중부포럼 아카데미

제 29호 (2017. 4. 6.)

이 자료는 최신 국내·외 식량작물 연구동향과 학술정보를 공유하고 우리나라 식량작물의 자급률과 부가가치 향상을 위한 시험연구사업 추진에 활용 하고자 정리한 자료 입니다.

순 서

1. Gene pyramiding enhances durable resistance(김양선) ·····1
2. 새싹보리의 콜레스테롤 대사 개선 효능 연구 (이지혜) ·····3

농촌진흥청 국립식량과학원

중 부 작 물 부

제목	**Gene pyramiding enhances durable resistance**

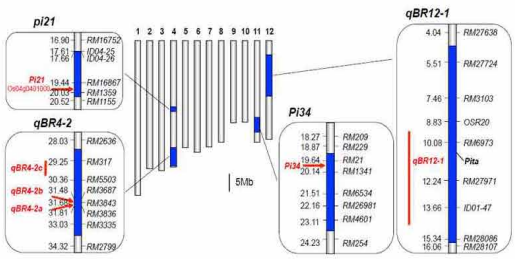
내용

□ Background

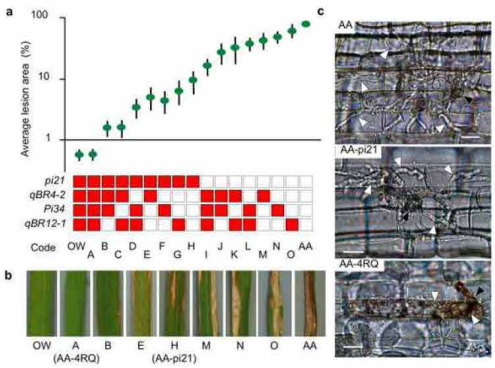
- ❍ Improving disease resistance in crops is crucial for stable food production.
- ❍ Although the use of race-specific resistance genes (R-genes) is a major strategy for disease controls, these genes are vulnerable to counter-evolution of pathogens.
- ❍ Quantitative trait loci (QTLs), which usually have smaller indicidual effects than R-genes but confer broad spectrum or non-race-specific resistance, can contribute to durable disease resistance (DR).
- ❍ DR for blast, a devastating disease of rice caused by the fungal pathogen *Magnaporthe oryzae*, is controlled by multiple genetic loci.
- ❍ Despite the identification of several chromosomal regions for QTLs associated with resistance to *M. oryzae*, most of these QTLs have not been characterized for their spectrum of resistance or for their combined effects.

□ Results

- ❍ One type of DR against *M. oryzae* is found in the durably resistant cultivar Owarihatamochi (OW) and is controlled by four QTLs: *pi21*, *Pi34*, *qBR4-2*, and *qBR12-1*.
- ❍ Researchers separately introgressed the resistance alleles at each of these four loci into a susceptible and well-characterized genotype, Aichiasahi (AA).



Rice blast resistant QTLs in OW



Reistance to *M.oryzae* in four single-QTL near isogeninc lines

제목	Gene pyramiding enhances durable resistance

내용

❍ Combinations of resistance alleles reduced lesion area both in field test and in glasshouse inoculation test with the nine races of *M. oryzae*.

❍ The line with four resistance alleles (AA-4RQ), which carried only 6% of the donor (OW) genome, had an average lesion area of ≤1%, comparable to that of OW.

