

PB-37

단백질체학을 이용한 야생 호밀의 단백질 기능 탐색조성우^{1*}, 최주영², 강성욱³, 조건⁴, 박철수³Seong-Woo Cho^{1*}, Ju-Young Choi², Seong-Wook Kang³, Chul Soo Park³¹경남과학기술대학교 농학·한약자원학부²충북대학교 농학과³전북대학교 작물생명과학과⁴한국기초과학지원연구원 연구장비 운영부¹Dep. of Agronomy and Medicinal Plant Resources, Gyeongnam National University of Science and Technology, Jinju, 52725, Korea²Dep. of Crop Science, Chungbuk National University, Cheongju, 28644, Korea³Dep. of Crop Science and Biotechnology, Chonbuk National University, Jeonju, 54896, Korea⁴Center for Research Equipment, Korea Basic Science Institute, Cheongju, 28119, Korea**[서론]**

야생 호밀은 재배종과는 다른 특성들을 많이 지니고 있어 재배종들의 유전적 한계를 극복하기 위한 돌파구이며 미래지향적 연구 소재로서 매우 중요하다. 야생 호밀은 재배종보다 열악한 환경에 적응성을 가지고 있을 뿐만 아니라 생물학적·비생물학적 스트레스 저항성도 가지고 있기 때문에 이러한 유용 인자들을 밀과의 육종을 통하여 밀의 유전적 다양성의 확장뿐만 아니라 환경 적응성 향상을 위한 연구가 일본과 중국에서 꾸준히 수행되고 있으나, 우리나라에서는 전혀 연구가 이루어지고 있지 않다. 따라서 이 연구에서 야생 호밀의 단백질체학을 응용한 단백질 기능성을 확인함으로써 유전적 자원으로서의 가치를 증명하고자 한다.

[재료 및 방법]

야생 호밀종인 *Leymus mollis*와 *L. racemosus*를 국내 밀 품종인 금강과 중국 밀(CS)과 단백질 발현양상을 SDS-PAGE와 2-DE를 이용하여 비교·분석하였다. 2-DE 결과를 바탕으로, LTQ Velos mass spectrometer를 이용하여 단백질 기능을 분석하였다.

[결과 및 고찰]

단백질 발현 양상(SDS-PAGE)을 비교한 결과, 고분자서브유닛(high molecular weight glutenin subunit)은 CS가 4개의 주요 밴드를 보인 반면 *L. racemosus*는 2개의 주요 밴드와 4개의 미세 밴드를 보였다. 금강과 *L. mollis*의 수용성 단백질의 발현 양상에는 큰 차이를 보이지 않았다. 2-DE의 분석결과는 HMW-GS(150~250와 50~75 kDa)에서는 *L. mollis*에서 더 많은 단백질 스팟이 확인되었으며, 20~50과 75~100 kDa에서는 금강에서 더 많은 단백질 스팟이 확인되었다. 이러한 단백질 스팟의 수의 차이는 유전적인 특성의 차이뿐만 아니라 단백질의 발현 정도에 차이를 의미하며, 이러한 차이는 금강밀의 유전적으로 향상시킬 수 있는 유전자원으로서의 충분한 가치가 있다고 생각한다.

[Acknowledgement]

본 연구는 차세대 바이오그린21사업(사업번호: PJ0131972019)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*Corresponding author: Tel. +82-55-751-3225, E-mail, chsw@gntech.ac.kr