

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. 콩잎 에틸렌 처리에 의한 이소플라본 함량 증대(이병원)1
2. Deciphering the Rhizosphere Microbiome for Disease-Suppressive
Bacteria(강인정)3



농촌진흥청 국립식량과학원

중 부 작 물 부

제목

콩잎 에틸렌 처리에 의한 이소플라본 함량 증대

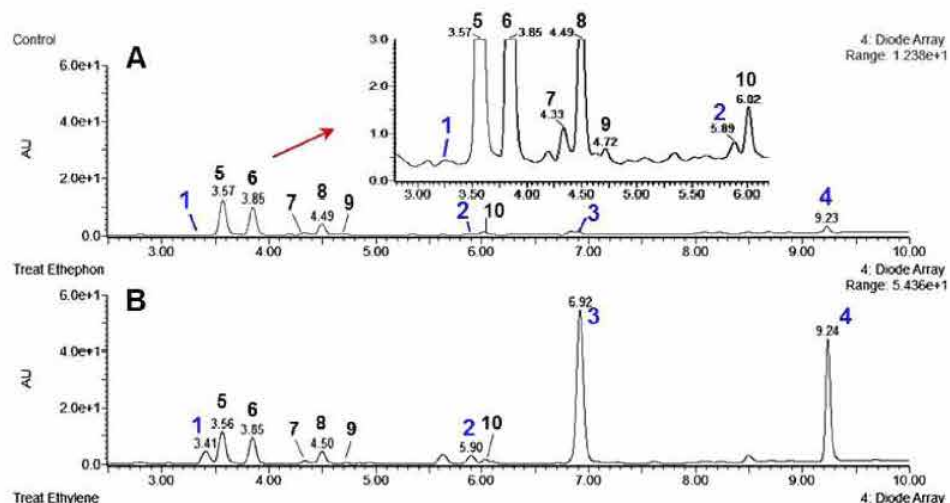
□ 배경

- 에틸렌은 식물의 생장을 조절하는 호르몬으로 이소플라본 등과 같은 대사산물의 합성에 관련된 전사인자를 활성화시킴
- 이소플라본은 두과작물에 주로 분포하고 있는 이차대사산물로 에스트로젠과 유사한 구조를 가짐으로 골다공증 등과 같은 여성병에 효과가 뛰어남
- 이소플라본을 대량 생산하기 위해 다양한 유도인자 처리가 시도되었지만 제한적인 함량 증대만 있어 산업화하기엔 부족함
- 본 연구에서는 콩잎에 에틸렌을 처리하여 대단히 높은 이소플라본을 생산하고 이것으로 UPLC-Q-TOF-MS로 검정함. 또한 RT-PCR을 통하여 에틸렌에 의해 유도된 이소플라본 생합성 유전자를 동정함.

□ 주요내용

- 콩 생육시기 중 R3 시기에 에틸렌을 처리한 결과 malonyldaidzin과 malonylgenistin이 100배 이상 증가하는 것을 볼 수 있었다.

내용

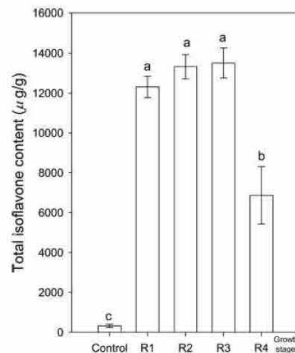


<A: 무처리, B: 에틸렌, 1: daidzin, 2: genistin 3: malonyldaidzin 4: malonylgenistin>

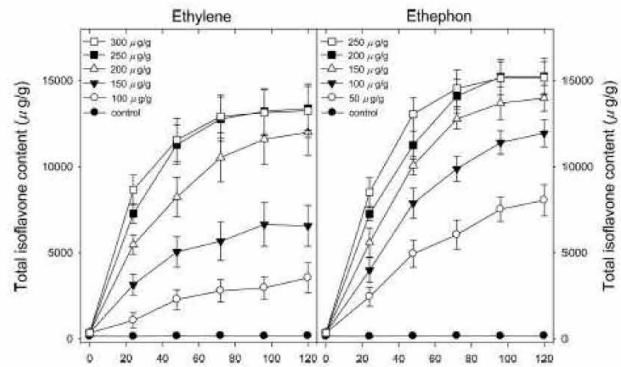
- 콩잎에서 추출된 이차대사산물을 UPLC-Q-TOF-MS로 분석한 결과 4종의 isoflavone glycoside와 6종의 flavone glycoside로 확인되었으며, 이 중 kaempferol glycoside의 함량이 가장 높았다.
- 이전 연구에서 콩잎의 주요 성분은 pterocarpan 유도체이며, isoflavone 함량은 미량으로 함유하고 있는 것으로 알려져 있다.

