

최 중
연구보고서

RAPD마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과
우수계통육성

Development of new rose varieties and fingerprint
DB program for decision of cross-combination by
RAPD markers.

연구기관

주관연구기관 : 전 남 대 학 교

협동연구기관 : 전라남도농업기술원

농림부

제 출 문

농림부 장관 귀하

본 보고서를 “RAPD마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과 우수계통육성에 관한 연구” 과제의 최종보고서로 제출합니다.

2007년 5월 24일

주관연구기관명 : 전 남 대 학 교
총괄연구책임자 : 한 태 호
세부연구책임자 : 한 태 호
연 구 원 : 송 채 은
연 구 원 : 나 인 섭
연 구 원 : 주 지 문
연 구 원 : 김 기 준
협동연구기관명 : 전라남도농업기술원
협동연구책임자 : 기 광 연
연 구 원 : 김 정 근
연 구 원 : 나 택 상
연 구 원 : 이 야 성
연 구 원 : 조 경 철
연 구 원 : 김 성 미

요 약 문

I. 제 목

RAPD마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과 우수계통육성

II. 연구개발의 목적 및 필요성

장미 품종 육성은 19C 말에 사계성인 *R. chinensis*와 *R. multiflora* 및 기타 동양 원산종이 유럽으로 도입되면서 시작되었다. 장미는 다수의 원종 간에 복잡한 교배조합을 통하여 수많은 계통이 만들어졌으며, Hybrid Tea roses, Floribunda roses, Polyantha roses, Miniature roses, Climing roses 계통으로 분류되어 있다. 현재 재배되고 있는 장미는 유전적으로 헤테로성이기 때문에 품종간 교잡에서 다양한 변이가 나타나는 장점이 있으나 교잡 불화합성 등 생식저해요인에 의해 원하는 형질을 모두 갖춘 개체의 출현율이 극히 낮기 때문에 재배농가나 소비자가 요구하는 우수 품종을 육성하는데 어려움이 있다. 교잡친화성 및 유전분석 등에 대한 연구가 지속적으로 이루어져야 할 것으로 생각되며, 국외의 대형육종회사 등에서 이미 이러한 연구를 하고 있어 많은 경험으로 결과물이 있을 것으로 생각되나 기업의 일급비밀로 취급되어 외부에 알려져 있지 않고 있다.

육종재료들의 유전양상과 교잡력 등 교배조합 정보가 외부로 누출되지 않는 점을 DNA marker라는 신기술을 이용하여 역으로 추정할 수 있다. 즉 우수품종과 육종계통들을 DNA marker를 사용하여 fingerprint화시키고 DB를 구축하여 교배조합이 가지고 있는 특성을 예측할 수 있다. DNA fingerprint는 생명체가 갖는 고유한 개체별 DNA의 구조적 차이를 밝히는 기술이다. DNA를 포함한 세포를 얻고, DNA를 분리하여, 그것을 정제하는 것이 유전자 지문 기술의 절차라고 할 수 있다. 초창기에는 제한 효소로 DNA의 특정 부위를 절단하여, 전기영동으로

잘려진 단편들을 크기별로 gel 위에 다시 배열시키는 방법을 사용하였다. 근래에는 DNA 시발체를 이용하여 특정부위를 PCR방법을 이용하여 대량증폭 시켜 gel 상에서 고유의 fingerprint를 취득하는 방법을 일반적으로 사용하고 있다. 또한 유전체 정보가 누적되고 있는 작물의 경우 대량염기서열정보를 이용하여 유용한 fingerprint를 대량 생산하여 유용프라이머 개발에 이용하고 있다.

DNA fingerprint는 1회 사용할 수 있는 샘플의 수가 전기영동 장치의 comb의 수에 따라 제한되는 기술적 제한성이 있어 이를 극복하기 위해 국산 fingerprint DB용 컴퓨터 프로그램을 개발할 필요가 제기 되었다. 이러한 요구에 따라 fingerprint DB는 밴드의 사이즈와 농도에 따라 정렬되어 축적되도록 설계하였다. Fingerprint DB용 프로그램은 국제적 경쟁기반이 약한 화훼분야의 다양한 육종 품목들에 응용 될 것이며, 나아가 타 작물에도 적용이 가능할 것이다.

국내에서 과종되어지는 종자 수는 대략 100,000~200,000립 정도이며 이는 외국의 한 육종회사에서 1년간 과종되는 종자 수 보다도 훨씬 적다. 육종역사의 현저한 차이와 교배화수의 양적차이를 극복하기 위하여 현명한 교배조합을 설계하고 설계된 교배조합의 결과를 국가적으로 공유하고 집적시켜 나아가야하는 필요성이 있다. 이러한 역사적 양적 차이를 극복하기 위하여 fingerprint를 이용하여 우수 품종들의 부모본을 추정하고 half-sib교배법을 통한 대량 교배로 교배 효율 증진 시 부분을 추정할 수 있는 기술을 본 연구에서 제공하고자 한다. 이를 위하여 fingerprint DB용 프로그램에서 얻어진 정보를 이진화하여 교배조합을 분석할 수 있는 다변량 분석 프로그램을 모듈로 제공하게 된다.

우리나라의 UPOV 가입은 지적재산권과 관련 품종보호에 있어서 국제적인 기준에 따라야 하기 때문에 적극적인 국내 품종 개발노력과 육종기술의 배가가 필요하다. 장미의 국내 재배면적은 771ha('02년)이며 생산액은 1,679억으로 수출도 7,113천\$로써 타 화훼작물에 비해 생산량이 많다. 그러나 대부분의 품종은 외국에서 육성된 것으로 최근에는 신품종들의 재배면적이 점차적으로 증가하여 총 재배면적의 약 20% 이상을 차지하고 있다. 외국의 신품종을 농가에서 식재시 주당 1\$의 로열티를 지불하고 있어 신품종으로 갱신할 경우 로열티로 약 600억의 비용이 소모되어 국가 경쟁력의 원인이 될 수 있다. 이러한 국내 화훼산업의 약점을 보완하기 위하여 장기적으로 화훼육종 등 부가가치가 높은 장미사업에 지속적으로 투자한다면 10년 내에 국내시장의 일정 부분을 국내품종이 차지할 수 있을 것이며 수출용 품종의 육성도 가능하리라 생각된다. 또한 이러한 기술들이

축적된다면 국제 경쟁력이 강화되고 궁극적으로 다른 나라에 우리의 품종을 역 수출하여 국내 농업발전에 기여하게 될 것으로 생각된다. 농업에 있어서 육종산업은 농업기술의 척도로 제시되고 있는 세계적인 추세로 볼 때 fingerprint DB를 이용한 우수품종의 효율적인 육종은 우리나라 농업 선진화의 발판이 될 수 있을 것이다. 국·내외 시장의 변화에 따라 농업생산시장이 침체되고 있는 현 시점에서 우수화훼품종의 개발은 국제화된 농산물 시장에 접근을 가능하게 할 수 있다. 선진국 소비형인 화훼작물은 고부가가치 산업으로 새로운 육종방법을 이용한 신품종의 개발이 필수적이기 때문에 부모본을 예측할 수 있는 fingerprint DB를 이용한 우수품종의 효율적인 육종은 화훼산업을 활성화하고 국민전체에 자긍심을 가져다 줄 것으로 생각된다.

Ⅲ. 연구개발 내용 및 범위

“RAPD마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과 우수계통육성” 과제에서 수행한 연구개발 내용 및 범위 요약

연구 개발 목표	연구 개발 내용 및 범위
1. 장미의 fingerprint 기술개발	<ul style="list-style-type: none"> ○ DNA 대량 추출 방법 및 RAPD PCR 조건 탐색 ○ 장미 유전적 다양성을 DB화 하는데 용이한 DNA marker 탐색 (RAPD primer 180종 테스트) 및 primer 20종 선발 ○ 선발된 primer를 이용하여 장미품종 RAPD 분석 수행(대형계 20품종, 중형계 20품종, 소형계 20품종, 원종 5종) ○ 국내육성 우수 8품종과 상응하는 16개 부모종 및 주요 20개 육종교배 친의 100 RAPD marker 분석을 통한 우수 교배조합 설계법 개발
2. 장미 DNA fingerprint DB용 프로그램 개발	<ul style="list-style-type: none"> ○ 이미지파일 조작프로그램 개발 ○ 5M이상 대용량 단일 이미지 파일 인식가능 ○ 반자동 lane 인식기능 구현, 수동 band 인식기능 구현 ○ 인식된 marker 데이터의 정량화 및 위치의 수치화 구현 ○ 기준 마커 인식 기능 구현, 기준 마커의 상대적 거리 계산 기능 구현 ○ 상대적 거리를 이용한 상이 fingerprint간 DB축적 기능 구현 ○ 샘플 이름 관리 및 검색 기능 구현 ○ 품종간 육종약력 추적프로그램 개발
3. 신개념에 의한 장미 교배 모본 선발 및 우수계통 육성	<ul style="list-style-type: none"> ○ 특성조사 자료 분석 및 특수형질 보유 품종 선발 <ul style="list-style-type: none"> - UPOV 조사종 특성별 분류, 분석 및 선발: 60여종 내외 ○ 유전분석을 위한 우수계통 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 유전분석을 위한 계통 선발 <ul style="list-style-type: none"> · '04~'05년 자가수분 계통전개, 미숙배배양, 유전분석 - 장미 결실생리연구 <ul style="list-style-type: none"> · 화분받아올, 결실과 비대, 자가수분 조합의 결실 및 받아올, 배수성 검정 ○ 신개념에 의한 장미 신품종 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 목표 : 새로운 화색, 화형, 방향성, 다수성 등 - '05년 교배조합 : 40조합, 2,000화 내외 - '06년 교배조합 : 40조합, 2,000화 내외 <ul style="list-style-type: none"> · 받아올, 결실을, 교잡친화성 등 조사

IV. 연구개발 결과 및 활용에 대한 건의

1. 연구개발 결과

우리나라 장미는 화훼류 중 가장 비중이 큰 작목으로 전체 화훼 재배면적의 10%, 생산액의 19%를 차지하고 있는 주요작목으로 장미 생산량의 20%정도가 일본으로 수출되고 있다. 하지만 2001년 7월 품종보호대상작물로 지정되어 품종 보호제도 실시가 의무화됨으로서 대부분 외국 육성품종을 재배하고 있는 현실에서 재배농가의 로열티 지불은 불가피한 실정이다. 장미 로열티 2004년 지급액은 40억원, 2005년 70억원, 2006년 120억으로 추정하여 앞으로 농가의 신 품종구입에 따른 비용이 경영비 부담의 주요 요인이 되고 있다. 이러한 화훼농가의 어려움뿐만 아니라 국내 육종산업의 활성화를 위하여 신품종 개발이 절실히 요구되고 있다. 현재의 품종간의 교배에 의해서는 새로운 화형, 화색 등을 창출하기가 어렵기 때문에 육종계통으로 사용할 수 있는 유전자원에 대한 지속적인 탐색과 수집이 필요하다. 하지만 유전자원에 대한 자국 이기주의에 의해 해외로 자원이 유출되는 것을 엄격히 통제하고 있으며 육종 노하우 역시 유출하기가 쉽지 않다. 품종에 대한 종속에서 벗어나기 위해서는 품종간의 교배에 의해 우선 농가에서 가장 필요한 경쟁력 있는 품종을 만들어 농가에 보급하는 것과 육성된 품종의 보급체계를 확립하여 육성품종이 농가에 조속히 식재될 수 있도록 하는 것이 중요하다고 생각된다.

본 실험을 통하여 장미의 fingerprint 기술개발, DNA fingerprint 분석용 데이터베이스 프로그램 개발 및 장미 우수계통육성, 품종간의 교배친화력, 화분발아력, 유전양상 등 기초적인 유전연구와 생리연구를 통한 장미 유전자원의 체계적 관리, 보존 과 분석 데이터를 공유함으로써 우리나라 장미 육종연구의 밑거름이 되었다고 할 수 있다.

국내 장미 육종연구의 토대를 마련하기 위하여 수행했던 “RAPD마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과 우수계통 육성”과제의 결과를 요약하면 다음과 같다.

가. 장미의 fingerprint 기술개발

- 장미 RAPD 분석을 위한 PCR 조건 규명
- 장미의 다량의 polysaccharide로 인한 저효율 PCR 조건의 최적화
- 장미 fingerprint에 적합한 RAPD primer 191종 중 20종 선발
- 국내품종의 fingerprint분석을 통한 부모본 분석을 통한 half-sib 대량 교배법 이용 가능성 제시
- 장미 육종계통별 RAPD 분석을 통한 유전적 거리 분석을 바탕으로 우수교배조합 작성 방법 개선
- RAPD 분자마커를 이용한 장미 품종의 부분·모본 및 F₁ 품종간의 유연관계 및 F₁ 품종들의 교배 양친을 추정 기술 개발
- Fingerprint 결과 분석을 통한 대·중·소형 장미와 야생장미의 관계성 규명을 통한 육종전략 개선
- RAPD 분석 후 프라이머 별 scoring data를 이용하여 교배 양친과 자식세대와의 밴드 분리비 비교분석을 통한 유전연구
- 유사품종 분쟁시 fingerprint 기술을 통한 판별 기술 개발
- 학회지에 논문 투고 및 학회 발표

나. 장미 DNA fingerprint DB용 프로그램 개발

- DNA fingerprint의 이미지 인식 프로그램 개발(5M 이상 대용량 단일 이미지 파일 인식, 반자동 lane ,수동 band 인식, 인식된 marker 데이터의 정량화, 위치의 수치화) (<http://hanth.jnu.ac.kr>)
- RAPD, RFLP, AFLP, SSR, CAPs 등의 DNA fingerprinting 상대적 거리 측정 가능(기준 마커 인식, 상대적 거리 측정)
- 누적된 장미 정보를 바탕으로 품종간 육종약력 추적 및 교배 조합 검색 (Clustering, Nearest Neighbor-Joining 방법, 부모종관계, 교배/결실율 검색)
- 짧은시간에 DNA fingerprinting 패턴들을 간단한 조작을 통해 데이터 베이스화 시킬 수 있는 프로그램 개발
- 인식된 마커 위치의 수치화 기능 구현
- “밴드마스터”(DNA fingerprint 인식 프로그램) 프로그램등록(2006-01-129-003924: 프로그램 조정심의위원회)
- DNA Fingerprint 영상의 휨교정 및 이진화 기술 (특허 예정)

- 장미 육종정보 시스템 개발 및 인터넷 공개(<http://flower.jnu.ac.kr>)
- 품종간 육종약력 추정프로그램 개발(<http://flower.jnu.ac.kr>)
- 학회지에 논문 투고

다. 신개념에 의한 장미 교배모본 선발 및 우수계통 육성

- 특성조사 자료 분석 및 특수형질 보유 56품종 선발
- 유전분석을 위한 계통 육성
 - '04~'05년 자가수분 460조합, 4,264화 교배, 교잡후대 계통전개, 미숙배 배양, 화색, 가지, 향, 꽃잎수 등 유전분석, 화분발아율, 결실과 비대, 자가수분조합의 결실 및 발아율, 배수성 검정
- 신개념에 의한 장미 신품종 육성
 - 신품종 육성을 위한 교배 246조합, 5,112화, 교잡후대 우수계통 선발, 발아율, 결실율, 교잡친 화성 등 조사
- 학회지에 논문 투고 : 품종검색프로그램 분석내용 포스터발표(원예학회)

2. 활용에 대한 건의

국내에서 장미의 신품종을 육성하는데 있어서 육종기간(최소 6년), F₁ 개체의 예측할 수 없는 변이율, 예측할 수 없는 변이율에 의한 많은 시설과 소요 인력, 짧은 육종역사에 의한 육종 know-how 부족 같은 장애요소가 많다. 이러한 국내 육종시장의 취약성 때문에 그동안 외국 품종에 의해 종자 종묘의 연속화가 이루어 졌다. 하지만 이러한 국내육종의 약점을 보완하여 신품종을 육성해 낸다면 국내육종의 수준을 높일 수 있을 것으로 생각된다. 따라서 본 연구 기간 중 수행되었던 RAPD 마커를 통한 장미 유전자원의 분석기술과 마커의 데이터베이스화 기술 그리고 장미 생리연구에 대한 기술을 이용한 유전자원의 체계적인 관리, 보존 및 효율적인 육종 교배조합작성에 이용된다면 우리나라 장미 육종연구발전에 큰 기여가 될 것으로 생각된다. 장미 육종의 효율성을 위해 이러한 장미 육종에 관한 연구를 계속하여 유전자 지도 같은 좀 더 체계적인 유전연구에 대한 투자가 이루어져야 할 것이다. 본 과제의 연구결과를 효율적으로 활용하기 위하여 다음과 같은 방안을 추진하고자 한다.

- DNA fingerprint 데이터를 이용한 효율적인 교배조합 작성에 기여
- RAPD 마커 데이터의 공개를 통한 DNA fingerprint DB 개념을 교육시키고, 전국 지역 농업 기술원과 육종연구소에 권고
- RAPD 마커를 이용하여 정확한 품종 구분을 통한 효율적인 유전자원 관리
- 지역 특화사업단에 품종 구분 등을 위하여 상기 연구능력을 활용토록 할 예정 (예: 각 시, 군 특화사업단)
- DNA fingerprint 인식 프로그램을 <http://hanth.jnu.ac.kr>에 공개하여 국내연구자들 및 국내 장미 육종가들이 참조하도록 함
- 장미 품종의 UPOV조사 DB와 DNA fingerprint DB를 <http://flower.jnu.ac.kr>에 공개하여 유전자원의 데이터의 공개를 통한 효율적인 교배조합을 통한 개인 육종가 활성화에 기여
- 연구성과의 국내외 학회 발표를 통한 기초과학의 체계화 및 국내 육종 산업의 발전에 기여
- 장미의 생리연구를 통한 기초연구자료로 사용
- 장미육종연구의 국제 수준에 발맞춰 국내 자생종(절레, 해당화)을 이용한 장미 유

전체 분석 필요

- 장미 유전체 정보를 이용한 고급 DNA마커 대량개발(SSR, SNP 등)
- 장미 유전체 연구의 결과물 축적을 통한 장미과 식물(배, 사과) 유전체연구기반 조성
과 이를 이용한 육종연구
- 우수육성품종의 품평회를 통한 품종보호 출원
- 국내외 학회지등에 연구결과를 발표하여 장미 육종에 기여
- 연구 결과물들 중 중요한 것들은 특허출원 및 기술이전을 통한 장미 육종의 활성화

3. 현재까지 본 과제와 관련된 연구실적

가. 전문학술지 게재 및 발표

발표자	발표제목	학술대회명	인쇄물 명칭, 통권, 호	년, 월
한태호, 안장순	육종학적 견지에서 바라본 화훼분야 DNA마커의 이용	한국육종학회	2004년 초록집 page 136-138	2004. 06
기광연, 김기준, 최경주, 한태호	장미 품종 및 형질의 유연관계 분석	한국원예학회	2004년 추계 초록집 page 78	2004. 10
한태호, 김기준, 기광연	장미 품종개발의 저변화를 위한 방안(구두발표)	한국원예학회	2005년 초록집 page 18	2005. 10
김기준, 기광연, 최경주, 고갑천, 한태호	Selection of RAPD primer for rose	한국원예학회	2005년 초록집 page 135	2005. 05
나인섭, 기광연, 안장순, 김수현, 한태호	장미 DNA fingerprint 영상 인식시스템 개발	한국원예학회	2005년 초록집 page 135	2005. 05
나인섭, 김수형, 한태호	DNA fingerprint 인식 프로그램 개발	한국작물학회	2006년 초록집 page 136-137	2006. 04
김기준, 이자현, 송영하, 기광연, 김인선, 한태호	Genetic variation of rose cultivars using RAPD markers	한국육종학회	2006년 초록집 page 120	2006. 06
김기준, 최정근, 기광연, 임기병, 한태호,	장미 fingerprinting에 적합한 RAPD primer 선발(학술지 게재)	한국원예학회	원예과학기술지 24(2) :253-257	2006. 06
나인섭, 김지수, 한태호, 김수형	DNA fingerprint영상의 이진화 및 인식에 관한 연구(구두발표, 우수논문상 수상)	한국멀티미디어학회	2007년 한말회 2007-16 page 3	2007. 05
김기준, 송영하, 기광연, 김원희, 김정근, 김광수, 한태호	Rose parentage analysis using RAPD molecular marker	한국원예학회	2007년 초록집 page 137	2007. 06
김기준, 이자현, 송영하, 이지연, 기광연, 이재신, 김성태, 최정근, 한태호	RAPD analysis could distinguish genome septet in rose	한국원예학회	2007년 초록집 page 138	2007. 06

나. 산업재산권

구 분 (발명특허, 실용신안등)	명칭(기술명)	출원국가	출원번호 (출원일)	출원인	등록번호 (등록일)	등록인
프로그램등록	밴드마스터:DNA fingerprint인식 프로그램	대한민국		한태호 나인섭	2006-01-129-003924	한태호 나인섭

다. 전시회 등 참여(전시회, 박람회, 제품설명회 등)

행사주최	행사명칭	참가주체	전시품목	일시	장소
전남농업박람회	장미 육성계통 및 품종전시회	전남농업기술원	장미 신품종전시	04. 10.	전남농업기술원
전남농업박람회	장미 육성계통 및 품종전시회	전남농업기술원	장미 신품종전시	05. 10.	전남농업기술원
ARPC	원예분야 우수기술 발표회	전남농업기술원	장미 신품종전시	05. 10.	aT센터
전남농기원	장미 육성계통 평가회	전남농업기술원	장미 육성품종 전시	05. 11.	강진 칠량
전남농기원	장미 육성계통 평가회	전남농업기술원	장미 육성품종 전시	06. 11.	강진 칠량
국제원예학회	국제 원예학회전시회 참석	전남농업기술원	장미 육성품종 전시	06. 08.	삼양엑스
ARPC	농림과학 기술대전 우수기술발표회	전남농업기술원	장미 육성품종 전시	06. 09.	aT센터
농림부	장미 품종평가회	국내육성기관	장미 국내품종 전시	07. 03.	aT센터

라. 홍보실적

홍보유형 및 매체	제 목	내 용	일시	홍보면(채널)
목포 MBC TV	장미 신제품소개	전남산 장미 신제품 전국 평가회 각광	06. 03. 09	9시뉴스
서울, KBS TV	장미 신제품소개	국산 장미 신제품 관심 가져주세요	06. 05. 24	뉴스광장
신문	장미 신제품소개	새국산 장미 품종육성으로 로열티 절감	06. 11. 14	농축유통신문
인터넷방송	장미 신제품소개	전남농기원 장미 신제품육성 박차	06. 11. 14	아피스방송
신문	장미 신제품소개	전국 평가회출품 각광	06. 03. 11	남도일보
신문	장미 신제품소개	수출 유망 신제품 장미 육성	06. 03. 13	농업인신문
KBS 순천 라디오	장미 신제품소개	5종의 장미 신제품 육성	07. 03. 26	생생라디오
광주 MBC 라디오	장미 신제품소개	육성장미 소개 및 로열티 대책	07. 03. 26	시선집중광주
광주 PBC 라디오	장미 신제품소개	로열티대책 및 장미 신제품 소개	07. 03. 24	함께하는 세상 오늘
목포 MBC TV	신제품 개발	장미 5품종 출원, 로열티 부담 줄인다	07. 03. 24	9시뉴스
KBS 1TV	신제품 개발	장미 5품종 출원, 로열티 부담 줄인다	07. 03. 24	9시뉴스
신문	신제품 개발	신제품 국산장미 5종 선보여	07. 04. 07	조선일보
신문	신제품 개발	신제품 장미 5종 개발 성공	07. 03. 22	광주일보
신문	신제품 개발	고품질 장미 5품종 육성	07. 03. 28	원예산업신문
잡지	신제품 개발	전라남도에서 육성한 장미 신제품	07. 04	디지털농업 4월호

SUMMARY

This study was carried out to improve rose breeding efficiency and to develop effective methods for rose breeding, and to identify rose germplasm. This research was consisted of three parts and carried out for three years. The results were obtained as follows.

