

초청-02

벼의 오믹스 정보기반 GWAS 사례연구

김규원¹, 유지민², 피탁탄사쿨 룡나빠², 김동희¹, 남정례¹, 추상호¹, 박상원³, 안일평⁴, 최용수⁵, 조유현⁶, 이영상⁷, 문중경⁸, 박용진^{1,2*}

¹충남 예산군 예산읍 대학로 54 공주대학교 작물오믹스지능육종연구센터

²충남 예산군 예산읍 대학로 54 공주대학교 산업과학대학, 식물자원학과

³전라북도 완주군 이서면 농생명로 166 국립농업과학원 화학물질안전과

⁴전라북도 전주시 완산구 농생명로 370 농촌진흥청 농업생명자원부

⁵강원도 강릉시 사임당로 679 한국과학기술연구원 천연물연구소

⁶경기도 수원시 권선구 매실로 85 시드피아

⁷충청남도 아산시 신창면 순천향로 22 순천향대학교 의료생명공학과

⁸전라북도 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원

[서론]

고품질 벼 신품종 개발할 수 있는 연구 플랫폼으로서, 벼의 유전체/전사체/단백질체/대사체 등 오믹스 정보로부터 농업 유용형질 연관 유전자를 동정하기 위해 진행되는 연구와 그 중간 결과를 소개하고자 한다.

[재료 및 방법]

국립유전자원센터 벼 유전자원과 육성종이 포함된 핵심집단을 구축한 뒤 이에 대한 유전체정보를 해독하였고 그 대한 전사체, 단백질체, 이온체 정보를 구축하였음. 구축된 정보를 활용하여 GWAS 등 다수의 연관분석을 수행하였다.

[결과 및 고찰]

벼 핵심집단 유전체정보 및 변이정보의 해독과 계통유전학적 분석 결과 한국 고유 자원의 다양성을 확인할 수 있었으며 한국에 자생하는 잡초성 벼의 기원에 대해서 확인할 수 있었다. 또한, 엽록체, 미토콘드리아 유전체를 이용하여 계통유전학적 분석 결과 현생 재배종의 다기원설을 지지한 결과를 얻었다. 벼의 미질관련 주요 형질, 기능성물질, 내염성, 병저항성 관련 형질에 대한 GWAS 분석을 수행한 결과 다수의 연관 후보 유전자를 동정할 수 있었다. 전사체, 단백질체 및 대사체 연관분석 결과 미질 관련 발현 조절 추정 유전자 등을 확인할 수 있었다. 또한, 오믹스 결합 분석을 통한 연관 후보 유전자를 확인하였다. 본 연구의 결과는 오믹스 정보를 이용한 신품종 개발 연구 플랫폼으로 육종연구에 활용될 것으로 기대된다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ01116101)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: E-mail, yjpark@kongju.ac.kr