제목

콩잎 에틸렌 처리에 의한 이소플라본 함량 증대



<생육 시기별 총 이소플라본 함량>

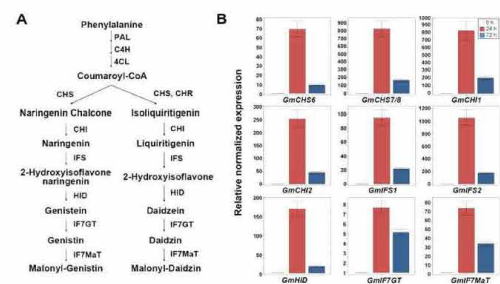


<에틸렌 농도에 따른 이소플라본 함량>

- 생육시기별 에틸렌을 처리하여 총 이소플라본함량을 측정한 결과 R3 시기에서 함량이 가장 높았으며, 에틸렌을 250 μg/g 농도로 처리하였을 때 함량이 높았으며, 에틸렌 처리 후 72시간 까지 이소플라본 농도가 급격히 증가하였다.

내용

- qRT-PCR로 이소플라본 생합성 유전자를 분석한 결과 에틸렌 처리 후 24시간이 지났을 때 이소플라본 생합성 유전자인 *CHS*, *CHI*, *IFS* 등의 유전자 발현이 증가하였고, 72시간 이후로 감소하는 것을 볼 수 있었다.



<이소플라본 생합성 유전자 발현>

□ 결론

- 콩잎에 유도인자인 에틸렌을 처리 식이 이소플라본을 대량으로 생산할 수 있는 대사체 농법을 개발하였다.
- 콩의 생육시기 중 R3시기에 에틸렌을 처리 하였을 때 13,854 μg/g 이상의 이소플라본을 생산할 수 있다. 콩의 이소플라본함량은 평균 2,000 μg/g이다.
- 유전자를 분석한 결과 에틸렌이 이소플라본의 생합성 유전자 발현을 촉진하여 콩잎에 고농도의 이소플라본을 촉진시키는 것으로 밝혀졌다.

출처

원문출처 : Yuk et al., 2016, Ethylene induced a high accumulation of dietary isoflavones and expression of isoflavonoid biosynthetic genes in soybean (*Glycine max*) leaves, J. Agri. Food Chem. 64, 7315–7324.

번호

60

제출자

수확후이용과 농업연구사 이병원(031-695-4625)

제목

Deciphering the Rhizosphere Microbiome for Disease-Suppressive Bacteria

□ Background

- The plant relies, in part, on the soil microbiota for specific functions and traits. In return, plants exude up to 21% of their photosynthetically fixed carbon in the root soil interface(the rhizosphere).
- Soil microorganisms can affect plant growth and health. Even, plants actively recruit beneficial soil microorganisms in their rhizospheres to counteract pathogen assault.
- One well-known phenomenon is the occurrence of disease-suppressive soils, a property conferred by the resident microbiota via as yet unknown mechanisms
- Hence, the aim of this study is to decipher the rhizosphere microbiome to identify such disease-suppressive microbes and to unravel the mechanisms by which they protect plants against root diseases.

□ Results and Discussion

- Before tested, Suppressive soil was identified in field surveys in the Netherlands conducted in 2004. This soil maintained disease-suppressive activity toward *R. solani*(Fig. 1).
- A total of 33,346 bacterial and archaeal operational taxonomic units(OTUs) were detected in the rhizosphere microbiome(Fig. 2A).
- No significant differences were found in the number of detected bacterial taxa (Fig. 2A). However, they found six clusters of samples that corresponded to the six soil treatments(Fig. 2B).

내용

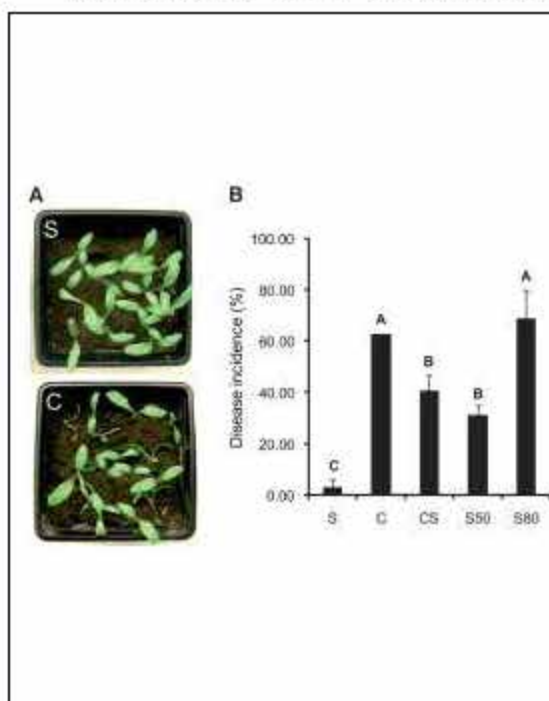


Fig. 1.(A, B) Effect and Percentage seedlings with damping off symptoms of *R. solani* infection on growth of sugar beet seedlings in disease-suppressive (S) and disease-conducive (C) soils

