

July 1, 2020

Americas

100 여개 품종의 연구로 토마토의 숨겨진 돌연변이가 밝혀져

하워드 휴스 의학연구소(Howard Hughes Medical Institute, HHMI)의 Zachary Lippman가 이끄는 연구진들은 갈라파고스 제도의 산소풀(orange-berried) 야생종과 케첩과 소스로 가공되는 품종을 포함한 100 여개 품종의 토마토 게놈에서 오랫동안 감춰져 있던 숨겨진 돌연변이를 확인했다. 연구팀의 이번 분석은 모든 식물에 대한 DNA의 긴 사슬 부분을 바꾸는 돌연변이에 대한 가장 포괄적인 평가로, 새로운 토마토 품종들의 생산과 기존 품종의 개선을 가져올 수 있다. Lippman은 그의 연구팀이 확인한 풍미 및 중량과 같은 주요 특성들을 변화시키는 몇가지 돌연변이가 있다고 말했다.

Lippman의 연구팀은 과학자들이 일반적으로 연구하는 것보다 훨씬 많은 돌연변이들을 연구했다. 구조적 변이라고 불리는 이러한 돌연변이는 게놈의 다른 곳에서 DNA의 긴 부분을 복사, 결실, 삽입 또는 이동시킴으로서 DNA의 구조를 변형시킨다. 연구팀은 토마토와 토마토의 야생종에서 이러한 돌연변이를 발견했을 뿐 아니라 식물내에서 어떻게 기능하는지를 알아냈다.

존스홉킨스대(Johns Hopkins University)의 Michael Schatz와 다른 연구팀이 공동으로 수행한 이 연구는 롱리드시퀀싱(long-read sequencing)이라는 기술을 사용하여 토마토에서 20만 개 이상의 구조적 돌연변이를 확인했다. 이들이 발견한 돌연변이의 대부분은 형질을 암호화하는 유전자를 변형시키지 않지만, 이들 돌연변이 대부분은 유전자의 활성을 제어하는 메커니즘을 변화시킨다. 예를 들어, 이러한 유전자들 중 하나는 토마토 열매의 크기를 조절한다. DNA의 구조를 변형함으로써, Lippman의 연구팀은 열매의 생산을 바꿀 수 있었다. 이 유전자가 결여된 식물은 열매를 맺지 않는 반면, 세 개 복제 유전자를 가진 식물은 한 개의 복제 유전자가 있는 식물 보다 약 30% 더 큰 열매를 맺는다. Lippman의 연구팀은 또한 DNA 구조가 형질에 어떠한 영향을 미칠 수 있는지도 보여주었다.

더 자세한 내용은 여기를 참조하시기 바랍니다 [HHMI News](#)

Europe

과학자들, 스웨덴 유전자변형나무의 포장시험 완료

2014년에 식재한 형질전환 하이브리드 포플러나무는 곤충, 곰팡이, 서리 및 기타 비생물적 스트레스 요인에 의한 피해에 대해 얼마나 잘 대응하는지에 대한 평가를 받았다. 이 나무들은 바이오 연료 생산을 위해 더 높은 에너지 수율을 갖도록 되어 있다.

유럽과 미국의 포플러 나무 간 교잡한 하이브리드 포플러나무는 스웨덴에서 바이오연료의 자원으로 알려져 있다. Umeå Plant Science Centre의 연구진들은 바이오 연료 생산을 개선하기 위해 하이브리드 포플러 나무를 유전자 변형시켰다. 형질전환 나무는 세포벽 성분인 자일렌(xylan)의 아세틸화가 감소되며, 나무가 효소에 의해 더 쉽게 분해되어 더 많은 당분을 방출한 다음 바이오 에탄올로 전환된다. 일반 포플러나무는 광범위한 아세틸화 자일렌을 가지고 있어서 이들의 나무에서 바이오 에탄올을 생산하기가 더 어렵다.

