

PB-009

밀 고온 처리 시 관련 유전자의 차등 발현 분석

최창현^{1*}, 강천식¹, 김정훈¹, 김경민¹, 차진경², 정한용¹, 박진희¹, 손지영¹, 박태일¹

¹전라북도 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원

²경상남도 밀양시 점필재로20 국립식량과학원 남부작물부

[서론]

최근 기후변화에 따른 다양한 내재해성 밀 품종이 요구되며 유전체 데이터를 기반으로 하는 신육종기술(유전체선발, 유전자 교정 등)이 각광받고 있다. 본 연구는 고온 스트레스 반응 정도에 관한 표현형 분석 및 관련 유전자 발현 분석 정보를 구축하기 위하여 밀 핵심집단의 고온내성 표현형 정보를 수집하고 관련 유전자 발현정보를 조사하였다. 이 정보들을 통해 추후 유전체 데이터 기반 정밀 밀 육종 기반 조성에 도움이 될 것으로 판단된다.

[재료 및 방법]

고온 처리 시 관련된 유전자의 발현 분석을 수행하고자 기존에 알려진 고온에 강한 조품 밀과 약한 올그루 밀, 그리고 중간 내성을 보이는 금강 밀을 파종 후 1달 되었을 때 35°C 고온처리 하여 시간대 별로 잎 조직으로부터 합성한 cDNA를 이용하여 스트레스 관련 유전자의 발현 양상을 확인하고자 RNA-Seq 및 qRT-PCR을 수행하였다. 또한 밀 핵심집단 614점의 고온 내성 정도를 파악하고자 파종 후 2주된 유식물을 40°C에서 3시간 처리 후 3일간 정상온도에서 회복시키는 과정을 3차례 수행함으로써 고온에 내성인 계통과 열성인 계통을 구분하였다.

[결과 및 고찰]

고온에 발현하는 유전자의 발현을 고온 저항성 정도가 다른 품종 내에서 차등 발현하는 것을 확인하고자, 고온 내성 정도가 다른 조품(강), 금강(중), 올그루(약) 품종의 파종 후 1달된 식물에 35°C 고온처리하여 시간대 별로 RNA를 추출하고 cDNA를 합성하여 RNA-Seq을 수행하였다. 다양한 ROS 소거 관련 유전자, ABA catabolism에 관여하는 유전자, heat shock protein 중 일부 유전자의 발현이 밀 품종의 고온내성과 일치하는 양상으로 고온처리에 의해 발현이 유도되거나 억제되는 것을 확인하였다. 또한 qRT-PCR을 통해 확인한 결과와도 일치하였다. 현재 고온처리 시 선발된 밀 자원은 출수기 고온 저항성과 연관성을 분석하고 있으며, 이를 통해 더욱 의미 있는 결과를 얻을 수 있을 것이다. 또한 밀 핵심집단의 SNP chip 분석을 통해 얻은 유전 정보를 활용한 GWAS 분석을 통해 더욱 정밀한 고온내성 SNP 마커를 선정할 수 있을 것으로 기대한다.

[Acknowledgement]

본 연구는 ‘밀 내재해성 우수자원 간이 선발 시스템 개발(과제번호: PJ014989012020)’의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

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