	QTL genotype[a]					Year 2004		2005		2006		2007		2008		2009		2011		2011		Average (2004–2011)	
Geno-type code[a]	*pi21*	*qBR4-2*	*Pi34*	*qBR12-1*	No. of lines	Lesion area (%)[b]		Lesion area (%)		Lesion area (%)		Lesion area (%)		Lesion area (%)		Lesion area (%)		Lesion area (%)		Lesion area (%)		Lesion area (%)	C.V.[c]
OW	1	1	1	1		0.6 ± 0.06	a	0.7 ± 0.13	a	0.7 ± 0.15	a	0.6 ± 0.05	a	0.6 ± 0.09	a	0.5 ± 0.05	a	0.3 ± 0.04	a	0.8 ± 0.13	a	0.6 ± 0.14	12.3
A	1	1	1	1	3	0.6 ± 0.06	a	0.6 ± 0.12	a	0.7 ± 0.12	ab	0.5 ± 0.05	a	0.7 ± 0.12	a	0.6 ± 0.05	a	0.3 ± 0.04	a	0.7 ± 0.08	a	0.6 ± 0.12	11.1
B	1	1	1	0	2	1.7 ± 0.23	ab	0.9 ± 0.26	ab	1.4 ± 0.20	ab	1.4 ± 0.22	ab	1.9 ± 0.19	ab	1.0 ± 0.14	ab	2.0 ± 0.43	abc	2.4 ± 0.32	ab	1.6 ± 0.50	16.4
C	1	1	0	1	3	1.9 ± 0.24	ab	1.1 ± 0.36	ab	1.4 ± 0.53	ab	1.4 ± 0.24	ab	2.2 ± 0.61	ab	1.6 ± 0.37	ab	0.9 ± 0.19	ab	2.7 ± 0.42	ab	1.7 ± 0.58	17.6
D	1	0	1	1	3	2.3 ± 0.48	ab	3.1 ± 0.82	abc	3.8 ± 1.10	abc	2.1 ± 0.39	ab	5.4 ± 1.40	abc	2.4 ± 0.48	ab	3.1 ± 0.77	bcd	5.1 ± 1.26	b	3.4 ± 1.24	18.1
E	1	1	0	0	2	5.9 ± 1.23	bc	4.3 ± 1.37	abc	2.9 ± 0.82	abc	3.1 ± 1.37	ab	9.0 ± 3.00	bc	6.9 ± 2.41	bc	3.6 ± 0.95	bcd	5.1 ± 1.51	b	5.1 ± 2.09	20.6
F	1	0	1	0	2	4.0 ± 0.94	ab	3.1 ± 0.92	abc	2.8 ± 0.77	abc	4.4 ± 1.11	ab	7.8 ± 2.89	abc	2.3 ± 0.49	ab	5.8 ± 1.49	cde	6.0 ± 1.84	bc	4.5 ± 1.87	21.2
G	1	0	0	1	2	5.3 ± 1.31	bc	4.9 ± 1.44	abc	4.1 ± 1.26	abcd	5.1 ± 1.28	ab	12.7 ± 4.98	bcd	4.5 ± 1.16	ab	7.6 ± 2.01	de	7.3 ± 2.26	bc	6.4 ± 2.82	20.8
H	1	0	0	0	3	12.6 ± 3.15	cd	5.8 ± 1.72	bc	6.4 ± 1.80	bcde	7.0 ± 1.69	bc	15.3 ± 5.60	cd	5.0 ± 1.62	ef	9.4 ± 2.66	ef	13.1 ± 4.09	cd	9.3. ± 3.90	21.9
I	0	1	1	1	3	14.5 ± 3.23	d	10.1 ± 2.76	cd	9.4 ± 2.38	cde	17.6 ± 4.60	cd	25.9 ± 6.92	de	18.2 ± 6.27	cd	15.9 ± 3.94	fg	16.9 ± 4.28	d	16.1 ± 5.17	17.2
J	0	1	1	0	3	19.7 ± 4.40	de	19.5 ± 5.79	de	13.8 ± 3.85	de	27.2 ± 7.35	de	45.1 ± 12.50	ef	33.1 ±10.36	de	22.5 ± 5.91	gh	34.5 ± 8.63	ef	26.9 ±10.18	21.3
K	0	1	0	1	3	22.2 ± 6.20	de	20.7 ± 6.15	de	15.0 ± 4.68	e	37.6 ±10.50	ef	48.2 ± 13.51	f	59.1 ±14.56	f	23.9 ± 6.21	gh	28.4 ± 8.12	e	31.9 ±15.21	27.6
L	0	0	1	1	3	29.2 ± 6.66	ef	32.4 ± 9.07	ef	36.7 ±10.99	f	30.8 ± 8.07	de	56.8 ± 15.92	f	29.2 ± 9.45	de	37.1 ± 8.68	i	38.0 ± 7.60	ef	36.3 ± 8.99	14.3
M	0	1	0	0	3	25.6 ± 7.33	e	38.3 ± 11.03	fg	41.9 ± 11.86	f	48.7 ± 13.50	fg	64.2 ± 16.59	fg	52.2 ± 15.23	f	27.6 ± 5.97	hi	37.6 ± 11.58	ef	42.0 ± 12.82	18.8
N	0	0	1	0	3	38.5 ± 9.50	fg	41.1 ± 12.21	fgh	58.6 ± 16.56	g	55.7 ± 14.55	g	63.6 ± 15.58	fg	45.3 ± 13.95	ef	31.3 ± 6.98	hi	42.6 ± 8.99	f	47.1 ±11.99	15.0
O	0	0	0	1	3	51.4 ± 13.46	gh	54.0 ± 15.46	h	69.9 ± 15.76	gh	65.4 ± 12.35	gh	81.5 ± 13.94	gh	58.6 ± 14.10	f	29.9 ± 7.12	hi	67.4 ± 9.14	g	59.7 ± 15.41	18.3
AA	0	0	0	0	3	63.8 ± 9.42	h	82.7 ± 10.23	i	81.0 ± 11.42	h	73.5 ± 10.47	h	87.1 ± 11.49	h	79.0 ± 11.97	g	67.7 ± 10.18	i	78.1 ± 7.42	g	76.6 ± 7.81	8.6
O'	0	0	0	1	3	46.0 ± 10.58	g	56.0 ± 14.02	gh	Not tested		Not tested		Not tested		Not tested		Not tested		Not tested			
Location						Inabu		Inabu		Inabu		Inabu		Inabu		Tsukuba		Tsukuba		Inabu			
Temp[e]					Ave	23.9 ± 0.97		23.5 ± 1.00		22.6 ± 1.94		23.7 ± 1.21		**25.1 ± 0.86**		**28.0 ± 1.65**		25.0 ± 0.28		22.3 ± 0.35			
(°C)					Max	29.4 ± 1.84		28.9 ± 2.03		26.6 ± 3.98		28.4 ± 2.52		**31.4 ± 1.60**		**33.7 ± 2.55**		29.6 ± 0.34		27.3 ± 0.46			
					Min	19.5 ± 0.93		18.8 ± 1.19		19.5 ± 0.82		18.7 ± 1.24		20.5 ± 1.03		23.2 ± 1.32		21.3 ± 0.28		18.4 ± 0.30			

