

PB-6

GWAS를 통한 밀 저온 내성 연관 유전자좌 및 연관 유전자 동정

최창현^{1*}, 강천식¹, 김정민¹, 김정훈¹, 이고은¹, 이명희¹, 최준용¹, 김유림¹, 최명구¹, 손지영¹, 정한용¹, 장기창¹

¹전라북도 완주군 이서면 혁신로 181, 국립식량과학원 밀연구팀

[서론]

국내 밀 재배환경은 밀 주요 생산국에 비해 월동기가 길고 춥다. 국산밀 품종 육성을 위해서는 추위에 잘 견딜 수 있는 육종재료를 선발하는 것이 매우 중요하다. 국립식량과학원 밀 육종 시스템은 모·부본을 교배한 후 확보한 F₂ 집단을 한랭지(전라북도 남원시 운봉시험지, 해발 400m)에서 전개하여 내한성이 강한 계통들을 가장 우선적으로 선발한다. 그러나 다량의 육성 계통으로 인한 선발의 어려움뿐만 아니라 해마다 월동기 온도의 변화로 인해 정확한 내한성 검정의 어려움이 존재한다. 이를 해결하기 위해 내한성 분자마커 개발이 요구된다. 본 연구는 최근 구축한 밀 핵심집단의 연차별 내한성 평가 데이터를 활용하여 전장유전체분석(GWAS)을 수행함으로써 국내환경에 적합한 내한성 마커를 개발하기 위해 수행하였다.

[재료 및 방법]

국내자원을 포함한 해외 60여 개국 자원의 2,000여 점의 모집단으로부터 614점의 핵심집단을 구축하고, 이중 562자원의 내한성 평가를 통한 표현형과 35K SNP chip 정보를 활용하여 전장유전체연관분석(Genome-Wide Association Study, GWAS)을 진행하였다. 내한성 평가는 농업과학기술 연구조사분석기준(I)에 따라 가을에 파종하여 월동 후 고엽율을 관능평가(1, 20% 이하; 3, 21~40%; 5, 41~60%; 7, 61~80%; 9, 81% 이상)로 수행하였고, 35K SNP 유전자형 정보는 IWGScv1.0 genome sequence 위치 정보가 존재하는 31,926 SNP 정보만을 이용하여 GAPIT3 GWAS package (Mixed linear model, MLM)를 통해 수행하였다.

[결과 및 고찰]

밀 핵심집단의 내한성 연관 SNP 마커 선정은 GWAS를 수행하여 $-\log_{10}(P\text{ value})$ 값이 5 이상을 만족하는 SNP 마커들을 선정하였다. 5A 염색체 장완에서 7개의 SNP가 하나의 QTL을 형성하였고, 출수기 및 개화시기 결정 대표 유전자인 *Vernalization-A1(VRN-A1)*과 저온 스트레스 내성 관련 전사조절 인자인 *C-repeat binding factor(CBF)* 유전자들과도 매우 강한 연관성 보였다. 이 7개의 SNP가 위치한 locus는 713Mb 크기의 5A 염색체 중에서 약 9Mb(약 1.2%) 내에 포함되어 있으며, 이 locus는 최근 276점의 유럽 겨울밀 자원의 내한성 GWAS 결과에서 밝혀진 2개의 주요 locus 중의 하나와 일치함을 확인하였다. 이 결과를 토대로 저온 내성과 출수기 조절 기작에 관한 분자생리학적 이해도를 높일 수 있을뿐만 아니라, 내한성 우수 밀 육종의 선발효율을 증진시키기 위한 유전자 선발 마커 개발 및 유전체선발(Genomic selection) 시스템 구축 시기를 앞당길 수 있을 것으로 기대한다.

[사사]

본 연구는 ‘가공 용도별 밀 품종개발 및 육종효율 증진연구(4단계)’ 사업(과제번호:PJ016771052023)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

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