

## PB-004

## RNAseq-derived Differentially Expressed Genes in High-amylose Cultivars UC-1495 and UC-1836

Su Min Seo<sup>1</sup>, Chang Soo Kim<sup>1,2\*</sup><sup>1</sup>Department of Smart Agriculture Systems, Chungnam National University, Daejeon 34134, Republic of Korea<sup>2</sup>Department of Crop Science, Chungnam National University, Daejeon 34134, Republic of Korea**[서론]**

밀은 우리나라에서 두 번째로 많이 소비되는 작물이며 그 쓰임새도 많기에 소비량이 점점 늘어가고 있다. 현재 사람들은 배고픔을 해결하는 것만이 아닌 건강하게 먹는 것을 바라고 있으며 이에 저항성 전분에 관한 관심이 증가하고 있다. 밀의 주된 영양 성분은 전분으로 밀알의 80%가량이 전분으로 이루어져 있으며 아밀로스와 아밀로펙틴으로 나뉜다. 아밀로스의 경우 100-200 DP (중합도)의 짧은 중합체로 이루어져 소화가 천천히 되는 저항성 전분의 함량과 관련이 있으며 아밀로펙틴의 경우 10,000-500,000 DP 빠른 소화로 혈당의 농도를 빠르게 올리며 비만, 당뇨, 등과 같은 성인병과 관련이 있다. 우리는 일반 빵 밀인 금강, 올그루, 오프리 와 고아밀로스 빵 밀인 UC1495, UC1836의 qRT-PCR을 통해서 발현량의 차이를 분석하였고 RNAseq을 통해 고아밀로스 밀의 유전자 발현의 차이를 DEG 분석을 통해 알아보려고 한다.

**[재료 및 방법]**

일반 밀 종자와 고 아밀로스 밀 종자의 전분 합성 유전자 발현량의 차이를 확인하기 위해서 먼저 qRT-PCR로 GBSSI (Granule-bound starch synthase), SSI (starch synthase), SSII 등 유전자를 목표로 primer를 제작하였으며 technical 3 반복을 실시해 오차 범위를 줄였다. 나온 데이터는 ddCT 방법으로 분석을 하였다.

RNAseq을 하기 위해 고 아밀로스 밀 품종인 UC1495와 UC1836의 RNA를 전분 관련 유전자의 활성이 가장 높은 생육단계에서 추출한 후 mRNA-sequencing을 보내 Differentially Expressed Gene(DEG)을 분석해 일반 밀과 고 아밀로스 밀 간의 up-regulated와 down-regulated 값을 찾아내 Heatmap분석, GO 및 KEGG로 고 아밀로스 밀 종자에서 전분 관련 유전자의 활성을 파악해 비교 분석한다.

**[결과 및 고찰]**

qRT-PCR로 나온 데이터들에 유의성은 크게 없었으나 고아밀로스 밀과 일반 밀의 유전자의 발현 값 차이는 나타난 것을 알 수 있었다. DEG를 통해 고 아밀로스 밀과 일반 밀의 DEG에서 전분 관련 유전자들의 유의미한 차이가 예상되며 amylose 관련해서 한 유전자인 GBSS가 유의한 값으로 up-regulated 될 것으로 보인다. 또한, amylopectin 관련한 유전자인 SS, SBE (starch branching enzyme) 등에서 down-regulated 될 것으로 예상된다. 이 효소의 활성 비교연구를 통해 아밀로스의 비율을 높일 수 있는 분자생물학적 기작을 파악하고 이를 육종에 활용함으로써 안정된 수량의 고아밀로스 밀의 육성을 촉진할 수 있을 것으로 기대한다.

**[Acknowledgement]**

This work was supported by the “Cooperative Research Program for Agriculture Science and Technology Development (Project No. PJ01514904)”, Rural Development Administration, Republic of Korea.

\*주저자: Tel. 042-821-5729, E-mail. changsookim@cnu.ac.kr