

2016

한국육종학회-차세대BG21사업단-GSP사업단 공동심포지엄

Gene, Genome & New Technology for Plant Breeding



일시: 2016년 6월 29(수)~7월 1(금)

장소: 청주 라마다플라자 호텔

주 최 : 사단법인 한국육종학회

공동주관 : 차세대BG21사업단 (농생물게놈활용연구사업단, GM작물개발사업단, 식물분자유종사업단),
GSP사업단 (채소종자사업단, 원예종자사업단, 식량종자사업단), 시스템합성농생명공학사업단,
동아대학교 농업생명과학연구소, 서울대학교 채소육종연구센터,
서울대학교 식물유전체육종연구소, 충북대학교 농업과학기술연구소,
제주대학교 아열대원예산업연구소

후 원 : 농촌진흥청, 국립식량과학원, 국립산림과학원, 한국농식품생명과학협회,
한국과학기술단체총연합회

Program

2016 한국육종학회-차세대BG21사업단-GSP사업단 공동심포지엄

Gene, Genome & New Technology for Plant Breeding

2016년 6월 29일(수) ~ 7월 1일(금), 라마다플라자 청주호텔

1일째 [2016. 6. 29. 수]

19:00~	이사회 및 조직위원회의
--------	--------------

2일째 [2016. 6. 30. 목]

09:00~09:50	공동심포지엄 학술발표회 등록 및 포스터 부착
-------------	--------------------------

09:50~10:00	개회식
-------------	-----

09:50~10:00	개회사
-------------	-----

09:50~10:00	- 정영수 교수 (조직위원장, 동아대학교)
-------------	-------------------------

09:50~10:00	환영사
-------------	-----

09:50~10:00	- 조용구 교수 (회장, 충북대학교)
-------------	----------------------

<< 1부 Plenary Session >>

	- 좌장 : 교회종 교수 (서울대학교)
--	-----------------------

10:00~10:40	▶ Doubled Haploid (DH) technology in maize breeding: Application and technology for production of DH lines
-------------	--

10:00~10:40	- Dr. Chaikam, CIMMYT, Mexico
-------------	-------------------------------

10:40~11:20	▶ Finding mineral element transporters for better and safe production of rice
-------------	---

10:40~11:20	- Dr. Jian Feng Ma, Okayama University, Kurashiki, Japan
-------------	--

11:20~12:00	▶ Function of Fibrillin protein in photosynthetic metabolism
-------------	--

11:20~12:00	- 김현욱 교수 (세종대학교)
-------------	------------------

12:00~13:20	점심시간
-------------	------

	- 좌장 : 오대근 교수 (한국농수산대학)
--	-------------------------

13:20~14:00	▶ Revisiting domestication to revitalize crop improvement: the florigen revolution
-------------	--

13:20~14:00	- Dr. Zach Lippman, Cold Spring Harbor Laboratory, USA
-------------	--

14:00~14:40	▶ Manipulating Fruit and Vegetable Quality Traits
-------------	---

14:00~14:40	- Dr. David Brummell, Plant & Food Research, New Zealand
-------------	--

14:40~15:20	▶ Designing Crops for Global Food Security: Digitizing Plant Phenotypes
-------------	---

14:40~15:20	- Dr. Maurice Moloney, Global Institute for Food Security, Canada
-------------	---

15:20~15:40	휴식
-------------	----

2일째 [2016. 6. 30. 목]

〈〈 2부 한국육종학회 분과발표 & 포스터 발표 〉〉

15:40~17:40	▶ 분과발표 OA 수량 및 저항성육종 – 좌장 : 김용호 교수 (순천향대학교), 조영찬 박사 (국립식량과학원)
	▶ 분과발표 OB 품질육종 및 유전변이 – 좌장 : 김보경 과장 (국립식량과학원) 강성택 교수 (단국대학교)
	▶ 분과발표 OC 분자육종 및 유전공학 – 좌장 : 강권규 교수 (한경대학교), 박용진 교수 (공주대학교)
17:40~18:00	한국육종학회 정기총회
18:00~18:20	포스터 발표
18:20~	특별공연 및 간친회