1. Investigation of optimal RAPD PCR condistion and selection of RAPD primers

This study was conducted to select random amplified polymorphic DNA (RAPD) primers for showing reliable polymorphism in roses. The rose genomic DNA concentration for polymerase chain reaction (PCR) was from 1 to 20ng and annealing temperature was from 35 to 40°C. *Taq* polymerase concentration was appropriate in 1.0 unit. Band patterns were distinguishable in 155 primers out of 191 primers and the 100 primers were reproducible. Twenty primers were selected with distinguishable and over 80% reproducible polymorphism on agarose gel. This study will support Korean rose breeding program and the fingerprints obtained in this study were uploaded on the internet site; <http://hanth.jnu.ac.kr>.

2. Genetic diversity study of rose cultivars using twenty RAPD primers

In the previous work, 191 RAPD primers were screened and 20 RAPD primers were selected based on their reproducibility and number of bands. In this study 16 RAPD primers were used against 51 rose cultivars (17 Hybrid Tea, 16 Floribunda, 14 Spray and 4 Wild species) to calculate a distance matrix, which was clustered by using neighbor joining method with the

software package TREECON (ver 1.3b). A total of 242 markers were produced ranging from 200 to 2,000bp. In overall roses were grouped after their origin and their morphology as we have expected. Only few cultivars were allocated into other groups. Wild species were clearly separated from other groups and acted as an outgroup. It is suggested that long history of artificial selection in rose resulted in the clear genetic separation. Interestingly, rose from Hybrid Tea and Floribunda were intermixed depicting the closer genetic history.

3. Investigation of parental lines and their progenies or domestically bred rose using RAPD markers

Rose has complex genetic background due to spontaneous, artificial crosses, and various polyploidy levels. This extreme genetic complexity hindered the identification of the parental genotypes. In reality, the exact pedigree would not be released in public. Therefore, identification of genetic background of elite cultivars will greatly facilitate the rose breeding program. This study was carried out to study the power of RAPD analysis for the parentage identification with rose. Thereby, 8 parents and 24 F₁ progenies were used in this study. Analysis was performed using 18 random primers with 10 base pair and 2 random primers with 12 base pair. Total 188 amplified bands were scored from 20 RAPD primers. Size of the amplified DNA was mostly between 200bp and 3000bp. Dendrogram based on cluster analysis was consisted of 4 groups. Group I was divided into two sub-groups, which were Nicole(♀) × Extase(♂) progeny group and Nicole(♀) × Oklahoma(♂) progeny group including their parents. Also, the rest three groups were well clustered with parents and F₁ progenies. Genetic distance ranged from 0.04 to 0.25, and was very narrow. Principal co-ordinate analysis was able to distinguish both parents and F₁ progeny. Consequently, we could predict F₁ progeny and parental types through RAPD analysis. The RAPD marker

technique could be served as a useful tool for parentage identification and genetic variation within the cultivars. This work is expected to facilitate the rose breeding program in Korea.

4. Development of DNA fingerprint analysis program

DNA fingerprint program has been developed that is able to recognize JPG, BMP format files and import 5Mbyte sized files. It can dissect the fingerprint into lane and band either manually and semi-automatically, then produce the histogram of the markers. Quantification of the histogram produced overall data. Each lane got a threshold and markers were converted into binary data. All the fingerprints must contain ladder lane as a reference. The size of the individual band of the reference can be manually digitized into each database. Accumulated marker data can be analyzed with an embedded program, which can calculate the genetic distance by using clustering method and produce the dendrogram. This modulated program will facilitate the design of cross combination during the rose breeding program and identify putative parental lines during the application of half-sib breeding strategy.

5. Investigation of rose breeding traits and selection of elite lines

The breeding traits of 420 rose germplasm was gathered and used for the clustering analysis using sokal and sneath's coefficient. We found significant correlations among the traits, such as new shoot emergence, front petal, petal stripe on the back, presence of prickle. The genetic distance of flower shape, flowering habit and position of pistil and stigma showed 0.1~0.2 GD, depicting their close relationships. In the aspect of germplasm, the genetic distance among nicole, queen-elizabeth and my-heart was rather distant with 0.24 and 0.3 GD, precluding the use of their cross combination. In total, we selected 56 parental lines for the further breeding program based on the traits

like flower shape, flower color, vigor, fragrance, prickle, disease resistance, and productivity. Twenty four lines were selected based on flower shape and flower color. Four lines were selected based on growth vigor. Eight lines were selected based on fragrance. Nine lines were selected based on productivity. Eight lines were selected based on the powdery mildew resistance. In addition, forty six selected breeding lines were originated from the standard type and the rest other 10 line were spray type.

6. Selection of elite breeding lines for the genetic studies

1) Investigation and selection of elite breeding lines for the genetic studies

In 2004 and 2005, 216 and 244 cross combinations were conducted as planned and 2,017 and 2,247 selfings were conducted, respectively. The first year in 2004 selfings resulted in successful 209 hips in 63 cross combinations. Consequently, we obtained 124 plantlets out of 27 cross combinations. Out of total S_{1s} 37 lines were selected based on the flower color and 185 flowers from 37 cross combinations were conducted in order to produce S_2 lines. The result of the selfings from second year in 2005 gave 542 hips from 115 cross combinations. Subsequently, fertilization success rate was 24.1% and seedling success rate was 16.4% by obtaining 776 plantlets from 4,244 sown seeds. In order to create S_2 lines, 28 selfed lines were selected by flower color. Those selfed lines will be used for further inbreeding process.

Because some selfing combinations were recalcitrant to obtain seeds, immature and mature embryo rescue were conducted and confirmed the induction of embryonic callus. However, those calli were not latent to regenerate plantlets and remained as non-embryonic calli.

Morphological traits such as flower color, fragrance, level of prickles, and petal numbers were investigated and compared against S_1 population.

2) Physiological investigation of rose reproduction system

Rate of normal pollen and pollen viability were studied with pollens collected from 218 rose germplasms. Elite germplasms with high pollen viability were Sentina, March, Spice, Pepita, Chinchin, Inca, and then Sweethoney. Fertilized hips were enlarged vividly until 45 days after pollination and showed slow growth. No distinct difference was not observed between selfings and crossings. High selfing rate more than 81% were 30 rose germplasm such as Queenelizabeth and Bluebazo. Moreover, four lines were selected for high germination rate more than 81% such as Summer dream. Chromosome numbers were counted for 10 germplasm by staining root tips with DAPI method. 4 garden rose including Queen-elizabeth and five hybrid tea rose including Carnidal were tetraploid, and *R. multiflora* (Chilewonye #1) was diploid.

7. Development of rose cultivars with new strategy

1) Development of breeding lines using year 2005 crossings

Based on selected parental lines 89 cross combinations were prepared and 1,773 flowers were fertilized. As a result, successful fertilization rate was 13.9%. Thereby, 1,342 seeds were sown and showed 10.7% germination rate. Consequently, 143 plantlets were included in the first selection process and 9 lines were selected like JR0501-03. In further investigation more detailed traits will be conducted and finally productivity will be confirmed. Crossability and germination rate were investigated based on all the cross combinations. As a result, three combinations such as Carnidal and Redsandra showed more than 81% seed formation. In order to study the effect of parental lines on seed formation rate, two cultivars (Redsandra and Carnidal) were provided stigma as maternal side and diverse cultivars provided their pollen as paternal side. As a result, various seed formation rates (5.0%~96.7%) were observed showing the cross compatibility between parental lines.

2) Development of breeding lines using year 2006 crossings

Final cross combinations were conducted in 157 combinations, and 3,339 flowers were fertilized.

As a result, successful fertilization rate was 49.5% higher than year 2005. Thereby, 26,645 seeds were sown and 5,159 seeds were germinated showing 19.4% germination rate. Young seedlings with two leaves were transferred into 10cm sized pots and are under the close observation for the further selection. The rate of fertilization and germination were analyzed for each cross combination. Twenty six cross combinations including vital and shasha showed more than 81% of fertilization rate. Three cross combinations including nobleless and shasha showed more than 41% germination rate.

CONTENTS

Chapter 1 General Introduction	25
Chapter 2 Trend of Domestic and International Technical Development	27
1. Domestic review	27
2. International review	29
Chapter 3 Major Research and Results Obtained	30
1. Development of rose fingerprint technique	30
1) Investigation of optimal RAPD PCR condistion and selection of RAPD primers	30
2) Genetic diversity study of rose cultivars using twenty RAPD primers	45
3) Investigation of domestic bred rose parental lines and their progenies using RAPD markers	53
4) Summery	70
2. Development of DNA fingerprint analysis program	72
1) Introduction	72
(1) Fingerprint DB program instillation	72
(2) Import and export, file format	77
(3) Flow of the program	77
(4) Parentage identification program	85
(5) RIRS (Rose Information Retrieval System)	86
(6) Major program resources	97
2) Summery	144

3. Selection and development of breeding materials based on the new strategy	145
1) Investigation of rose breeding traits and selection of elite lines	146
2) Selection of elite breeding lines for the genetic studies	150
3) Development of rose cultivars with new strategy	175
4) Summery	186
 Chapter 4 Accomplishment and Contribution	 188
Chapter 5 Practical Use of Research Results	191
Chapter 6 Foreign Scientific Information	192
Chapter 7 Referenes	198

목 차

제 1 장 연구개발과제의 개요	25
제 2 장 국내외 기술개발 현황	27
제 1 절 국내기술개발 현황	27
제 2 절 국내외 기술개발 현황	29
제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과	30
제 1 절 장미의 fingerprint 기술개발	30
1. RAPD PCR 조건 탐색 및 프라이머 테스트	30
가. 재료 및 방법	30
나. 결과 및 고찰	34
2. 다형성 프라이머 20종 선발 및 장미 계통별 RAPD 마커 분석	45
가. 재료 및 방법	45
나. 결과 및 고찰	48
3. 국내육성 우수 품종과 부모종 RAPD 마커 분석	53
가. 재료 및 방법	53
나. 결과 및 고찰	55
4. 적요	70
제 2 절 장미 DNA fingerprint DB용 프로그램 개발	72
1. 개요	72
가. Fingerprint DB용 프로그램 설치 환경 및 방법	72
나. 입출력 파일 형식	77
다. 프로그램 실행 및 구성	77
라. 교배조합예측 프로그램	85
마. 장미 종합정보검색시스템(RIRS)	86
바. 주요 프로그램 소스	97
2. 적요	144

제 3 절	신개념에 의한 장미 교배모본 선발 및 우수계통 육성	145
1.	장미 특성조사 자료분석 및 특수형질 보유품종 선발	145
가.	재료 및 방법	145
나.	결과 및 고찰	145
2.	유전분석을 위한 우수계통 육성	150
가.	재료 및 방법	150
나.	결과 및 고찰	152
3.	신개념에 의한 장미 신품종 육성	175
가.	재료 및 방법	175
나.	결과 및 고찰	175
4.	적요	186
제 4 장	목표달성도 및 관련분야에의 기여도	188
제 5 장	연구개발결과의 활용계획	191
제 6 장	연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보	192
제 7 장	참고문헌	198

제1장 연구개발 과제의 개요

국내장미 재배면적은 751ha이고 총생산량의 20%가 수출되고 있다. 현재 국내 등록된 장미품종은 281여종이고 국내에서 개발된 품종은 100여종이나 실제 농가에서 재배되고 있는 품종은 소수에 제한되어 있다. UPOV 가입 후 많은 장미농가들이 비싼 로열티 지불의 위협을 받고 있어, 로열티 협상을 이롭게 하기 위해 서라도 국내 품종 재배면적을 넓혀야하는 시점이다. 또한 공격적인 방안으로는 보다 많은 국내 품종을 개발하여 품종 수출을 통하여 로열티를 외국에서 받도록 하는 것이다. 국내에서 개발된 장미품종은 1990년 초부터 시작하여 모두 정부기관에서 개발한 품종이며, 차츰 경쟁력이 있는 품종이 나올 정도의 육종 노후화가 쌓여가고 있다. 이제는 쌓여진 기술력을 바탕으로 개인 육종가 집단을 육성하여 육종 인력의 직·간접적인 대량 확보와 이에 따른 교배화수의 절대량 증가를 유도하여 보다 많은 교배에서 선발이 이루어지도록 유도해야한다. 개인 육종가들에게는 육종에 필요한 기술 및 육종재료보급과 재료의 식물학적 정보가 제공되어야 한다. 따라서 장미육종 정보은행 시스템 개발이 필요하다. 본 시스템에는 개인 육종가들이 사용할 수 있는 중간 모본의 정보가 체계적으로 정리되어 열람 및 등록이 가능해야 한다. 보급될 수 있는 중간 모본의 정보로는 배수성, 염색체 수, 화분 발아율, 결실율, 씨앗 발아율, 유전적 다양성, 변이 발생률, 계통 가계도 등과 함께 일반적 식물의 특성 등이 통합되어 DB화 되어야 한다. 이러한 DB의 기초가 될 수 있는 작업으로 전남기술원에서 450여 품종의 UPOV형질조사 DB를 이용할 수 있다. 또한 유전적 다양성을 조사하기 위하여 191종의 RAPD primer 들이 테스트 후 다형성이 높은 프라이머가 선발되면 장미유전자원의 fingerprint 화를 통한 DB화 작업의 기초 자료로 사용될 예정이다. 또한 보다 정밀하게 유전적 다형성을 검사할 수 있는 AFLP와 SSR 마커의 이용도 기대된다. 대부분의 장미품종이 4배체라는 것은 단지 추정일 뿐이고 아직까지 염색체 수를 정확히 세어보거나 염색체 양을 측정하여 배수성을 측정하는 자료조차 대단위로 이루어진 적이 없어 이를 위한 작업이 필요하다. 국내 장미 육종 활성화를 위하여 국내 각 정부기관 및 각종 사회단체에서는 국산품종의 국내시장 확보 차원에서 국산 장미품종의 구매운동을 전략적으로 전개할 필요가 있다. 예를 들면, 학교의 조경수, 도로의 가로수, 건물의 정원수 등에 보급될 수 있을 것이다. 이는 국내 개인

육종가 층의 확대에 완충작용을 해줄 수 있을 것으로 기대된다. 국내 육성 품종 중 우수하다고 판단되는 품종 10여종을 본격적으로 농가에 보급하고 있는 단계에 서있다. 육성품종을 농가에 신속히 보급하기 위해서는 건실한 종묘업체의 육성이 중요한 일 일 것이다. 또한 국내 각 정부기관 및 각종 사회단체에서는 국산 품종의 국내시장 확보를 위하여 국산 품종구매를 위한 홍보를 전략적으로 전개할 필요가 있다. 기관, 개인 육종가, 대학이 참여하여 산학연체제로 품종육성을 위한 힘을 보태면 머지않아 국내 재배면적의 10%이상을 점유할 수 있으리라 예상된다. 따라서 외국에 비하여 절대적으로 짧은 역사를 가진 국내 장미 육종프로그램의 육종효율을 증진시켜 외국과의 시간적 차이를 극복할 수 있는 도구로써 DNA 표지인자의 이용법과 fingerprint DB화 작업을 시급히 도입하여 체계적이고 효율적인 육종프로그램을 작성할 수 있다면 국내 장미육종기술을 한 단계 발전시킬 수 있을 뿐만 아니라 수입된 장미 품종과의 경쟁에서 이길 수 있는 방안으로 제시 될 수 있을 것이며, 이는 화훼재배 농가의 소득을 높일 수 있는 계기를 마련할 것이다.

제2장 국내외 기술개발 현황

제1절 국내 기술개발 현황

국내 장미 육성은 기관에서 정부 주도로 품종을 육성하고 있으며 일부농가에서 변이지 탐색에 의해 품종을 선발하고 있다. 국내 장미 품종 개발은 원예연구소에서 1992년 교배에 의한 품종 육성을 착수하여 2001년에 핑크레이디 등 5종을 품종보호 출원하였으며 대목용으로 선강짚레 등 2품종을 육성하였다. 전남농업기술원을 비롯한 6개 기관이 직무육성으로 100여 품종을 육성하여 농가에서 20여종이 재배되고 있으며 전체 재배면적의 2% 내외가 국내 육성품종이 차지하고 있다. 향후 우수품종의 지속적인 품종육성과 보급, 홍보 등을 통해 2010년에는 재배면적의 5% 이상을 차지할 수 있을 것으로 기대하고 있다. 국내 품종육성기관은 원예연구소, 경기도원, 전남도원, 경북도원, 경남도원, 충남도원 총 6개이다. 국내 품종육성목표는 새로운 화형, 화색창출, 방향성, 무가시, 절화수명, 내병충성, 동계생산성, 우수중, 생력품종 등으로 육종목표에서는 외국의 품종육성 목표와 거의 유사하다고 할 수 있다. 대부분이 4배체인 장미는 종류에 따라 2배체, 3배체, 4배체, 5배체, 6배체 및 8배체로 다양하지만 중간 교배가 잘 되기 때문에 인공교배를 통하여 품종육성을 하고 있다(Krussmann, 1982; Rovers 등, 2003). 국내 기관별 파종립 수는 20,000~80,000립/년으로 총 200,000립/년 정도가 파종되어 외국의 한 개 회사에서 파종하고 있는 립 수에도 미치지 못한 것이 현실이며 국내 기관에서 육성한 품종은 2~5종/년이다. 국내에서는 삼성 에버랜드가 정원용 장미 위주의 품종군으로 약 700여종의 장미를 보유하고 있으나 일반인을 대상으로 하는 장미 축제용으로 재배하고 있으며 각 기관에서는 전남 도원이 품종 350여종을 포함하여 약 500여종을 보유하고 있으며 기타 기관은 200~300종의 유전자원을 보유하고 있다. 전남도원에서는 국내에 산재되어 있는 유전자원을 수집하여 420종에 대한 UPOV 특성조사를 수행하여 장미 품종검색프로그램을 개발하였다. 이 프로그램은 각 품종 당 51개 항목 특성자료가 입력되어 원하는 품종의 특성을 손쉽게 검색 할 수 있다. 국립 종자관리소에서는 2002년에 AFLP를 이용하여 장미 품종을 구분하려는 시도 외에는 아직까지 DNA marker를 장

미에 응용하려는 시도는 국내에서 이루어지지 않고 있다. 품종검색프로그램을 육종프로그램에 이용하기 위해서는 보다 많은 유전정보가 체계적으로 정리가 되어 프로그램의 효율을 높일 필요가 있다.

제2절 국외 기술개발 현황

장미 품종은 현재까지 약 20,000종이 개발되었으며 외국에서는 민간 육종회사들이 주로 많은 품종들을 만들고 있다. 주요 장미육종회사들은 독일의 코르테스, 프랑스의 메이앙, 네덜란드의 테라티그라와 인터플렌트, 미국의 잭슨엔드퍼킨스와 데보아, 일본 경성장미 등이 있다. 코테스 등 주요 육종회사들은 18C말~19C초에 육종을 시작하여 다양한 유전자원을 보유하고 있을 뿐만 아니라 축적된 육종기술, 우수한 연구인력, 지역별로 잘 다져진 유통망을 이용하여 지역별 소비자의 기호도 변화를 예측하고 있으며 그에 맞추어 다양한 화색, 화형들을 고려하여 품종을 육성, 연간 발표 품종 수는 50품종 이상인 것으로 알려져 있다. 품종육성 목표는 새로운 화색과 화형 창출, 강건 다수성, 절화수명, 내병충성, 동계생산성 등을 목표로 품종 육성기간은 5~10년으로 회사별 연간 파종립 수는 200,000~300,000립을 파종하여 최종적인 육성 품종수는 4~6종으로 알려져 있다. 지역 에이전트들의 육성된 품종을 가지고 품종 평가회를 개최하여 현지농가와 계약을 체결하여 국내 재배농가에서 거의 100%가 외국 품종을 식재하고 있는 형편이다. AARS(All America Rose Selection)는 1940년부터 장미 우수품종 수상작을 선정하였는데 2004년에는 Memorial Day, Honey Perfume, Day Breaker 2003년에는 Hot cocoa, Whisper, Cherry parfait, Eureka 품종이 선정되었고, 동양에서는 1988년 일본 백천씨가 육종한 Primer Donna 품종이 처음으로 수상한 바 있다. Debener 등은 RAPD 분자 marker를 이용하여 장미 품종 구분에 사용하였다. 대부분 1996년을 중심으로 DNA marker 사용을 개시하였으며, 전에는 isozyme을 사용하였다. Vainstein과 Den-Meir는 DNA microsatellites marker를 사용하여 장미 품종을 구분하였다. 비록 이와 같은 marker는 비싸다는 단점이 있지만 대단히 정확하다는 장점이 있다. Zhang과 Reynders-Aloisi는 AFLP를 이용하여 장미 품종의 유전적 다양성을 조사하는 연구를 수행하고 있다. Debener와 Mattiesch는 RAPD와 AFLP를 이용하여 장미로는 최초로 F₁ 집단을 이용하여 유전자 지도를 작성하였고, 또한 화색, 화형과 같은 형질과 관련된 DNA marker를 찾아내고 있다.

