

PB-027

주성분 분석 기반 GWAS를 통한 다형질 관련 후보유전자 동정

이준경¹, 황선구^{2*}¹상지대학교 식물생명자원학과 학부생²상지대학교 생명환경과학대학 교수

[서론]

세계 3대 식물 자원인 벼는 인구 수의 증가로 식량 자원 확보가 필요한 실정이다. 이로 인해 육종을 통한 수량 증가와 최근에는 기호에 따른 고식미 및 기능성에 대한 관심도 높아져 벼에 대한 신품종 개발이 지속해서 이루어지고 있다. 분자육종에서 차세대 염기서열 분석(Next Generation Sequencing; NGS)은 신속하고 저비용인 유전자 분자 표지 확인 방법이다. NGS기반인 Genome-wide Association Study(GWAS)는 대량의 유전체 정보를 표현형과 같은 다양한 형질에서 관련성을 검증하는 연구 방법이다. 본 연구에서는 26종의 벼 품종의 대량의 유전체 정보에서 10가지 농업형질 관련 유전자 좌위를 탐색하고자 하였다.

[재료 및 방법]

26종의 벼 유전형 정보를 Resequencing된 데이터를 양질의 DNA 단편을 확보하기 위해 적정 Quality의 값만을 분석에 사용하였다. 자료의 정규분포화를 위하여 10가지 농업형질의 PCA는 R package(Library)를 사용하여 분석하였고 주성분 값 PC1, PC2, PC3, PC4의 값만을 GWAS에 사용하였다. 확인된 후보유전자들의 QTL 정보는 3000개의 벼 품종 GWAS 결과 데이터 snp-seek 사이트에서 수집하였다.

[결과 및 고찰]

26개 벼 품종 유전체 정보에서 2,527,855 SNPs와 381,681 Indels를 확인하였고, PCA에서 임계값이 높은 PC1 값을 GWAS에 이용하여 분석한 결과 45 개의 missense SNPs 를 확인, 그 중 통계적으로 유의미한 22개의 SNP를 확인하였고 높은 유의성을 가지는 후보 유전자 3 종을 선발 하였다. 실질적 변이를 관찰 할 수 없었던 23개의 SNPs는 제외 하였고 22개의 missense SNPs 중 Os03g0165000은 흰잎마름병 저항성, Os01g0858000은 줄무늬 잎마름병 저항성, Os06g0587200은 주당 이삭수의 형질에서 해당 SNP를 가지지 않는 식물과 비교하여 높은 유의성을 보였다. 이전 연구에서 해당 후보 유전자가 위치한 QTL 지역이 해당 관련 형질과의 연관성을 확인 하기 위하여 후보 유전자의 SNP 위치를 확인 하였고 그 결과 Os01g0858000의 위치에서는 식물의 무게(qPHT-1), 유아출현(Dth1.1) 등 줄무늬 잎마름병 저항성과는 관련하지 않은 QTL이 확인 되었고 Os03g0165000에서도 개화시기(QTAROqtl-861), 식미(qTA3) 등 흰잎마름병 저항성과는 관련없는 QTL이 확인되었다. 반면 Os06g0587200의 경우 종자의 길이와 폭(qtl-5), 천립중(Tgw6.1), 종자 폭(Gw6)에 관련한 QTL에 속해 있음을 관찰하였고 이는 해당 관련 형질인 주당 이삭수와 연관이 있음을 확인 하였다. 또한, 3개의 후보 유전자들 내에서 발생한 SNP의 존재 여부를 26개 품종에서 확인한 결과, 6개 품종 내에서 동일한 SNP의 발생 빈도를 관찰하였다. 6개 품종의 계통 유연관계는 매우 밀접하였으며 이는 복합내병성 저항성을 가진 밀양벼에서 기원하였다. 따라서 본 연구에서 나타난 후보유전자 중 2개의 내병성 관련 유전자와 1개의 종자수 관련 유전자가 다른 계통들과 비교한 밀양벼 관련 계통들의 유용형질을 조절하는 중요 유전자임을 제시한다.

[Acknowledgement]

본 연구는 2019년도 상지대학교 교내연구과제와 2020년도 한국연구재단의 이공분야기초연구사업과제(사업 번호: NRF-2020R1G1A1006539)의 지원에 의해 이루어졌으며, 이에 감사드립니다.

*주저자: E-mail. sghwang9@sangji.ac.kr