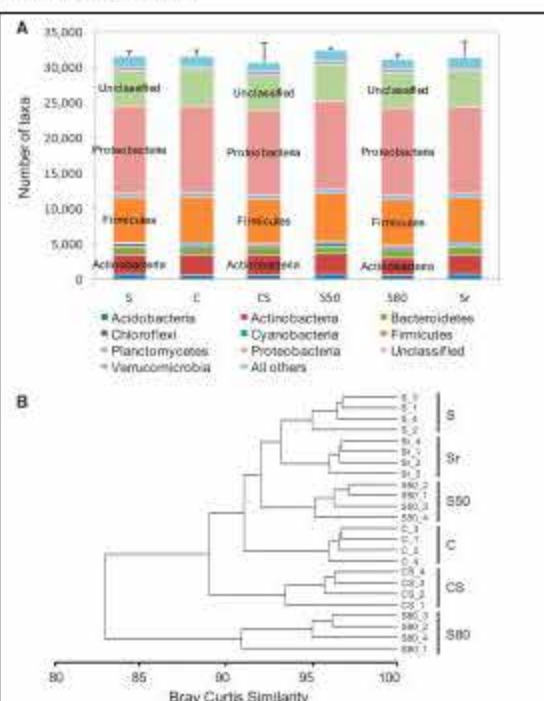
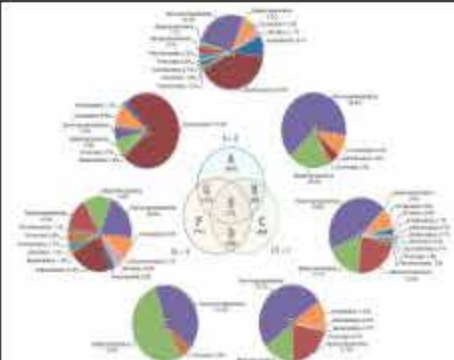
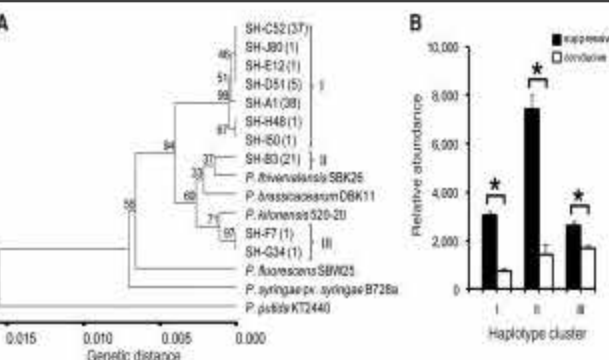


Fig. 2.(A) Number of OTUs passing stage 1 PhyCA. (B) Cluster analysis of the rhizosphere microbiomes of sugar beet seedlings grown in soils

제목	Deciphering the Rhizosphere Microbiome for Disease-Suppressive Bacteria		
내용			
	Fig. 3. Bacterial and archaeal taxa associated with disease suppressiveness.	Fig. 4(A) Hierarchical clustering of 16S rDNA genes of bacterial strains isolated from the rhizosphere of sugar beet seedlings grown in disease-suppressive soil. (B) Relative abundance of haplotype clusters I to III in suppressive and conducive soils on the basis of PhyloChip analysis.	
내용	○ The α- and β- Proteobacteria(Pseudomonadaceae, Burkholderiaceae, Xanthomonadales) and the Firmicutes(Lactobacillaceae) were identified as the most dynamic taxa associated with disease suppression: These were all more abundant in suppressive soil than in conducive soil(Fig. 3). ○ Most of the antagonistic bacterial isolates from the suppressive soil (104 out of 111) were obtained from the growth medium for the Pseudomonadaceae. DNA finger printing grouped the antagonistic isolates from the suppressive soil into 10 haplotypes(SH-A to H-J) and 16S rDNA sequencing confirmed that these isolates belonged to the Pseudomonadaceae(Fig. 4A). ○ Alignments and BLAST searches in the PhyloChip database verified that these haplotypes were closely related(94 to 98% identity) to the five most dynamic Pseudomonadaceae and were more abundant in suppressive than in conducive soil(Fig. 4B). □ Conclusion ○ The multifaceted approach adopted in this study shows that plants can rely on specific constituents of the microbial community for protection against pathogen infections. ○ These findings suggest that the complex phenomenon of disease suppressiveness of soils cannot simply be ascribed to a single bacterial taxon or group, but is most likely governed by microbial consortia.		
출처	 원문출처 : Mendes, R. et al. 2011. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. Science. 332: 1097-1100.		
번호	61	제출자	재배환경과 농업연구사 강인정 (031-895-4666)