유전자변형(GM)포플러나무는 2014년 636그루의 나무를 식재한 Våxtorp에서 4년 동안 유전자변형작물의 취급에 대한 스웨덴 및 유럽의 규정을 준수하면서 포장 시험을 거쳤다. 연구진들은 아세틸화를 줄이기 위해 목재 조직을 표적으로 삼은 것이 바이오 정제를 위한 단단한 재질로 개선할 수 있음을 증명할 수 있었다. 이들은 제한된 변형을 가진 나무가 전체 나무에 변형을 가진 나무보다 해충 피해에 더 취약함을 관찰할 수 있었다. 또한 세포벽 아세틸화 감소는 일반 포플러 나무에 비해 성장과 해충 및 질병에 대한 저항성에 유의한 차이를 일으키지 않는다고 결론지었다. 다음 단계는 추가 계통 선발을 위해 유전자변형 포플러나무를 더 큰 규모로 평가하는 것이다.

더 자세한 내용은 여기를 참조하시기 바랍니다 [Umeå University](#)

Europe

인 흡수를 촉진하는 식물 유전자

식물과 균근 곰팡이는 독특한 관계를 맺고 있다. 식물은 곰팡이가 뿌리에서 살 수 있게 하면서 지방과 당분을 먹게 한다. 그 대가로 곰팡이는 균사라는 광범위한 실모양의 가지를 사용하여 중요한 미네랄 인을 포함한 식물의 주요 토양 영양분을 포획한다. 코펜하겐대학(University of Copenhagen)의 식물환경과학부 연구팀은 곰팡이와 식물 간의 협력을 조절하는 특이한 식물 유전자 CLE53를 발견했다. 인은 식물 성장의 중요한 구성 요소다. 하지만 실제로 작물에 흡수되는 것보다 더 많은 인이 비료에 포함되어 있다. 이 연구에서 식물에 적용되는 인의 30%만이 식물에 도달하는 반면 70%는 토양에 축적되는 것으로 추정했다. 비가 오면 축적된 인의 일부가 하천, 호수 및 바다로 배출될 위험이 있다.

역설적으로, 연구진들은 토양 내 인 농도가 높을 때 식물이 곰팡이와 협력할 가능성이 적으며 영양분을 흡수할 때 더 나빠지는 것을 관찰했다. 연구를 통해 연구진들은 인이 부족한 식물은 CLE53 유전자를 생성하지 않는다는 것을 알게 되었다. 하지만 식물의 인 수준이 높거나 식물이 이미 곰팡이와 공생적으로 관련되어 있을 때는 CLE53 발현이 증가한다.

더 자세한 내용은 여기를 참조하시기 바랍니다 [University of Copenhagen website](#)

Research

유전자교정으로 쌀의 고수확량 및 증진된 향미를 이끌어

광시대학(Guangxi University)와 남중국농업대학(South China Agricultural University)의 연구진들은 수확량이 높고 향이 강화된 쌀 돌연변이체 개발에 성공했다. 이는 유전자교정 도구 CRISPR-Cas9를 사용하여 연구를 달성했으며 *Plant*지에 게재되었다.

곡물 수확량과 품질을 높이는 것은 보통 두 가지 특성을 바꾸는 메커니즘이 길항적이기 때문에 달성하기 어렵지만, 육종가와 소비자 모두에게는 이러한 개선이 필수적이다. 이전의 연구에서는 쌀의 기관 성장을 조절하는 시토크롬 P450 계열과 관련된 유전자로 발견했지만 곡물 수확량을 조절하는 이들의 기능은 불명확했다. 따라서 연구팀은 CRISPR-Cas9를 사용하여 3개의 시토크롬 P450 상동체(*Os03g0603100*, *Os03g0568400*, and *GL3.2*)와 *OsBADH2*를 동시에 교정했다. 쌀 돌연변이는 RNA-시퀀싱 및 단백질 분석을 사용하여 평가되었다.

연구 결과는 높은 돌연변이 효율을 얻었으며, 발생된 돌연변이는 주로 표적 외의 돌연변이가 없는 것으로 나타났다. 이 돌연변이는 다른 농업 특성에 영향을 미치지 않으면서 곡물 크기와 향 화합물의 증가가 달성됨을 보여주었다.

더 자세한 내용은 여기를 참조하시기 바랍니다