제3장 연구개발 수행 내용 및 결과

제1절 장미의 fingerprint 기술 개발

1. RAPD PCR 조건 탐색 및 프라이머 테스트

가. 재료 및 방법

전남농업기술원에서 보유하고 있는 장미 420여 품종 중 8가지 품종(Table 1-1)을 DNA 추출 kit(G-spin TMIIp, Intron Biotechnology, Korea)을 이용하여 DNA를 추출하였다. DNA 추출 방법으로 Debener와 Mattiesch의 CTAB 방법을 수정하여 실험하였다. RAPD용 프라이머는 Operon (USA), Mwg-Biotech (Germany), BEX (Japan), Bioneer (Korea)의 10mer(171종류), 12mer(4종류), 15mer(8종류), 20mer(8종류) 크기의 프라이머를 191종 사용하였다(Table 1-2). PCR에 적합한 DNA 농도를 찾아내기 위하여 DNA 농도를 0.01, 0.05, 0.1, 1, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80ng · μL^{-1} 으로 사용하였으며, 효율이 높은 *Taq* polymerase(Bioneer)의 농도를 탐색하기 위하여 0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 1, 2, 5, 10 unit으로 PCR을 수행하였다. PCR 증폭온도는 annealing 단계에서 gradient를 30~50°C로 설정하여 조건을 구명하였다. RAPD 반응액의 총 양은 20 μL 이었으며, PCR 반응은 pre-denaturation은 95°C에서 5분, denaturation은 95°C에서 1분, annealing은 38°C에서 2분, elongation은 72°C에서 2분을 40cycle 반복한 후 post-elongation을 72°C에서 7분의 조건으로 PCT-200 DNA engine cycler(PTC-200, MJ research, USA)를 이용하여 수행한 다음 4°C에 보관하였다. PCR로 얻은 산물은 1×TAE buffer에 ethidium bromid($0.5\mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$)를 넣은 0.8%(w/v) 아가로스 겔에 30분 동안 전기영동한 후 Kodak ID Image Analysis(EDAS 290, Kodak, USA)와 digital UV transilluminator(DUT-260, Core Bio, Korea)를 이용하여 fingerprint를 촬영한 후 다형밴드수와 총 밴드수를 조사하였다. DNA ladder는 Bioneer사의 1Kb(D-1040)를 사용하였다. 재현성 여부를 판단하기 위하여 모든 과정을 동일조건에서 2회 수행하였다.

Table 1-1. Rose genotypes used in this study

No.	Name	Flower type	Flower color	Remark
1	<i>R. multiflora</i>	Wild	White	RDA ^a : cultivar
2	<i>R. rugosa</i>	Wild	Pink	RDA: wild species
3	Nicole×Tiamo (JR 0004-31)	Standard	Red & white	JARES: Hybrid
4	Nicole	Standard	Red & white	Kordes (Germany)
5	Tiamo	Standard	Red	Kordes (Germany)
6	Red Sandra	Standard	Red	Kordes (Germany)
7	Red Sandra (mutant)	Standard	Scarlet	Radiation breeding
8	Red Sandra (mutant)	Standard	Dark pink	Radiation breeding

^aRDA: Rural Development Administration.

Table 1-2. RAPD primers used to conduct preliminary test on rose

Primer	Sequence(5'-3')	Size	^a Co.	Primer	Sequence(5'-3')	Size	^a Co.
OPE-4	GTGACATGCC	10 mer	O	N-8029	GACATCTCGC	10 mer	B
OPF-2	GAGGATCCCT	10 mer	O	N-8030	GCCACCTCCT	10 mer	B
OPF-6	GGGAATTCGG	10 mer	O	N-8031	AACGCGTAGA	10 mer	B
OPF-7	CCGATATCCC	10 mer	O	N-8032	GACCAGCGAA	10 mer	B
OPJ-4	CCGAACACGG	10 mer	O	N-8033	ACATCCTGCG	10 mer	B
OPJ-11	ACTCCTGCCA	10 mer	O	N-8034	GCCGCTACTA	10 mer	B
P469	ACCGGAAGGGGACC	15 mer	M	N-8035	AGCGGCTAGG	10 mer	B
P470	GTCGCCGTCATCTGG	15 mer	M	N-8036	GGGCCGAGG	10 mer	B
P471	TGAGCGGACAACCTG	15 mer	M	N-8037	AGTCAGCCAC	10 mer	B
P472	TTGGCACGGGTGTG	15 mer	M	N-8038	GGTCCCTGAC	10 mer	B
P473	CTCTGGAGACGGTCT	15 mer	M	N-8039	ATACGGCGTC	10 mer	B
P474	AGGGCCATTGCACCG	15 mer	M	N-8040	GTTTGCATCC	10 mer	B
P475	GGGGTGACGACTTCC	15 mer	M	N-8041	ATCGGGTCCG	10 mer	B
P476	CATCCGTGCTAGGGC	15 mer	M	N-8042	TACGATGACG	10 mer	B
P494	TTCCCCGCGAGGGTGTGTAG	20 mer	M	N-8043	ATCTGCGAGC	10 mer	B
P495	AGGACTGCCAAATGCCGCAG	20 mer	M	N-8044	TGCCGAGCTG	10 mer	B
P496	GGATGCCACTGGTGAACGCT	20 mer	M	N-8045	CAAACGTCCG	10 mer	B
P497	CCAACGTCTGTGATGCCAGAC	20 mer	M	N-8046	TTCCCCGAGC	10 mer	B

P498	GTCCGTATGGGACCAATGCC	20 mer	M	N-8047	CAGCACCCAC	10 mer	B
P499	CAGGCCCTTCTGCAGAGCTG	20 mer	M	N-8048	TTCCGAACCC	10 mer	B
P500	AGTCAGCCACAATCGGGCTG	20 mer	M	N-8049	CGGTGGCGAA	10 mer	B
P503	GGGTAACGCCGTGATCGCAG	20 mer	M	N-8050	CAAGCGAGGT	10 mer	B
OPA-01	CAGGCCCTTC	10 mer	O	N-8051	AACGCGCAAC	10 mer	B
OPA-02	TGCCGAGCTG	10 mer	O	N-8052	GTGGAAGCGT	10 mer	B
OPA-03	AGTCAGCCAC	10 mer	O	N-8053	GGAAGCAGCT	10 mer	B
OPA-04	AATCGGGCTG	10 mer	O	N-8054	CAGTGAGCGT	10 mer	B
OPA-05	AGGGGTCTTG	10 mer	O	N-8055	GTCACGGACG	10 mer	B
OPA-06	GGTCCCTGAC	10 mer	O	N-8056	GCCATGCACG	10 mer	B
OPA-07	GAAACGGGTG	10 mer	O	N-8057	GAGCTATGGT	10 mer	B
OPA-08	GTGACGTAGG	10 mer	O	N-8058	AGCCTGTGTC	10 mer	B
OPA-09	GGGTAACGCC	10 mer	O	N-8059	CTGGTCACAC	10 mer	B
OPA-10	GTGATCGCAG	10 mer	O	N-8060	CACAGTGAGC	10 mer	B
OPA-11	CAATCGCCGT	10 mer	O	N-8061	GACCGCTTGT	10 mer	B
OPA-12	TCGGCGATAG	10 mer	O	N-8062	GACCGCAAGT	10 mer	B
OPA-13	CAGCACCCAC	10 mer	O	N-8063	CCAGACAAGC	10 mer	B
OPA-14	TCTGTGCTGG	10 mer	O	N-8064	CCACTCACCG	10 mer	B
OPA-15	TTCCGAACCC	10 mer	O	N-8065	ACCGCCTGCT	10 mer	B
OPA-16	AGCCAGCGAA	10 mer	O	N-8066	TGGTGGACCA	10 mer	B
OPA-17	GACCGCTTGT	10 mer	O	N-8067	GTAGACCCGT	10 mer	B
OPA-18	AGGTGACCGT	10 mer	O	N-8068	CCTTGACGCA	10 mer	B
OPA-19	CAAACGTCGG	10 mer	O	N-8069	GCATCCACCA	10 mer	B
OPA-20	GTTGCGATCC	10 mer	O	N-8070	GCCACTCGAA	10 mer	B
A11	ACTGACCTAGTT	12 mer	C	N-8071	AGGGTTCGGT	10 mer	B
A12	CTCCTGCTGTTG	12 mer	C	N-8072	CTTAGGGCAC	10 mer	B
A15	ATCGCGAATAT	12 mer	C	N-8073	CAGCACCCAC	10 mer	B
A16	ATTTGGATAGGG	12 mer	C	N-8074	CCTCTGACTG	10 mer	B
OPC-1	TTCGAGCCAG	10 mer	O	N-8075	GAGGTCCACA	10 mer	B
OPF-1	ACGATCCTG	10 mer	O	N-8076	GAGGCCCGTT	10 mer	B
OPF-4	GGTGATCAGG	10 mer	O	N-8077	GAGAGATCCC	10 mer	B
OPB-07	GGTGACGCAG	10 mer	O	N-8078	GGGGGTTAGG	10 mer	B
OPE-09	CTTCACCCGA	10 mer	O	N-8079	GTGTGCCGTT	10 mer	B
OPE-11	GAGTCTCAGG	10 mer	O	N-8080	GGGAGGCAAA	10 mer	B
OPE-13	CCCATTTCGG	10 mer	O	N-8081	TCCCCAGGAG	10 mer	B
OPE-19	ACGGCGTATG	10 mer	O	N-8082	AAGGATCAGA	10 mer	B
OPG-01	CTACGGAGGA	10 mer	O	N-8083	CACATGCTTC	10 mer	B
OPG-12	CAGCTCACGA	10 mer	O	2-14	GTCCCGTGGT	10 mer	C1

OPB-08	GTCCACACGG	10 mer	O	2-17	CACAGGCGGA	10 mer	C1
OPB-10	CTGCTGGGAC	10 mer	O	OPB-01	GTTTCGCTCC	10 mer	O
OPB-12	CCTTGACGCA	10 mer	O	OPB-06	TGCTCTGCCC	10 mer	O
OPB-15	GGAGGGTGT	10 mer	O	OPB-11	GTAGACCCGT	10 mer	O
OPB-17	AGGGAACGAG	10 mer	O	OPI-06	AAGGCGGCAG	10 mer	O
OPB-18	CCACAGTGGT	10 mer	O	OPI-07	CAGCGACAAG	10 mer	O
OPC-02	GTGAGGCGTC	10 mer	O	OPI-11	ACATGCCGTA	10 mer	O
OPC-05	GATGACCGCC	10 mer	O	OPI-14	TGACGGCGGT	10 mer	O
OPC-06	GAACGGACTC	10 mer	O	OPI-18	TGCCAGCCT	10 mer	O
OPC-08	TGGACCGGTG	10 mer	O	OPJ-06	TCGTTCCGCA	10 mer	O
OPC-11	AAAGCTGCGG	10 mer	O	OPJ-10	AAGCCCAGAG	10 mer	O
OPC-15	GACGGATCAG	10 mer	O	OPJ-17	ACGCCAGTTC	10 mer	O
OPC-20	ACTTCGCCAC	10 mer	O	OPJ-18	TGGTCGCAGA	10 mer	O
N-8001	CAGGCCCTTC	10 mer	B	OPJ-20	AAGCGCCCTC	10 mer	O
N-8002	CAATCGCCGT	10 mer	B	B-04	GGA CTGGAGT	10 mer	C2
N-8003	AGGGGTCTTG	10 mer	B	OPC-07	GTCCCGACGA	10 mer	O
N-8004	TCGGCGATAG	10 mer	B	OPF-13	GGCTGCAGAA	10 mer	O
N-8005	GAAACGGGTG	10 mer	B	OPF-14	TGCTGCAGGT	10 mer	O
N-8006	AGCCAGCGAA	10 mer	B	OPJ-08	CATACCGTGG	10 mer	O
N-8007	GTGACGTAGG	10 mer	B	OPF-17	AACCCGGGAA	10 mer	O
N-8008	TCCGCTCTGG	10 mer	B	OPJ-13	CCACACTACC	10 mer	O
N-8009	GGGTAACGCC	10 mer	B	OPK-11	AATGCCCCAG	10 mer	O
N-8010	CTGAGACGGA	10 mer	B	OPD-02	GGACCCAACC	10 mer	O
N-8011	GTGATCGCAG	10 mer	B	OPD-04	TCTGGTGAGG	10 mer	O
N-8012	TACAACGAGG	10 mer	B	OPD-05	TGAGCGGACA	10 mer	O
N-8013	GTTTCGCTCC	10 mer	B	OPD-06	ACCTGAACGG	10 mer	O
N-8014	TGGATTGGTC	10 mer	B	OPD-07	TTGGCACGGG	10 mer	O
N-8015	GGACTGGAGT	10 mer	B	OPD-09	CTCTGGAGAC	10 mer	O
N-8016	TCGGTCATAG	10 mer	B	OPD-10	GGTCTACACC	10 mer	O
N-8017	TGCTCTGCCC	10 mer	B	OPD-11	AGCGCCATG	10 mer	O
N-8018	TACCTAAGCG	10 mer	B	OPD-12	CACCGTATCC	10 mer	O
N-8019	GTCCACACGG	10 mer	B	OPD-13	GGGGTGACGA	10 mer	O
N-8020	GATCATAGCG	10 mer	B	OPD-15	CATCCGTGCT	10 mer	O
N-8021	AATCGGGCTG	10 mer	B	OPD-16	AGGGCGTAAG	10 mer	O
N-8022	GGTACTCCAC	10 mer	B	OPD-17	TTTCCCACGG	10 mer	O
N-8023	CAGGCGCGGT	10 mer	B	OPD-18	GAGAGCCAAG	10 mer	O
N-8024	TGACGCGCTC	10 mer	B	OPD-19	CTGGGGACTT	10 mer	O
N-8025	CTGGCGGCTG	10 mer	B	OPD-20	ACCCGGTCAC	10 mer	O

N-8026	TGGGCTCGCT	10 mer	B				
N-8027	TGCGCCGCGG	10 mer	B				
N-8028	CCCGCCGTTG	10 mer	B				

^aCo.: company

B: Bioneer (Korea), C: CMN-A10, BEX Inc. (Japan), C1: DNA fingerprinting and genetic relationship of potato cultivars (*Solanum tuberosum* L.) commercially grown in Australia (Aust. J. Agric. Res., 2001), C2: Morphological Charcters and Molecular Markers for Selection of *Campanula portenschlagiana* hybrids (J. Kor. Soc. Hort. Sci., 2004), M: MWG-Biotech (Germany), O: Operon Technology (USA)

나. 결과 및 고찰

1) 효율적 DNA 추출 방법

DNA 추출 방법으로 Debener와 Mattiesch의 CTAB 방법을 수정하여 실험하였다. 실험결과 원심분리 후 tube 바닥에 DNA와 함께 위에서 나온 부유물질들이 다량 침전되어 있는 것을 볼 수 있었다. 뿐만 아니라 품종별 DNA의 추출과 추출양이 불규칙적 이었으며, PCR (Polymerase Chain Reaction)에 방해되는 Polysaccharide의 존재 때문에 순도가 낮은 DNA가 검출 되었다(Fig. 1-1). 이런 문제점을 해결하기 위해 polysaccharide 제거단계를 수행한 후 추출된 DNA를 분석한 결과 부유물질이 줄어 들어든 것을 확인할 수 있었다(Fig. 1-2).

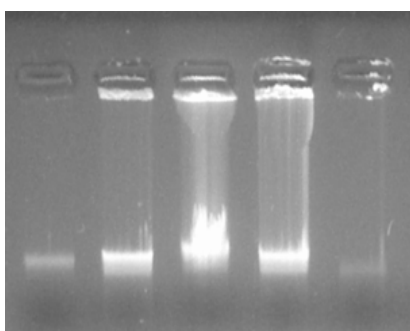


Fig. 1-1. Genomic DNA after CTAB extraction

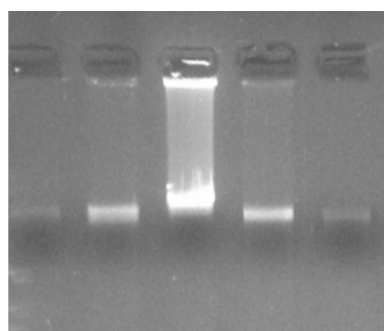


Fig. 1-2. Genomic DNA after polysaccharide remove

CTAB추출법과 비교하여 DNA 추출 kit(G-spin™IIp, Korea)를 이용하여 실험한 결과 균일 하고 순도가 높은 DNA를 추출할 수 있었다(Fig. 1-3).

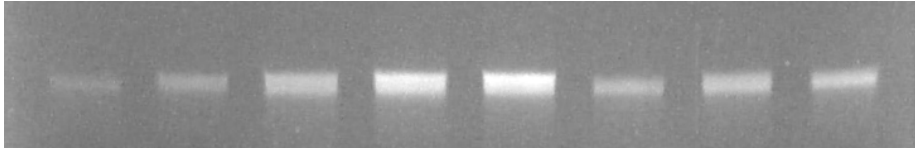


Fig. 1-3. Genomic DNA using DNA extraction kit

결과적으로 CTAB 추출법을 이용하였을 때는 순도가 낮은 DNA를 얻었을 뿐만 아니라 반응시간이 약 1일 정도 장시간 소요되었다. 이와는 반대로 DNA 추출 kit을 사용하였을 때는 순도가 높은 DNA를 균일한 양으로 추출할 수 있었으며 반응에 소요되는 시간 역시 약 1시간 정도로 CTAB 방법에 비하여 효율이 높았다. 따라서 본 실험에서 DNA 추출은 kit을 사용하였다.

2) PCR 조건 탐색

PCR 조건을 구명하기 위하여 annealing 단계에서 gradient를 35°C ~55°C 범위로 적용하였다. 1(35°C), 2(38°C), 3(43°C), 4(51°C)에서 1번과 4번 보다 2번과 3번의 PCR결과에서 반응이 잘 일어난 것을 볼 수 있었다(Fig. 1-4). 따라서 본 실험의 annealing 조건은 38°C로 실시하였다.

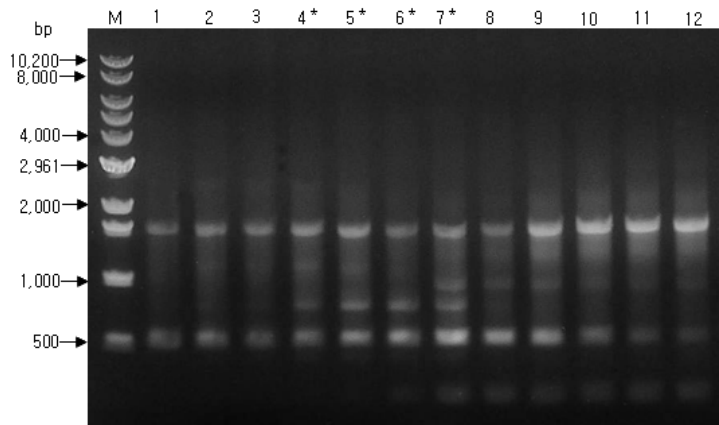


Fig. 1-4. RAPD band patterns obtained from gradient PCR with OPA 10

(5'-GTGATCGCAG-3') primer in rose 'Maria Callas' (Genomic DNA). M, Size marker; 1, 30.0°C; 2, 30.5°C; 3, 31.7°C; 4, 35.2°C; 5, 35.4°C; 6, 38.3°C; 7, 41.7°C; 8, 44.5°C; 9, 46.8°C; 10, 48.3°C; 11, 49.5°C; and 12, 50.0°C. The symbols (*) represent proper annealing temperature.

PCR에 적합한 조건을 찾아내기 위하여 주형 DNA를 0.01~80ng의 범위로 실험한 결과 1~20ng의 농도에서 밴드가 선명하였다. 50ng 이상에서는 밴드의 증폭이 거의 일어나지 않았으며 1ng 이하로 줄어들었을 때 DNA 밴드의 선명도가 저하되었다(Fig. 1-5). 이러한 결과를 바탕으로 본 실험은 DNA의 농도를 20ng으로 수행하였다.

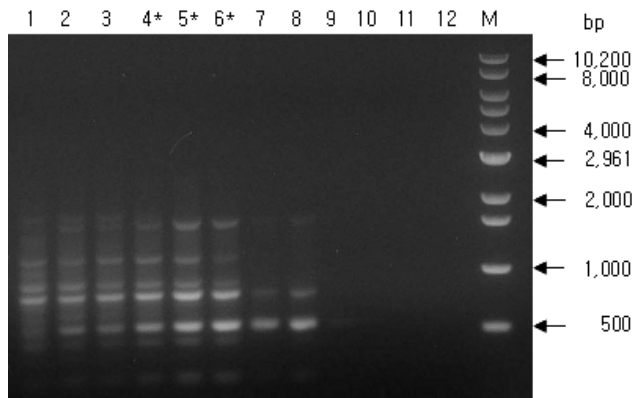


Fig. 1-5. RAPD patterns at the various concentrations of a genomic DNA in rose ('Maria Callas') with OPA-10 (5'-GTGATCGCAG-3') primer. 1, 0.01ng; 2, 0.05ng; 3, 0.1ng; 4, 1ng; 5, 10ng; 6, 20ng; 7, 30ng; 8, 40ng; 9, 50ng; 10, 60ng; 11, 70ng; 12, 80ng; and M, Size marker. The symbols (*) represent proper concentration of a genomic DNA.

Taq polymerase(Bioneer)의 농도는 0.1~0.5 unit의 범위에서는 증폭이 일어나지 않았지만, 설정된 실험범위 중 0.7~10 unit 까지는 밴드증폭이 이루어졌다. 그러나 2~10 unit 으로 *Taq* polymerase의 양을 증가시키에 따라 밴드양상이 흐려지거나 끌림 현상이 심해졌다. 이런 현상을 보았을 때 *Taq* polymerase의 효율은

1.0 unit에서 가장 효과적임을 확인할 수 있었다(Fig. 1-6).

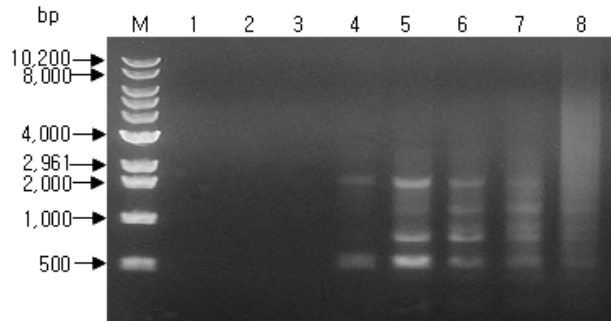


Fig. 1-6. RAPD patterns at the various concentrations of *Taq* polymerase with a genomic DNA ('Maria Callas'). The primer is OPA-10 (5'-GTGATCGCAG-3'). M, Size marker; 1, 0.1 unit; 2, 0.3 unit; 3, 0.5 unit; 4, 0.7 unit; 5, 1 unit; 6, 2 unit; 7, 5 unit; and 8, 10 unit

Fig. 1-7은 primer A15와 A16으로 재현성 실험을 한 결과이다. 그림 (A) ~ (H) 비교하였을 때 재현성이 있다는 것을 알 수 있었다. 이 실험의 결과로 RAPD에서 중요한 요인 중 하나인 재현성여부에 관하여 재현성이 있다는 것을 확인 할 수 있었다(Fig. 1-7).

