

PB-12

밀 종피색 GWAS에 의한 Cysteine proteinase 동정 및 종자 발아 시 발현 분석

최준용¹, 이명희¹, 강천식¹, 김경민¹, 김경훈¹, 이고은¹, 박진희¹, 조철오¹, 손지영¹, 장기창¹, 최창현^{1*}

¹전라북도 완주군 이서면 혁신로 181, 국립식량과학원 밀연구팀

[서론]

밀은 등숙기 강우로 인해 품질이 저하되는 수발아 피해가 발생한다. 국립식량과학원의 밀 육종 프로그램은 고세대 육성 계통에서 수발아 내성이 강한 자원을 선발하고 있다. 하지만 수발아 내성 우수 계통 선발 과정은 많은 밀 집단을 평가해야 할 뿐만 아니라, 생육 환경에 많은 영향을 받기 때문에 매우 어렵다. 따라서 국내 환경에 적합한 수발아 내성 우수 자원 선발용 유전자 마커 개발이 요구된다. 밀의 종피색은 크게 적립계와 백립계로 나뉘며 거의 대부분 적립계 밀은 수발아에 강하다. 본 연구에서는 밀 핵심집단의 종피색 연관 SNP 마커를 발굴하여 수발아 내성 정도와의 연관성을 밝힘으로써 수발아 내성 선발마커를 개발하고자 하였다.

[재료 및 방법]

밀 국내자원을 포함한 해외 60여 개국 자원의 2,000여 점의 모집단으로부터 614점의 핵심집단을 구축하여 연구를 진행하고 있다. 본 연구에서는 614점의 핵심집단 중 567점의 품종을 국립식량과학원 내 포장에서 재배하였다. 색차계를 통해 종피색 형질을 평가하였고, 35K SNP Chip 정보를 이용한 전장유전체 연관분석(Genome-Wide Association Study, GWAS)을 통해 적립계밀에서 수발아 내성과 강하게 연관된 SNP를 발견하였다. IWGSC v1.1 표준유전체 염기서열을 바탕으로 발굴된 SNP 염기서열 확인하였다. 실험을 위해 수발아에 강한 적립계 품종과 약한 백립계 품종을 선정하였고, 출수 후 45일된 종자(휴면 종자)에 수분을 공급하여 시간별로 RNA 및 단백질을 추출하여 qRT-PCR 및 SDS-PAGE 분석을 수행하였다.

[결과 및 고찰]

567점의 밀 유전자원과 종피색 표현형의 GWAS 결과 3A 염색체에서 $-\log_{10}(P\text{-value})$ 가 5 이상으로 높은 연관성을 보이는 2개의 SNP가 확인되었고, 그중 1개의 SNP는 Cysteine proteinase (CP) 유전자의 exon에 위치하였다. 해당 CP 유전자는 영국의 수발아 RIL 집단 mapping 결과에서도 Phs-A1 수발아 내성 locus와 연관되어 있으며, 종자의 발아 초기에 종자의 호분층 및 배반 주변에서 발현하여 종자 저장단백질을 분해한다. 특히, CP 유전자의 발현은 발아 초기 수분흡수 시간에 따라 달라져 24시간에 가장 많은 발현을 보이며, 글루텐 형성에 필수적인 gliadin을 분해함으로써 초기 종자 발아에 중요한 역할을 한다. 또한, 종피색과 수분흡수 시간에 따라 다르게 발현하는 CP 유전자를 qRT-PCR과 SDS-PAGE를 통해 확인하였다. 위 연구를 통해 동정된 CP 유전자를 분석한 결과 적립계 밀이 백립계 밀에 비해 우수한 수발아 저항성 특성을 가진 것으로 판단되고, CP 유전자를 발아 검정을 위한 마커로 이용하여 수발아 내성을 개선할 수 있을 것이라 기대한다.

[사사]

본 연구는 ‘유전자교정 기반 형질개선 및 육종소재 개발’ 사업(과제번호:PJ016528032023)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*Corresponding author: E-mail, chchhy@korea.kr Tel, +82-63-238-5454