

PB-30

밀 고온 저항성 우수 자원 선발 마커 탐색

최창현^{1*}, 손재한², 강천식¹, 김경훈¹, 김경민¹, 차진경³, 정한용¹, 박진희¹, 김유림¹, 손지영¹, 박태일¹

¹전라북도 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 밀연구팀

²경기도 수원시 권선구 수인로 126 국립식량과학원 중부작물과

³경상남도 밀양시 점필재로 20 국립식량과학원 논이용작물과

[서론]

최근 기후변화에 따른 다양한 내재해성 밀 품종이 요구되며 유전체 데이터를 기반으로 하는 신육종기술(유전체선발, 유전자 교정 등)이 정밀육종을 위한 대안으로 거론되고 있다. 이러한 유전체 정보를 기반으로 본 연구에서는 고온 스트레스 반응 정도에 관한 유전자 발현 분석을 통해 고온에 반응하는 여러 유전자를 탐색하고, 이들 유전자들 중에서 밀 품종의 고온 내성 정도와 일치하는 발현 패턴을 보이는 유전자를 선발하였다. 또한 밀 품종간 SNP 변이를 확인하고 고온내성 선발 마커로써 활용 가능성 여부를 판단하였다.

[재료 및 방법]

고온 처리 시 관련된 유전자의 발현 분석을 수행하고자 사용된 품종은 기존에 보고된 고온스트레스에 강한 조품 밀과 약한 올그루 밀, 그리고 중간 내성을 보이는 금강 밀을 사용하였다. 고온처리는 발아 후 7일, 30일(유식물 35°C)과 출수기(40°C)에 실시하였다. 고온처리 후 시간대별(0, 6, 12, 24 시간)로 샘플링한 후 RNA를 추출하고, RNA-Seq과 real-time PCR 분석을 하였다. 스트레스 관련 유전자 중 밀 품종의 고온 내성과 일치하는 발현 양상을 보이는 두 유전자(wheat heat shock induced gene 1, *WHI1*; wheat heat shock induced gene 2, *WHI2*)를 품종마다 클로닝하여 프로모터와 CDS의 염기서열 차이를 비교하였다. 품종간 차이가 발견된 SNP를 바탕으로 SNP 마커용 프라이머를 제작하고 국내 대표 밀 10품종을 평가하였다.

[결과 및 고찰]

유식물과 출수기에 각각 고온 처리한 후 재생능력과 고엽율을 조사한 결과, 성숙기 고온내성과 출수기 고온내성이 유식물의 고엽도와 일치함을 확인하였다. 또한, 다양한 ROS 소거, ABA catabolism과 heat shock protein 관련 유전자 및 전사조절인자들의 발현을 전사수준에서 조사한 결과, 이들 유전자들 중에서 ROS 소거 관련 유전자인 *WHI1* 및 *WHI2* 유전자 발현 양상이 3개 품종의 고온 내성과 일치함을 확인하였다. 각 품종에서 *WHI1*과 *WHI2* 유전자의 프로모터 및 CDS 부분을 클로닝하여 염기서열을 분석한 결과, *WHI2* 유전자와는 달리, *WHI1* 프로모터에서 다량의 SNP가 발견되었다. 금강밀 등 10 품종의 DNA를 추출하여 PCR을 수행한 결과, *WHI1*의 개시코돈으로부터 -325 번째 염기의 SNP(조품과 Chinese spring: T, 금강과 올그루: G)가 고온에 강한 품종을 선발할 수 있는 마커가 될 수 있음을 확인하였다. 본 연구결과가 고온 저항성 밀 품종 개발에 도움이 될 것으로 기대한다.

[사사]

본 연구는 ‘밀 내재해성 우수자원 간 선발 시스템 개발(과제번호: PJ014989012021)’의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

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