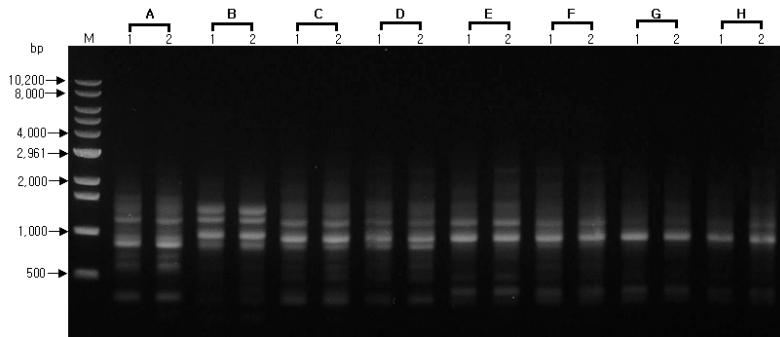


Fig. 1-7 Reproducibility of RAPD products between independent DNA extraction and PCRs (1: First, 2: Second). Primer N8034 (5-GCCGCTACTA-3) was used . M, size marker; A, *R. rugosa*; B, *R. multiflora*; C, 'Nicole' × 'Tiamo' (JR 0004-31); D, 'Nicole'; E, 'Tiamo'; F, 'Red Sandra' (Red); G, 'Red Sandra' (mutant); and H, 'Red Sandra' (mutant).

3) PCR test 사진

191개 primer test 한 결과는 다음과 같다(1-6). 분석에 사용된 장미는 찰레원에 1호(lane 1), 해당화(lane 2), 니콜/티아모(JR 0004-31, lane 3), 니콜(lane 4), 티아모(lane 5), 레드산드라 (lane6) 레드산드라 변이지(주홍, lane 7), 레드산드라 변이지(진분홍, lane 8)의 8품종을 사용하였다. Band를 분석한 결과를 통해서 총 8개의 장미 유전형들의 band양상이 다르다는 사실을 확인하였다. 특히 primer 종류에 따라 찰레원에 1호(lane 1) 와 해당화의 band(lane 2)는 다른 6품종(lane 3~lane8)과는 크게 다른 양상을 보였고, 교잡육성종인 JR0004-31과 레드산드라 변이지 역시 primer 종류에 따라 band의 밝기와 위치가 다르게 나오는 경우도 있었다(Fig. 1-6). 따라서 앞으로 primer를 선발 한 후 band 분석 실험이 필요할 것이다.

N8001,N8002	N8003	N8004,N8005	N8006,N8007
N8008,N8009	N8010,N8011	N8012,N8013	N8014,N8015
N8016,N8017	N8018,N8019	N8020,N8021	N8022,N8023
N8024,N8025	N8026,N8027	N8028,N8029	N8030,N8031
N8032,N8033	N8034,N8035	N8036, P472	P473,P474
P475,P476	P469,P470	P494,P495	P496,P497

Fig 1-6. Gel analysis of RAPD reaction with 8 rose species by 191 primers

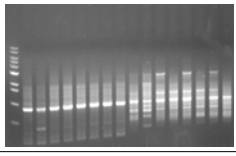
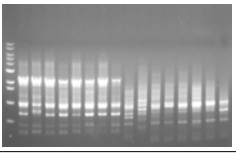
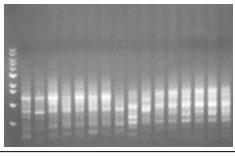
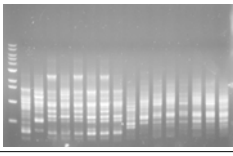
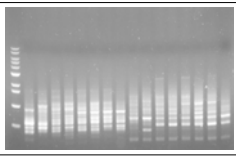
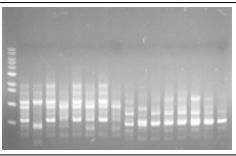
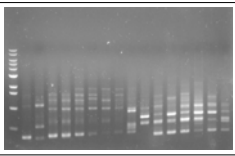
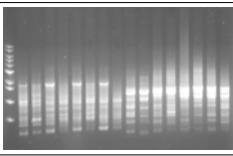
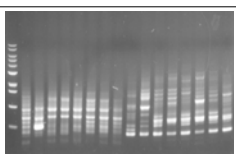
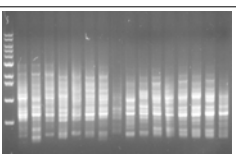
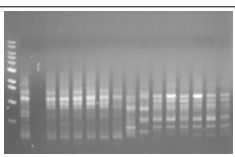
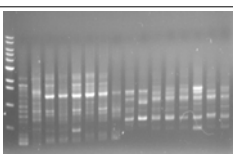
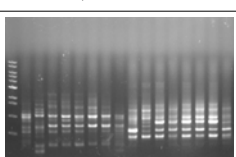
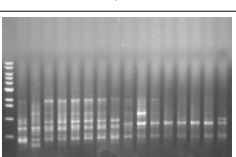
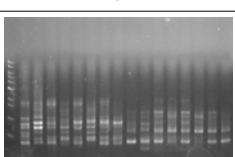
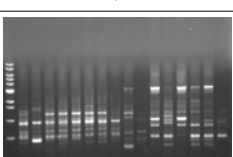
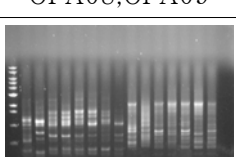
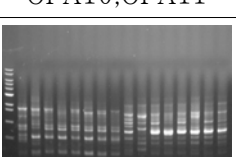
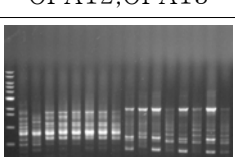
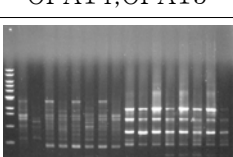

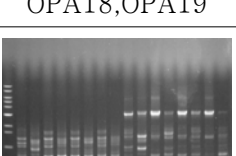
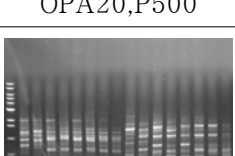
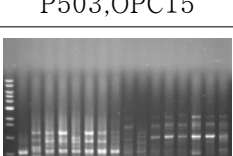
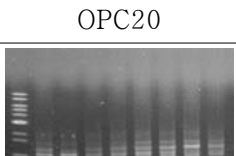
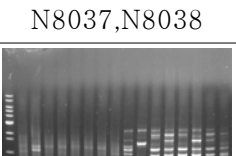
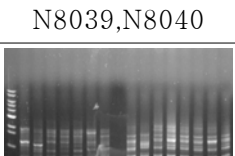
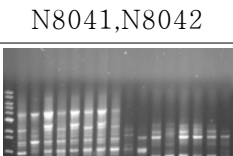
OPC02,OPC05	OPC06,OPC08	OPC11,OPB07	OPB08,OPB10
			
OPB12,OPB15	OPB17,OPB18	OPG01,OPG12	OPC01,OPE09
			
OPE11,OPE13	OPE19,OPF01	OPF-04,A12	A15,A16
			
A11, OPA-01	OPA02,OPA03	OPA04,OPA05	OPA06,OPA07
			
OPA08,OPA09	OPA10,OPA11	OPA12,OPA13	OPA14,OPA15
			
OPA16,OPA17	OPA18,OPA19	OPA20,P500	P503,OPC15
			
OPC20	N8037,N8038	N8039,N8040	N8041,N8042
			

Fig. 1-6. continued.

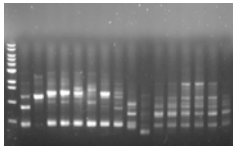
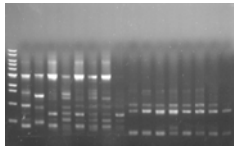
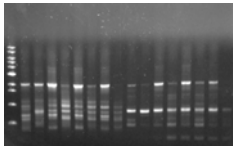
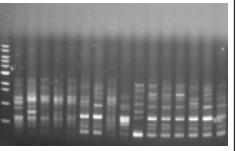
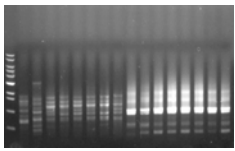
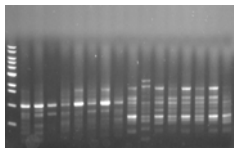
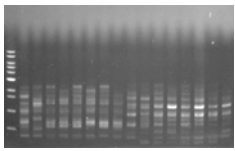
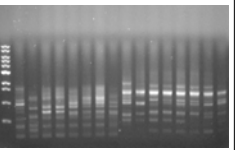
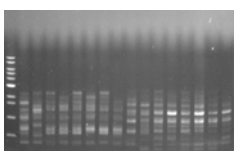
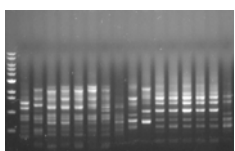
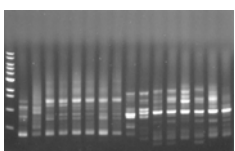
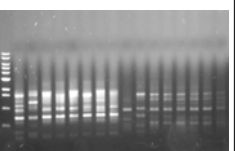
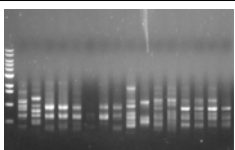
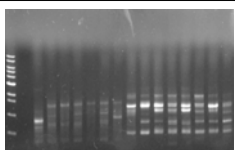
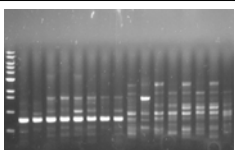
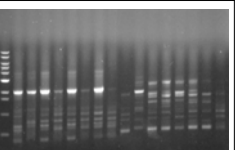
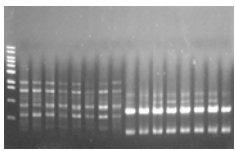
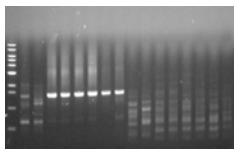
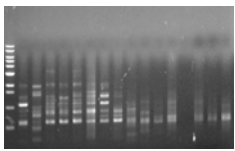
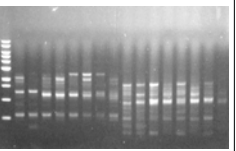
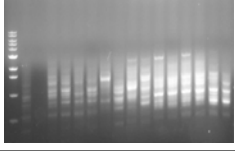
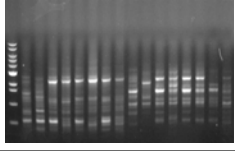
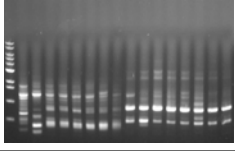
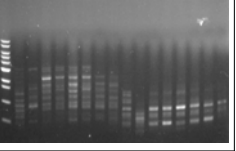
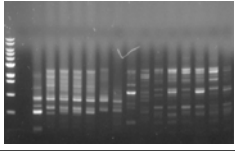
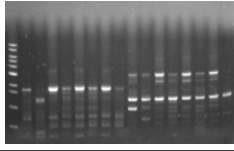
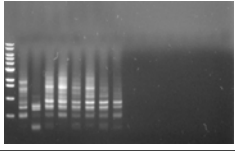
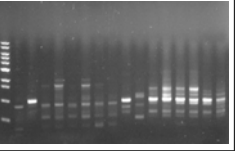
N8043,N8044	N8045,N8046	N8047,N8048	N8049,N8050
			
N8051,N8052	N8053,N8054	N8055,N8058	N8056,N8057
			
N8059,N8060	N8061,N8062	N8063,N8064	N8065,N8066
			
N8067,N8068	N8069,N8070	N8071,N8072	N8073,N8074
			
N8075,N8076	N8077,N8078	N8079,N8080	N8081,N8082
			
N8083,OPF13	OPF14,OPF17	OPK11,OPC07	OPJ08,OPJ13
			
B-04,OPD-12	OPD13,OPD15	OPD16,OPD17	OPD18,OPD19
			

Fig. 1-6. continued.

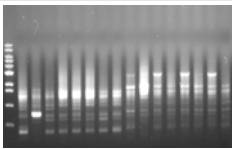
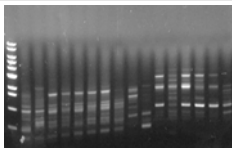
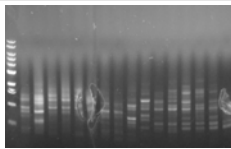
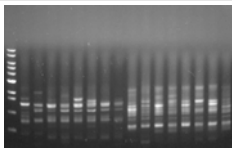
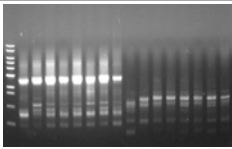
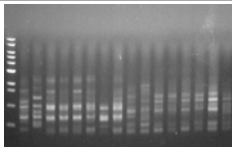
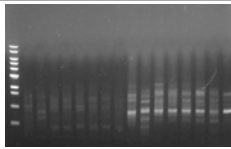
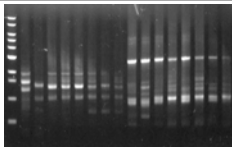
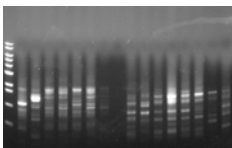
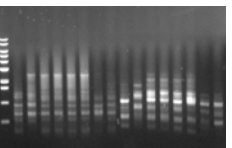
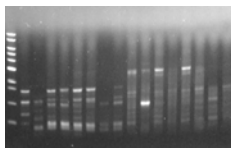
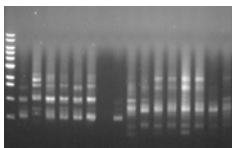
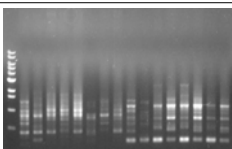
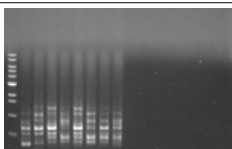
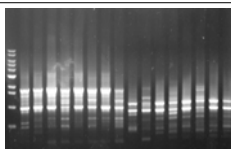
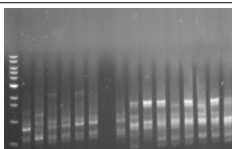
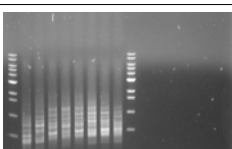
OPD20,OPI06	OPI07,OPI11	OPI14,OPI18	OPJ06,OPJ10
			
OPB01,OPB06	OPB11,OPD02	OPD04,OPD05	OPD06,OPD07
			
OPD09,OPD10	OPD11,OPJ17	OPJ18,OPJ20	2-14,2-17
			
OPE04,OPF02	OPF06,OPF07	OPJ04,OPJ11	P471,P498
			
P499			
			

Fig. 1-6. continued.

4) 밴드 scoring data

PCR test 후 저장된 그림파일을 scoring 하였다. Scoring은 총 191개 primer test 한 것 중 band 인식이 가능한 156개 primer의 Total band 수와 Polymorphic band 수를 조사하였다(Table 1-3). Total band 수와 polymorphic band 수는 일반적으로 operon의 primer에서 많이 얻을 수 있었다.

Table 1-3. The number of total and polymorphic bands with 156 primers

Primer name	Total bands	Polymorphic bands	Primer name	Total bands	Polymorphic bands
N8005	14	13	OPA-03	8	6
N8006	17	14	OPA-04	17	16
N8007	16	12	OPA-05	8	7
N8008	15	12	OPA-06	12	9
N8009	11	8	OPA-07	20	20
N8010	12	10	OPA-08	16	15
N8011	11	9	OPA-10	21	20
N8012	7	6	OPA-11	13	7
N8013	7	4	OPA-12	13	7
N8016	13	12	OPA-13	10	8
N8032	9	7	OPA-14	11	9
N8033	11	10	OPA-15	8	4
N8034	11	11	OPA-16	16	15
N8035	7	6	OPA-17	16	15
P475	9	6	OPA-18	14	11
P476	12	8	OPA-19	19	17
P469	11	6	OPA-20	11	7
P470	11	7	P500	18	17
P494	9	7	P503	8	5
P495	11	8	OPC-15	17	14
P496	8	6	OPC-20	8	4
P497	7	3	N8037	7	6
OPC-02	9	2	N8038	15	13
OPC-05	10	5	N8040	11	6
OPC-06	9	5	N8041	19	12
OPC-08	10	7	N8042	11	10
OPC-11	10	7	N8043	9	7
OPB-07	13	10	N8044	11	9
OPB-08	16	13	N8045	13	12
OPB-10	11	8	N8046	5	2
OPB-12	11	8	N8047	10	8
OPB-15	10	6	N8048	8	5
OPB-17	11	8	N8049	10	8
OPB-18	8	5	N8050	13	10
OPG-01	9	8	N8051	13	11
OPG-12	13	12	N8052	6	0
OPC-01	11	6	N8053	9	7
OPE-09	16	13	N8054	15	12
OPE-11	11	7	N8055	12	10

OPE-13	21	19	N8058	12	9
OPE-19	16	12	N8056	11	9
OPF-01	13	8	N8057	10	7
A12	10	8	N8059	12	8
A15	16	14	N8060	10	5
A16	8	5	N8061	16	13
A11	18	18	N8062	12	8
OPA-01	10	5	N8063	10	8
OPA-02	10	8	N8064	14	12
N8065	14	12	OPD-20	8	3
N8066	10	9	OPI-06	10	6
N8067	13	12	OPI-07	9	7
N8068	9	8	OPI-11	10	10
N8070	9	6	OPI-14	6	5
N8071	8	6	OPI-18	11	11
N8072	14	13	OPJ-06	11	9
N8073	9	7	OPJ-10	9	6
N8074	13	13	OPB-01	6	4
N8075	6	2	OPB-11	11	10
N8075	4	1	OPD-02	10	7
N8077	6	6	OPD-05	8	7
N8078	9	7	OPD-06	8	7
N8079	14	13	OPD-07	8	6
N8081	9	8	OPD-10	10	8
N8082	10	8	OPD-11	7	4
N8083	5	5	OPD-17	9	7
OPF-13	6	5	OPJ-18	7	7
OPF-14	6	3	OPJ-20	7	7
OPF-17	11	10	2-17	8	7
OPK11	15	13	OPE-04	14	13
OPC-07	9	4	OPF-02	13	11
OPJ-08	11	10	OPF-06	14	12
OPJ-13	10	9	OPJ-04	15	11
OPD-12	11	10	OPJ-11	14	10
OPD-13	9	9	P498	10	9
OPD-15	8	6	P499	11	8
OPD-16	9	6	N8001	9	9
OPD-18	7	7	N8002	11	11
OPD-19	10	10			

2. 다형성 프라이머 20종 선발 및 장미 계통별 RAPD 마커 분석

가. 재료 및 방법

장미 RAPD에 적합한 프라이머를 선발하기 위하여 191개 프라이머 테스트 후 총 밴드수가 10개 이상인 밴드 수를 가지고 다형밴드수가 10개 이상인 프라이머 중 재현성 있는 프라이머 20개를 선발하였다(Table 1-4). 분석에 사용된 총 59품종의 장미는 전남농업기술원(스탠다드 37품종, 소형장미 18품종, 야생종 3품종)과 농촌진흥청에서 보유하고 있는 품종(야생종 1품종)을 이용하였다(Table 1-5). 수집된 장미는 어린잎을 채취하여 액체질소를 넣어 곱게 갈아서 -70°C 에 보관하였다. Genomic DNA는 DNeasy plant mini kits(Quiagen, Inc., CA, USA)으로 추출하였다. RAPD 분석에 사용된 프라이머는 Kim 등(2006)이 보고하였던 프라이머 20개 중 10bp 17종류(Bionner; Korea, Operon Technology; USA)와 12bp 2종류(BEX; Japan)를 선발하여 사용하였다(Table 1-4). PCR 반응액의 조성, 증폭 조건, 확인방법은 1차년도('04~'05)와 같은 방법으로 수행하였다. **RAPD 실험의 재현성을 확인하기 위해 2회 반복하였다.** 증폭된 밴드의 유, 무에 따라 증폭밴드가 있으면 1, 없으면 0으로 입력하여 유연관계분석을 준비하였다. 계통간 평균 밴드 수를 알아보기 위하여 SPSS ver. 12.0K 프로그램 중 일원배치 분산방법(ANOVA)을 수행하였으며, 각 품종 사이의 유사도 지수는 Nei and Li(1979)의 방법을 이용하여 계산하였다. 군집 분석은 TREECON(ver. 1.3b)프로그램 중 비가중 산술법(UPGMA; unweighted pair group method arithmetic)을 사용하여 덴드로그램을 작성하였다(Van De Peer 와 De Wachter, 1993).

1) 장미 fingerprint에 적합한 RAPD용 primer 20종 선발

Table 1-4. Pre-screened 20 RAPD primers for rose fingerprint.