[a]1, resistance allele; 0, susceptibility allele.
[b]OW: Owanhatanaochi (donor parent); AA, Aichiasahi (recurrent parent). A is also referred to as AA-4RQ. All near-isogenic lines containing the resistance allele at *qBR12-1* carry the donor chromosome segment shown in Fig. S1 except for O', which carries a shorter donor chromosome segment (from RM6973 to ID01-47 in Supp. Fig. S1).
[c]Data in the same column followed by the same letter are not significantly different according to Tukey's HSD test at 5%.
[d]Coefficient of variation across eight trials (arcsine-transformed values were used for statistical testing).
[e]Temperature at test locations during the 2 weeks before scoring, provided by the Japan Meteorological Agency. Temperatures over 25 °C on average and over 30 °C at maximum are shown in bold.

Resistance of near-isogenic lines for *pi21*, *qBR4-2*, *Pi34*, *qBR12-1*, and combinations of these QTLs to *M. oryzae* in field tests.

❍ The near-isogenic lines with four resistance QTL alleles showed comparable resistance to the donor, and more stable resistance than lines with only one or two resistance alleles.

□ Conlusion

❍ This study highlighted the importance of minor QTL alleles for improving the durability of resistance by using experimental lines with a highly homogeneous genetic background.

❍ QTL pyramids can confer strong and environmentally stable disease resistance and important for plant breeders because trait stability is a key requirement for sustainable production of agricultural crops.

출처

☞ **원문출처** : S. Fukuoka. 2015. Gene pyramiding enhances durable blast disease resistance in rice. Scientific Reports 5:7773

번호	72	제출자	재배환경과 박사후연구원 김양선 (031-695-4662)

제목	새싹보리의 콜레스테롤 대사 개선 효능 연구

내용

□ 배경

❍ 보리가 발아된 이후, 10여일 후 수확되는 새싹보리에는 다양한 생리활성 물질이 함유되어 있으며, 특히 콜레스테롤 저하물질로 알려져 있는 식물 왁스 성분인 폴리코사놀이 다량 존재하고 것으로 알려져 있음.

❍ 혈중 콜레스테롤 증가는 심혈관계 질환 및 각종 생활습관병 유발 요인 중 하나로 알려져 있어 적정 농도 유지가 중요함. 이에 콜레스테롤의 혈중 농도를 낮추기 위하여 스타틴 계열의 약물이 사용되고 있었으나, 기능성 식품 성분을 이용한 예방용 식품 개발이 요구됨.

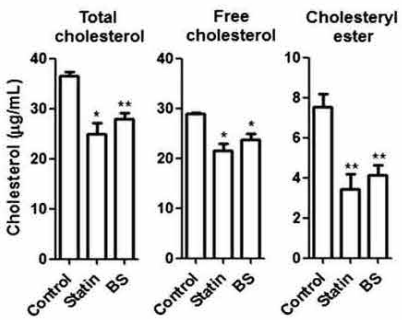
❍ 이에 폴리코사놀과 플라보노이드 등 다양한 생리활성 물질을 함유하고 있는 새싹보리를 배양세포와 실험쥐에 처리하여 콜레스테롤 강하 효능에 대하여 알아보았음.