3일째 [2016. 7. 1. 금]

〈〈 3부 Concurrent Session 〉〉

	주요 작물에서 유전체 정보활용 육종가 친화형 인터페이스 연구 소개 (농생물게놈활용연구사업단) – 좌장 : 유의수 박사 ((주)파이젠)
09:00~09:25	▶ 가지과 유전체 활용을 위한 생물정보분석 파이프라인 및 데이터베이스 TGsol 현황 – 조성환 박사 ((주)씨더스)
09:25~09:50	▶ 두과작물 유전체정보 기반 분자육종 활용을 위한 플랫폼 개발 – 최홍규 교수 (동아대학교)
09:50~10:15	▶ 콩 유전체 육종 지원용 Korean Soya Base 소개 – 김남신 박사 (한국생명공학연구원)
10:15~10:40	▶ 벼 유전체육종 연구의 진전 및 소규모 연구실간의 Resource 공유체계 구축 : 재료 정보 프로그램 연구경험 공유 – 박용진 교수 (공주대학교)
	Genome editing and molecular farming (GM작물개발사업단 & 식물분자육종사업단) – 좌장 : 조현석 박사 (국립농업과학원 생물안전성과)
09:00~10:40	▶ Versatile application of CRSPR/Cas9 system in plant research – 배상수 교수 (한양대학교)
	▶ Transgenic plants producing green-vaccine for CSFV(classical swine fever virus) lead on plant biotechnology-based product on market – 손은주 박사 ((주)바이오애플)
10:40~11:00	휴식

3일째 [2016. 7. 1. 금]

《 3부 Concurrent Session 》

	– GSP 채소종자사업단 & GSP 원예종자사업단 ▶ 좌장 : 임용표 단장 (채소종자사업단)
09:00~10:40	▶ 육성가 권리보호와 종자산업의 발달 – 이승인 박사 (국립종자원) ▶ 종자검정서비스 확대를 위한 국립종자원의 전략 – 소은희 박사 (국립종자원) ▶ 좌장 : 노일섭 단장 (원예종자사업단) ▶ Breeding for Pyramiding Target-genes and Selection of F1 Hybrids by Marker Assisted Selection in Tomato – 김명권 박사 (토마토생명공학연구소) ▶ Gene Identification, Expression Analysis and Breeding for Enhanced Glucosinolate Biosynthesis in Brassica – Dr. Arif Hasan Khan Robin (Sunchon National University)
	– GSP 식량종자사업단 – ▶ 좌장 : 조영찬 박사 (국립식량과학원)
09:00~10:40	▶ Specialty corn breeding at Sweet Seeds in Thailand to the tropical world – Dr. Taweesak Pulam (Sweet Seeds, Inc.) ▶ 중국의 벼 육종기술 및 육종 현황 – Dr. Han Longzhi (Institute of Crop Sciences of Chinese Academy of Agricultural Sciences) ▶ Application of Biotechnology in Developing New Rice Varieties For High Temperature Tolerance in the Philippines – Dr. Norvie Manigbas (PhilRice) ▶ Rice production and the change of major diseases during the period of climate change in Vietnam – Dr. Dung Laitien (Plant Protection Research Institute, Vietnam)
10:40~11:00	휴식

《 4부 Plenary Session 》

	▶ 좌장 : 서용원 교수 (고려대학교)
11:00~11:40	▶ CRISPR RNA-guided Genome Editing in Human Stem Cells, Animals, and Plants – 김진수 교수 (서울대학교)
11:40~12:20	▶ CRISPR Genome Editing in Outcrossing Woody Perennials – Dr. CJ Tsai, University of Georgia, USA
12:20~13:00	시상식 및 폐회

