한국 자포니카 품종에서 벼통그로 바이러스병 저항성 탐색

이종희^{1*} · 조준현¹ · 이지윤¹ · 강주원¹ · 신동진¹ · 조수민¹ · 최일룡² · 송유천¹ · 박동수¹ · 고종민¹

¹농촌진흥청 국립식량과학원, ²국제미작연구소

Identification of Resistance to Rice Tungro Virus Disease in Korean Japonica Rice Cultivars

Jong Hee Lee^{1*}, Jun-Hyeon Cho¹, Ji-Yoon Lee¹, Ju-Won Kang¹, Dongjin Shin¹, Sumin Jo¹, Il-Ryong Choi², You-Chun Song¹, Dong-Soo Park¹, and Jong-Min Ko¹

¹Department of Southern Area Crop Science, National Institute of Crop Science, RDA, Miryang, 50424, Republic of Korea

²International Rice Research Institute, Plant Breeding, Genetics and Biotechnology Division, DAPO Box 7777, Metro Manila, Philippines

Abstract Rice tungro disease is a serious threat to rice production in South and Southeast Asian countries. Rice production in these countries has been intensified, often through continuous cultivation of rice. We conducted a screen of the resistance to tungro virus disease in Korean japonica rice. Dongjin, Hwaseong, and Sangju were varieties resistant to Rice tungro spherical virus (RTSV) but susceptible to Rice tungro bacilliform virus (RTBV). RTSV-resistant variety Sangju was crossed with RTSV-susceptible variety Unkwang to conduct a genetic analysis for RTSV resistance originating from Sangju. Evaluation of 201 F₂ plants from the cross between Unkwang and Sangju showed that there were 85 plants showing resistance, and that 116 plants were susceptible, indicating a ratio fitting a 7:9 ratio ratio ($\chi^2 = 0.54$; $p = 0.46$). Thus, the resistance to RTSV in Sangju might be controlled by two recessive genes. This result indicates that Sangju might serve as a useful genetic source for diversification of RTSV resistance and stabilization of resistance through gene pyramiding.

Keywords rice, RTSV, Sangju, tungro virus disease

Received on April 29, 2019. Revised on April 30, 2019. Accepted on May 16, 2019.

* Corresponding Author (E-mail: ccrljh@korea.kr, Tel: +82-55-350-1168, Fax: +82-55-352-3059)

서 언

지구 온난화에 따른 한반도의 최근 30년간 평균온도는 1.7°C 상승하였으며, 이로 인한 벼에서 병해충 발생량은 점점 증가하고 있는 실정이다. 특히, 바이러스병인 줄무늬잎마름병은 1960년대 낙동강 주변에서 일부 남부지역에서 발생되었으나, 2000년 이후는 발생지역이 북상하여 전국으로 확대되었고, 2007년에는 중국에서 바이러스 보독충이 비래하여 큰 피해를 입힌 바 있다(Lee et al. 2008). 또한 최근 기온상승에 따른 한반도와 주변지역의 아열대화 현상이 가속화 되고 있으며, 바이러스병 저항성 육종에 있어도 이에 대응한 선제적인 대응책의 마련이 필요한 실정이다.

동남아시아 아열대 지역에서 가장 심각한 바이러스병은 벼통그로 바이러스병(rice tungro disease, RTD)이며, 온대지역인 일본 남부지역에 Waikai 바이러스란 이름으로 발생이 보고된 바 있다. 이병은 *Rice tungro bacilliform virus* (RTBV)와 *Rice*

tungro spherical virus (RTSV)의 상호작용에 의해 두점끝동매미충으로 전염된다. RTBV는 벼의 엽색이 노란색 또는 연황색으로 변색되면서 분얼수가 작아지고 위축되는 병징에 관여하고 있지만, 이병 단독으로 병징이 나타나지 않았고, RTSV와 RTBV가 함께 감염되어야 병징을 나타낸다. 그리고 RTSV 단독으로 감염된 경우는 뚜렷한 병징은 나타나지 않으며, 생육저해 현상이 크지 않은 편이다. 반면, RTSV는 두점끝동매미충에 의해 바이러스를 식물체로 쉽게 전염시키지만, RTBV는 RTSV를 흡즙한 두점끝동매미충에 의해서 전염되고, RTSV를 보유하지 않을 경우 전염시키지 못한다(Hibino et al. 1979). 즉 RTSV에 저항성인 품종은 두점끝동매미충이 RTBV에 보독되는 것을 사전에 차단함으로써 벼통그로 바이러스병 발생을 억제할 수 있다.

