

## PB-36

**다양성 분석과 품종판별을 위한 팥 유전체정보 생산과 정보 해석**전재범<sup>1\*</sup>, 정남희<sup>1</sup>, 조철오<sup>1</sup>, 서미숙<sup>1</sup>, 최만수<sup>1</sup>, 김돌이<sup>1</sup>, 진민아<sup>1</sup><sup>1</sup>농촌진흥청 국립식량과학원 작물기초기반과<sup>1</sup>National Institute of Crop Science, Rural Development Administration, Wanju, 55365, Republic of Korea**[서론]**

팥은 일년생 콩과작물로 동아시아에서 널리 재배하고 있으며 최근 3년간 평균수량은 173kg/10a, 2018년 기준 재배면적은 4775ha, 생산량은 89410톤으로 알려져있다. 팥 유전체연구는 2015년도 The Beijing University of Agriculture에서 De novo assembly를 수행하여 Vigan1.1로 명칭하는 유전체를 작성하였다. 그리고 한국에서는 경원을 이용하여 De novo assembly를 수행하였다. 위의 표준유전체(약 538Mb)를 기반으로 팥의 유전체육종과 다양성분석, 품종판별을 위해 팥 유전체 정보를 해석하였다.

**[재료 및 방법]**

공시재료는 종자원에 등록된 14 품종 중 주요 7품종(충주, 아라리, 경원, 흥연, 서나, 흥진, 흥다)을 선택하여 3엽기에 genomic DNA를 추출하였다. TruSeq Nano DNA Kit을 이용하여 library를 구축하고 Illumina platform에서 20X(32.2G)의 데이터량으로 sequencing을 수행하였다. Sequencing로우데이터에서 FastQC-v0.11.8 등을 이용하여 Quality 확인, 어댑터 제거 등의 preprocessing 작업을 하였고 BWA-0.7.17-r1188을 이용하여 표준유전체(Vigan1.1)에 mapping을 하였다. 그 결과 생성된 BAM 파일은 GATK4.0.11.0를 이용하여 vcf 파일을 작성하였다.

**[결과 및 고찰]**

공시재료의 교배모본은 다양하게 구성되어 있으며, 수원38호와 SA9411가 아라리, 서나, 흥진에 공통으로 존재하였다. FastQC의 결과 Q20은 97%정도로 나왔고 Q30dms 92% 정도로 기록되어 sequencing quality에는 큰 문제가 없는 것으로 나왔다. Mapping된 Read의 비율은 95%정도이고 평균 depth는 18X 정도로 기록되어 대부분의 read가 표준유전체에 mapping 되고 depth도 처음 20X 목표에 만족하였다. 7개 샘플에 대한 전체 SNP와 InDel(Insertion/Delection)은 약 140만개를 기록하였으나 mapping quality, base quality, depth 등의 기준에 따라 filtering을 수행하여 false positive를 줄인 SNP와 InDel을 계산할 예정이다. 이를 이용하여 팥 7개 품종에 대한 다양성을 확인하고 품종 특이적 마커와 품종 판별을 위한 마커 조합을 도출할 예정이다. 교배모본정보로부터 7품종의 다양성이 높게 나올 것으로 예상하고 있으나 변이의 유전체 내 위치를 파악하여 다양성을 확인하고 품종 판별이 용이한 마커를 제작하는 데 활용할 예정이다.

**[Acknowledgement]**

본 연구는 농촌진흥청 작물시험연구사업(사업번호: PJ01436701)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: Tel. +82-63-238-5325, E-mail. jbchun01@korea.kr