Primer name	Sequence	GC content(%)	Total bands	Polymorphic bands
OPA-07	GAAACGGGTG	60	20	20
OPA-10	GTGATCGCAG	60	21	20
A11	ACTGACCTAGTT	41.7	18	18
A15	ATCGCGGAATAT	41.7	16	14
N-8005	GAAACGGGTG	60	14	13
OPB-08	GTCCACACGG	70	16	13
N-8072	CTTAGGGCAC	60	14	13
N-8079	GTGTGCCGTT	60	14	13
N-8038	GGTCCCTGAC	70	15	13
N-8008	TCCGCTCTGG	70	15	12
OPG-12	CAGCTCACGA	60	13	12
N-8045	CAAACGTCGG	60	13	12
N-8054	CAGTGAGCGT	60	15	12
N-8064	CCACTCACCG	70	14	12
N-8034	GCCGCTACTA	60	11	11
N-8033	ACATCCTGCG	60	11	10
OPD-12	CACCGTATCC	60	11	10
N-8062	GACCGCAAGT	60	12	8
OPI-11	ACATGCCGTA	50	10	10
OPB-17	AGGGAACGAG	60	11	8

Table 1-5 . Rose cultivars used in RAPD analysis

Type	No.	Common name	Country	Company	Year	Average bands/Primer
HT	1	Amadeus*	Germany	Kordes	-	8
HT	2	Las Vegas*	Germany	Tantau	1982	7
HT	3	Goldengate*	USA	J & P	1972	8
HT	4	Timeless*	USA	J & P	1997	5
HT	5	Feria*	France	Meilland	1969	8
HT	6	Maria Callas*	France	Meilland	1965	7
HT	7	Royal Dream*	Germany	Kordes	1979	6
HT	8	Blue Bird*	Germany	Tantau	-	4
HT	9	Opulence (white)*	USA	J & P	1997	7
HT	10	Calibra*	Germany	Kordes	1994	2
HT	11	Bridal Bouquet	-	-	-	-
HT	12	Nobless*	Germany	Tantau	1992	7
HT	13	Tiamo*	Netherlands	Spek 1996+D154	-	3
HT	14	Mister Lincoln*	USA	Herbert C.swim O.L weeks	1964	5
HT	15	Garden party	USA	Armstrong Nursery	1959	-
HT	16	Sacha*	Netherlands	P.kaster	1996	2
HT	17	Yellow bird*	New Zealand	McGredy	1974	5
HT	18	Limona	Germany	Kordes	1996	-
HT	19	Kadinal*	Germany	Kordes	1986	6
HT	20	Summer Lady*	Germany	Tantau	1993	7
FB	21	Mariandel*	Germany	Kordes	1986	4
FB	22	Diana*	Germany	Tantau	1977	4
FB	23	Diadom*	Germany	Tantau	1986	7
FB	24	Seventeen*	USA	J & P	1959	3
FB	25	Night star*	USA	Dr.Keith W.zary	1997	3
FB	26	Gold Bunny*	France	Meilland	1980	5
FB	27	Red Velvet*	Germany	Kordes	1940	3
FB	28	Lampion*	Germany	Tantau	1957	5
FB	29	Mary Devor*	USA	Amling-Devor Nusery	1967	4
FB	30	Matilda*	France	Meilland	1988	4
FB	31	Little Silve	USA	J & P	1986	-
FB	32	Margaret Merril*	UK	Harkness	1977	7
FB	33	Circus*	USA	Herbert C.swim	1956	5
FB	34	Charleston	France	Meilland	1963	-
FB	35	Swing	Netherlands	Hollan G.P IIsink	1993	-

FB	36	Spanish Sun*	USA	J & P	1966	4
FB	37	Bridal Pink	USA	J & P	1967	-
FB	38	Coco*	Germany	Kordes	1990	5
FB	39	Dallas*	Germany	Kordes	1986	4
FB	40	Duftwolke*	Germany	Tantau	1963	5
SP	41	Rosada*	Spain	Pedro Dot	1950	5
SP	42	Collection1	-	-	-	-
SP	43	Cinderella*	Netherlands	Jan de Vink	1953	4
SP	44	Yellow Meillandina*	France	Meilland	1982	4
SP	45	Rosemarin	Germany	Kordes	1965	-
SP	46	Joy	Germany	Kordes	1998	-
SP	47	Colibri 79	France	Meilland	1979	-
SP	48	Magic Carousel*	USA	Moore	1972	4
SP	49	Clementine*	Germany	Tantau	1997	6
SP	50	Chaming	Denmark	Poulsen Roser	1995	-
SP	51	Collection2	-	-	-	-
SP	52	Scalet jem*	-	-	-	5
SP	53	Stripe meillandna*	-	-	-	5
SP	54	Little Mable*	Netherlands	De Ruiter	1988	5
SP	55	Pinocchio*	New Zealand	Frank Bart Schuurman	1999	4
SP	56	Roli pop*	-	-	-	5
SP	57	Peptite folie*	France	Mailland	1968	5
SP	58	Lidia*	-	-	-	5
SP	59	Pink tango*	-	-	-	5
SP	60	Pink charm*	France	Meilland	1976	5
WD	61	Chilewonye #1*	Korea	RDA	-	4
WD	62	collection (K2)*	-	RDA collection	-	5
WD	63	Rosa rugosa*	-	collection	-	3
WD	64	Indica*	-	collection	-	5

HT: Hybrid Tea, FB: Floribunda, SP: Spray, WD: Wild species, - : unknown

* RAPD에 사용된 품종

나. 결과 및 고찰

1) PCR 증폭 및 밴드 scoring

본 실험에 사용된 장미 품종은 전남농업기술원과 전남대학교에서 보유하고 있는 장미 품종 중 64계통을(Hybrid Tea 20종, Floribunda 20종, Spray 20종, Wild 4종) 선발하여 사용하였다. 선발된 품종의 육성국, 육성회사 그리고 육성연도를 장미백과사전(Encyclopedia of

rose science, Oxford)을 이용하여 조사하였다(Table 1-5). DNA를 추출하여 PCR 한 결과 밴드증폭은 실험에 사용된 장미 64품종 중 51품종(Hybrid Tea 17종, Floribunda 16종, Spray 14종, Wild 4종)에서 프라이머 종류에 관계없이 증폭하였다(Fig. 1-7). 따라서 본 실험에서는 51종의 장미품종을 이용하여 유연관계를 분석하였다. 총 밴드 수는 242개 였으며, 각 프라이머 당 증폭밴드 수는 평균 15개 였으며, 99%의 다형성을 보였다. 다형성이 높은 경우는 Raghunathachari 등(2000)이 쌀 품종 간 RAPD 분석실험에서 쌀 품종의 종내 변이가 광범위하게 일어났기 때문으로 추정하였다. 장미 역시 종내 변이가 다양하고, 분석에 사용된 시료의 계통이 다르기 때문에 다형성이 높은 것으로 추정된다. 밴드 양상은 대부분의 장미 RAPD 실험에서와 같이 200~2,000bp에서 발현되었다. 대부분의 프라이머에서 약 500~1,000bp 사이에서 밝은 밴드가 다수 출현하였다. 계통별로 나타난 각각의 평균 밴드 수를 모두 합산한 결과 Hybrid Tea는 97개, Floribunda 72개, Spray 67개, 원종 17개 였다(Table 1-6). 계통간 평균 밴드 수를 알아보기 위하여 SPSS 12.0K 프로그램 중 LSD(Least Significant Difference) 방법을 사용하였다. 평균 밴드 수는 Hybrid Tea 6개, Floribunda 5개, Spray 4개, 원종 4개 였다(Table 1-6). 계통간 밴드 증폭여부를 비교해보면 Hybrid Tea 계통에서 대부분 증폭되었던 밴드가 Floribunda와 Spray 그리고 원종에서는 증폭되지 않았으며(OPG-12), 품종간 밴드 양상도 다르게 나타났다. 이러한 결과는 fingerprint된 DNA밴드 양상을 통하여 품종 간 구분을 명확히 하는데 이용할 수 있을 것이다.

Table 1-6. Average band numbers in different rose types.

Types	Average band numbers/Primer
Hybrid Tea	6 a*
Spray	4 a
Floribunda	5 a
Wild Species	4 a

* Least Significant Difference(LSD) Test

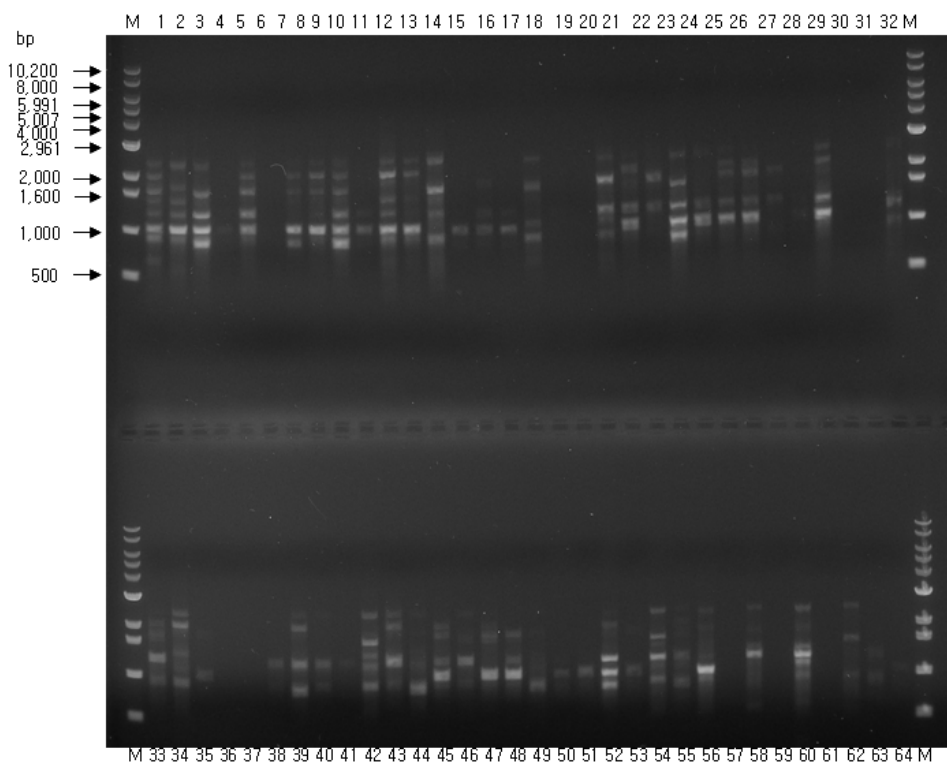


Fig. 1-7. RAPD band patterns obtained from N8038 primer.

M: Size marker (1Kb), 1; Amadeus, 2; Las Vegas, 3; Goldengate, 4; Timeless, 5; Feria, 6; Maria Callas 7; Royal Dream, 8; Blue Bird, 9; Opulence (white), 10; Calibra, 11; Bridal Bouquet, 12; Nobless, 13; Tiamo, 14; Mister Lincoln, 15; Garden party, 16; Sacha, 17; Yellow bird, 18; Limona, 19; Kadinal, 20; Summer Lady, 21; Mariandel, 22; Diana, 23; Diadom, 24; Seventeen, 25; Night star, 26; Gold Bunny, 27; Red Velvet, 28; Lampion, 29; Mary Devor, 30; Matilda, 31; Little Silve, 32; Margaret Merril, 33; Circus, 34; Charleston, 35; Swing, 36; Spanish Sun, 37; Bridal Pink, 38; Coco, 39; Dallas, 40; Duftwolke, 41; Rosada, 42; Collection1, 43; Cinderella, 44; Yellow Meillandina, 45; Rosemarin, 46; Joy, 47; Colibri 79, 48; Magic Carousel, 49; Clementine, 50; Chaming, 51; Collection2, 52; Scalet jem, 53; Stripe meillandna, 54; Little Mable, 55; Pinocchio, 56; Roli pop, 57; Peptide folie, 58; Lidia, 59; Pink tango, 60; Pink charm, 61; Chilewonye #1, 62; collection (K2), 63; *R. rugosa*, 64; Indica

2) 덴드로 그래프 분석

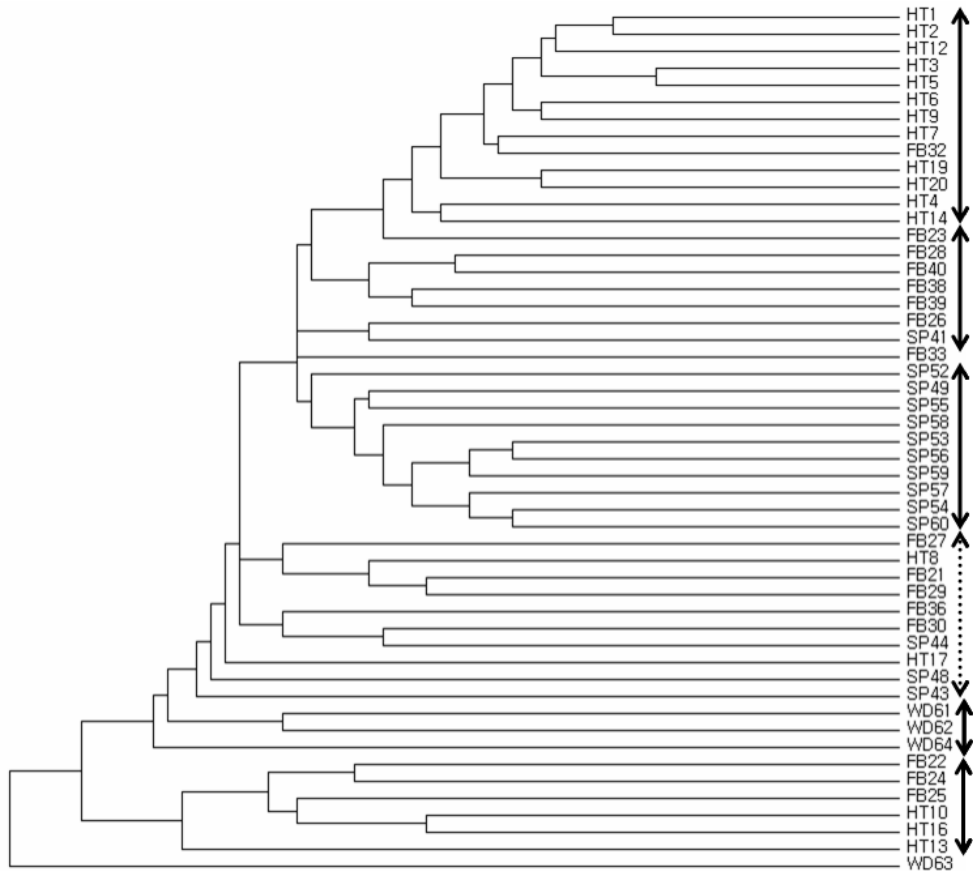


Fig. 1-8. Clustering analysis of RAPD data obtained with rose materials by using Treecon software

HT; Hybrid Tea, FB; Floribunda, SP; Spray, WD; Wild species

RAPD 분석 후 scoring된 데이터는 Treecon 프로그램을 이용하여 UPGMA 방법으로 유사도 분석을 수행하였다. Cluster분석 결과는 Hybrid Tea계통과 Spray계통, Floribunda계통 그리고 Wild Species로 분류군(Arrow)이 이루어 졌다. 역시 군집된 위치는 다르지만 각각 같은 계통으로 군집되어 있는 것을 확인할 수 있었다(Fig. 1-8). 품종 HT3(Goldengate)과 HT5(Feria)는 같은 Hybrid Tea 계통이었으며, 51품종 중 가장 비슷한 특성을 가진 품종으로 추정할 수 있었다. 원종인 Collection; K2(WD61; 농촌진흥청 수집품종), Chilewonye #1(WD62; 농촌진흥청

청 육성품종), Indica(WD63; 수집품종), *R. rugosa*(WD64; 수집품종)는 장미품종과는 따로 구분되었다. 특히 *R. rugosa* 품종(63; collection)은 다른 야생종뿐만 아니라 모든 장미 품종과 확실히 다른 품종으로 구분되었다. Collection; K2(WD61; 전남농업기술원 보유품종), Chilewonye #1(WD62; 농촌진흥청 육성품종)는 유사도가 57%정도로 원종들 중 비교적 유사한 품종으로 분류되었다(Fig. 1-8). Fig. 1-9는 51개 품종의 Scoring data를 이용하여 Treecon 패키지의 Neighbor Joining 통계분석 결과를 나타낸 그림이다. Dendrogram은 계통에서 유사도가 가장 적은 품종인 Diana(FB22; Tantau) 품종을 기준으로 구성되었다.

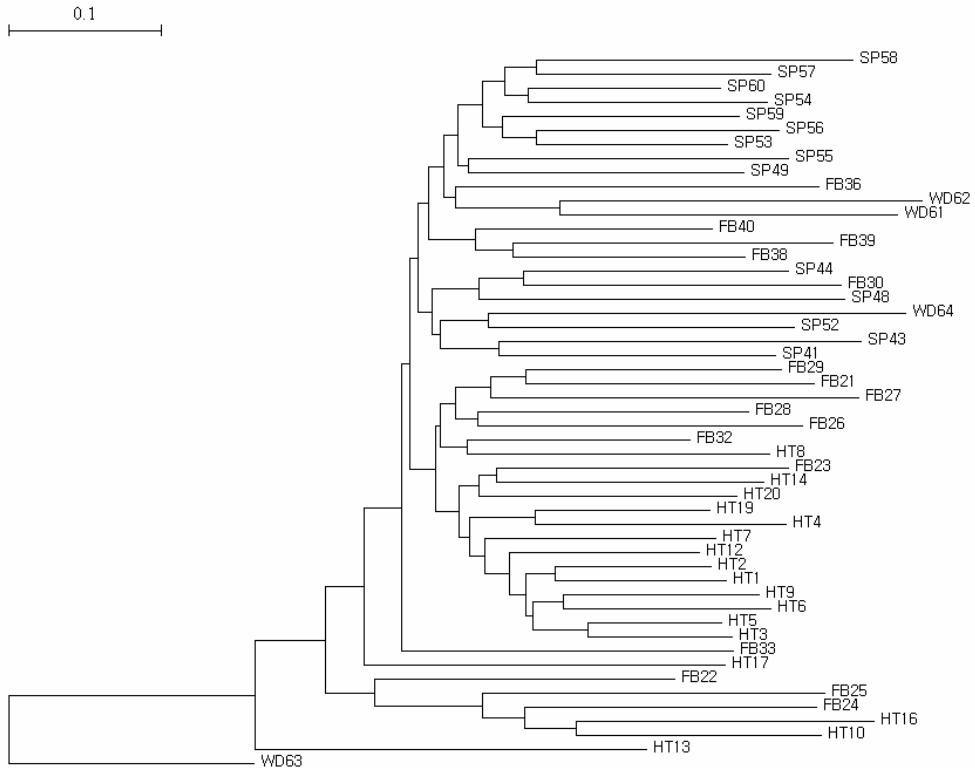


Fig. 1-9. Neighbor Joining analysis of RAPD data in rose materials using Treecon software.

Fig. 1-9는 6개의 그룹으로 분류되었으며, Fig. 1-8과 같이 Hybrid Tea, Floribunda, Spray, 원종으로 대부분이 계통별로 군집을 이루었다. Fig. 1-9에서

나타난 그룹 Coco(FB38; Kordes), Dallas(FB39; Kordes), Duftwolke(FB40; Tantau)는 같은 나라에서 육성되었음을 알 수 있었으며, Collection; K2(WD61; 농촌진흥청 수집품종), 쫄레원에 1호(WD62; 농촌진흥청 육성품종) 역시 Fig. 2 과 같이 유사한 계통으로 분류되었다. Fig. 1-8과 Fig. 1-9의 결과를 종합해 볼 때 Collection; K2(WD61; 농촌진흥청 수집품종), 쫄레원에 1호(WD62; 농촌진흥청 육성품종)는 Wild species 중 같은 종으로 분류되었다는 것을 알 수 있다. 따라서 Wild species 두 품종은 향후 유전연구를 위한 교배품종으로 이용할 수 있을 것으로 생각할 수 있다. 이와 같은 결과는 RAPD 증폭 밴드를 통하여 유의성을 분석하게 되면 각각의 장미 품종의 특성을 알 수 있으며, 육성국의 추론 및 품종간의 구분을 명확히 하는데 이용할 수 있을 뿐만 아니라 다양한 변이를 획득하기위한 육종 부, 모본의 선택을 효과적으로 할 수 있을 것이다.

3. 국내육성 우수 품종과 부모종 RAPD 마커 분석

가. 재료 및 방법

장미 품종의 부분·모본 및 F₁ 품종간의 유연관계 및 F₁ 품종들의 교배 양친을 추정하기 위하여 RAPD 분자마커를 이용하였다. 본 연구를 수행하기 위한 공시 재료는 전남농업기술원 및 전남대학교에서 교배 및 보유중인 장미품종 니콜(♀), 엑스타세(♂) 그리고 자식 10계통, 니콜(♀)과 오클라호마(♂)그리고 자식 10계통, 티아모, 스칼라(티아모 아조변이), 쥬베나, 입생로랑, 템페라(쥬베나×입생로랑 F₁), 한마음(니콜×티아모 F₁), 리틀마블, 밀리언핑크 그리고 단미(리틀마블×밀리언핑크 F₁) 총 32품종을 사용하였다(Table 1-8). 장미 교배양친과 F₁ 계통의 유연관계 분석을 위하여 1차년도('04~'05) 연구과제 수행 후 선발하였던 10 base pair 프라이머 20 종류를 사용하였다(Table 1-7). PCR 증폭 조건과 밴드 분석 방법은 1차년도('04~'05)와 2차년도('05~'06)와 같은 방법으로 수행하였다. 장미 교배양친과 자식계통의 군집분석은 TREECON(ver. 1.3b)프로그램 중 비가중 산술법(UPGMA, Unweighted Pair Group Method Arithmetic)을 사용하여 덴드로그램을 작성하였다(Van De Peer 와 De Wachter, 1993). F₁자식계통과 부모본 사이의 군집분석을 좀 더 정확한 구분을 위하여 NTSYS-pc 2.0 프로그램의 주좌표분석(Principal Coordinates Analysis)을 실시하였다. 교배 부모본과 육성품종간의 관계를 좀더 정확한 분류가 되는지 알아보기 위하여 교배 부모본과 육성품종(F₁

progeny) 1가지씩만 선택하여 군집분석(Cluster analysis)과 주좌표분석(Principal Coordinates Analysis)을 추가적으로 실시하였다. 장미의 유전연구를 좀 더 자세 히 수행할 수 있는지를 가늠해보고자 니콜(우), 엑스타세(♂) 그리고 자식 10계 통, 니콜(우)과 오클라호마(♂)그리고 자식 10계통의 프라미며 별 scoring data를 이용하여 교배 양친과 자식세대와의 밴드 분리비를 비교하였다.

Table 1-7. Primers used for the RAPD analysis

Primer name	Sequence	GC content(%)	Total bands	Polymorphic bands
N8005	GAAACGGGTG	60	12	9
N8033	ACATCCTGCG	60	8	5
N8034	GCCGCTACTA	60	9	5
N8038	GGTCCCTGAC	70	8	7
N8045	CAAACGTCGG	60	8	6
N8054	CAGTGAGCGT	60	6	3
N8062	GACCGCAAGT	60	11	4
N8064	CCACTCACCG	60	11	7
N8072	CTTAGGGCAC	60	11	2
N8079	GTGTGCCGTT	60	10	8
OFA07	GAAACGGGTG	60	7	2
OFA10	GTGATCGCAG	60	7	2
OPB08	GTCCACACGG	70	12	9
OPB17	AGGGAACGAG	60	11	6
OPD12	CACCGTATCC	60	10	10
OPG12	CAGCTCACGA	60	11	11
OPI11	ACATGCCGTA	50	8	7
A11	ACTGACCTAGTT	41.7	7	6
A15	ATCGCGGAATAT	41.7	7	5

Table 1-8. Rose species and F₁ progeny by interspecific hybrids used in the current analysis.

Female	Male	F ₁ progeny	Remark
Nicole	oklahoma	Nicole × oklahoma 1	
		Nicole × oklahoma 2	
		Nicole × oklahoma 3	
		Nicole × oklahoma 4	
		Nicole × oklahoma 5	
		Nicole × oklahoma 6	
		Nicole × oklahoma 7	
		Nicole × oklahoma 8	
		Nicole × oklahoma 9	
		Nicole × oklahoma 10	
Nicole	Extase	Nicole × Extase 1	
		Nicole × Extase 2	
		Nicole × Extase 3	
		Nicole × Extase 4	
		Nicole × Extase 5	
		Nicole × Extase 6	
		Nicole × Extase 7	
		Nicole × Extase 8	
		Nicole × Extase 9	
		Nicole × Extase 10	
Tiamo		Scarla	Bud mutation
Juvena	Yves Saint-Laurent	Temperla	
Nicole	Tiamo	Hanmaeum	
Little mable	Millian pink	Danmi	

나. 결과 및 고찰

1) 밴드 scoring data 분석 및 클러스터분석(cluster analysis)

본 실험에 사용된 20종의 프라이머는 대부분 재현성을 보였으며, 통계분석에 이용될 다형밴드 출현빈도가 잘 나타났다. 프라이머 20종류로부터 증폭된 총 밴드 수는 174개 였으며, 평균밴드 수는 8.7개였다. 이러한 결과는 Debener 등(1996)이 보고한 4.7개보다 더 많았다. 다형밴드 비율은 74%로 비교적 높았다(Table 1-7). 이와같은 현상은 1차년도 연구 수행한 프라이머 중 다형율이 좋은 프라이머만 선발했기 때문이라고 생각된다. 증폭된 DNA 단편의 크기는 200bp~3000bp 사이로 나타났다. 프라이머 N8005와 OPB08에서 가장 많은 밴드 수가 증폭되었고, 프

라이머 OPA07, OPA10, A11, A15에서 가장 적은 수의 밴드가 증폭되었다(Table 1-7). GC 값에 따른 평균 밴드 수는 70% 일때 10개, 60%일때 9.42개, 50%일때 8개, 41%일때 7개이었다(Table 1-7). 일반적으로 염기 구성은 DNA증폭에 영향을 미치며, 특히 GC content 값이 클수록 증폭이 잘 되며 밴드 수가 많아진다고 알려져 있다. 본 실험에서도 GC content 값이 클수록 증폭된 밴드 수가 많아진다는 것을 알 수 있었다(Table 1-7).