RTSV에 저항성인 품종은 Utri Merah82, Ultri Rajapan, Pankari 203, TKM6 등이 보고 되었으며, 국제미작연구소에서는 대부분 TKM6에서 유래된 저항성 품종이 이용되었다고 하였다.

또한 야생벼에서 유래된 Matatag 9은 야생벼 *O. rufipogon*에서 저항성이 유래되었다고 알려져 있으며, 최근 RTSV에 진성저항성이 아닌 매개충인 두점끝동매미충에 저항성을 나타내는 것으로 밝혀졌다. Imbe et al. (1993)은 Waikai 바이러스에 저항성인 17 자포니카 품종에 대해 RTSV 저항성 검정을 수행한 결과, 모두 저항성 반응을 나타내었으며, 이는 일본 재래도 Takenari에서 유래되었다고 하였다.

국내에서 통그로바이러스에 대한 발생이 보고되지 않았지만, 한반도의 온도 상승과 더불어 발병 위험은 점점 증가되고 있는 실정이다. 따라서, 본 연구에서는 국제미작연구소와 공동으로 국내육성품종에 대해 통그로바이러스에 대한 저항성 탐색과 유전분석을 수행하고, 향후 이병에 대한 저항성 육종기반을 구축하고자 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

한국 자포니카 품종에 대한 통그로바이러스병 저항성 검정을 수행하기 위해 국제미작연구소 GUYA project에서 교배친으로 활용하고 있는 자포니카형 89품종을 이용하였다. 그리고, 선발된 저항성 품종의 유전분석을 위해 감수성 품종인 운광벼와 저항성 품종인 상주벼가 교배된 F₁ 식물체 및 F₂ 집단을 이용하여 바이러스 생물검정을 수행하였으며, 카이스퀘어검정(Chi-square test)을 통한 분리비 적합도 검정을 수행하였다.

통그로바이러스 저항성 검정은 감수성 품종인 TN1에서 유지된 RTSV 균주 A와 RTBV common strain를 접종원으로 사용하였다. 식물체에 바이러스 접종은 Cabauatan et al. (1995)의 방법에 따라 두점끝동매미충(GLH)을 RTSV와 RTBV가 이병된 식물체에 3일간의 흡즙하여 보독충을 만들었다. 묘령이 6-10일된 식물체에 주당 바이러스 보독충 3마리를 24시간동안 접종하였다. 접종된 식물체는 국제미작연구소 온실에서 유지하였으며, 접종 후 14일째와 21일째 앞에서 즙액을 채취하였으며, ELISA 판독기(BioTek Instruments, Winooski, USA)로 흡광도 405 nm에서 측정하여 저항성과 감수성을 결정하였다. 10배 희석된 추출물이 0.1보다 큰 흡광도 값을 나타내는 식물체는 바이러스에 감염된 것으로 간주되었다. 시험 품종당 최소 12개 이상 측정하였으며, 감염률이 20% 미만인 품종은 통그로바이러스에 저항성인 것으로 판단하였다(Cabauatan et al. 1995).

결과 및 고찰

한국 자포니카 품종을 검정한 결과, RTSV에 이병율이 20% 이하인 3품종이 있었으며, 이병율이 21%~60% 사이는 56품종, 61% 이상이 30품종이 있었다. 반면 RTBV에 대해서는 이병율이 80% 이상으로 모두 감수성 반응을 나타내었다(Table 1).

국내 육성 자포니카 품종에서 RTSV 이병율이 20% 이하로 저항성을 보인 품종은 상주벼, 화성벼, 동진벼였으며, 이들의 바이러스 이병율을 Table 2에 나타내었다. 상주벼는 RTSV와 RTBV가 복합 감염되거나, RTSV 단독으로 감염된 개체수는 없었으며, 다른 품종보다 강한 저항성 반응을 보였다. 화성벼와 동진벼는 RTSV에 단독으로 감염된 개체는 없었으나, RTSV와 RTBV가 복합적으로 감염된 개체수가 있었고, 이들 각각 7.9%와 8.9%이었다(Table 2).

