이 관찰됨. 최소신장의 특징은 긴 침수기간에 있어 좋은 특성임. 왜냐하면 침수기간 이후 빠른 회복이 가능함. 이러한 특징은 Sub1 A의 유전자에 의한 것으로 밝혀짐. Sub1A 유전자는 인디카 생태형에서만 나타나는 유전자임

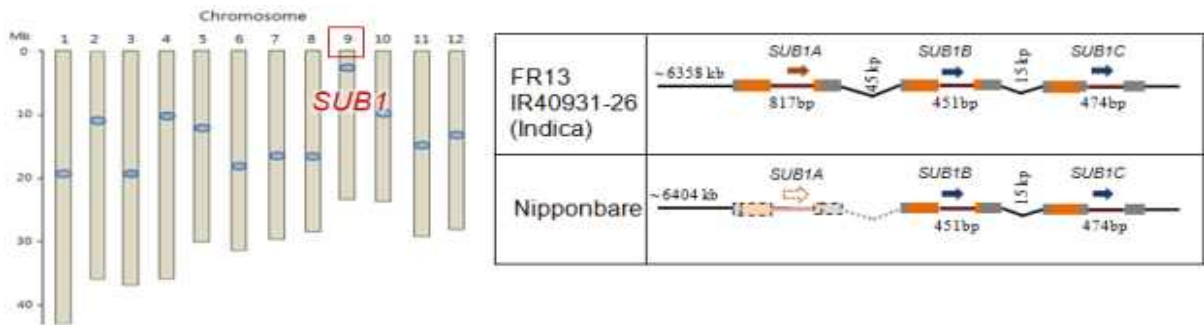


그림 61 인디카 생태형에만 특이적으로 존재하는 Sub1A 유전자 및 Sbu1 유전자 좌 구조

- 신장 그룹은 혐기성인 벼의 직파재배를 위한 벼 품종 개발을 위해 중요함. 본 연구결과를 통해 직파재배법의 개발 및 개선과 더 나은 혐기성 발아 능력 침수저항성 특징과 발아 신장 확립에 기여하고 다가갈 수 있을 것임

#### 4. 유용유전자 발굴을 위한 항산화물질 함량 조사

가. 폴리페놀 및 항산화물질 함량에 대한 GWAS 분석

- 유전체재분석 결과를 이용하여 폴리페놀 및 항산화물질 함량에 대한 GWAS 분석을 수행한 결과 5개 이상의 페놀 관련 형질에 관여한 3개의 유전자위와, 두 개 이상의 FP (Free Phenol) 형질에 관여하는 두개의 유전자위를 발견하였음. 본 연구에서 발견된 페놀산 유전자는 새로운 유전자로 추정됨 (논문발표, 그림 26)

나. 유용 유전자 발견을 위한 밥맛과 관련된 표현형 조사

- 전장유전체연관분석을 수행한 결과 총 29개의 밥맛과 연관된 유전자를 발견함. 특히, 9번 염색체에 존재하는 2개의 양적형질유전자좌(QTL)는 전분 반죽의 점성 특성에 관계된 isoamylase 3 유전자와 연관되어 있는 것이 보였음. 또한 1번 염색체에 존재하는 1개의 QTL은 starch synthase IV-1 유전자와 일관성 있게 연관된 것으로 나타났으며, 7번 염색체에 존재하는 QTL은 붕괴점도와 노화점도와 관계되어 있었음 (논문발표, 그림 26)

다. 유용 유전자 발견을 위한 국내 자생 잡초성 벼 및 재래종의 유전분석 및 기원 분석

- 한반도 기후 변화에 따른 국내 재배종의 생산량이 급감할 경우 기후변화에 대응한 신속한 신품종 육성이 필요한데 이를 해외에서 도입할 경우 나고야 의정서 발효에 따라 막대한 외화를 지불해야 함. 기후변화 대응 자원설발을 위해 국내 자생 잡초성 벼 및 재래종의 유전분석을 실시함(논문 발표, 그림 26)

## 5. 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축

가. 향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 벼 품종 육성을 위한 중간모본 개발 및 산업 소재화 (특허 출원 1건)

(1) 수발아 및 침수저항성 중간모본 및 품종 육성

○ 수발아 및 침수저항성 특성조사를 기반으로 43개 교배조합을 작성하고 인공교배를 실시하고 대표적인 F<sub>1</sub>은 여교배를 실시함

표 20 수발아 및 침수성 형질별 교배조합 작성리스트

No.	Cross Combination (♀ / ♂)	Trait	Female trait	Male trait	Flowering time	
1	신동진/DULAR	수발아(향미)	S <sup>*</sup> (88.01%)	R <sup>*</sup> (0%)	08월 07일	07월 26일
2	신동진/YUPUL	수발아	S (88.01%)	R (17.76%)	08월 07일	08월 19일
3	신동진/청청벼	수발아	S (88.01%)	R (0%)	08월 07일	08월 07일
4	신동진/남풍벼	수발아	S (88.01%)	R (0%)	08월 07일	08월 05일
5	고품/DULAR	수발아(향미)	S (89.70%)	R (0%)	08월 07일	07월 26일
6	녹양/DULAR	수발아(향미)	S (88.67%)	R (0%)	08월 12일	07월 26일
7	녹양/YUPUL	수발아	S (88.67%)	R (17.76%)	08월 12일	08월 19일
8	녹양/남평벼	수발아	S (88.67%)	R (2.25%)	08월 12일	08월 14일
9	신동진/농안벼	수발아	S (88.01%)	R (0%)	08월 07일	08월 09일
10	신동진/한아름	수발아	S (88.01%)	R (0%)	08월 07일	08월 10일
11	신동진/주남벼	수발아	S (88.01%)	R (30.09%)	08월 07일	08월 11일
12	신동진/남평벼	수발아	S (88.01%)	R (2.25%)	08월 07일	08월 04일
13	고품/남평벼	수발아	S (89.70%)	R (2.25%)	08월 13일	08월 14일
14	몽돈재래/DULAR	수발아(향미)	S (98.30%)	R (0%)	08월 01일	07월 26일
15	몽돈재래/농안벼	수발아(향미)	S (98.30%)	R (0%)	08월 01일	08월 09일
16	단양-7/DULAR	수발아(향미)	S (98.75%)	R (0%)	08월 05일	07월 26일
17	단양-7/농안벼	수발아	S (98.75%)	R (0%)	08월 05일	08월 09일
18	화영벼/농안벼	수발아	S (100%)	R (0%)	08월 02일	08월 09일
36	화영벼/한아름	수발아	S (100%)	R (0%)	08월 02일	08월 10일
37	화영벼/DULAR	수발아(향미)	S (100%)	R (0%)	08월 02일	07월 26일
38	농안벼/수원255호	침수성	S	R (1.78cm)	08월 09일	08월 01일
39	농안벼/사두초	침수성	S	R (5.53cm)	08월 09일	07월 31일

40	농안벼/영풍벼	침수성	S	R (4.43cm)	08월 09일	07월 30일
41	주남벼/무안도	침수성	S	R (5.45cm)	08월 11일	08월 10일
42	주남벼/영풍벼	침수성	S	R (4.43cm)	08월 11일	07월 30일
43	신동진벼/수원255호	침수성	S	R (1.78cm)	08월 07일	08월 01일

\*R : Resistance, S : Susceptibility



그림 62 품종 육성을 위한 인공교배

표 23 수발아 및 침수저항성 품종육성을 위한 주요 여교배

No.	Cross Combination (♀ / ♂)	Trait
1	신동진//신동진/주남벼	수발아
2	주남벼/MAGNOLIA//주남벼	수발아
3	신동진/수원255호//신동진	침수성
4	신동진/MAGNOLIA//신동진	침수성
5	신동진/ZILANICA//신동진	침수성
6	녹양벼//녹양벼/Dular	수발아
7	녹양벼//녹양벼/Dular///녹양벼	수발아
8	고품벼//고품벼/남평벼	수발아



그림 63 수발아 및 침수저항성 교배 모본 및 F<sub>1</sub>

(2) 개발대상 벼 육성소재에 대한 재배안정성 평가 및 보급종 생산

○ 현재 개발대상 벼 고세대 계통에 대해 농업적 특성조사 및 재배안정성 평가 수행함

표 22 개발대상 벼 육성소재의 기본농업형질 조사

계통명	출수기	간장(cm)	농업적 특성
KNUR-SP-001	8/14	93	도복강
KNUR-SP-002	8/11	71	장립/ 도복강
KNUR-SP-003	8/14	75	도복강
KNUR-SP-004	8/15	65	내병강 도복강
KNUR-SP-005	7/30	82	wx 적미 유망
KNUR-SP-006	8/18	82	wx 도복강 직립초형





