

PB-25

GBS분석을 통한 메귀리(*Avena fatua* L.) 유전다양성 연구

서혜민¹, 정준성¹, 신재민¹, 정태원¹, 이경준^{1*}

¹국립호남권생물자원관 유전자원연구부

[서론]

기후변화로 인한 식량 안보 문제에 대응하기 위해서 농업생물 다양성과 유전다양성을 강화하는 것이 필요하다. 국내에서는 귀리(*Avena sativa* L.)의 뛰어난 영양학적 가치로 소비가 급격히 늘고 있으나 품종 개발에 있어 작은 교배집단을 사용함으로써 유전적 침식이 우려되며 이를 해결하기 위한 자원의 확보 및 평가가 중요하다. 본 연구에서는 귀리 육종에 있어 유전적 다양성을 넓히기 위해, 국내 도서·연안에서 메귀리(*Avena fatua* L.) 종자를 채집하고 그들의 유전다양성 평가를 위해 GBS 분석을 수행하였다.

[재료 및 방법]

본 연구에서 메귀리 288개체의 종자는 2022년에 고하도, 진도 등 국내 도서·연안 11개 지역에서 채집하였고, 이들은 상온에서 2주간 건조한 뒤 4°C 냉장 보관하여 실험에 사용하였다. 메귀리 288개체 GBS 분석은 Illumina Hiseq X, PE150 platform을 사용하여 수행하였고 지역별 유전다양성 평가를 위해 DAPC (discriminant analysis of principal components), Admixture, Phylogenetic analysis 등을 수행하여 분석하였다.

[결과 및 고찰]

국내 도서연안에서 채집한 메귀리 288개체 GBS 분석 결과 총 5,060,907 SNPs가 확인되었고, 필터링(Missing data<30%, Minor allele frequency>5%)을 통해 최종 10,817 SNPs를 확보하였고, 이를 유전다양성 분석에 사용하였다. 분석결과 288개체는 지역별로 유전적 차이를 나타냈다. DAPC 결과에서 3개의 주성분으로 약 79.2% 수준으로 전체 변이를 설명할 수 있었고, 11개 유전 집단으로 구분된 것이 확인된 반면 Admixture 분석결과에서 메귀리 288개체는 8개의 집단으로 구분되었는데, 이는 지리적, 환경적 영향이 메귀리 집단별 유전적 차이로 나타난 것이라 생각된다. 본 연구 결과는 메귀리 집단을 이해하는데 기초 정보를 제공하며, 수집된 메귀리 종자는 귀리 품종 개발을 위한 육종 재료로 활용될 수 있을 것이다.

[사사]

본 연구는 환경부의 재원으로 국립호남권생물자원관(HNIBR202101115)의 지원을 받아 수행하였습니다.

*Corresponding author: E-mail, lkj5214@hnibr.re.kr Tel, +82-61-288-7976