

PB-35

## QTL-Seq을 이용한 귀리의 hulless 연관 genomic 영역 탐색

김태현<sup>1\*</sup>, 김양길<sup>1</sup>, 윤영미<sup>1</sup>, 박진천<sup>1</sup>, 박태일<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립식량과학원 작물육종과

### [서론]

귀리(*Avena sativa* L.)는 식량과 동물사료에 있어 매우 중요한 작물이며, 자식성 식물로 A, C, D의 하위 유전체를 가진 이질 배수체로 염색체는 7개, 유전체 크기는 약 12.3Gbp 이다. 귀리 종자는 단백질 함량(12~20%)이 높으며, 사람의 건강에 유익한 베타글루칸, 아베나쓰라마이드 성분 등으로 관심이 높아지고 있다. 귀리는 종자의 외피 유무에 따라 쌀귀리와 겉귀리로 구분된다. 겉귀리는 탈곡 후에도 리그닌이 많은 외피가 종자를 단단히 싸고 있으나, 쌀귀리는 얇고 부드러운 외피가 잘 벗겨진다. 쌀귀리는 외피를 제거해야 되는 비용이나 노동력을 줄일 수 있으며 베타글루칸, 단백질 등의 함량이 높다. 최근에는 염기서열 분석 기술의 발달로 인해 전장유전체염기서열재분석(whole genome re-sequencing) 등을 이용하여 작물의 유용형질 연관 유전자 및 염기서열변이 탐색이 이루어지고 있다. 본 연구는 귀리의 hulless 연관 genomic 영역을 탐색하기 위해 GBS(genotyping by sequencing)를 이용한 QTL-Seq을 수행하였다.

### [재료 및 방법]

식물재료는 겉귀리와 쌀귀리 품종이 교배된 삼한/조양 F<sub>2</sub>, 옥한/Gehl F<sub>2</sub> 집단을 이용하였다. 각 집단에서 수확한 개체를 탈곡하여 개체별 종자의 외피 유무 특성을 쌀귀리 종자(hulless grain)와 겉귀리 종자(hulled grain) 비율로 조사하였고, 집단별로 쌀귀리 종자 비율이 가장 높은 20개체, 가장 낮은 20개체를 QTL-Seq 분석을 위해 선발하였다. 선발된 각 개체의 잎에서 DNA를 추출하였고 GBS를 통한 QTL-Seq 분석을 하였다.

### [결과 및 고찰]

삼한/조양 F<sub>2</sub> 집단의 쌀귀리 종자의 비율은 0.0%~97.8%, 옥한/Gehl F<sub>2</sub> 집단에서는 0.0~100.0%의 범위를 보였다. 쌀귀리 종자의 비율이 70% 이상인 개체의 비율은 삼한/조양 F<sub>2</sub> 집단은 32.7%, 옥한/Gehl F<sub>2</sub> 집단은 6.5%로 큰 차이를 나타내었다. 쌀귀리 종자 비율의 유전은 다수의 유전자에 의해 조절되며, 두 집단의 쌀귀리 종자 비율의 차이는 각 집단의 모부분이 보유하고 있는 종자 외피 관련 유전자(N)가 다르기 때문인 것으로 판단된다. 쌀귀리의 종자 외피 관련 genomic 영역 탐색을 위해 QTL-Seq 분석을 하였다.

### [사사]

본 연구는 농촌진흥청 연구사업(과제명: 국내 육성 맥주보리 및 귀리의 품종 판별 분자마커 개발, 과제번호: PJ0142092021)에 의해 이루어진 것임.

\*Corresponding author: E-mail, kimth6148@korea.kr Tel. +82-63-238-5225