KNUR-SP-001



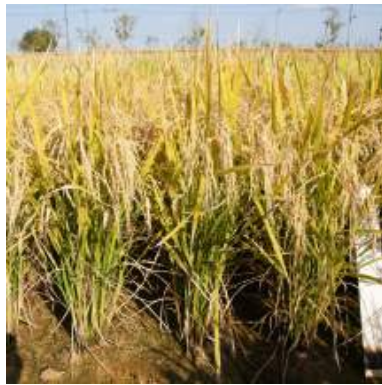
KNUR-SP-002



KNUR-SP-003



KNUR-SP-004



KNUR-SP-005



KNUR-SP-006

그림 64 개발대상 벼 육성소재의 고세대 계통 사진

○ 육성 품종 “진상2호”의 육성과정

- 양질 및 재배안전성이 우수한 중간찰 품종 육성을 위해 내도복 다수성 특성을 갖는 주남벼를 교배모본으로 선정하고, 중간찰 특성을 도입하기 위해 육성 중인 동진찰벼와 밀키퀸 교배 후대에서 중간찰 및 우수한 재배특성을 갖는 F3 계통(DM3-8-72-9)을 교배모본으로 선정하였음
- 본 품종은 도입 양식미인 고시히까리 등과는 달리 단간 초형이면서 아밀로스 함량이 낮고 단백질 함량이 낮으며, 알칼리붕괴도가 높고 토요식미값이 높으며 식미특성이 월등히 우수하여 소비자 기호에 부응하는 고품질 벼 신품종인 것으로 평가되었으며, 후대에 걸쳐 우수한 유전적 형질이 균일하고 안정적으로 유지되어 벼 재배농가의 소득증대에 크게 기여할 것으로 기대됨

표 25 진상2호와 대조품중(화영)의 기본농업형질

구분	년도	출수기	간장(cm)	수장(cm)	포기당 이삭수	이삭당 벼알수	현미 천립중(g)
화영	2015	8/13	77.3±2.3	20.1±1.1	14.5±2.1	99.4±5.5	21.2±0.1
	2016	8/11	77.8±2.1	19.5±0.9	14.1±1.5	97.3±3.4	21.4±0.10
	평균		77.6	19.8	14.3	98.4	21.3
	변이계수 (%)		0.46	2.14	1.98	1.51	0.66
진상2호	2015	8/23	75.8±1.5	19.7±0.9	14.8±1.2	107.5±4.8	19.9±0.1
	2016	8/21	76.6±1.7	20.1±0.6	14.4±1.8	105.5±3.8	20.1±0.2
	평균		76.2	19.9	14.6	106.5	20.0
	변이계수 (%)		0.74	1.42	1.94	1.33	0.71

표 26 진상2호와 대조품중(화영)의 수량관련 농업형질

구분	정조				현미				정현비율 (%)	수량성 (kg/10a)
	길이 (mm)	폭 (mm)	두께 (mm)	장폭 비	길이 (mm)	폭 (mm)	두께 (mm)	장폭 비		
화영	7.23	3.24	2.24	2.24	5.01	2.90	2.02	1.73	77.3	516
진상2호	7.10	3.15	2.15	2.26	4.88	2.81	1.94	1.74	77.1	536

표 27 진상2호와 대조품중(화영)의 미질특성

구분	투명도 (1-9)	심/복백 (0-9)	아밀로스함 량(현미, %)	단백질함량 (현미, %)	단백질함량 (백미, %)	토요식미값
화영	1	0/1	18.2	7.5	6.4	61
진상2호	4	0/1	12.2	6.8	5.9	86



그림 65 진상2호(우)와 대조품종(화영,좌)의 정조와 현미 사진 및 시험포장 재배 사진

- 현재 개발대상 벼 고세대 계통에 대한 재배희망농민 및 업체관계자와의 사업화를 위한 구체적인 협의를 진행



그림 66 개발대상 벼 육성소재의 사업화를 위한 재배희망농민 시험포장 방문

나. 새로운 지역브랜드 쌀 상품 시제품 생산 및 대량양산 체계 구축

(1) “진상벼” 사업화

(가) 사업화 현황

- 2016~2017년 5개 업체에서 6천 톤 이상을 생산하여 각각의 브랜드로 판매하고 있으며 진상벼 제품 판매액은 약 121.5억 원임



그림 67 판매중인 진상벼 제품



표 28 “진상벼” 사업화실적 현황

기술실시 계약 업체명	제품명	2016년 판매량 (톤)	2017년 판매량 (톤)	2016~2017년 판매액(백만원)
면천농협미곡종합처리장	진상미	300	300	630
(주)경성미가	싱싱미, 갯 짚은 쌀	500	500	1,830
수라청연합농협RPC	수라청 진상미	1,500	1,800	5,988
팔탄농협	윤기고슬 찰기소슬	500	500	1,969
여주시마을정미소	자채쌀	350	500	1,735
합 계		3,150	3,600	12,152

(나) “진상벼” 전용실시 계약 체결

- 2017년 12월 경기도 여주시와 지역특화품종으로 전용실시 계약 체결



그림 68 진상벼 전용실시 계약 체결 홍보

(다) “진상벼” 홍보를 위한 ‘제 15차 세계 한상대회’ 참가

- 수라청 연합농협 미곡처리장에서 사업화 중인 ‘수라청진상미’의 제품 홍보를 위해 제15차 세계한상대회에 참가하여 시식행사 및 홍보 진행
- 해외 수출 추진을 위해 해외 바이어와 미팅을 진행 했으며 미국, 홍콩, 태국등의 바이어와 수출 협의진행중



그림 69 제15차 세계한상대회 시식행사 및 홍보

(2) “진상2호” 사업화

(가) 사업화 현황

○ 2017년 3개 업체에서 700톤 이상 생산하였으며 진상2호 제품 판매액은 약 14억원임

표 29 “진상2호” 사업화 실적 현황

구분	기술실시 계약 업체명	제품명	2017년 판매량(톤)	2017년 판매액(백만원)
1	(주)농업회사법인 금벌	사람한테 참 좋은쌀	50	100
2	면천농협	무농약 쌀	550	1,105
3	월드그린 영농조합법인	섬섬옥미	100	200
생산량 합계			700	1,405



그림 70 판매중인 진상2호 제품 사진

(3) “예농2호” 사업화

(가) 사업화 현황

○ 2017년 월드그린 영농조합법인과 기술실시 계약을 체결하여 사업화를 위한 종자생산을 하였으며 2018년 200톤 규모로 재배 예상

표 30 “예농2호” 사업화 실적 현황

구분	기술실시 계약 업체	2018년 예상 재배량(톤)
1	월드그린 영농조합법인	200



## 제4장 목표달성도 및 관련분야 기여도

		코드번호	D-06
<b>제1절 목표달성도</b>			
구분	연구개발의 목표	연구개발의 내용	달성도 (%)
1차년도	○ 수발아/침수 저항성 벼 자원 스크리닝	<ul style="list-style-type: none"> <li>수발아/침수 저항성 자원 스크리닝 표준기술 정립</li> <li>인дика 자원 포함 벼 유전자원의 수발아 및 침수 저항성 평가 및 우수 자원 선발</li> <li>대상 유전자원에 대한 수발아/침수 저항성 평가 후 결과를 DB화</li> <li>수발아/침수 저항성 자원 농업형질 평가</li> </ul>	100
	○ 수발아/침수 저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS 기반 구축	<ul style="list-style-type: none"> <li>수발아 및 침수 저항성 유전자원 활용도 제고를 위한 유전체 재분석 (100점)</li> <li>3개의 다른 reference에 대해 Assembly를 추진</li> <li>각 표준유전체를 기반으로 유전 변이 (SNP 및 InDel) 동정 및 DB화</li> </ul>	100
2차년도	○ GWAS기반 관련 유전자 확보 및 관련 유용 전자 및 분자 표지 마커 대량 발굴	<ul style="list-style-type: none"> <li>수발아/침수 저항성 관련 GWAS분석</li> <li>GWAS 분석을 통한 수발아/침수 저항성 후보유전자 발굴</li> <li>후보 유전자의 haplotyping에 의한 유용 functional polymorphism (FNP) 동정 및 분자표지 마커 개발</li> <li>관련 정보의 지식 재산권화</li> </ul>	100
	○ 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축	<ul style="list-style-type: none"> <li>향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 벼 품종 육성을 위한 중간모본 개발 (1년, 2년차 계속 실시) 및 산업 소재화</li> <li>개발대상 벼 육성소재에 대한 재배안정성 평가 및 보급종 생산</li> <li>새로운 지역브랜드 쌀 상품 시제품 생산 및 대량양산 체계 구축</li> </ul>	100

## 제2절 관련분야 기여도

### 가. 수발아/침수 저항성 벼 자원 스크리닝

- 수발아/침수 저항성 자원 스크리닝 표준기술을 정립하였으며 스크리닝 표준기술을 이용하여 인디카 자원 포함 418점 수발아 저항성 검정, 147점 침수저항성 검정을 실시하였으며 대상자원에 대한 평가 결과를 DB화 함. 선발된 수발아/침수 저항성 자원들은 농업형질 평가를 하였으며 선발된 자원과 정보는 품종육성 및 유전연구에 기여함

### 나. 수발아/침수 저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS 기반 구축

- 수발아 및 침수 저항성 유전자원 활용도 제고를 위하여 대상 자원을 유전체 재분석하였으며 3개의 다른 reference에 대해 Assembly를 추진 각 표준유전체를 기반으로 유전 변이 (SNP 및 InDel) 동정 및 DB화를 실시함
- 유전체 재분석 정보는 자체 서버를 구축하여 관리하고 있으며 유전체정보 등 빅데이터 처리 기술은 세계 최고 수준이며 대상자원의 유전체 재분석 정보는 국내 연구진에게 기술이전을 실시하고 있음

