

PB-45

밀 핵심집단을 이용한 유전체 선발 시스템 구축강유나¹, 김창수^{1,2*}Yuna Kang¹, Changsoo Kim^{1,2*}¹충남대학교 농학과²충남대학교 스마트농업시스템공학과**[서론]**

유전체 선발 방법은 고품질 대용량의 유전형과 다양하고 수치화된 표현형을 기반으로 하여 특정 표현형을 갖는 개체만을 선발하는 디지털 육종방법이다. 기존의 분자 표지법을 이용한 육종보다 육종 기간이 단축되며 검정 형질 수의 증가로 품종 개발의 효율성을 높일 수 있다. 따라서 밀의 효율적인 육종을 위해 핵심집단을 이용하여 유전체 선발 시스템을 구축하고자 연구를 실시하였다.

[재료 및 방법]

본 연구에서 사용된 유전형 데이터는 밀 핵심집단 567점에 대하여 DNA chip array를 통해 생산된 SNP data를 이용하였다. 표현형 데이터는 19개의 농업형질로 입모, 한해, 엽색, 엽폭, 초형, 엽이, 지엽수부, 수형, 종피색, 망장, 간장, 수장, 출수기, 성숙기, 간색, 수색, 망색, 도복, 엽장으로 구성되었으며 해당 형질을 수치화하여 사용되었다. 유전체 선발을 위해 rrlup을 이용하여 유전체 육종 값을 산출하였다.

[결과 및 고찰]

유전체 선발에 적합한 트레이닝 집단 세트의 수를 확인하기 위하여 70%, 50%에 해당되는 개체를 사용하여 예측정확성을 평가하였다. 그 결과 핵심집단의 50%를 트레이닝 집단으로 한 경우보다 70%를 트레이닝 집단으로 한 경우 더 높은 예측 정확성을 확인할 수 있었다. 또 환경에 의한 차이를 알아보기 위해 각각 2018년과 2019년 표현형에 대해 예측정확성을 평가하였다. 그 결과 출수기와 엽이, 간색, 간장, 초형과 같은 표현형에서는 환경요인이 크게 작용한 것을 확인할 수 있었고 수색, 엽폭, 엽장 등의 표현형에서는 환경요인이 크게 작용하지 않은 것을 확인할 수 있었다. 이와 같은 연구를 통해 밀 유전체 선발의 위한 시스템 구축에 기반이 될 것으로 기대된다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ016494)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*Corresponding author: E-mail, changsookim@cnu.ac.kr Tel:*** - **** - ****