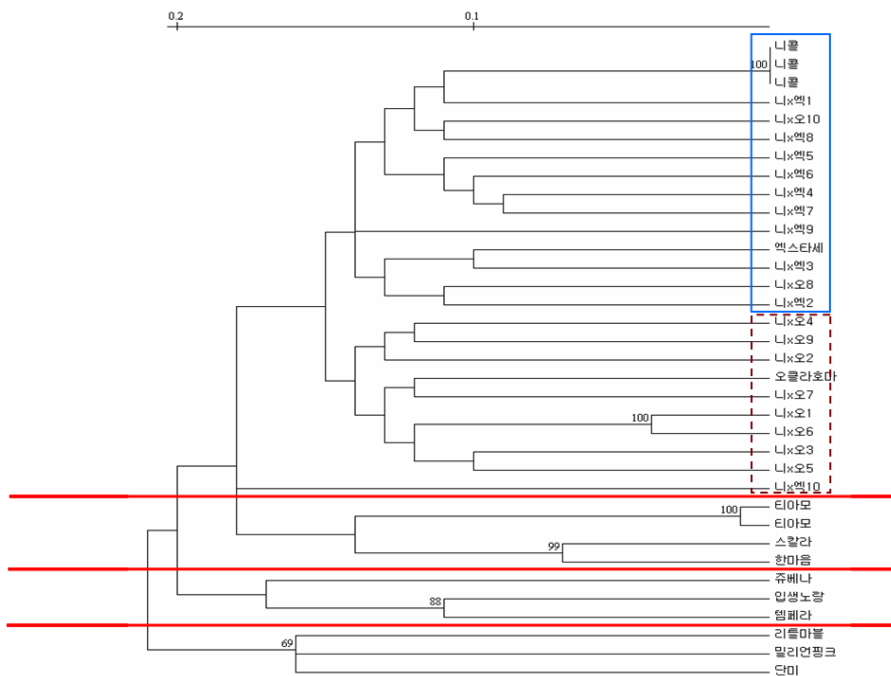


Fig. 1-10. Dendrogram based on cluster analysis of genetic distance (Nei and Li), among 9 rose parents and 24 F₁ progeny.

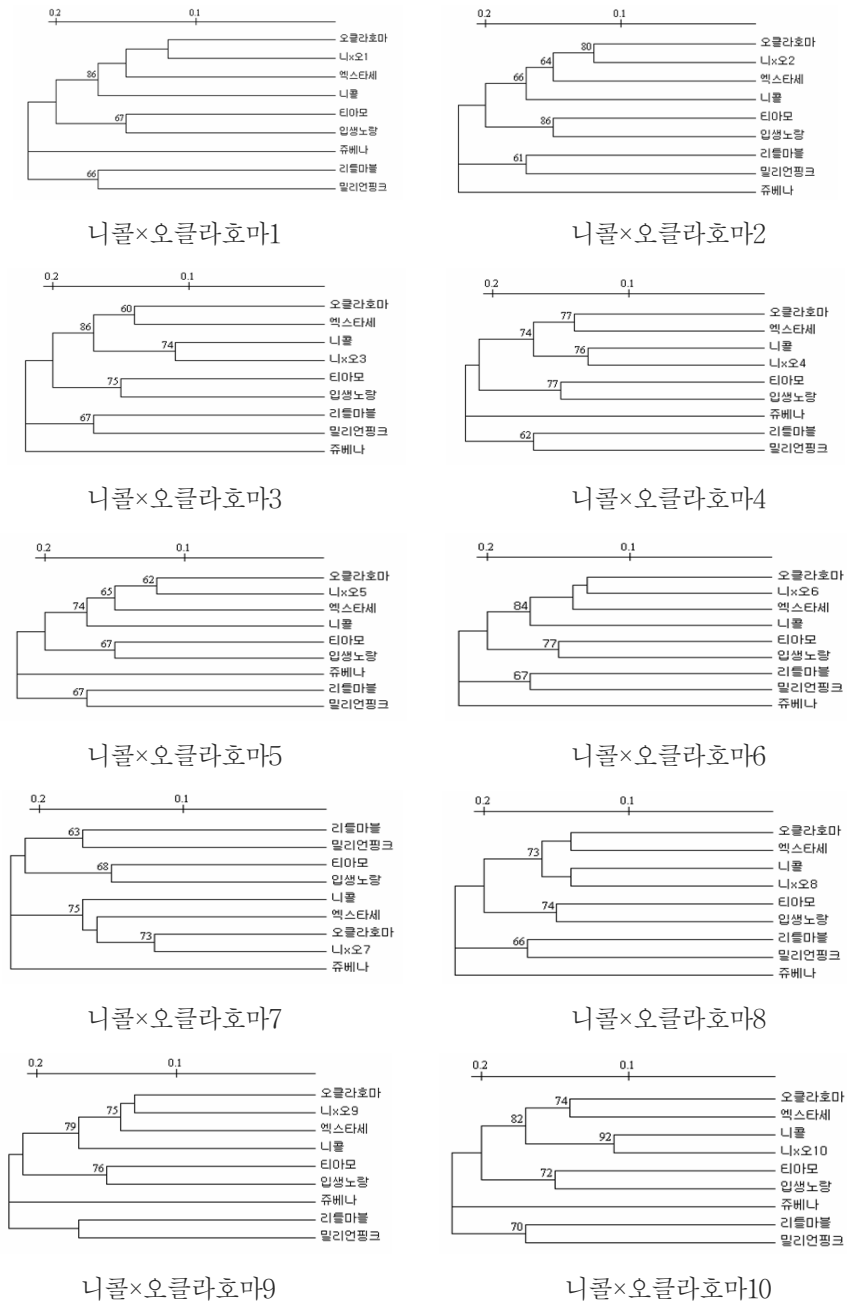


Fig. 1-11. Dendrogram derived from analysis of putative parental lines and one progeny (Nicole × Oklahoma)

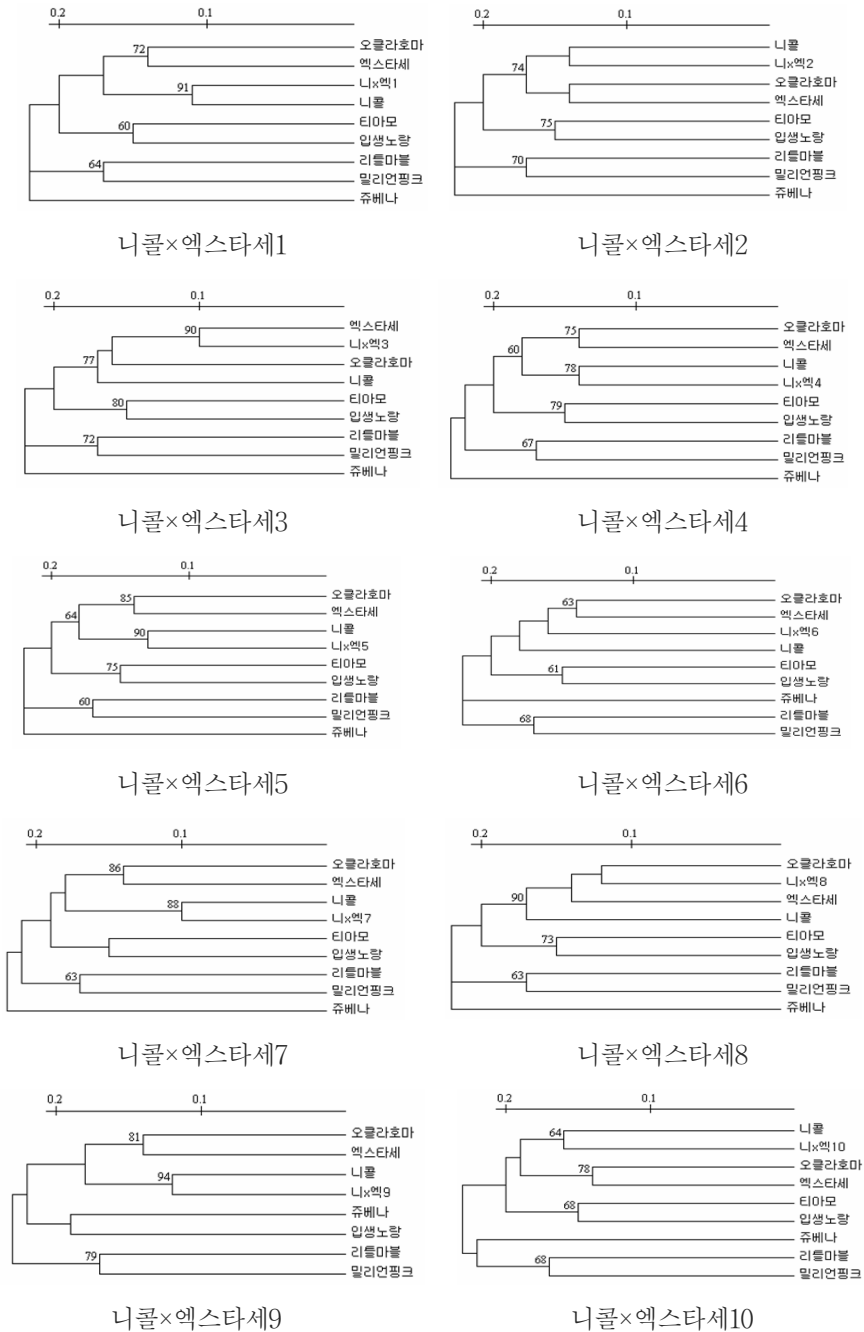


Fig. 1-12 Dendrogram derived from analysis of putative parental lines and one progeny (Nicole × Extace)

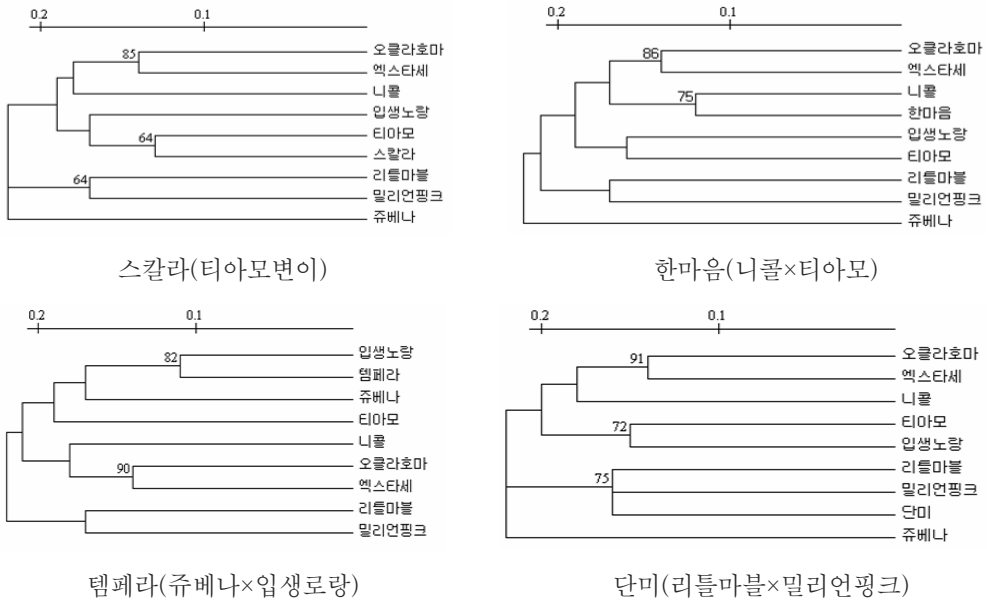


Fig. 1-13. Dendrogram derived from analysis of putative parental lines and one progeny (Scarla, Temperla, Hanmaeum, Danmi)

장미 교배양친과 자식계통의 클러스터 분석은 비가중 평균결합(UPGMA) 방법으로 덴드로그램을 작성한 결과 4개의 군으로 분리되었다(Fig. 1-10). 본 실험에 사용된 니콜과 티아모는 중복되어 육종 모본으로 사용되었기 때문에 교배에 사용된 횟수만큼(니콜 3회, 티아모 2회) PCR증폭을 중복하여 수행하였다. 니콜과 티아모 그리고, 자식계통과의 밴드증폭 양상을 세밀하게 비교 할 수 있었으며, 밴드의 일치도가 100%에 가깝다는 것을 확인 할 수 있었다(Fig. 1-10; Table 1-9). 그룹 I 은 니콜(♀)과 엑스타세(♂) 그리고 자식계통(F₁)을 포함한 군과 니콜(♀)과 오클라호마(♂) 그리고 자식계통(F₁)을 포함한 군으로 나누어져 있었다. 하지만 그룹 I 의 니콜(♀), 엑스타세(♂) 그리고 자식계통으로 이루어진 소그룹 내에 니콜×오클라호마 자식계통인 10 과 8번이 포함되어 있었다. 이와 같은 현상은 본 실험에 사용된 니콜×오클라호마, 니콜×엑스타세계통의 교배 부모본으로 사용된 니콜, 오클라호마, 엑스타세 품종간의 유전적거리가 다른 육성품종의 교배 부모본으로 쓰인 티아모, 주베나, 입생로랑, 리틀마블, 밀리언핑크 품종들 보다 가까웠기 때문에 같은 군으로 이루어졌을 것으로 보였으며, 니콜×오클라호마, 니콜×엑스타세의 자식계통들 역시 유전적거리가 가까운 부모본의 영향을 받아

같은 그룹에 속해있을 것으로 생각되었다(Table 1-9; Fig. 1-10). 그룹 II는 티아모와 티아모의 아조변이체인 스칼라 그리고 니콜(♀)과 티아모(♂)의 자식계통인 한마음품종이 속해있었으며, 그룹 III은 쥬베나(♀)와 입생로랑(♂) 그리고 자식계통(F₁)인 템페라가 속하였다. 한마음 품종이 스칼라 품종과 같은 그룹을 이루고 있는 이유는 한마음 품종이 니콜과 티아모를 교배 양친으로 사용되었기 때문으로 생각된다. IV 그룹에는 리틀마블(♀) 과 밀리언핑크(♂) 그리고 자식계통(F₁)인 단미품종이 속하였다(Fig. 1-10). 그룹 I의 니콜과 엑스타세 그리고 자식계통들 간의 평균 유전적 거리지수(genetic distance)는 0.13, 니콜과 오클라호마 그리고 자식계통들 간의 평균 유전적 거리지수 값은 0.14, 티아모와 스칼라(티아모 아조변이)의 평균 유전적 거리지수 값은 0.13 이었으며, 한마음과 교배양친(니콜, 티아모), 템페라와 교배양친(쥬베나, 입생로랑) 그리고 단미와 교배양친(리틀마블, 밀리언핑크)의 유전적 거리지수 값은 각각 0.15, 0.16 그리고 0.16으로 나타났다(Table 1-9). 각 품종간 유전적 거리지수 값의 전체적인 범위는 0.04~0.25정도로 재배품종과 육성품종간 유전적 거리가 비교적 가까웠다(Table 1-9). 특히 니콜과 엑스타세 그리고 니콜과 오클라호마의 자식계통의 거리지수는 0.04~0.23으로써 다른 품종과 자식계통보다 더 적은 유전적 거리지수폭을 나타내었다(Table 1-9). Fig. 1-11, 1-12, 1-13은 교배 부모본과 육성품종간의 관계를 좀 더 정확한 분류가 되는지 알아보기 위하여 교배 부모본과 육성품종(F₁) 1가지씩만 선택하여 Treecon 분석을 한 그래프이다. 그래프를 분석한 결과 교배 부모본으로 사용된 니콜, 오클라호마, 엑스타세와 자식계통(F₁)은 모두 한 그룹으로 분류되어 유전적 거리가 다른 품종들보다 가깝다는 것을 알 수 있었다. 티아모 아조변이인 스칼라 품종도 Fig. 1-10에서 보다 명확한 그룹으로 분류되었다(Fig. 1-13). 일반적으로 Fig. 1-11, 1-12, 1-13의 그래프는 자식계통과 교배 양친과의 관계를 비교적 정확히 구분할 수 있었다. 장미 야생종과 수집종 그리고 재배종에 대한 유연관계 분석은 계속 연구되어져 왔다. 이러한 연구의 결과들은 장미 수집품종과 교배종들 사이의 유전적거리가 큰 것으로 보고되고 있다(Debener 등, 1996; Jan 과 Byrne, 1999). 이러한 현상은 전 세계적으로 광범위한 지역에 위치하고 있는 장미는 지리적 영향과 생육환경에 따라 생리적 변화가 발생할 뿐만 아니라 종간 및 종속간의 교배가 잘 이루어지기 때문에 인위적인 교배와 자연변이에 의한 유전자 혼입이 빈번히 발생되어 복잡하고 분류체계를 가진 다양한 계통의 장미 품종들을 연구에 이용하였기 때문인 것으로 추정된다(Debener 등, 2004; Hurst

1925; Roberts 등, 2003). 하지만 본 실험의 결과에서는 유전적 차이를 나타내는 거리지수 폭이 매우 적은 것으로 나타났다. 이러한 결과는 본 연구에 사용하기 위하여 수집된 장미는 스탠다드 1가지 계통 내에서 선발하여 사용하였기 때문에 실험재료들의 유전적 차이가 크지 않았을 것으로 생각된다. 본 실험에서 RAPD를 이용하여 장미 품종간 유전적 차이는 적었지만 육종품종과 육종에 사용된 부분과 모본이 잘 분류된다는 것을 알 수 있었다.

2) 주좌표 분석(principal coordinate analysis)

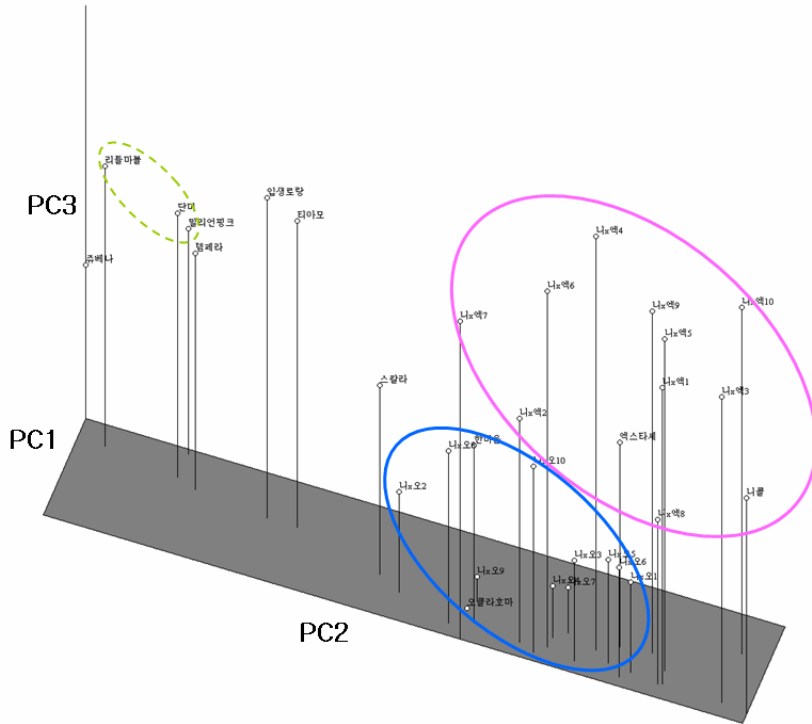
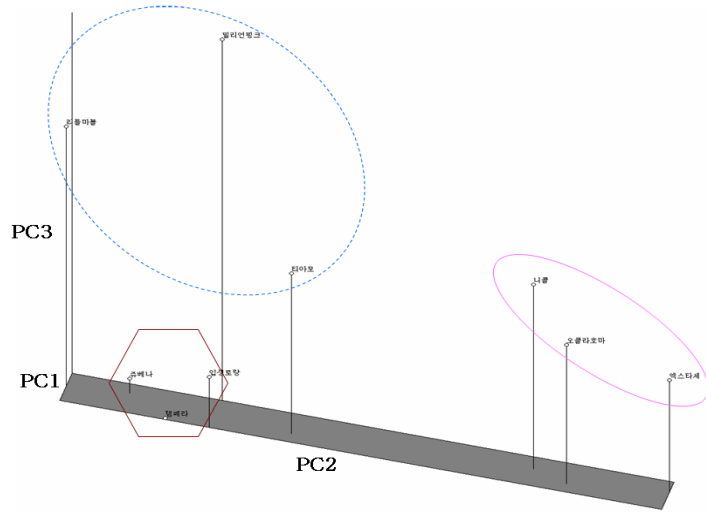
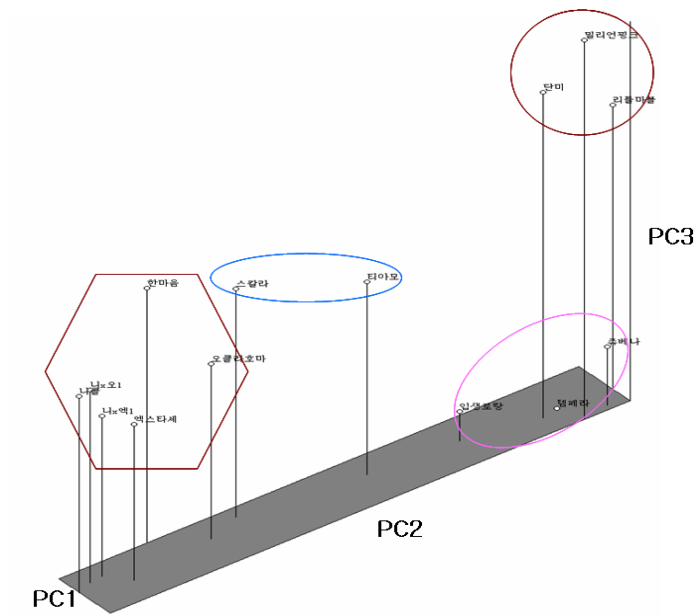


Fig. 1-14. Relationship among 32 rose lines, the F₁ hybrid, Nicol and Oclahoma, by principal co-ordinate analysis using random amplified polymorphic DNA (RAPD) based Nei and Li coefficient. PC1, PC2 and PC3 mean first, second and third principal coordinates.



(A)



(B)

Fig. 1-15. Relationship among crossing parents, the one F₁ hybrid, by principal co-ordinate analysis using random amplified polymorphic DNA (RAPD) based Nei and Li coefficient.