### 다. GWAS기반 관련 유전자 확보 및 관련 유용 전자 및 분자표지 마커 대량 발굴

- 수발아/침수 저항성 관련 GWAS분석을 통한 수발아/침수 저항성 후보유전자 발굴함. 후보 유전자의 haplotyping에 의한 유용 functional polymorphism (FNP) 동정 및 분자표지 마커 개발하였으며 관련 정보의 지식 재산권화를 추진 중임
- GWAS 분석 등 생물정보학적 기법과 통계학적인 기법을 활용한 식물 유전연구는 세계 최고 수준이며 본 연구를 통해 동정된 FNP 정보와 분자표지 마커는 수발아/침수 저항성 품종 육성에 적극 활용할 수 있음

### 라. 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축

- 향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 벼 품종 육성을 위한 중간모본 개발하고 이를 산업화 함. 개발대상 벼 육성소재에 대한 재배안정성 평가를 실시하고 보급종을 생산. 새로운 지역브랜드 쌀 상품 시제품 생산 및 대량양산 체계 구축함. 민간주도의 벼 품종 생산과 대량 양산, 성공적인 상품화는 우리나라 쌀산업의 경쟁력을 제고하였음
- 분자표지 마커를 활용한 품종 육성은 세계 최고수준이면 분자표지 마커를 활용한 향미 품종 판별은 특허를 출원하였음

# 제5장 연구결과의 활용계획

## 제1절 실용화/산업화 계획

- 본 연구과제의 성과와 기 수행된 농림수산물기술평가원 농생명산업기술개발사업 (110136-5) 지역연계브랜드과제의 연계 성과로 진상미, 진상2호를 산업화 하였으며 예농 2호에 대해서는 효율적인 산업화를 위해 (주)시드피아에 품종보호권을 유상으로 양도함



- (주)시드피아는 월드그린 영농조합법인에 예농2호에 대한 전용실시권 계약을 체결하였으며 2018년부터 제품 생산 예정임
- 국내 유통되는 1,500여개의 쌀 브랜드 중에서 경쟁력을 확보하기 위해 진상벼, 진상2호의 최고식미 강조, 예농2호의 기능성을 강조하고 생산지의 특성을 잘 나타내는 브랜드네이밍 개발 예정임
- 현재 홍콩의 백화점 입점 등을 논의하고 있으며 해외 바이어들과의 지속적인 미팅을 추진하여 적극적인 해외시장 개척을 추진하고자 함
- 본 과제를 통해 발굴한 수밭아/침수 저항성 벼 유전자원의 유지를 위해 국립종자은행에 기탁하여 보관하고 저온저장고 자체보존 및 연구활용을 위해 자체 증식 예정이며 교배모본으로 활용하여 품종개발을 실시하고자 함

## 제2절 교육, 지도, 홍보 등 기술확산 계획

- 기술확산을 위해 대농민 교육, 재배기술 지도, 박람회 및 매체를 통한 홍보를 실시
- 본 연구과제를 통해 육성된 품종의 보급을 위하여 농민, 생산자단체, 지자체들과의 원종 포장 견학 및 재배기술 교육을 실시하였으며, 이를 토대로 화성시, 수라청연합농협RPC, 면천농협, 팔탄농협, 월드그린 농업회사법인, (주)농업회사법인 금별, (주)경성미가, 여주시마

을정미소 등과 생산 계약을 체결한 바 있음

- 진상미는 2017년 여주시와 전용실시권 계약을 체결하였으며 8개 일간지 등을 통해 홍보를 실시함. 또한 진상미는 ‘2017년 대한민국우수품종상’ 농림축산식품부장관상을 수상하였으며 이 내용은 16개 일간지 및 방송을 통해 홍보를 실시함
- 진상벼, 진상2호, 예농2호 등을 사업화 하고 있는 (주)시드피아 조유현 대표는 우수한 품종보급으로 농가소득에 기여한 점을 인정받아 2018년 1월 ‘농업보국’의 뜻을 계승해 혁신과 창조적인 연구로 농업발전에 기여한 농업인과 학자에게 주어지는 “제4회 한광호 농업상 시상식”에서 첨단농업인상을 수상하였음. 이 소식은 8개 일간지 등을 통해 소개됨



그림 71 개발대상 벼 육성소재의 사업화를 위한 재배희망농민 시험포장 방문



그림 72 농민단체를 대상으로 하는 재배기술 교육

**국립종자원, '2017년 대한민국우수품종상' 대회 수상품종 8점 선정·시상**

기사일: 2017.12.14:27

국립종자원은 '2017년 대한민국우수품종상' 대회를 통해 선정된 8개 수상품종에 대해, 오는 14일 디케이호텔(서울 양재동)에서 김충준 농업혁신식품부 차관보와 종자산업 관계자가 참석한 가운데 시상식을 개최한다고 밝혔다.

금년도에는 총 80품종이 출품되어 서류심사, 현지심사, 종합심사의 일정하고 공정한 3단계 심사를 거쳐 최종 8개 품종이 선정되었다.

서류심사(1차)를 통과한 출품품종을 분야별(5개) 심사위원이 재배현장을 직접 방문하여 현지심사(2차)함으로써 품종 실용성을 살펴볼 기회가었고, 이 과정을 종합심사(3차)에서 종합적으로 판단했다고 전했다.

금년도 선정된 대용량상은 벼주 '청남' 동충을 유성형 우리종로 김하규 대표가 수상하게 되었다. '청남'은 밀동(재충) 재배용으로 성숙(수확)기가 늦어 유통 수 수확이 시의적절하도록 할 수 있는 품종이다.

물밀레주는 전남 해남 무안·산안군 등의 해안지역에서 주로 재배되고 있는데 '청남' 벼주는 밀동벼주 종자시장의 40~50%를 점유하고 있다.

국무총리상 수상품종으로는 국립식량과학원 바이오에너지자원연구소의 고유미 '종원미'와 국립원예특작과학원 사과연구소의 사과 '별미' 품종이 선정되었다.

'종원미' 고유미는 상숙(수확)이 빠른 다수확 품종으로 맛이 좋은 기능성 오탁고유미이다. 기존 '별미'보다 생산성이 26~46% 정도 높고 논에 살면으로서 '별미'에는 없는 베타카로틴을 함유하고 있다.

'별미장' 사과는 7월 중하순에 수확이 가능한 상태로 상숙(수확)이 빨라서 여름철 유통되는 곳사와 '쓰기루'를 대체할 수 있는 품종이다. 사과농업인 '쓰기루'보다 과일이 많고 식감이 좋다.

농림축산식품부장관상에는 서드피피 씨의 '진상' 유니클렐의 딸레농시스 '유니클렐', 국립식량과학원 남부작물부파의 '세일미', 경상북도농업기술원 상주농과과채류연구소의 딸기 '핀다', 농우바이오의 유 'RCH1188' 품종이 선정되었다.

'진상' 벼는 엽병과 접합의 증진 정도를 갖는 부드러운 식감의 품종이다.

'유니클렐' 딸레농시스는 색상이 밝고 화려하며 식용색이 밝아도 신 모양으로 출몰하게 할 수 있어 재배관리가 용이한 품종이다. 인종 출하에도 불구하고 평균 이상 광과기(輻射)를 유지하는 고소득 품종이다.

'세일미' 벼는 국내 벼 최초로 분자표지(DNA 기술)를 활용하여 육종기간을 단축한(12~7년) 품종으로 재배면적이 확대되고 있는 품종이다.

'핀다' 딸기는 겨울철 하우스 재배용으로 조기(早熟) 수확 가능하고 단맛과 신맛의 적절한 조화로 식감이 우수하고 과실이 크고(3.4g) 단단한 다수확 품종이다.

'RCH1188' 푸는 금년도 신선품 '수출품종상'(장관상) 부문 수상품종이다. 푸 모양이 원통형이고 푸 전체 색이 백색인 우수한 과실을 나타내는 품종으로 13년 싹 싹 수출이후 매년 30만 이상의 수출실적을 올린 품종이다.

국립종자원은 "앞으로도 '대한민국우수품종상' 대회가 특종가의 우수 신품종개발 의욕 고취 및 종자산업의 중요성에 대한 국민적 공감대 확산에 기여할 수 있도록 임종하고 공정한 대회 운영 및 출품품종 심사에 만전을 기해나갈 계획"이라고 전했다.

[미션희 기자 sun@sundog.kr]

<저작권자(주)뉴스브라이프 & www.newsbrifite.net 무단전재-재배포금지.>

2018. 1. 30

중앙신문

**중앙신문**

**여주 '진상벼' 전용실시권 계약 체결**

최은희 기자 | 2017.12.26 18:28



여주시에서는 지난 21일 (주)시드코리아와 '진상벼' 전용실시권 실행 계약을 체결하고 '진상벼'를 여주만의 대표품종으로 육성한다고 밝혔다.

'진상벼'는 2011년 (주)시드코리아에서 품종육종을 한 품종으로, 여주시에서는 2015년부터 황남진상미 단지 180ha를 조성해 '청남' 김금남계 진상벼만 재배할이라는 비전을 내걸고 서울 신세계백화점 등 5개 백화점 및 지역 내 골프장 등에 고급쌀로 유통을 해 소비자로부터 좋은 반응을 얻고 있다.

이에 여주시는 향후 여주의 대표쌀로 육성하기 위해 지역 내 농업인 및 8개 농업 조합, 통합PCC채 등 3회 이상의 간담회를 거친 후 (주)시드코리아와 '진상벼'의 전용실시권계약을 체결하게 됐다.

여주시 관계자는 "진상벼는 여주시에서 5년 동안 재배를 해오며 소비자들의 많은 사랑을 받아왔고 또한 한해의 벼농사 주산지인 여주와 재배특성이 매우 잘 맞는 우수한 품종으로 향후 여주만의 대표품종으로 육성을 하여 여주 농업인들의 소득증대에 크게 기여하도록 노력하겠다"고 말했다.