□ 주요내용

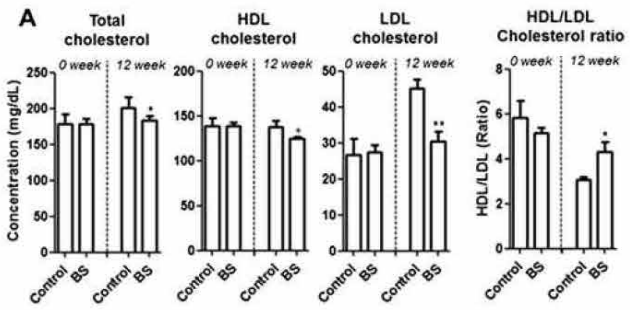
❍ 새싹보리의 기능성 성분

- 폴리코사놀은 콜레스테롤 저하물질로 알려져 있으며, 새싹보리 추출물에서는 g당 5.74mg 정도 함유되어 있음. 그중에서 헥사코사놀이 61% 비율을 차지하여 주요 폴리코사놀로 존재함.
- 폴리페놀은 새싹보리 추출물 g당 19.65mg 함유되어 있으며 대부분 플라보노이드 계열의 물질임. 그 중, 사포나린이 5.34mg이며, 오리엔틴, 비텍신 등의 플라보노이드가 새싹보리의 주요 성분임.

❍ 콜레스테롤 대사에서의 새싹보리의 효능



배양세포에서의 콜레스테롤 농도



비만유도 마우스에서의 혈중 콜레스테롤 농도

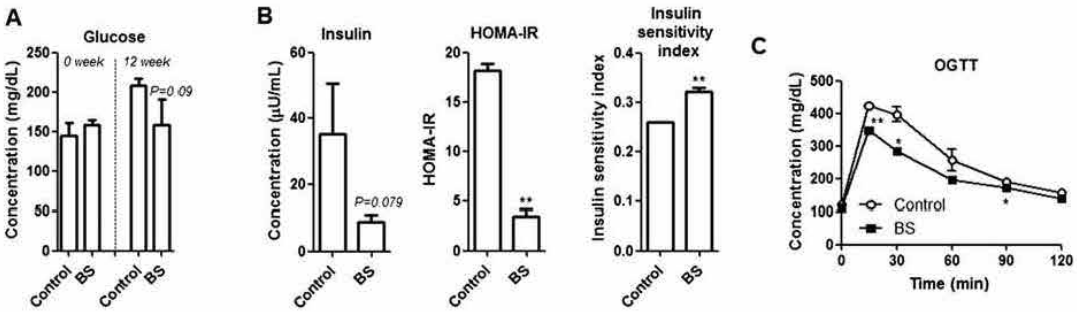
제목	새싹보리의 콜레스테롤 대사 개선 효능 연구

내용

- 간세포와 비만 마우스 모델을 이용한 실험에서 새싹보리 추출물 처리군의 콜레스테롤 농도가 대조군에 대비하여 유의적으로 감소하였음.
- 새싹보리는 콜레스테롤 생합성에 관여하는 효소 (HMG-CoA reductase)의 전사와 활성을 억제하여 콜레스테롤 생합성량을 감소시키는 것으로 기전 연구 결과에서 나타났음.

❍ 새싹보리의 인슐린민감도 개선

- 새싹보리를 섭취한 비만 마우스군에서 인슐린 민감도가 향상되었으며, 이는 내당능 평가에서 대조군 대비 유의적으로 개선된 결과를 나타냄.
- 다양한 생리활성 물질을 함유하고 있는 새싹보리 추출물은 콜레스테롤 대사뿐만 아니라 당대사 개선에도 일부 효능이 있는 것으로 나타남.



비만유도 마우스에서의 혈중 포도당, 인슐린 농도 및 내당능 평가

□ 결론

❍ 폴리코사놀 및 폴리페놀 고함유 새싹보리 추출물은 콜레스테롤 생합성을 억제하고 당대사 개선 효능을 보였음.

❍ 식물유래 콜레스테롤 강하 소재 개발은 고콜레스테롤증으로 인해 발병 가능한 심혈관계 질환, 비만, 지방간 등, 각종 대사 질환을 예방하는데 도움이 될 것임.

출처

☞ 원문출처 : 이지혜 et al. 2015. Barley sprout extract containing policosanols and polyphenols regulate AMPK, SREBP2 and ACAT2 activity and cholesterol and glucose metabolism in vitro and in vivo. Food Res Int. 72, 174-183.

번호	73	제출자	수확후이용과 박사후연구원 이지혜(031-695-4624)