F₁자식계통과 부모본 사이의 군집분석을 좀 더 정확한 구분을 위하여 주좌표분석(Principal Coordinates Analysis)을 실시하였다(Fig. 1-14). 주좌표분석을 실시한 결과 니콜을 모본으로 한 니콜×오클라호마 자식계통과 니콜×엑스타세 자식계통 그리고 한마음(니콜×티아모 자식계통) 품종이 그룹을 이루었으며, 니콜을 모본으로 사용하지 않은 템페라(쥬베나×입생로랑)와 단미(리틀마블×밀리언핑크)가 그룹을 이루어 크게 두개의 그룹으로 분류되었다(Fig. 1-14). 주좌표 분석의 PC1, PC2 그리고 PC3의 총 분산값은 87.2% 였다. 이러한 3개의 주좌표 PC1, PC2 그리고 PC3은 각각 총분산값의 83.7%, 2.0% 그리고 1.5%를 차지한다. PC1은 분산값이 매우 높았으나 본 실험에 사용된 장미 품종 및 계통이 모두 같은 분류에 속하는 스탠다드 품종이라는 공통점이 있기 때문에 장미 품종의 유전적 거리지수의 범위가 작았기 때문에 PC1을 기준으로 주좌표분석 그래프를 해석하는 데는 어려움이 있었다(Table 1-3). PC2를 기준으로 장미품종 템페라(쥬베나×입생로랑)와 단미(리틀마블×밀리언핑크) 그룹과 니콜을 모본으로 육성된 자식계통으로 그룹 되어 총 나누어지는 것을 알 수 있었다. PC3을 기준으로는 니콜과 오클라호마 그리고 자식계통으로 이루어진 그룹과 니콜과 엑스타세 그리고 자식계통 및 나머지 템페라, 단미 그리고 교배 부모본이 같은 그룹을 이루었다(Fig. 1-14). Fig. 1-14에 나타난 한마음 품종은 니콜과 티아모의 자식계통으로 니콜과의 유전적 거리(GD)가 0.12, 티아모와의 유전적 거리는 0.15, 그리고 티아모 아조변이인 스칼라와의 유전적거리는 0.07로써 다른 품종들에 비해 유전적 영향을 많이 받았다는 것을 알 수 있었다. 이와 같은 실험결과는 니콜이나 티아모가 한마음 품종의 부모품종으로 추측할 수 있었다(Fig. 1-14). 따라서 통계분석결과를 나타내어 주는 주좌표분석 그래프를 해석하기 위해서는 오히려 PC2와 PC3이 더 영향을 미칠 것으로 생각되었다. 이와 같은 결과를 종합해 보면 육성된 장미품종에 대한 부분과 모본을 추측할 수 있었다. 주좌표 분석역시 그림 2처럼 교배 부모본과 육성품종간의 관계를 좀더 정확한 분류가 되는지 알아보기 위하여 교배 부모본과 육성품종(F₁ progeny) 1가지씩만 선택하여 주좌표분석(Principal Coordinates Analysis)을 수행한 그래프이다(Fig. 1-15 (A), (B)). Fig. 1-15 (A)와 (B)에서 니콜, 오클라호마, 엑스타세는 같은 그룹으로 구분되었고, 육성된 자식품종과 교배 양친도 같은 유전적 그룹으로 분류되어 교배양친의 구분이 가능하다는 것을 알 수 있었다. 이와 같은 결과는 주좌표(Principal Coordinates) 분석 역시 clustering 분석과 유사한 결과를 나타내었다.

3) 프라이머 종류별 밴드의 segregation 비율

Table 1-10. Segregating RAPD markers tested against 1:1 ratios (Nicole × Oklahoma)

	Nicole	Oklahoma	X^2	p-value
Expected ratio = 1:1				
A11	8	2	3.60	0.06
	9	1	6.40	0.01
	8	2	3.60	0.06
A15	2	8	3.60	0.06
	1	9	6.40	0.01
N8008	9	1	6.40	0.01
	4	6	0.40	0.53
N8034	9	1	6.40	0.01
	6	4	0.40	0.53
	0	10	10.00	0.00
N8038	-	-	-	-
N8045	8	2	3.60	0.06
N8054	-	-	-	-
N8072	9	1	6.40	0.01
	9	1	6.40	0.01
	2	8	3.60	0.06
	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
OPA07	5	5	0.00	1.00
	8	2	3.60	0.06
OPA10	2	8	3.60	0.06
	1	9	6.40	0.01
N8005	6	4	0.40	0.53
N8033	-	-	-	-
N8062	5	5	0.00	1.00
	9	1	6.40	0.01
	5	5	0.00	1.00
	5	5	0.00	1.00
	6	4	0.40	0.53
N8079	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
	1	9	6.40	0.01
OPB08	10	0	10.00	0.00
	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
	5	5	0.00	1.00
	9	1	6.40	0.01
OPB17	6	4	0.40	0.53
	6	4	0.40	0.53
	2	8	3.60	0.06
	5	5	0.00	1.00
	9	1	6.40	0.01
OPG12	6	4	0.40	0.53
	7	3	1.60	0.21
	6	4	0.40	0.53
	6	4	0.40	0.53
	2	8	3.60	0.06
OPI11	5	5	0.00	1.00
	9	1	6.40	0.01
	6	4	0.40	0.53
	7	3	1.60	0.21
	0	10	10.00	0.00
OPD12	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
	7	3	1.60	0.21
	5	5	0.00	1.00
	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
Total number	272	238	2.27	0.13
Ratio	1.14	1	0.01	0.92

장미는 배수성이 높을 뿐만 아니라 영양번식성 작물이기 때문에 유전적 분석 데이터 없이 교잡에 의한 F₁ 품종을 이용하여 새로운 품종을 만들어 내고 있다. 최근 병저항성에 강하거나 형태적으로 우수한 장미 품종에 대한 요구가 늘어나고 있기 때문에 좀더 고효율적 육종전략이 필요하다(Debener 와 Mattish 1999; Debener 등, 2004). 이러한 고효율적 육종전략을 위하여 분자마커를 통한 염색체 지도를 작성하는 방법이 도입되고 있다(Debener 등, 2004). 분자 마커를 이용한 유전자지도 작성은 양적유전이나 병저항성 유전현상에 대해 상당히 효과 있는 방법으로 이용되고 있다. 유전자 지도작성에 이용할 수 있는 분자마커의 종류에는 SSR, AFLP, RAPD 등이 있다. 본 실험에서 사용된 RAPD 분자마커 역시 비교적 간단하게 유전자 지도를 작성할 수 있으며, Debener 등(1999)이 RAPD 마커를 이용하여 병저항성유전자에 관한 유전자 지도를 작성한 바 있다. 또한 Rajapakse 등(2001)도 AFLP 마커와 SSR 마커를 이용하여 장미의 가지, 생육습성 등에 관하여 4배체 장미의 유전자 지도를 작성하였다. 장미뿐만 아니라 포도에서도 F₁ 집단을 이용하여 RAPD 마커밴드의 분리비를 이용하여 유전자 지도를 작성하여 육종에 필요한 유전연구를 수행하였다(Suln Luo 등 2002). 본 연구에서도 역시 장미의 유전연구를 좀더 자세히 수행할 수 있는지를 가늠해보고자 RAPD 마커 밴드의 분리비를 비교하였다. Table 1-10과 Table 1-11은 니콜×오클라호마, 니콜×엑스타세를 각각 교배 후 각각의 프라이머 별 RAPD 밴드의 유무를 이용하여 교배양친과 F₁ 개체들간의 기대비율(Expect ratio)을 구한 값이다. 밴드 관찰율에 대한 적합도 분석은 0.05의 유의수준에서 카이자승검정식(X^2)을 이용하였다. 니콜×오클라호마의 RAPD 마커의 분리양상은 Table 1-10과 같다. 총 20개 프라이머 중 N8033, N8038, N8054를 제외한 17개 프라이머에서 교배양친에 대한 F₁ 개체들 간의 RAPD 마커 분리를 확인 할 수 있었다. 교배양친과 자식계통간 분리비를 확인 할 수있는 마커밴드는 증폭된 다형밴드 수가 10개와 11개를 가진 프라이머 OPG12와 OPD12에서 각각 7개로 가장 많았다(Table 1-10, 1-11). 니콜(♀)×오클라호마(♂)의 자식계통에서 분리된 RAPD 마커의 총 밴드 수는 모본에서 272개의 마커밴드가 나타났으며, 부분에서는 238개의 마커밴드가 나타났다. 이와 같은 결과는 유의수준 0.05%에서 카이자승검정식으로 검정한 결과 2.27로써 멘델의 유전법칙의 기대치 1:1에 가까웠다.

Table 1-11. Segregating RAPD markers tested against 1:1 (Nicole × Extase)

	Nicole	Extase	X ²	p-value
Expected ratio = 1:1				
A11	6	4	0.40	0.53
A15	4	6	0.40	0.53
	3	7	1.60	0.21
	4	6	0.40	0.53
N8008	5	5	0.00	1.00
	10	0	10.00	0.00
	10	0	10.00	0.00
	3	7	1.60	0.21
N8034	9	1	6.40	0.01
	0	10	10.00	0.00
N8038	10	0	10.00	0.00
	7	3	1.60	0.21
N8045	-	-	-	-
N8054	2	8	3.60	0.06
	2	8	3.60	0.06
N8072	2	8	3.60	0.06
	2	8	3.60	0.06
	7	3	1.60	0.21
	4	6	0.40	0.53
OPA07	9	1	6.40	0.01
	9	1	6.40	0.01
OPA10	9	1	6.40	0.01
	0	10	10.00	0.00
N8005	7	3	1.60	0.21
	8	2	3.60	0.06
	4	6	0.40	0.53
	3	7	1.60	0.21
N8033	9	1	6.40	0.01
N8062	3	7	1.60	0.21
N8064	1	9	6.40	0.01
	4	6	0.40	0.53
	8	2	3.60	0.06
	5	5	0.00	1.00
N8079	3	7	1.60	0.21
	8	2	3.60	0.06
	9	1	6.40	0.01
OPB08	5	5	0.00	1.00
	5	5	0.00	1.00
OPB17	-	-	-	-
OPG12	6	4	0.40	0.53
	10	0	10.00	0.00
	7	3	1.60	0.21
	9	1	6.40	0.01
	1	9	6.40	0.01
	10	0	10.00	0.00
OPI11	3	7	1.60	0.21
OPD12	2	8	3.60	0.06
	3	7	1.60	0.21
	3	7	1.60	0.21
	4	6	0.40	0.53
	4	6	0.40	0.53
	10	0	10.00	0.00
Total number	271	229	3.53	0.06
Ratio	1.18	1	0.02	0.90

니콜(♀)×엑스타세(♂)의 RAPD 마커의 분리양상은 Table 1-11과 같다. 총 20개 프라이머 중 N8045, OPB17를 제외한 18개 프라이머에서 F₁ 개체들간의 RAPD 마커 분리를 확인 할 수 있었다. 교배양친과 자식계통간 분리를 확인 할 수 있는 마커밴드는 프라이머의 종류에 따라 1개에서 6개까지 확인 할 수 있었다. 하지만 PCR 증폭 후 총 밴드 수가 많다고 하여 교배양친과 자식계통간 분리를 확인 할 수 있는 마커밴드수가 많은 것은 아니었다. 니콜(♀)×엑스타세(♂)의 자식계통에서 분리된 RAPD 마커의 총 밴드 수는 모본에서 271개의 마커 밴드가 나타났으며, 부분에서는 229개의 마커밴드가 나타났다. 이와 같은 결과 역시 유의수준 0.05%에서 카이제곱검정식으로 검정한결과 3.53 으로서 멘델의 유전법칙의 기대치 1:1에 가까웠다. 본 연구를 통하여 RAPD마커를 이용한 육종품종의 부분과 모본을 효과적으로 추측할 수 있었을 뿐만 아니라 유전적 거리가 적은 품종들 역시 효과적인 분류를 할 수 있었다. 또한 육종품종과 교배부모본 품종의 RAPD 마커 밴드의 분리를 연구하여 부모본의 유전자 지도 작성에도 이용을 할 수 있을 것이다.

4. 적 요

가. RAPD PCR 조건 탐색 및 프라이머 테스트

PCR 증폭에 필요한 적정 DNA 농도는 1~20ng 이었으며, 35~40℃의 annealing 온도에서 밴드의 구분이 가장 확실하였다. *Taq* polymerase 농도는 1.0 unit에서 효율이 가장 좋았다. RAPD용 프라이머 191개 중 155개 프라이머에서 밴드 증폭여부를 구분할 수 있었으며, 이 중 100개의 프라이머가 재현성이 있는 것으로 확인되었다. 본 연구를 통하여 생성된 DNA fingerprint 자료를 인터넷에 공개하여(<http://hanth.jnu.ac.kr>) 장미 유전연구를 통한 육종 프로그램을 직·간접적으로 지원할 수 있을 것이다.

나. 다형성 프라이머 20종 선발 및 장미 계통별 RAPD 마커 분석

재현성이 있는 프라이머는 총 밴드수 중 다형밴드 비율이 80% 이상인 것과 아가로스 젤 상에서 명확히 구분할 수 있는 밴드를 가진 프라이머 20개를 선발하였다. 장미 51개 품종을 이용하여 RAPD 분석을 수행한 결과 총 밴드 수는 242개였으며, 증폭범위는 200~2,000bp였다. 몇 품종을 제외한 대부분의 장미품종에서 계통별로 잘 분류되었다. 특히 야생장미품종은 다른 장미계통들과 확실히 구분되었다. Hybrid Tea계통과 Floribunda 계통이 같은 그룹으로 분류되기도 하였다. 이와 같은 결과는 두 계통이 유전적으로 매우 가깝기 때문인 것으로 추정되었다.

다. 국내육성 우수 품종과 부모종 RAPD 마커 분석

장미 8품종의 교배양친과 21가지 자식계통(F_1)의 RAPD 분석에서 증폭된 밴드는 총 188개 였으며, 덴드로그램상에서 4개의 그룹으로 나뉘었다. 그룹 I은 니콜(♀)×엑스타세(♂)의 자식그룹과 니콜(♀)×엑스타세(♂)의 두 개의 하위 그룹으로 나뉘었다. 나머지 3그룹 역시 교배양친과 자식계통으로 잘 구분되었다. 유전적 거리는 0.04~0.25로써 유전적 차이는 크지 않았다. 주좌표분석(Principal Coordinate Analysis) 역시 교배양친과 자식계통으로 잘 분류되었다. 결과적으로 육성된 장미품종과 교배양친은 RAPD분석을 통하여 잘 구분할 수 있었다. 따라

서, RAPD 마커는 장미 유전분석에 유용한 도구로 쓰일 수 있으며, 우리나라 육종프로그램의 효율성을 높이는데 유용하게 사용될 수 있을 것이다.

제2절 장미 DNA fingerprint DB용 프로그램 개발

1. 개요

Band Master 1.6은 RFLP, RAPD 그리고 AFLP등의 DNA fingerprinting 패턴들을 이진화 혹은 양자화 및 상대거리 측정을 위한 간단한 컴퓨터 프로그램이다. 본 프로그램은 밴드들에 대한 수동, 반자동 분석 기능을 제공하고 있으며, 각 lane 단위로 별도의 임계값(threshold)을 설정할 수 있게 하고, 임의로 사이즈 마커의 초기값을 설정하게 하여 초기 실험 환경, 장비의 영향 그리고 입력 영상의 외곽에 대해 각각 보정할 수 있게 하였다. 또한 사이즈마커를 통한 상대 거리 정보를 제공하고 있다. 본 프로그램은 전남대학교 농업생명과학대학에서 진행한 농림기술개발과제(ARPC) "RAPD 마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과 우수계통 육성" 2005~2006년도 결과물로 제출된 프로그램이다.

가. 설치환경 및 방법

1) 시스템 요구사항

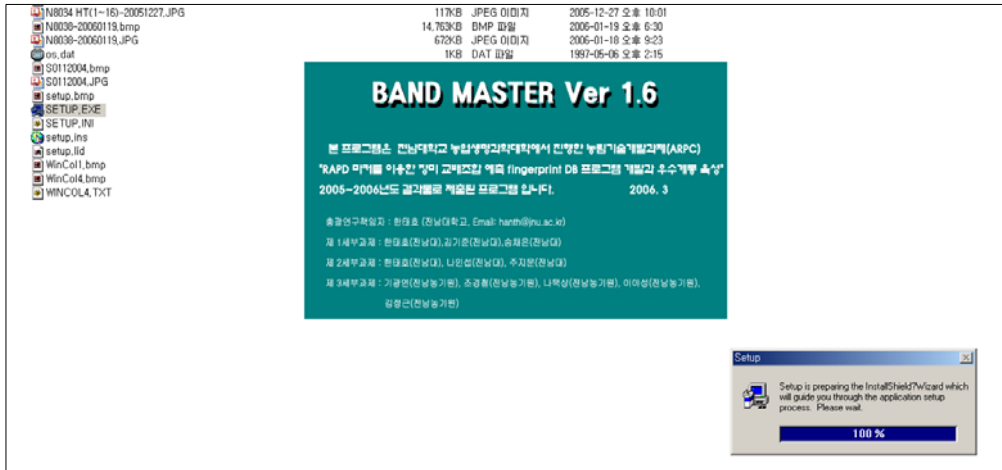
Band Master는 32비트 어플리케이션 프로그램으로 윈도우즈 9x, 윈도우즈 NT, 윈도우즈 2000, 윈도우즈 XP 환경에서 실행된다. 대형 fingerprint를 분석하는데 최소 Pentium III 이상 CPU와 32메가 이상의 메모리가 요구된다. 프로그램 실행을 위해 최소 100M이상의 디스크 여유 공간이 필요 하며, 800x600에 SVGA이상의 해상도를 필요로 한다.

2) 개발환경

Band Master는 Microsoft Windows 2000 Server 운영체제 환경에서, Microsoft Visual Studio C++ 6.0 Enterprise판을 가지고 개발되었다. 개발 컴퓨터는 Pentium 4 3.0G, RAM 2G, HDD 480G이다. 제공된 인스톨 시디 혹은 디스크를 컴퓨터에 삽인 한 후 Setup.exe 파일을 실행하여 지시하는 지시에 따라 컴퓨터에 인스톨하면 된다. 지시 사항과 과정은 다음과 같다.

제공된 인스톨 시디에서 setup.exe 파일을 실행하면 하단과 같이 프로그램명

(BAND MASTER)과 버전정보 그리고 본 프로그램의 연구에 참여한 참여자 정보 및 ARPC의 지원 사업이었음이 화면에 표시되며 시스템 설치환경을 조사 하면서 약 1-2분간 표시되며 인스톨 작업이 진행된다.



약 1-2분 후 다음과 같은 환영인사 화면이 나타난다.



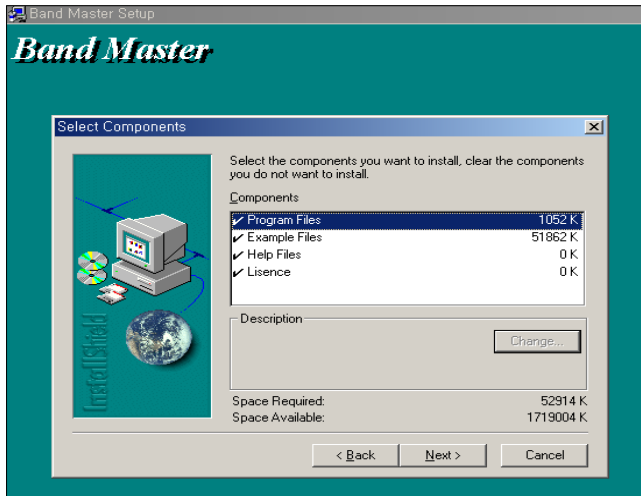
계속 진행을 위해 Next 버튼을 누르면, 다음과 같은 저작권 동의 화면이 나온다.



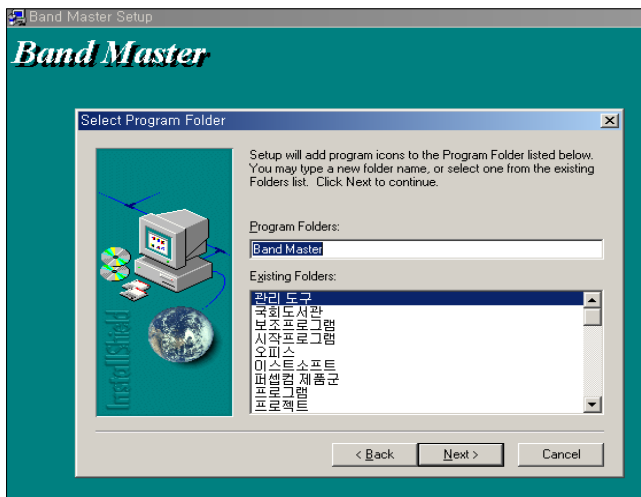
저작권 동의 화면 후 프로그램이 저장된 위치를 선택하는 화면이 나온다. 기본적으로 C:\Program Files\BandMaster이다.



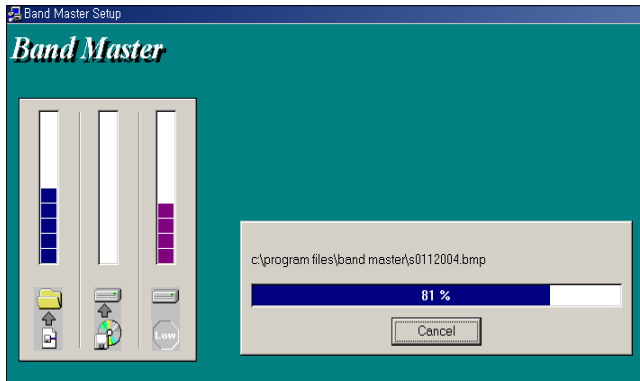
인스톨 위치를 선택한 후에는 저장한 컴포넌트를 선택하면이 나온다. 기본적으로 실행 프로그램과 예제 파일이 선택되어 있다. 전체 하드 디스크 남은 용량과 컴포넌트별 요구 용량이 표시된다.



인스톨할 컴포넌트를 선택한 후에는 프로그램 폴더를 선택한다. 기본적으로 BandMaster로 되어 있다.



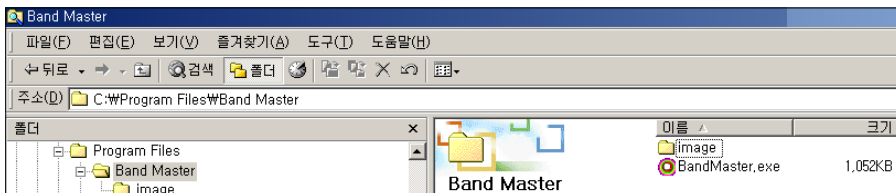
프로그램 폴더가 선택된 후 컴포넌트별 진행 사항이 표시된다.



프로그램 설치가 완료 된 후 완료 화면이 표시된다. 완료 화면이 표시되면 Finish를 눌러 프로그램을 종료한다.



설치가 완료 되면 다음과 같이 C:\Program Files\Band Master 에 실행 파일은 BandMaster.exe 파일이 1,052KB로 저장되고 기본 이미지 저장장소인 image 폴더가 기본적으로 설치되어 예제를 제공한다.



