

## PB-14

**들깨 재조합자식계통(RILs)의 GBS(Genotyping-By-Sequencing) 데이터를 이용한 고밀도 유전자 지도 작성**

김정인<sup>1\*</sup>, 김상우<sup>1</sup>, 조광수<sup>1</sup>, 이명희<sup>1</sup>, 김성업<sup>1</sup>, 오은영<sup>1</sup>, 이정은<sup>1</sup>, 김민영<sup>1</sup>, 이은수<sup>1</sup>, 김춘송<sup>1</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 국립식량과학원 남부작물부 발작물개발과

**[서론]**

들깨(*Perilla frutescens*)는 우리나라가 원산지인 고유의 작물로 오메가-3계 알파-리놀렌산이 식물 중 가장 많이 함유(60%)되어 있어 건강기능성 원료로 주목 받고 있다. 들깨는 4종 1변종의 식물로 재배종은 4배체로  $2n=4x=40$ 이고, 야생종은  $2n=2x=20$ 의 염색체를 갖고 있다. 재배종 4배체 들깨의 표준유전체는 2021년 중국에 처음 발표되었다. 따라서 재배종 들깨의 유전체 연구는 현재 시작되는 상황이며, 분자표지개발 등의 연구를 위해서 고밀도 유전자 지도 제작이 필요하다. 본 연구에서는 국내 들깨 품종을 활용한 재조합자식계통(RILs)과 GBS(genotyping-by-sequencing) 방법을 이용하여 고밀도 유전자 지도를 작성하고자 하였다.

**[재료 및 방법]**

종실들깨 품종 ‘대실’을 모본으로, 잎들깨 품종 ‘잎들깨1호’를 부분으로 교배하여 육성한 재조합자식계통(RILs) F<sub>10</sub> 267계통을 이용하여 GBS 분석을 수행하였다. GBS library는 single digestion with *ApeK I* enzyme을 사용하였고, 생성된 library는 HiSeqX 장비를 이용하여 시퀀싱을 수행하였다. GBS 분석을 거쳐 생성된 데이터는 adaptor 서열 제거 및 의 filtering 과정을 거쳐 clean reads를 추출하였다. 추출된 데이터는 중국에서 발표된 들깨 재배종 4배체 표준 유전체(ICMM\_Pfru\_2.0)에 mapping 하였다. 양친간 다형성 전체 SNP를 선발 후 MAF, depth 등의 필터 과정을 거친 후 선발된 SNP를 JoinMap 4.0 프로그램으로 유전자 지도를 작성하였다.

**[결과 및 고찰]**

들깨 모·부분과 대실/잎들깨1호 F<sub>10</sub> 267계통을 GBS를 수행하여 표준유전체(ICMM\_Pfru\_2.0)에 mapping 한 결과 유전체 정보는 20개 염색체에 균일하게 분포하였으며, mapping 된 reads의 평균은 98.85%였다. 각 샘플의 raw SNP를 이용하여 들깨 269개 RILs total SNP matrix 849,485좌를 기준으로 필터과정을 거쳐 linkage map 작성용으로 2,499좌를 선발하였다. 최종 선발된 SNP 2,499좌를 이용하여 linkage grouping을 수행한 결과, 들깨의 20개 염색체를 커버하는 유전지도를 만들 수 있었다. 염색체별 55~205개 마커가 사용되어 총 SNP 2,478개를 사용하였다. 전체 길이는 2,287cM이며, 마커의 interval 평균은 1.008cM 이었다. 본 연구를 통해 작성된 들깨의 고밀도 유전자 지도는 들깨 주요 농업형질과 연관된 QTL 분석에 활용될 수 있을 것이다.

**[사서]**

본 연구는 ‘유지작물 품종육성 효율 증진을 위한 선발 기술 개발’ 과제(과제번호: PJ016076)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: E-mail, kji1204@korea.kr Tel. +82-55-350-1228