김각수 여주시농업기술센터 소장은 "현재 재배되고 있는 추경벼는 전국 어디서나 재배되고 있어 차별성이 없는데 여수에 적합한 '진상벼'는 법적으로 여주시 농업인만 재배 할 수 있어 여주쌀 경쟁력제고와 농업소득 증대에 크게 기여할 수 있게 되어 매우 기쁘다"고 말했다.

농업기술센터와 농협과도 따르면 '진상벼'의 빠른 보급과 확대를 위해 2018년에 '진상벼'를 1250ha의 GAP단지로 추진기로 했으며, '진상벼'의 품질관리를 위해 여주시농업기술센터 딸레농시스실을 활용해 유통하기 전에 엄격한 미질 평가를 실시하고, '진상벼'의 홍보를 강화해 대량납품 여주쌀의 생산을 높이기 위해 노력하겠다고 전했다.

http://www.jeongang.com/news/article.php?html=20170130-14

12

그림 73 진상벼 우수품종 선정, 전용실시권 계약 체결 등 홍보 기사



그림 74 제15차 세계한상대회 시식행사 및 홍보

- 수라청 연합농협 미곡처리장에서 사업화 중인 ‘수라청 진상미’의 제품 홍보를 위해 제15차 세계한상대회에 참가하여 시식행사 및 홍보 진행
- 진상벼, 진상2호, 예농2호의 홍보를 위해 한상대회 등 박람회를 통한 시식행사 등을 지속적으로 추진하고 유명식당을 통한 홍보 및 판매, SNS를 통한 홍보 등 홍보의 다각화 실시 예정임



### 제3절 특허, 품종, 논문 등 지식재산권 확보계획

- 본 과제를 통해 개발된 신품종의 지적 재산권 확보를 위해서는 타 품종과 구별할 수 있는 DNA 판별체계확립이 우선되어야 하며 향미 기반 신품종 육성을 위해 향미 판별용 DNA 마커를 특허 출원하였음

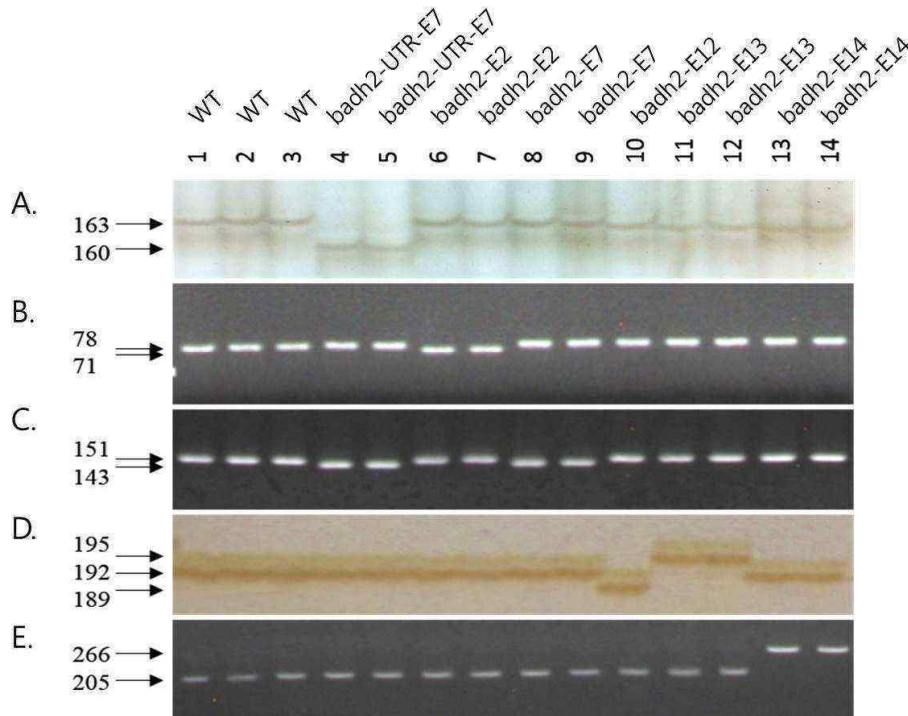


그림 75 향미 판별용 프라이머 세트 (특허출원 10-2017-0156090)

- 추가적으로 수발아 및 침수 저항성 DNA 마커를 이용한 품종 판별 방법을 특허출원 예정임
- 육성중인 우수한 계통을 품종으로 출원 추진 예정
- SCI 논문 1.5건을 발표하였으며 수발아 및 침수저항성 GWAS 분석 결과를 SCI 저널에 투고하였음
  - ① Genome-wide Association Mapping of Polyphenol Contents and Antioxidant Capacity in Whole-Grain Rice, J Agric Food Chem (2016) (중복사사)
  - ② Genome-wide association study of eating and cooking qualities in different subpopulations of rice (*Oryza sativa* L.), BMC Genomics (2016) (중복사사)
  - ③ Genetic variation architecture of mitochondrial genome reveals the differentiation in Korean landrace and weedy rice, Scientific Report (2017) (중복사사)
  - ④ Genome wide association study on the germination ability at low temperature and preharvest sprouting resistance in rice (Plant Biotechnology Journal) **revision 중**
  - ⑤ SUBMERGENCE 1 (SUB1) gene diversity in KRICE\_CORE (Rice) **revision 중**



## 제4절 추가연구, 타연구에의 활용 여부

### 1. 추가연구의 필요성

- 지구 온난화 등 급변하는 재배 환경에 신속하게 대응하고 안정적인 식량생산을 위해서는 수발아, 침수저항성 등과 같이 다수의 유전자에 의해 지배되는 형질에 대한 연구는 지속적인 연구가 필요함
- 뿐만아니라 병 저항성 및 해충 저항성의 경우 다수의 유전자 및 haplotype이 보고되었으나 저항성이 이병성으로 바뀌는 현상이 일어나고 있음
- 이러한 현상은 저항성 품종에 이병성을 띠는 병원균의 돌연변이가 꾸준히 일어나기 때문임
- 이러한 작물과 병원균과의 공진화는 지속적으로 일어날 것이며 저항성 유전자의 haplotype 연구를 통해 새로운 병원균 race의 출현을 예측하고 예방하기 위한 연구 또한 필요함
- 수발아는 종자의 휴면 등과 같은 생리적인 특성 연구가 추가적으로 필요함

### 2. 연구개발 결과의 타연구에 활용

#### 가. 기술적 측면

- 유전체 재분석을 통한 빅데이터 정보와 유전자원은 국내 연구진에 기술이전을 하고 있으며 이를 활용한 내 재해성, 내병성, 내충성, 미질 등 다양한 형질 연구에도 크게 활용되고 있음
- 본 연구에서 활용된 생물정보학적, 통계학적인 기법들은 전국적인 규모의 교육사업을 통해 노하우를 전수하였으며 식물 유전학 연구에 크게 기여할 것임

#### 나. 경제적·산업적 측면

- 본 연구에서 선발된 수발아 및 침수저항성 유전자원 및 육성 계통들은 품종육성에 활용되고 유용한 품종들은 직접 생산에 활용되어 기후변화 대응 안정적인 쌀 생산이 가능
- 안정적인 쌀 생산을 통해 쌀 생산농가의 소득증대에 기여하고 식량안보에 크게 기여할 것임
- 향미 기반 수발아/침수 저항성 품종 육성을 통해 고 부가가치 쌀 생산이 가능하며 이는 우리나라 쌀산업의 경쟁력을 제고하고 쌀산업을 통한 고 부가가치 창출이 가능하게 됨
- 향미 등 기능성 쌀은 외국에서도 시장이 형성되어 있고 기후변화에 대응하고 차별화된 향미 등 고 부가가치 쌀 생산은 수출로 이어질 수 있으며 수출을 통한 농가의 소득에 기여할 것임
- 육성된 기능성 벼 품종은 쌀에 대한 천연식품으로서의 이미지 제고와 우리 쌀의 경쟁력을 높이는 데 기여하고 쌀에 기반을 둔 우리 전통문화의 계승 발전과 국민의

자극심 함양에도 기여할 것임

- 향미 등 고부가가치 쌀 생산은 떡, 케익, 과자, 빵, 술 등 다양한 쌀 관련 제품 개발에 활용되어 고 부가가치 쌀 제품 연구에 활용되고 관련산업의 발전을 도모할 것임
- 쌀을 이용한 다양한 제품개발은 농촌경제의 활성화에 크게 기여하고 나아가서는 쌀 소비 확대를 통해 벼 재배면적이 유지됨으로써 식량안보에 이바지하고 막대한 가치를 지니는 논의 공익적 기능을 보전할 수 있음

