

## PB-22

## 국내 귀리 품종 전장유전체 염기서열 분석을 통한 변이 탐색

라경윤<sup>1\*</sup>, 김지숙<sup>1</sup>, 박명렬<sup>1</sup>, 김유희<sup>1</sup>Kyungyoon Ra<sup>1\*</sup>, Jisuk Kim<sup>1</sup>, Myoung Ryoul Park<sup>1</sup>, Yul-Ho Kim<sup>1</sup><sup>1</sup>국립식량과학원 중부작물과<sup>1</sup>Dep. of Central Area Crop Science, National Institute of Crop Science, RDA, Suwon 16429, Korea

## [서론]

귀리(*Avena sativa* L.)는 6배체이며, 유전체 크기가 11Gb로 커 분자유전학적 연구가 어려웠다. 그러나 차세대 시퀀싱(Next generation sequencing)기술이 발달하고 귀리 OT3098의 reference genome 염기서열이 보고되면서 분자유전학적 연구 기반이 마련되었다. 이에 귀리의 디지털 육종 기반 및 핵심집단을 구축하기 위해 국내 귀리 품종의 전장유전체를 해독하고 변이영역을 탐색하였다.

## [재료 및 방법]

본 연구의 시료는 국립식량과학원에서 각각 2001, 2005, 2007년에 육성한 ‘삼한’, ‘대양’, ‘하이스피드’의 어린잎에서 추출한 gDNA를 사용하였다. TruSeq PCR Free(550)를 이용하여 whole genome library를 구성한 후, Trimmomatic(0.39)프로그램으로 Phred 50 base 이상의 read를 확보하였다. Trimmed data를 BWA(0.7.17-r1198) 프로그램으로 OT3098의 전장유전체 염기서열에 alignment한 뒤 GATK(4.2.0.0)프로그램으로 variant calling을 진행하였다.

## [결과 및 고찰]

‘삼한’, ‘대양’, ‘하이스피드’의 trimmed read를 각각 2,408,108,378, 2,416,803,242, 2,297,176,508개 확보하였으며, trimmed data의 coverage는 각각 32.3, 32.5, 31.3X 이었다. OT3098의 전장유전체에 mapping한 염기 수는 품종별로 각각 10,329,329,326, 10,392,225,953, 10,383,743,016bp 이었으며 평균 depth는 28.3, 28.3, 28.8이었다. Variant calling 결과 세 품종에서 OT3098의 염기서열 대비 총 86,064,846개의 변이가 탐색되었다. 이중 multi-allele variants, false-positive SNP를 제거하고 모든 품종에서 genotyping된 변이만 선발하여 최종적으로 47,951,409개의 변이를 선발하였다. 품종별 변이 종류별로 살펴보면 ‘삼한’의 SNP는 23,632,214개, InDel은 2,225,319개가 탐지되었고, ‘대양’의 SNP는 14,892,973개, InDel 1,564,216개, ‘하이스피드’에서는 19,566,065개의 SNP, 1,892,755개의 InDel이 탐지되었다. 본 연구에서 생산된 데이터들은 육종형질과 연관된 분자마커를 개발하여 핵심집단을 구축하는데 사용할 예정이다.

## [사사]

본 연구는 농촌진흥청 어젠다사업(사업번호: PJ0134612022)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: E-mail. kraa@korea.kr Tel. +82-31-695-4052