국제미작연구소에서 RTSV저항성 유전자원으로 활용된 품종은 TKM6, Pnakahari 203 및 Utri Merah 82 등이 활용되었으며, 이들 인디카 배경의 품종은 RTSV에 매우 강한 저항성 반응을 나타내었다(Imbe et al. 1993, Shim et al. 2015). 또한, 벚 통그로 바이러스병과 유사한 Waikai 바이러스병에 저항성인 품종에 대해 RTSV 저항성 검정을 수행한 결과 Aichi Asahi, Kinmaze, Nishikaze, Saikai 139가 저항성 반응을 나타내었고, 이들은 일본의 재래품종인 Takenari에서 유래되었다고 하였다. 본 연구에서 저항성으로 탐색된 동진벼의 유전적 계보를 추적한 결과 일본 품종의 저항성원으로 사용된 Kinmaze가 존재하였다. 따라서 동진벼는 일본의 재래품종인 Takenari에서 유래되었을 것으로 판단된다. Lee et al. (2011)은 Utri Merah 82유래의 RTSV 저항성 유전자 *tsv1*를 분리 동정하였으며, translation initiation factor (eIF4G) 유전자에 저항성이 결정된다고 보고하였다. 또한 이 유전자 영역의 SNP 분석을 한 결과 TKM6, Kinmaze 등은 서로 다른 SNP를 가지고 있다고 하였다.

본 연구에서 RTSV 저항성 품종으로 선발된 품종 중에서 저항성반응이 상대적으로 강하면서, 조생종 품종인 상주벼에 대해 RTSV저항성 유전분석을 수행하였다. 감수성 품종인 운광벼와 저항성 품종인 상주벼가 교배된 F₁ 식물체는 모두 감수성이었다. 즉 상주벼의 RTSV 저항성 유전자는 열성유전자를 가지고 있는 것으로 판단되었다. 또한, 이들 F₂ 집단을 이용하여 RTSV 생물검정을 수행한 결과 저항성이 85개체, 이병성 116개체 분리하였으며, 이는 2개의 열성유전자의 이론적 분리비인 7 : 9에 적합하게 분리되었다. F₁과 F₂ 집단의 유전분석 결과를 종합하면, 상주벼의 RTSV 저항성 유전자는 2개의 열성유전자에 의해 지배

Table 1. Infection ratio of *rice tungro spherical virus* (RTSV) and *rice tungro bacilliform virus* (RTBV) in Korean Japonica varieties.