## 제6장 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보

코드번호	D-08
<p><b>가. 기후 변화 대응을 위한 수발아/침수 저항성 관련 연구 현황</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ 2010년 PNAS에 게재된 연구에서 일본 Group은 Japonica(Nipponbare) 와 Indica(Kasalath) 를 이용한 map based cloning으로 수발아 조절 유전자인 Sdr4 (Seed dormancy 4)를 발표. 염색체 7번에 위치한 Sdr4의 기능은 휴면을 유도하고 휴면 후 발아를 억제함 (Sugimoto et al., 2010)</li> <li>○ Magwa 등(2016)은 association mapping을 통하여 다양한 벼 유전자원의 발아와 관련된 16개의 유전자좌를 보고하였음</li> <li>○ Sub1A는 침수저항성(flood resistance)에 관여하는 유전자로서 Indica 및 Aus 생태형(Ecotype)의 벼 자원에서만 발견되었음. 2006년 Sub1A유전자가 동정되면서 (Xu et al., 2006) 침수 저항성에 대한 품종 육성이 가속화 되었고, 그 결과 2010년에 홍수 피해가 심각한 필리핀, 인도네시아, 방글라데시에서 Sub1A 기반 mega variety가 출시되었음 (Neeraja et al., 2007; Septiningsih et al., 2009; Iftekharuddaula et al., 2011; Ismail et al., 2013)</li> <li>○ 2010년에 PNAS에 발표된 Sdr4와 2006년에 “Nature” 에 발표된 Sub1A 이외에 아직까지 벼 유전자원에서 벼 육종에 효과적으로 활용될 수 있는 추가적인 신규 유전자원 및 관련 유전자의 동정사례는 전무한 실정임</li> </ul> <p><b>나. 벼의 유전체 재분석</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Next generation sequencing (NGS)는 최근 다양한 유전적 배경을 가지는 복잡한 특성에 관련된 후보 유전자를 검출하는 데 사용되고 있으며, haplotype map에 기반한 GWAS는 쌀의 다양한 농업적 특성에 대한 몇 가지 후보 유전자가 밝혀짐 (Huang et al., 2010)</li> <li>○ 미국 코넬대학 벼 유전자원 연구팀은 국제미작연구소 자원을 대상으로 하여, 세계 82개국에서 수집된 413개의 벼 유전자원을 선별하여 44,100 SNP array를 이용하여 genotyping을 실시하고, 34개 농업관련 형질을 조사하였음. 413개의 벼 유전자원은 5개의 생태형으로 구분되었음 (Michael et al., 2009)</li> <li>○ 2014년 국제미작연구소 (IRRI, International Rice Research Institute, BGI(Beijin Genome Institute), CAS (China Academy of Science)의 컨소시엄으로 전세계에서 수집된 약 3000점의 유전자원 및 품종의 유전체 재분석을 완료하였음</li> <li>○ 최근 GWAS기반 유전체 연구 동향은 외부로 드러나는 표현형 평가뿐만 아니라 transcriptome, proteome, metabolome 분석에서 얻어지는 대량의 유전자 및 대사물질 각각의 발현량 및 함량을 표현형으로 하여 GWAS 분석이 수행하여 이로부터 이들 유전자의 발현 및 대사물질 함량에 관여하는 유전자를 대량으로 동정하고자 시도함</li> <li>○ 그 예로 일본 동경이화학연구소 Saito박사와 Yano박사의 공동 연구팀은 175점의 벼 자원을 대상으로 flavone-C glycoside를 포함한 metabolome 기반 GWAS분석을 수행하였고, 89 metabolite의 양적변화와 연관되는 323개의 associated region을 동정하였음 (Matsuda et al., 2014)</li> </ul>	

## 제7장 연구개발결과의 보안등급

	코드번호	D-09
○ 해당사항 없음		

## 제8장 국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황

					코드번호	D-10		
구입 기관	연구시설/ 연구장비명	규격 (모델명)	수량	구입 연월일	구입 가격 (천원)	구입처 (전화번호)	비고 (설치 장소)	NTIS장비 등록번호
해당사항 없음								

## 제9장 연구개발과제 수행에 따른 연구실 등의 안전조치 이행 실적

		코드번호	D-11
<p><b>1. 연구실 안전조치 이행계획</b></p> <p>○ 본 과제는 DNA 관련 실험, 특성평가를 위한 성분 분석 실험 및 포장 재배실험 등을 포함하고 있어 관련 화학물질 사용 등의 위험요소가 있으므로 다음의 공주대학교 연구실 안전관리 계획을 준수하여 연구실 인력의 안전을 최우선으로 함</p>			
<p><b>2. 공주대학교 연구실 안전관리 계획</b></p> <p>(1) 목 적</p> <p>○ 대학에 과학기술분야 연구실안전을 확보함과 동시에 연구실 사고로 인한 피해를 적절하게 보상할 수 있도록 함으로써 연구자원을 효율적으로 관리하고 나아가 과학기술 연구개발활동 활성화에 기여</p> <p>※ 우리 대학의 과학기술분야 학부생, 대학원생 및 타 소속 학생, 연구원, 개별 프로젝트 진행 연구원들은 개별프로젝트 담당자 또는 소속연구소에서 주관하여 연구실 안전 환경 조성에 관한 법을 준수하여야 함.</p> <p>(2) 관련 법령</p> <p>○ 「연구실 안전환경 조성에 관한 법률」 및 「공주대학교 실험·실습실 안전관리규정」</p> <p>※ “연구실” 이라 함은 대학 등에 과학기술분야 연구개발 활동을 위하여 설치된 시설·장비·연구실험실·연구재료 등의 연구시설을 말함.</p>			

※ “연구활동종사자”라 함은 대학·연구기관 등에서 과학기술분야 연구개발활동에 종사하는 연구원·대학생·대학원생 및 연구보조원

(3) 연구실 안전점검

가. 연구실 안전관리담당자 지정(공주대학교 실험·실습실 안전관리규정 제4조) 및 각 캠퍼스별 안전환경관리자 지정

나. 일상점검: 매일 실험전 연구활동종사자가 체크리스트를 토대로 점검하고 기록

다. 정기점검(짜수해)

○ 1년마다 일정자격과 장비를 갖춘 전문가들이 점검하는 것으로 전문 점검기관에 위탁하여 실시

○ 정밀안전진단을 실시한 경우는 정기점검을 실시한 것으로 인정

라. 정밀안전진단(홀수해)

○ 시약 또는 실험 장비를 사용하여 실험을 하는 실은 매 2년 일정자격을 갖춘 전문가들이 점검하는 것으로 전문 점검기관에 위탁하여 실시

마. 점검 후 조치

○ 정기 또는 정밀점검 완료후 각 실험 등급사항 및 지적사항에 대하여는 학교홈페이지 등에 공지

○ 점검 지적사항 중 간단한 보수 또는 구매는 연구실 안전관리비 내에서 보완 및 개선하도록 하고, 단과대에서 처리가 어려운 사항은 시설과로 요청하여 보완

※ 점검사항은 반드시 공지할 수 있도록 하고, 필요시 홈페이지 행정공시란에 게시된 내용 참조

(4) 연구실 안전교육

가. 비상연락망 구성

○ 각 실험실에는 비상시 활용할 수 있는 연락망(지도교수, 병원, 소방서, 당직실)을 반드시 게시 하여야 함

나. 실험실(연구실) 안전수칙 게시: 각 실험실 특성에 맞는 안전수칙을 제작 게시하고 교육함으로써 안전사고 방지 유도

다. 신규자(집합) 교육

○ 학기초 신입생을 대상으로 2시간을 집합교육 시행(연구실 안전환경관리자 또는 실험 담당 교수가 시행)

○ 실험·실습 첫 시간은 안전교육의 시간으로 지정 반드시 안전교육 후 실험·실습에 임하도록 조치

라. 정기교육

○ 모든 연구활동 종사자는 반기 6시간 이상(년 12시간)을 받아야 하며 온라인 교육으로 시행

○ 불참자에게 대한 실험·실습 참여 제한 등 요청

마. 각 실험실에서 사용하는 시약에 대해서 반드시 MSDS를 비치하고 실험시마다 MSDS에 대하여 교육 후 실험에 임할 것

바. 행정사항

○ 항상 일상점검 기록을 유지하고, 교육시 교육내용 및 참석인원을 반드시 기록 관리토록 하여야

함.

(5) 보험가입

- 가. 과학기술분야 연구활동 종사자에 대한 상해보험 가입 또는 만기 도래 보험에 대한 연장조치
- 나. 보험 가입 시 보상액 등이 반드시 법적금액 이상을 반영

(6) 연구실 안전관리비 계상

- 가. 기성회 회계 예산 및 연구과제 예산 편성시 연구실 안전관리비를 반영하고, 반영된 안전관리비는 목적 외 사용금지
- 나. 연구실 안전관리비는 연구실 안전점검, 연구종사자 교육, 상해보험가입, 안전장비 및 안전을 위한 비품구입 등에 사용

(7) 건강검진 실시

- 가. 관련법에 의해 과학기술분야 연구활동 종사자에 대하여 유해물질 및 유해인자를 취급하는 경우 일반건강검진 및 특수건강검진을 실시하도록 함

(8) 연구실 폐기물처리

- 가. 실험·실습시 발생하는 각종 폐기물은 관련 규정에 적합하게 처리

(9) 사고 발생시 처리

- 가. 사고 발생시는 각 실에 표기되어 있는 비상연락망을 통하여 인근 병원으로 이송
- 나. 사고 발생시 보고단계를 거쳐 보고하고 필요시 보험처리
- 다. 인명사고 등의 중대한 사고 발생시 해당 연구담당자 또는 지도교수는 소속기관에 사고처리위원회 구성을 요청하고, 대외언론, 사고조사 및 보상절차를 협의