OC-08	유전체육종 기반구축을 위한 콩 핵심집단 및 돌연변이 집단 양성 현황..... 42 박수권, 문중경, 황사달, 김둘이, 옥현충, 이춘석, 김선림, 홍하철
OC-09	Pedigree Reconstruction of Korean Soybean [<i>Glycine max</i> L. Merrill] Cultivars 43 Chaeyoung Lee, Jin-Hyun Kim, Joo-Seok Park, Yoram Choi, Hong-Kyu Choi
OC-10	Completion of The Mitochondrial Genome Sequence of Onion (<i>Allium cepa</i> L.) Containing The CMS-S Male-Sterile Cytoplasm and Identification of an Independent Event of the <i>ccmF_N</i> Gene Split 44 Bongju Kim, Kyunghee Kim, Tae-Jin Yang, Sunggil Kim
OC-11	Efficient QTL Mapping Strategy for Agronomical Traits in Pepper (<i>Capsicum annuum</i>)..... 45 Koeun Han, Hee-Jin Jeong, Hee-Bum Yang, Sung-Min Kang, Seungill Kim, Doil Choi, Byoung-Cheorl Kang
OC-12	Bioinformatics Analysis for Transcription Factor Associated SSR Markers Developments and Characterization in <i>Lilium</i> Species 46 Manosh Kumar Biswas, Jewel Howlader, Namhee Jeong, Ujjal Kumar Nath, Md Abdul Kayum, Jong-In Park, Ill-supNou

포스터 발표

수량 및 저항성육종(Breeding for yield increase and resistant variety)

PA-01	서산간척지에서 내염성 콩 계통의 생육..... 49 이정동, 김정화, 김민수, 박철우, 정재은, 아세코바소베틀, 한두호, 송종태
PA-02	Development of an Efficient <i>in vitro</i> Screening Methods for Lily Cultivars Resistant to <i>Botrytis elliptica</i> 50 Ji-Young Jang, Jae-Heung Jeon, Geung-Joo Lee, Hyun-Soon Kim
PA-03	<i>Xoo</i> Bacteria-Mediated Rice Leaf Blight is Prevented by Human Drug Niclosamide 51 Sung-Il Kim, Hak Soo Seo

Efficient QTL Mapping Strategy for Agronomical Traits in Pepper (*Capsicum annuum*)

Koeun Han¹, Hee-Jin Jeong¹, Hee-Bum Yang¹, Sung-Min Kang², Seungill Kim³, Doil Choi³, Byoung-Cheorl Kang^{1*}

¹Department of Plant Science, Plant Genomics and Breeding Institute and Vegetable Breeding Research Center, College of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul 151-921, Korea

²Department of Computer Science, College of Information Science and Technology, KAIST, Daejeon 305-701, Korea

³Department of Plant Science, Plant Genomics and Breeding Institute, College of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul 151-921, Korea

Majority of agronomical traits including plant height, fruit weight, and contents of secondary metabolites are quantitative traits. Identification of quantitative trait locus (QTL) controlling agronomical traits is important for marker-assisted breeding and understanding the mechanism for the traits. To detect the QTLs controlling agronomical traits in pepper (*Capsicum annuum*), we constructed an ultra-high-density bin map using 120 recombinant inbred lines (RILs) from intraspecific cross (*C. annuum* ‘Perennial’ × *C. annuum* ‘Dempsey’). Reads from resequencing of RILs were aligned to the *C. annuum* ‘CM334’ reference genome, and single nucleotide polymorphisms (SNPs) were called. Due to the low coverage (1×) of the reads, there were large number of missing data. Therefore, linked SNPs in one window were combined as bin by sliding window approach and this method could improve the genetic map. The total map length of the bin map was 1,372 cM, and the average interval between 2,578 bins was 0.53 cM. Also for accurate QTL mapping, we evaluated the phenotype repetitively in three different environments. Using the ultra-high-density bin map and the phenotypic data from three different environments, 32 major QTLs were mapped and they controlled plant architecture, leaf, and fruit related traits. Rapid genotyping by resequencing, improvement of genetic map by sliding window approach, and repetitive phenotyping can facilitate efficient QTL mapping for agronomical traits.

Corresponding author: Tel. 82-2-880-4563, E-mail: bk54@snu.ac.kr