Entry No.	Varieties	RTBV	RTSV	Entry No.	Varieties	RTBV	RTSV
1	Aranghyangchalbyeo	73.7	89.5	46	Jongnambyeo	100.0	37.8
2	Ansanbyeo	100.0	45.5	47	Juanbyeo	100.0	36.4
3	Anseongbyeo	100.0	83.3	48	Junganbyeo	100.0	27.5
4	Bongkwangbyeo	100.0	58.8	49	Junghwabyeo	100.0	62.5
5	Cheonmabyeo	100.0	27.8	50	Jungsangbyeo	100.0	65.8
6	Chucheongbyeo	100.0	73.0	51	Kwanganbyeo	100.0	63.2
7	Daeambyeo	100.0	75.0	52	Mananbyeo	100.0	26.3
8	Daechangbyeo	100.0	38.5	53	Manchubyeo	100.0	62.5
9	Daejinbyeo	100.0	29.6	54	Mangeumbyeo	100.0	45.5
10	Daepyungbyeo	95.0	85.0	55	Manhobyeo	100.0	52.2
11	Daeribbyeo 1	100.0	41.2	56	Manmibyeo	100.0	25.9
12	Daesanbyeo	100.0	24.3	57	Manpungbyeo	100.0	41.0
13	Daeyabyeo	100.0	69.2	58	Mihyangbyeo	100.0	61.1
14	Dongjin1	100.0	55.0	59	Naepungbyeo	100.0	64.7
15	Dongjinbyeo	100.0	8.6	60	Nampyeongbyeo	100.0	54.3
16	Dongjinchalbyeo	100.0	51.4	61	Namweonbyeo	87.1	45.2
17	Dunnaebyeo	100.0	26.7	62	Nonganbyeo	100.0	34.3
18	Gancheokbyeo	100.0	42.5	63	Nongbaek	100.0	47.2
19	Geumanbyeo	100.0	54.5	64	Obongbyeo	100.0	26.7
20	Geumnambyeo	100.0	34.3	65	Odaebyeo	100.0	61.1
21	Geumobyeo	87.2	46.2	66	Palgongbyeo	100.0	52.9
22	Geumobyeo	100.0	76.2	67	Saegyechwabyeo	84.6	61.5
23	Goamy	100.0	62.5	68	Sambaekbyeo	100.0	37.0
24	Gurubyeo	100.0	78.8	69	Samcheonbyeo	100.0	28.2
25	Haepyeongbyeo	100.0	33.3	70	Sangjubyeo	94.1	0.0
26	Heughyangbyeo	100.0	47.2	71	Sangmibyeo	100.0	64.3
27	Heuginjubyeo	97.1	37.1	72	Sangnambadtbyeo	89.2	48.6
28	Heugnambyeo	100.0	55.0	73	Sanjuchalbyeo	100.0	44.1
29	Hoanbyeo	100.0	25.0	74	Seoanbyeo	100.0	28.6
30	Hwaanbyeo	100.0	44.4	75	Seojinbyeo	87.9	60.6
31	Hwabongbyeo	100.0	63.2	76	Seolgengbyeo	100.0	55.3
32	Hwadongbyeo	100.0	21.1	77	Seolhyangchalbyeo	100.0	32.4
33	Hwajinbyeo	100.0	63.6	78	Seomjinbyeo	100.0	35.0
34	Hwajungbyeo	100.0	72.2	79	Sinseonchalbyeo	100.0	30.8
35	Hwamyongbyeo	100.0	62.9	80	Sobaekbyeo	100.0	53.6
36	Hwanambyeo	100.0	91.7	81	Sobibyeo	100.0	80.0
37	Hwasambyeo	100.0	61.5	82	Sujinbyeo	100.0	41.7
38	Hwaseongbyeo	92.1	7.9	83	Taeseongbyeo	94.3	62.9
39	Ilmibyeo	92.5	25.0	84	Tamjinbyeo	100.0	65.2
40	Ilpumbyeo	100.0	48.6	85	Umbongbyeo	100.0	45.7
41	Janganbyeo	100.0	21.6	86	Undoobyeo	73.7	78.9
42	Jinbongbyeo	100.0	58.3	87	Unjangbyeo	100.0	35.3
43	Jinbuolbyeo	100.0	37.8	88	Weonhwangbyeo	100.0	38.5
44	Jinheung	100.0	82.4	89	Yeonganbyeo	100.0	35.7
45	Jinjubyeo	100.0	68.0				

Table 2. The infection ratio of moderate resistant varieties against to *rice tungro spherical virus* (RTSV).

Varieties	Infection ratio (%)		
	RTBV+RTSV	RTBV ^z	RTSV
Sangjubyeyo	0.0	94.1	0.0
Hwaseongbyeoye	7.9	84.2	0.0
Dongjinbyeoye	8.6	85.7	0.0

^z*Rice tungro bacilliform virus***Table 3.** Genetic analysis of *rice tungro spherical virus* (RTSV) in F2 population derived from a cross Unkwang and Sangju.

Population	RTSV resistance test			Expected ratio	X ²	P-value
	Resistant	Susceptible	Total			
Unkwang/Sangju F2	85	116	201	7 : 9	0.174	0.676

됨을 알 수 있었다(Table 3).