(10). 법 이행사항 입력

- 법 이행사항은 년 1회 캠퍼스별 연구실안전정보망 <http://www.labs.or.kr> 에 입력
- 가. 연구실 안전점검 실시
  - 연간 1회 이상 의무적으로 반드시 실시
  - 점검업체 : 가스안전공사
  - 안전진단 실시 후 반드시 진단결과에 의거 가스, 전기시설 등 보완설치
- 나. 참여연구원의 교육훈련
  - 매년 1회 이상 실험실습실 안전교육 실시 또는 참여
- 다. 실험실습실 온라인 안전교육 실시
  - 연구개발인력교육원 등을 통한 연구활동종사자를 대상으로 온라인 안전교육실시
  - 교육내용 : 연구실 안전환경 조성법령 및 유해, 위험요인 관련 외
- 라. 기타 : 실험실습실 안전수칙 제작 부착



## 제10장 연구개발과제의 대표적 연구실적

번	구분 (논문 /특허 /기타)	논문명/특허명/기 타	소속 기관명	역할	논문게재지 / 특허등록국 가	코드번호		D-12	
						Impact Factor	논문게재일 /특허등록일	사사여부 (단독사사 또는 중복사사)	특기사항 (SCI여부/인 용횟수 등)
1	논문	Genome-wide Association Mapping of Polyphenol Contents and Antioxidant Capacity in Whole-Grain Rice	공주대	교신	Journal of agricultural and food chemistry	3.154	2016.05.19	중복사사	SCI (3회인용)
2	논문	Genome-wide association study of eating and cooking qualities in different subpopulations of rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	공주대	교신	BMC Genomics	3.729	2016.12	중복사사	SCI (4회인용)
3	논문	Genetic variation architecture of mitochondrial genome reveals the differentiation in Korean landrace and weedy rice	공주대	교신	Scientific reports	4.259	2017.03.03	중복사사	SCI
4	특허	향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도	공주대		대한민국		2017.11.22	중복사사	출원
5	기술 실시	예농2호 품종보호권 양도	공주대				2017.03.20	단독사사	유상

## 제11장 기타사항

	코드번호	D-13
해당사항 없음		

## 제12장 참고문헌

	코드번호	D-14		
<p>He Q, Kim KW, Park YJ. (2017). Population genomics identifies the origin and signatures of selection of Korean weedy rice. <i>Plant Biotechnol J.</i> 15: 357-366</p> <p>Huang X, Wei X, Sang T, Zhao Q, Feng Q, Zhao Y, (2010). Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces. <i>Nat. Genet.</i> 42: 961-967</p> <p>Iftekharruddaula KM, Newaz MA, Salam MA, Ahmed HU, Mahbub MAA, Septiningsih EM, Collard BCY, Sanchez DL, Pamplona AM, Mackill DJ (2011) Rapid and high-precision marker assisted backcrossing to introgress the SUB1 QTL into BR11, the rainfed lowland rice mega variety of Bangladesh. <i>Euphytica</i> 178:83-97</p> <p>Ismail AM, Singh US, Singh S, Dar MH, Mackill DJ (2013) The contribution of submergence-tolerant (Sub1) rice varieties to food security in flood-prone rainfed lowland areas in Asia. <i>Field Crops Res</i> 152:83-93</p> <p>Lee G, Jeon Y, Lee H, Hyun D, Lee J, Lee M, Lee S, Ma K, and Koh H (2017) New Genetic Loci Associated with Preharvest Sprouting and Its Evaluation Based on the Model Equation in Rice. <i>Front Plant Sci</i> 8: 1393</p> <p>Magwa R. A., Zhao H., Xing Y. (2016). Genome-wide association mapping revealed a diverse genetic basis of seed dormancy across subpopulations in rice (<i>Oryza sativa</i> L.). <i>BMC Genet</i> 17:28 10.1186/s12863-016-0340-2</p> <p>Matsuda, F.; Nakabayashi, R.; Yang, Z.; Okazaki, Y.; Yonemaru, J.; Ebana, K.; Yano, M.; Saito, K. Metabolome-genome-wide association study (mGWAS) dissects genetic architecture for generating natural variation in rice secondary metabolism. <i>Plant J.</i> 2014, 81, 13-23.</p> <p>Neeraja CN, Maghirang-Rodriguez R, Pamplona A, Heuer S, Collard BC, Septiningsih EM, Vergara G, Sanchez D, Xu K, Ismail AM, Mackill DJ (2007) A marker-assisted backcross approach for developing submergence-tolerant rice cultivars. <i>Theor Appl Genet</i> 115:767-776</p> <p>Septiningsih EM, Pamplona AM, Sanchez DL, Maghirang-Rodriguez R, Neeraja CN, Vergara GV, Heuer S, Ismail AM, Mackill DJ (2009) Development of submergence-tolerant rice cultivars: the Sub1 gene and beyond. <i>Ann Bot (Lond)</i> 103:151-160.</p> <p>Sugimoto K, Takeuchi Y, Ebana K, Miyao A, Hirochika H, Hara N, Ishiyama K, Kobayashi M, Ban Y, Hattori T, Yano M. (2010). Molecular cloning of Sdr4, a regulator involved in seed dormancy and domestication of rice. <i>Proc Natl Acad Sci USA.</i> 107(13): 5792-5797</p>				

Xu K, Xu X, Fukao T, Canlas P, Maghirang-Rodriguez R, Heuer S, Ismail AM, Bailey-Serres J, Ronald PC, Mackill DJ (2006) Sub1A is an ethylene-response-factor-like gene that confers submergence tolerance to rice. *Nature* 442: 705-708

Zhang, Y., Miao, X., Xia, X., and He, Z. (2014). Cloning of seed dormancy genes (TaSdr) associated with tolerance to pre-harvest sprouting in common wheat and development of a functional marker. *Theor. Appl. Genet.* 127: 855-866

## 연구개발보고서 초록

과 제 명	(국문) 빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화				
	(영문) Development of new rice varieties and their marketing against climate changes using big data of rice genomes				
주관연구기관	공주대학교		주 관 연 구 책 임 자	(소속) 공주대학교	
참 여 기 업			(성명) 박용진		
총연구개발비 ( 200,000천원)	계	200,000	총 연 구 기 간	2015.12.18. ~ 2017.12.17.( 2년)	
	정부출연 연구개발비	200,000	총 참 연 구 원 수	총 인 원	24
	기업부담금			내부인원	3
	연구기관부담금			외부인원	21

### 1. 연구개발 목표 및 성과

#### 가. 연구개발 목표

- 본 연구의 목표는 최근 기후 변화 속에서도 고 부가가치 쌀의 안정적 생산을 위해, 벼의 주요 자원 유래 수발아/침수 저항성을 전지놈 염기서열 재분석 기술, 정밀 형질 분석기반 GWAS (Genome Wide Association Analysis)등 최첨단 빅 데이터(대용량 유전체 데이터)를 활용하여 관련 유용 유전자/분자표지 마커를 대량발굴하고, 이를 활용해 수발아/침수 저항성을 고 부가가치 벼에 도입하는 유전체육종기반을 구축하고, 벼 신품종의 산업화기반을 구축하는데 있음

#### 나. 연구개발 성과

##### (1) 지식재산권 출원 1건 (중복사사)

- 향미 기반 신품종 육성을 위해 향미 품종 판별용 프라이머 세트를 개발하여 특허 출원
  - 향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도, 출원번호(10-2017-0156090)

##### (2) 기술실시 1건

- 예농2호 품종보호권 양도 (2017.03.20. 대상기관: (주)시드피아, 양도금액 5,000,000원)
  - 쌀눈이 일반미에 비해 3배 이상 큰 특수미인 예농2호의 산업화를 위하여 품종보호권을 공동개발자인 (주)시드피아에 유상으로 양도
  - (주)시드피아는 예농2호에 대하여 월드그린 영농조합법인에 전용실시권 계약을 체결함 (2017.05.19., 독점실시 계약료 5,000,000원)

##### (3) 사업화 8건

- 2016~2017년 진상벼는 5개 업체에서 6천 톤 이상을 생산하여 각각의 브랜드로 판매하고 있으며 제품 판매액은 약 121.5억 원임
- 진상2호는 3개 업체에서 700톤 이상 생산하였으며 신규 제품 3건을 상품화하여 약 14억 원의 매출을 올림

- 예농2호는 월드그린 영농조합법인에 전용실시권 계약을 체결하여 2018년부터 생산에 돌입 예정

#### (4) 논문 3편 게재, 추가 2건 투고

- Genome-wide Association Mapping of Polyphenol Contents and Antioxidant Capacity in Whole-Grain Rice, J Agric Food Chem (2016) (중복사사)
- Genome-wide association study of eating and cooking qualities in different subpopulations of rice (*Oryza sativa* L.), BMC Genomics (2016) (중복사사)
- Genetic variation architecture of mitochondrial genome reveals the differentiation in Korean landrace and weedy rice, Scientific Report (2017) (중복사사)
- Genome wide association study on the germination ability at low temperature and preharvest sprouting resistance in rice (Plant Biotechnology Journal) **revision 중**
- SUBMERGENCE 1 (SUB1) gene diversity in KRICE\_CORE (Rice) **revision 중**

#### (5) 학술발표 3건

- Quiescence Vs Elongation strategy to develop Anaerobic Rice in Korean Rice Heuristic Set (2016 한국육종학회)
- Tolerance of anaerobic conditions caused by flooding during direct seeding and germinated seedling (International Conference of the Genetics Society of Korea 2016)
- Genome-wide association study and gene sets analysis for understanding (PAG ASIA 2017)

#### (6) 홍보전시 3건

- 제15차 세계한상대회 참가
- 진상벼 여주시와 전용실시 계약 체결 홍보
- 진상벼 ‘2017 대한민국우수품종상’ 수상 홍보

#### (7) 기타 (수상실적)

- 우수발표상, 2016 한국육종학회, “Quiescence Vs Elongation Strategy for Direct Seeding Approach in Korean Rice Core Set”

## 2. 연구내용 및 결과

### 가. 수발아/침수 저항성 벼 자원 스크리닝

- 수발아/침수저항성 자원 스크리닝 표준기술 정립
- 인디카 자원 포함 벼 유전자원의 내 수발아 및 침수성 평가 및 우수 자원 선발
- 대상 유전자원에 대한 수발아/침수 저항성 평가 후 결과를 DB화
- 수발아/침수 저항성 자원 농업형질 평가 및 기능성 평가

### 나. 수발아/침수 저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS 기반 구축

- 수발아 및 침수 저항성 유전자원 활용도 제고를 위한 유전체 재분석
- 3개의 다른 reference에 대해 Assembly를 추진
- 각 표준유전체를 기반으로 유전 변이 (SNP 및 InDel) 동정 및 DB화

### 다. GWAS 기반 관련 유전자 확보 및 관련 유용 전자 및 분자표지 마커 대량 발굴

- 수발아/침수 저항성 관련 GWAS분석
- GWAS 분석을 통한 수발아/침수 저항성 후보유전자 발굴

- 후보 유전자 haplotyping에 의한 유용 functional polymorphism (FNP) 동정 및 분자표지 마커 개발

**라. 고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축**

- 향미 기반 수발아/침수 저항성 우수 벼 품종 육성을 위한 중간모본 개발 및 산업 소재화 (특허 출원 1건)
- 개발대상 벼 육성소재에 대한 재배안정성 평가 및 보급종 생산
- 새로운 지역브랜드 쌀 상품 시제품 생산 및 대량양산 체계 구축 (8건 제품화)

**3. 연구성과 활용실적 및 계획**

**가. 실용화/산업화 계획**

- 2017년 진상미는 5개 업체에서 6,000 톤을 생산하였으며 제품 판매액은 100억원으로 추정
- 진상2호는 3개 업체에서 700 톤을 생산하였으며 제품 판매액은 10억으로 추정 됨
- 예농2호는 월드그린 영농조합법인에 전용실시권 계약을 체결. 2018년부터 제품 생산 예정
- 진상미는 여주시에 전용실시권 계약을 체결하였으므로 진상2호를 확대 보급 예정 임

**나. 교육, 지도, 홍보 등 기술확산 계획**

- 기술확산을 위해 대농민 교육, 재배기술 지도, 박람회 및 매체를 통한 홍보를 실시함
- 본 연구과제를 통해 육성된 품종의 보급을 위하여 농민, 생산자단체, 지자체들과의 원종포장 견학 및 재배기술 교육을 실시하였으며, 이를 토대로 수라청연합농협RPC, 면천농협, 팔탄농협, 월드그린 농업회사법인, (주)농업회사법인 금벌, (주)경성미가, 여주시마을정미소 등과 생산 계약을 체결한 바 있음
- 진상미는 2017년 화성시와 전용실시권 계약을 체결하였으며 8개 일간지 등을 통해 홍보를 실시함. 또한 진상미는 ‘2017년 대한민국우수품종상’ 농림축산식품부장관상을 수상하였으며 이 내용은 16개 일간지 및 방송을 통해 홍보를 실시함
- 진상벼, 진상2호, 예농2호 등을 사업화 하고 있는 (주)시드피아 조유현 대표는 우수한 품종보급으로 농가소득에 기여한 점을 인정받아 2018년 1월 ‘농업보국’의 뜻을 계승해 혁신과 창조적인 연구로 농업발전에 기여한 농업인과 학자에게 주어지는 “제4회 한광호 농업상 시상식”에서 첨단농업인상을 수상하였음. 이 소식은 8개 일간지 등을 통해 소개됨
- 수라청 연합농협 미곡처리장에서 사업화 중인 ‘수라청 진상미’의 제품 홍보를 위해 ‘제15차 세계한상대회’에 참가하여 시식행사 및 홍보 진행
- 기술확산을 위해 ‘세계한상대회’ 등 박람회 등을 통해 제품을 홍보하고 대농민교육, 재배기술 지도, 언론을 통한 제품 홍보 등을 지속



[별첨 2]

## 자체평가의견서

### 1. 과제현황

			코드번호	D-15	
			과제번호	115078-2	
사업구분	농식품기술개발사업				
연구분야			과제구분	단위	
사업명	농생명산업기술개발사업			주관	
총괄과제	기재하지 않음		총괄책임자	기재하지 않음	
과제명	빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화		과제유형	기초	
연구기관	공주대학교		연구책임자	박용진	
연구기간 연구비 (천원)	연차	기간	정부	민간	계
	1차년도	2015.12.18. ~ 2016.12.17	100,000		100,000
	2차년도	2016.12.18. ~ 2017.12.17	100,000		100,000
	3차년도				
	4차년도				
	5차년도				
	계		200,000		200,000
참여기업					
상대국	상대국연구기관				

2. 평가일 : 2018년 2월 1일

3. 평가자(연구책임자) :

소속	직위	성명
공주대학교	교수	박용진

4. 평가자(연구책임자) 확인 :

본인은 평가대상 과제에 대한 연구결과에 대하여 객관적으로 기술하였으며, 공정하게 평가하였음을 확약하며, 본 자료가 전문가 및 전문기관 평가 시에 기초자료로 활용되기를 바랍니다.

확약	박용진
----	-----

## I. 연구개발실적

### 1. 연구개발결과의 우수성/창의성

■ 등급 : (우수)

본 연구는 최근 기후 변화 속에서도 고 부가가치 쌀의 안정적 생산을 위해, 벼의 주요자원 유래 수발아/침수 저항성을 전지놈 염기서열 재분석 기술, 정밀 형질 분석기반 GWAS (Genome Wide Association Analysis) 등 최첨단 빅 데이터(대용량 유전체 정보)를 활용하여 관련 유용 유전자/분자 표지 마커를 대량발굴하고, 이를 활용해 수발아/침수 저항성을 고 부가가치 벼에 도입하는 유전체육종기반을 구축하고, 벼 신품종의 산업화기반을 구축하였음

### 2. 연구개발결과의 파급효과

■ 등급 : (우수)

본 연구에서 선발된 수발아 및 침수저항성 유전자원 및 육성 계통들은 품종육성에 활용되고 유용한 품종들은 직접 생산에 활용되어 기후변화 대응 안정적인 쌀 생산을 가능하게 농가의 소득증대에 기여하고 식량안보에 크게 기여할 것임. 육성된 기능성 벼 품종은 쌀에 대한 천연식품으로서의 이미지 제고와 우리 쌀의 경쟁력을 높이는 데 기여하고 쌀에 기반을 둔 우리 전통문화의 계승 발전과 국민의 자긍심 함양에도 기여할 것임. 쌀을 이용한 다양한 제품개발은 농촌경제 활성화에 크게 기여하고 쌀 소비 확대를 통해 벼 재배면적이 유지됨으로써 식량안보에 이바지하고 막대한 가치를 지니는 논 의 공익적 기능 보전에 기여할 것임

### 3. 연구개발결과에 대한 활용가능성

■ 등급 : (아주우수)

본 연구를 통해 육성된 품종 및 유전체 정보 등은 벼의 유전 육종 연구뿐만 아니라 다른 작물 연구의 모델을 제시 함. 고 부가가치 벼 육성 및 산업화 기반 구축을 통해 새로운 제품을 출시하여 성공적으로 매출을 올리고 있음. 육성된 고 부가가치 쌀은 지방자치단체 또는 생산자단체와 전용실시권 계약을 통해 안정적인 제품 생산을 하고 있으며 산업화 기반 구축을 통해 안정적인 수익을 기대할 수 있음

### 4. 연구개발 수행노력의 성실도

■ 등급 : (아주우수, 우수, 보통, 미흡, 불량)

다양성이 확보된 벼 핵심집단 및 국내 육성품종을 대상으로 수발아/침수 저항성 평가를 하였으며 유전체 재분석을 통해 빅 데이터를 구축하고 GWAS 등의 생물정보학적 기법으로 후보유전자를 발굴하였으며 haplotype 분석 등을 성실히 수행함

### 5. 공개발표된 연구개발성과(논문, 지적소유권, 발표회 개최 등)

■ 등급 : (아주우수)

가. 지식재산권

- 향미 품종 판별용 프라이머 세트 및 이의 용도, 출원등록번호(10-2017-0156090)

나. 기술실시

- 예농2호 품종보호권 양도 (2017.03.20. 대상기관: (주)시드피아, 금액 5,000.000원)

다. 사업화

표 진상벼, 진상2호 사업화실적 현황

구분	기술실시 계약 업체명	제품명	2016~2017년 매출액 (백만원)
진상벼	면천농협미곡종합처리장	진상미	630
	(주)경성미가	싱싱미, 갓 찜은 쌀	1,830
	수라청연합농협RPC	수라청 진상미	5,988
	팔탄농협	윤기고슬 찰기소슬	1,969
	여주시마을정미소	자채쌀	1,735
진상2호	(주)농업회사법인 금벌	사람한테 참 좋은쌀	100
	면천농협	무농약 쌀	1,105
	월드그린 영농조합법인	섬섬옥미	200
합 계			13,557