Imbe et al. (1995) RTSV저항성 유전분석 결과 Utri Merah82는 1개의 열성유전자 *tsv-1*을 가지고 있었고, Utri Merah80후대의 F₃ 집단 분석에서 2개의 독립적인 열성유전자 *tsv-1*과 *tsv-2*가 존재한다고 하였다. Azzam et al. (2001) Utri Merah80/TN1이 교배된 F₁에서는 모두 감수성이었으며, 이들의 F₃ 집단에서 저항성, 분리 및 이병성이 각각 7 : 8 : 1로 분리되어 2개의 열성유전자를 가지고 있다고 것을 재확인하였다. 이는 본 연구의 상주벼에서 RTSV저항성 유전분리 양상과 유사한 결과를 나타내었다.

금후 상주벼의 저항성은 *tsv1*과 *tsv2*를 가진 품종과 대립성 검정 등을 통하여 동일한 유전자 유무에 대한 분석이 필요하다. 또한 상주벼의 RTSV 저항성 유전자에 대한 분자생물학적 연구를 지속적으로 수행하여, 통그로바이러스 저항성원의 다양화와 유전자집적(gene pyramiding)을 통한 저항성 안정화에 기여할 것으로 기대된다.

적 요

한국 자포니카 품종에 대한 통그로바이러스병 저항성 검정을 수행한 결과 RTSV에 이병율이 20% 이하로 저항성 반응을 보인 품종은 상주벼, 화성벼, 동진벼 이었으며, RTBV에는 모두 이병성이 있었다. RTSV 저항성 품종으로 선발된 품종 중에서 저항성 반응이 상대적으로 강하면서, 조생종 품종인 상주벼에 대해 RTSV저항성 유전분석을 수행하였다. 감수성 품종인 운광벼와 저항성 품종인 상주벼가 교배된 F₂ 집단을 이용하여 RTSV 생물검정을 수행한 결과 저항성을 85개체, 이병성을 116개체 분리하였으며, 이는 2개의 열성유전자의 이론적 분리비인 7 : 9에 적합하

게 분리되었다. 상주벼의 RTSV 저항성 유전자는 2개의 열성유전자에 의해 지배됨을 알 수 있었다.

사 사

본 성과물은(논문)은 농촌진흥청 연구사업(세부과제번호: PJ 01319602)의 지원에 의해 이루어진 것임.

REFERENCES

1. Azzam O, Imbe T, Ikeda R, Nath PD, Coloquio E. 2001. Inheritance of resistance to rice tungro spherical virus in a near-isogenic line derived from Utri Merah and in rice cultivar TKM6. *Euphytica* 122: 91-97
2. Cabauatan PQ, Cabunagan RC, and Koganezawa H. 1995. Biological variants of rice tungro viruses in the Philippines. *Phytopathology* 85: 77-81.
3. Imbe T, Hashim H, Iwasaki M, Omura T. 1993. Resistance in some japonica rice cultivars to rice tungro spherical virus. *Japan J Breed* 43: 549-556.
4. Imbe T. 1995. The development of stabilization technology for rice double cropping in the tropics. Final Report. IRRI Government of Japan Collaborative Research Project (December 1989 November 1994).
5. Lee BC, Yoon YN, Hong SJ, Hong YK, Kwak DY, Lee JH, Yeo US, Kang HW, Hwang HG. 2008. Analysis on the occurrence of rice stripe virus. *Res Plant Dis* 14: 210-213.
6. Lee JH, Muhsin M, Atienza GA, Kwak DY, Kim SM, DeLeon TB, Angeles D, Coloquio E, Kondoh H, Satoh K,

- Cabunagan RC, Cabauatan PQ, Kikuchi S, Leung H, Choi IR. 2010. Single nucleotide polymorphisms in a gene for translation initiation factor (eIF4G) of rice (*Oryza sativa*) associated with resistance to rice tungro spherical virus. *Mol Plant Microbe Interact* 23: 29-38.
7. Hibino H, Saleh N, Roechan M. 1979. Transmission of two kinds of rice tungro associated viruses by insect vectors. *Phytopathology* 69: 1266-1268.
8. Shim J, Torollo G, Angeles-Shim RB, Cabunagan RC, Choi IR, Yeo YS, Ha WG. 2015. *Rice tungro spherical virus* resistance into photoperiod-insensitive japonica rice by marker-assisted selection. *Breed Sci* 65: 345-351.