라. 논문

- Genome-wide Association Mapping of Polyphenol Contents and Antioxidant Capacity in Whole-Grain Rice, J Agric Food Chem (2016) (중복사사)
- Genome-wide association study of eating and cooking qualities in different subpopulations of rice (*Oryza sativa* L.), BMC Genomics (2016) (중복사사)
- Genetic variation architecture of mitochondrial genome reveals the differentiation in Korean landrace and weedy rice, Scientific Report (2017) (중복사사)
- Genome wide association study on the germination ability at low temperature and preharvest sprouting resistance in rice, Plant Biotechnology Journal (revision 중)
- SUBMERGENCE 1 (SUB1) gene diversity in KRICE\_CORE, Rice (revision 중)

마. 학술발표

- Quiescence Vs Elongation strategy to develop Anaerobic Rice in Korean Rice Heuristic Set (2016 한국육종학회)
- Tolerance of anaerobic conditions caused by flooding during direct seeding and germinated seedling (International Conference of the Genetics Society of Korea 2016)
- Genome-wide association study and gene sets analysis for understanding (PAG ASIA 2017)

바. 홍보전시

- 제15차 세계한상대회 참가
- 대한민국우수품종상 시상 언론 홍보
- 진상벼 여주시와 전용실시권 계약 체결 언론 홍보

## II. 연구목표 달성도

세부연구목표 (연구계획서상의 목표)	비중 (%)	달성도 (%)	자체평가
수발아/침수 저항성 벼 자원 스크리닝	20	100	다양성이 확보된 벼 핵심집단과 국내 육성품종을 이용하여 수발아/침수 저항성 자원을 스크리닝하고 우수자원을 선발함
수발아/침수저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS기반 구축	20	100	벼 유전자원의 유전체 재분석을 통해 빅 데이터를 확보하고 GWAS 기반을 구축함
GWAS기반 관련 유전자 확보 및 관련 유용 유전자 및 분자표지 마커 대량 발굴	30	100	유전체 재분석 자원의 유전체 정보를 이용한 GWAS 분석을 통해 유용유전자 및 분자표지 마커를 대량 발굴함
고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축	30	100	유용유전자 도입을 통한 고부가가치 품종을 육성하고 이를 산업화 하기 위한 기반을 구축, 산업화 실시
합계	100점	100	

## III. 종합의견

### 1. 연구개발결과에 대한 종합의견

본 연구는 최근 기후 변화 속에서도 고 부가가치 쌀의 안정적 생산을 위해, 벼의 주요자원 유래 수발아/침수저항성을 전지놈 염기서열 재분석 기술, 정밀 형질 분석기반 GWAS (Genome Wide Association Analysis) 등 최첨단 빅 데이터(대용량 유전체 데이터)를 활용하여 관련 유용 유전자/분자표지 마커를 대량발굴하고, 이를 활용해 수발아/침수저항성을 고 부가가치 벼에 도입하는 유전체육종기반을 구축하고, 벼 신품종의 산업화기반을 구축하였음

### 2. 평가시 고려할 사항 또는 요구사항

본 연구에서는 진상벼, 진상2호, 예농2호의 산업화를 추진하였으며 진상벼 사업화 실적은 기 수행된 농림수산식품기술평가원 농생명산업기술개발사업(110136-5) 지역연계브랜드과제와 연계되어 추진된 후속실적임

### 3. 연구결과의 활용방안 및 향후조치에 대한 의견

본 연구를 통해 구축된 유전체 정보와 SNP정보, 선발 자원은 기술이전을 통해 벼 유전 육종 연구에 활발히 활용될 것이며 구축된 산업화 기반을 통해 안정적인 제품 생산과 수익 창출이 기대됨

[별첨 3]

## 연구성과 활용계획서

### 1. 연구과제 개요

사업추진형태	<input checked="" type="checkbox"/> 자유응모과제 <input type="checkbox"/> 지정공모과제	분 야		
연구과제명	빅데이터를 이용한 기후변화 대응 내재해성 쌀품종 개발 및 산업화			
주관연구기관	공주대학교	주관연구책임자	박용진	
연구개발비	정부출연 연구개발비	기업부담금	연구기관부담금	총연구개발비
	200,000천원			200,000천원
연구개발기간	2015.12.18. ~ 2017.12.17			
주요활용유형	<input checked="" type="checkbox"/> 산업체이전 <input type="checkbox"/> 교육 및 지도 <input type="checkbox"/> 정책자료 <input type="checkbox"/> 기타(                      ) <input type="checkbox"/> 미활용 (사유:                      )			

### 2. 연구목표 대비 결과

당초목표	당초연구목표 대비 연구결과
수발아/침수 저항성 벼 자원 스크리닝	다양성이 확보된 벼 핵심집단과 국내 육성품종을 이용하여 수발아/침수 저항성 자원을 스크리닝하고 우수자원을 선발함
수발아/침수저항성 벼 자원의 유전체 분석을 통한 GWAS기반 구축	벼 유전자원의 유전체 재분석을 통해 빅 데이터를 확보하고 GWAS 기반을 구축함
GWAS기반 관련 유전자 확보 및 관련 유용 유전자 및 분자표지 마커 대량 발굴	유전체 재분석 자원의 유전체 정보를 이용한 GWAS 분석을 통해 유용유전자 및 분자표지 마커를 대량 발굴함
고 부가가치 수발아/침수 저항성 벼 육성 및 산업화를 위한 기반 구축	유용유전자 도입을 통한 고부가가치 품종을 육성하고 이를 산업화 하기 위한 기반을 구축, 산업화 실시

\* 결과에 대한 의견 첨부 가능

### 3. 연구목표 대비 성과

성과 목표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술 인증	학술성과				교육 지도	인력 양성	정책 활용·홍 보		기타 (타 연구 활용 등)
	특 허 출원	특 허 등록	품 종 등록	건 수	기 술 료	제 품 화	매 출 액	수 출 액	고 용 창 출	투 자 유 치		논문		논 문 평 균 IF	학 술 발 표			정 책 활 용	홍 보 전 시	
												SCI	비 SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	백만원	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	건	명	건	건			
가중치																				
최종목표	1				1						1	1		2			1			
연구기간 내 달성실적	1*			1	5	8	13, 557					5*		3.7 14	3		3	1		
달성율(%)	50				800						250			150			300			

\*: 중복사사

### 4. 핵심기술

구분	핵심기술명
①	수발아/침수 저항성 자원 스크리닝
②	GWAS 분석 및 GWAS 기반 관련 유전자 확보 및 분자마커 발굴
③	분자마커를 활용한 여교배 육종

### 5. 연구결과별 기술적 수준

구분	핵심기술 수준					기술의 활용유형(복수표기 가능)				
	세계 최초	국내 최초	외국기술 복 제	외국기술 소화흡수	외국기술 개선개량	특허 출원	산업체이전 (상품화)	현장애로 해 결	정책 자료	기타
①의 기술					v			v		
②의 기술					v	v		v		
③의 기술					v	v				

\* 각 해당란에 v 표시



6. 각 연구결과별 구체적 활용계획

핵심기술명	핵심기술별 연구결과활용계획 및 기대효과
①의 기술	수발아/침수 저항성 자원 스크리닝 기술은 관련형질 저항성 품종 육성 및 유전 연구에 활용
②의 기술	전지놈 연관분석 및 이를 기반으로 한 유전자 확보, 분자마커 발굴 등의 생물정보학적 분석 기술은 전국규모의 교육사업을 통해 관련분야 연구자들의 현장애로를 해결할 것으로 기대하고 발굴한 분자마커 등은 특허출원을 통한 지식재산권 확보
③의 기술	분자마커를 활용한 여교배 육종의 새로운 방향을 제시하여 육종 효율 개선

7. 연구종료 후 성과창출 계획

성과목표	사업화지표										연구기반지표								
	지식 재산권			기술실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과			교육지도	인력양성	정책 활용·홍보		기타 (타 연구활용등)
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표			정책활용	홍보전시	
												SCI	비SCI						
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	건	명				
가중치																			
최종목표		1																	
연구기간내 달성실적																			
연구종료후 성과창출 계획		1																	

8. 연구결과에의 기술이전조건(산업체이전 및 상품화연구결과에 한함)

핵심기술명 <sup>1)</sup>	해당사항 없음		
이전형태	<input type="checkbox"/> 무상 <input checked="" type="checkbox"/> 유상	기술료 예정액	천원
이전방식 <sup>2)</sup>	<input type="checkbox"/> 소유권이전 <input type="checkbox"/> 전용실시권 <input checked="" type="checkbox"/> 통상실시권 <input type="checkbox"/> 협의결정 <input type="checkbox"/> 기타( )		
이전소요기간		실용화예상시기 <sup>3)</sup>	
기술이전시 선행조건 <sup>4)</sup>			

- 1) 핵심기술이 2개 이상일 경우에는 각 핵심기술별로 위의 표를 별도로 작성
- 2) 전용실시 : 특허권자가 그 발명에 대해 기간·장소 및 내용을 제한하여 다른 1인에게 독점적으로 허락한 권리  
 통상실시 : 특허권자가 그 발명에 대해 기간·장소 및 내용을 제한하여 제3자에게 중복적으로 허락한 권리

리

- 3) 실용화예상시기 : 상품화인 경우 상품의 최초 출시 시기, 공정개선인 경우 공정개선 완료시기 등
- 4) 기술 이전 시 선행요건 : 기술실시계약을 체결하기 위한 제반 사전협의사항(기술지도, 설비 및 장비 등 기술이전 전에 실시기업에서 갖추어야 할 조건을 기재)