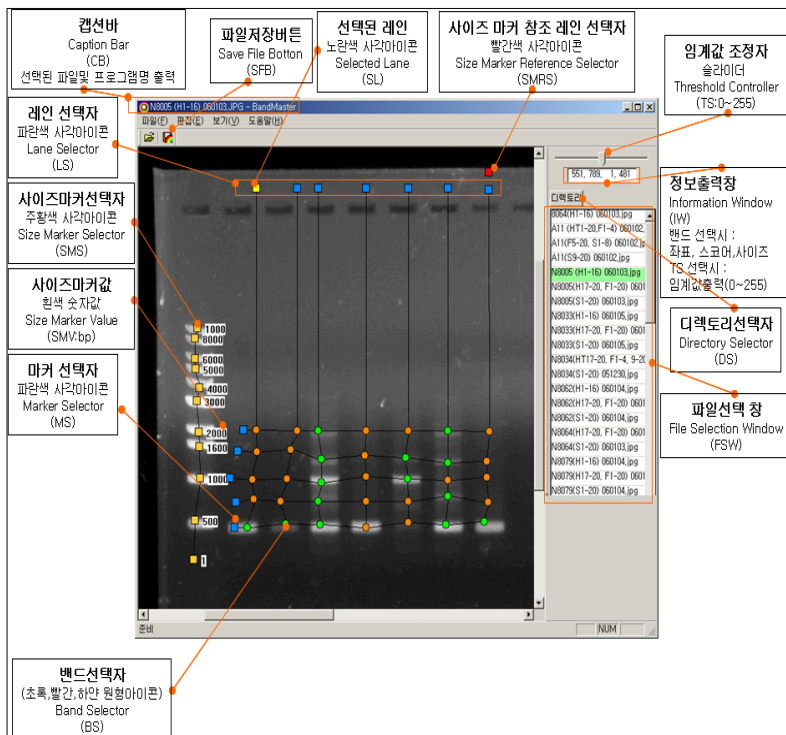
나. 입출력 파일 형식

Band Master의 입력 파일은 젤로 표현된 RFLP, RAPD 그리고 AFLP등의 DNA fingerprinting 패턴들에 대한 BMP, JPG 파일 포맷을 지원한다. 지원 해상도는 8bit 256색과 24bit 16777216색을 지원하며, 임계값(threshold) 처리 할 때는 256 Gray 형식을 기준으로 처리한다.

Band Master의 출력 파일은 입력 영상 파일과 같은 이름의 .txt 파일로 저장되며, 파일 구성은 사이즈 마커의 위치와 상대값, 밴드별 위치, 스코어값, 상대거리, 그리고 밴드에 대한 스코어 행렬로 구성되어있다.

다. 프로그램 실행 및 구성

윈도우즈의 시작 > 프로그램 > Band Master 1.6을 선택하면 프로그램이 실행된다. 실행된 프로그램 화면의 구성을 살펴보면 다음과 같다.

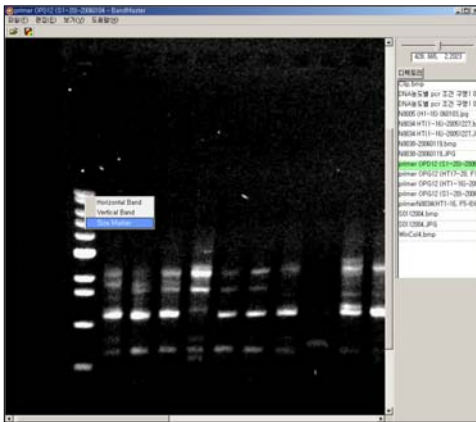


1) 초기 설정

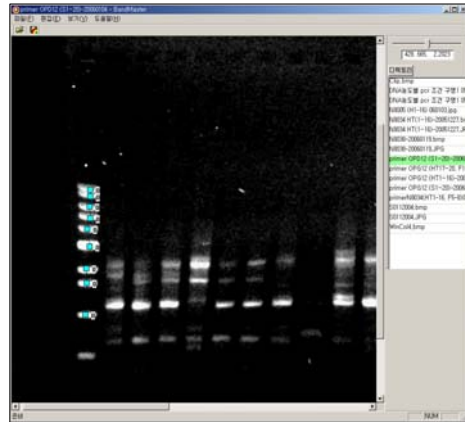
프로그램을 실행하였을 때 초기 설정값은 다음과 같다. 젤 이미지 파일이 저장되는 위치는 기본 프로그램 설치 디렉토리 하위의 image에 저장된다. 최초 SMRS (Size Marker Reference Selector)과 SL(Selected Lane)은 제일 좌측 레인에 설정된다. 초기에 레인별 임계값 설정값은 모든 레인에 0으로 설정된다. 최초 SMV (Size Marker Value)는 0이다. 프로그램을 실행 후 **반드시 최초로 SMS와 SMV를 설정해 주어야 밴드를 인식할 수 있다.**

2) 사이즈마커 설정

SMS와 SMV는 각 밴드들에 대한 상대 거리를 측정하기 위해 필요하다. 사이즈 마커 설정을 위해서는 해당 하는 사이즈 마커에 마우스 커서를 가져다 놓고 좌측 버튼을 더블클릭하여, 선택 항목중 Size Marker를 선택하므로써 SMS(Size Marker Selector)를 설정한다.



SMS설정을 위해 좌측마우스버튼 더블 클릭

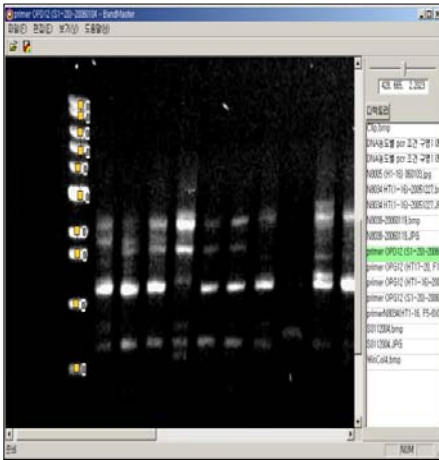


SMS 설정 중 파란아이콘

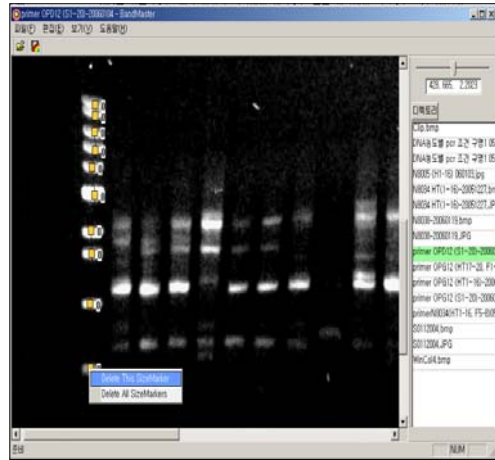
SMS는 반드시 해당 마커의 상단에서 하단으로 진행하면서 설정한다. 설정이 종료 되었을 때는 해당 SMS에서 더블 클릭한다. SMS 설정 중의 사각 아이콘의 색상은 파란색에서 종료가 되면 노란색으로 아이콘 색이 변경된다.

SMS 설정 중 최초 SMV 기본 값은 0으로 설정된다.

설정 후 SMS를 삭제하기 위해서는 SMS위에 마우스 커서를 올려놓고, 우측 마우스 버튼을 누르면 Delete This Size Marker 혹은 Delete All Size Markers를 선택하여 하나의 SMS를 지울지 전체 SMS를 지울 지를 선택한다. 삭제 할 때는 중간의 SMS에서든 시작 SMS에서든 혹은 끝 SMS에서든 어디에서나 삭제 가능하다.

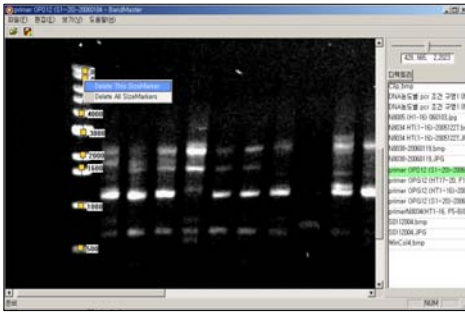


SMS 설정 후 노란아이콘



1개 혹은 전체 SMS 삭제 선택

SMV를 설정하기 위해서는 노란색으로 종료된 SMS를 좌측 마우스 버튼으로 더블 클릭 하여 해당하는 SMV를 설정 하거나 변경 할 수 있다. 또한 SMS를 추가 하고 싶으면, **반드시** 노란색으로 설정이 종료된 SMS **하단**에서 좌측 마우스 버튼을 더블 클릭하여 Size Marker를 선택한 후 원하는 개수의 SMS 만큼 확장한 후 좌측 마우스 버튼을 더블 클릭하여 종료하면 된다. 만일 하단에서 설정하지 않으면, 해당 하는 SMS 의 위치를 일일이 다시 조정해 주어야 하는 수고로움이 따른다.



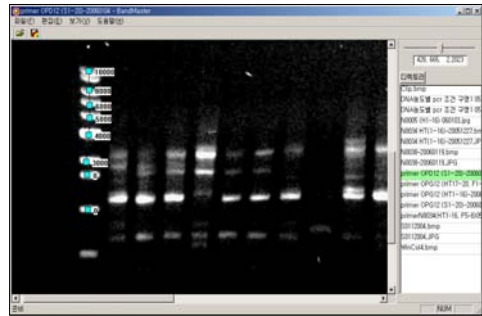
중간 SMS에서 삭제



SMV 설정



SMS 추가 1

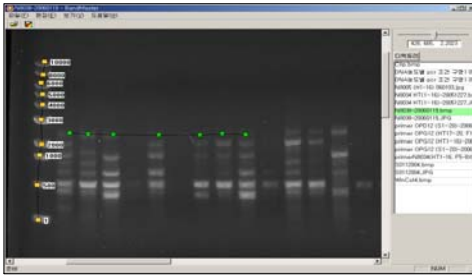


SMS 추가 후 파란 아이콘으로 변화

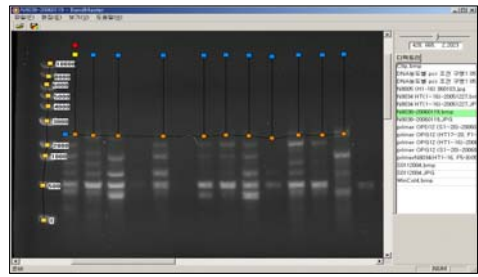
3) Lanes과 Markers

레인들과 마커들 표현은 기본적으로 마우스 좌측 버튼을 더블 클릭하여 Horizontal Band 와 Vertical Band를 선택하여 표시한다.

Horizontal Band 선택하였을 경우 초록색 아이콘이 나온다. 이 아이콘을 해당하는 밴드에 클릭하면서 진행하면 횡의 BS(Band Selector)들의 집합이 형성된다. 횡의 BS들 설정 종료는 마지막 밴드에서 더블 클릭을 하여 설정한다. 횡의 BS들이 설정되면 초록색 아이콘이 붉은색으로 변하며, 노란색 사각의 SL(Selected Lane)과 붉은 사각의 SMRS(Size Marker Reference Selector)가 제일 좌측 밴드 상단에 형성된다.

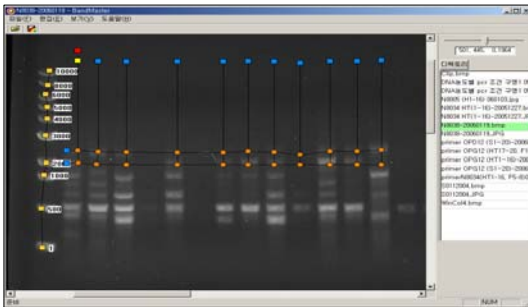


횡으로 BS 생성



횡의 BS설정 후 SL과 SMRS 생성 모습

1줄의 Markers 가 생성된 후 Horizontal Band 선택 후 두 번째 BS에서 부터는 더블 클릭을 하면 1줄의 BS 개수만큼 자동으로 BS들이 생겨남으로서 빠르게 BS들을 생성할 수 있다. 단 생성후 쥬얼 이미지의 밴드위치에 맞추어서 조정 해주어야 한다.

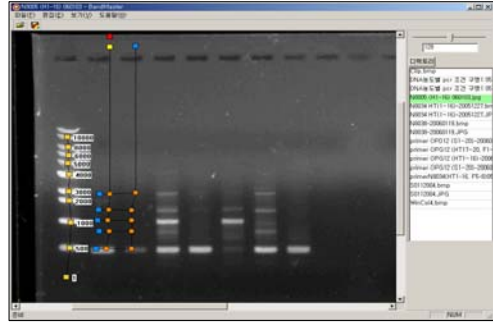


더블클릭으로 1줄 BS 자동 생성

Vertical Band를 선택하였을 경우는 레인을 생성 할 때 사용하는 데 상단에서 하단으로 이동하면서 설정할 수 있다. 하나의 레인 설정이 마무리 지어 질 때는 더블 클릭을 눌러 종료하며 이때 BS의 색상은 초록에서 붉은 색으로 변화한다. Horizontal Band 생성할 때와 마찬가지로 1줄 레인이 생성되면 더블 클릭하여 자동으로 레인을 1줄씩 생성할 수 있다.

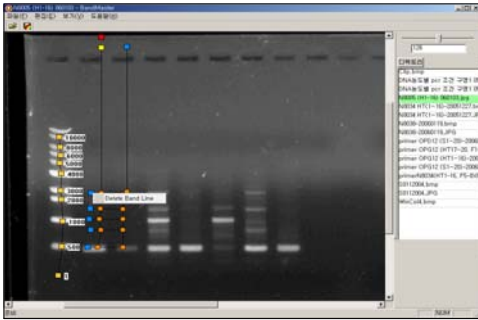


Vertical Band로 레인 생성

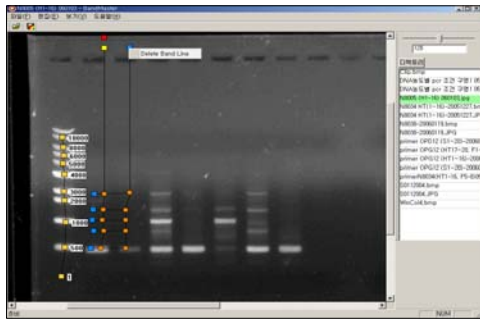


Vertical Band 더블클릭 후 레인 자동 생성

레인과 마커 삭제는 좌측과 상단의 파란색 사각 아이콘에 마우스 오른쪽을 클릭하면 한줄의 마커나 한줄의 밴드를 삭제 할 수 있다.



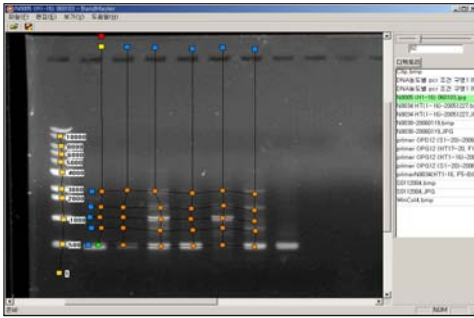
좌측에서 한줄 밴드 삭제



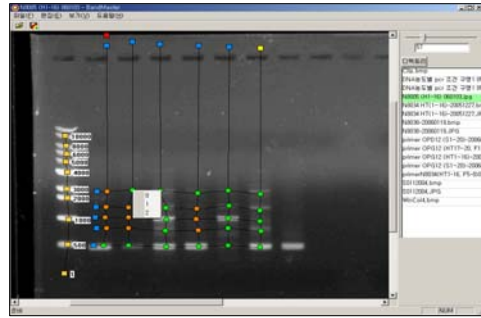
상단에서 한줄 밴드 삭제

4) 레인별 자동 마커 인식

레인별 자동마커 인식을 위해서는 우선 SL(Selected Lane)를 선별하고, 우측 상단의 슬라이드를 조절하면 해당 SL의 임계값이 변경되면서 레인 자동 마커인식이 이루어진다. 인식된 마커는 스코어 가 1 색상은 초록색으로 변경된다. 인식되지 않은 것은 스코어 0 색상은 붉은 색이 된다. 추후 수동으로 스코어를 바꾸고 싶으면 BS에 마우스 오른쪽을 눌러 스코어를 조정하면 된다. 이때 스코어는 인식된 경우 1과 2 그리고 인식되지 않은 경우 0으로 구분한다. SL 변경은 상단의 SL용 아이콘을 더블 클릭함으로써 변경한다.



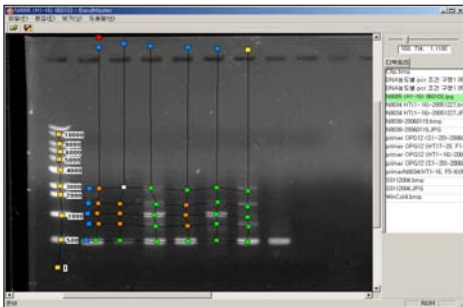
SL의 임계값 변경 및 자동 마커인식



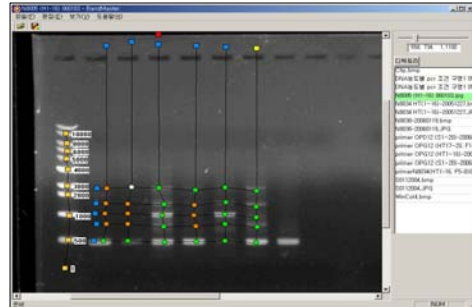
수동 BS의 스코어 변경

5) 현재 BS의 정보 출력

현재 BS의 좌표 값, 스코어 그리고 상대거리를 확인하려면, 원하는 BS에 클릭 후 우측 상단 슬라이드 자리를 보면 해당 값이 출력된다. (558,734,1,1100) 이것은 좌표 558.734 의 스코어 1 그리고 상대거리는 1100bp라는 이야기 이다. 상대거리 측정용 기준값은 최초값 이 제일 좌측이 레인인데 이를 변경하기 위해서는 SMRS를 마우스로 드레그 원하는 레인으로 변경하면 된다.



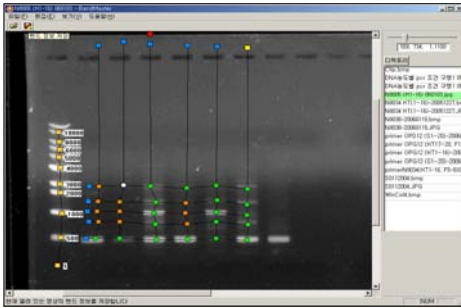
슬라이드 밑에 BS 정보값 출력



SMRS 변경하기

6) 작업한 정보 저장하기

원하는 정보를 저장하기 위해서는 좌측 상단의 두 번째 아이콘 SFB를 눌러서 저장하면 된다. 이때 저장된 파일 이름은 열려진 이미지 파일과 같은 이름이며 확장자는 .TXT로 저장된다. 저장이 정상적으로 이루어지지 않고 다른 파일을 열려고 하면 “변경된 내용을 저장하시겠습니까?” 라고 메시지가 나오고 저장된다.

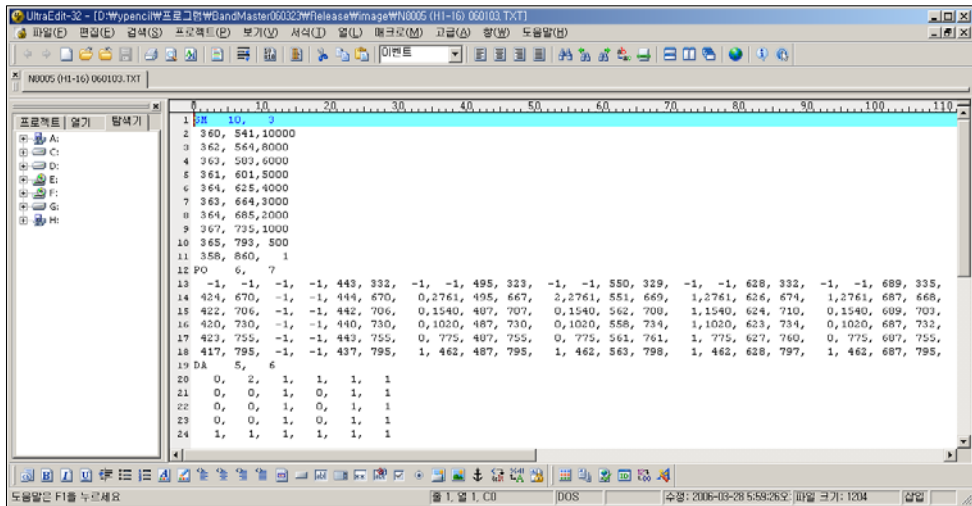


SFB 버튼을 내용저장



다른 파일을 열려고 할 때 변경 메시지

저장된 내용의 구성은 SM와 SMV 그리고 해당 포지션별 정보 그리고 스코어로 구성되어 있다.



라. 교배조합 예측 프로그램

클러스터링은 서로 간에 높은 유사도를 가지는 객체들을 같은 클러스터로 그룹화 하는 작업으로, 크게 분할 방법(partitioning method), 계층적 방법(hierarchical method), 밀도 기반 방법(density-based method), 그리드 기반 방법(grid-based method), 그리고 모델 기반 방법(model-based method)의 다섯 가지 카테고리로 나눌 수 있다. 일반적으로 자주 사용되는 클러스터링 알고리즘들로는 분할 방법의 일종인 K-means, PAM(Partitioning Around Medoids)나 CLARANS (Clustering Large Applications based upon RANdomized Search), BIRCH (Balanced Iterative Reducing and Clustering Using Hierarchies)나 CURE (Clustering Using Representatives)와 같은 계층적 방법의 알고리즘, 그리고 밀도 기반 방법의 DBSCAN(A Density-Based Clustering Method Based on Connected Regions with Sufficiently High Density)등이 있다. 또한 이러한 클러스터링 알고리즘 이외에도 벡터 양자화 작업을 수행할 수 있는 SOM(Self-Organizing Map)과 같은 신경망이나 베이저안 네트워크(bayesian network)와 같은 인공 지능의 학습 기법들도 일종의 클러스터링 알고리즘으로 볼 수 있다. 위와 같은 클러스터링 알고리즘 중 K-means 알고리즘과 SOM, 응집 계층(agglomerative hierarchical) 알고리즘이 일반적으로 많이 사용되어 왔다. 또한 다양한 통계 기법이나 베이저안 네트워크, K-NN등과 같은 학습 기법들을 기반으로 연구가 진행된 바 있다.

1) K-means

K-means는 객체를 K 개의 그룹으로 분할(Partitioning)하는 방법으로, 이 때 클러스터에 속하는 객체들의 평균값을 중심으로 하여 분할한다. K-means가 수행되는 과정은 다음과 같다.

- 가) 군집의 수 K를 결정한다.
- 나) 초기 K개 군집의 중심을 선택한다.
- 다) 주어진 중심점을 기준으로 각 객체를 가까운 군집에 할당한다. 이 때 중심점과 객체간의 거리는 euclidian 거리로 계산한다.
- 라) 새로 할당된 객체를 중심으로 각 군집의 새로운 중심점을 계산한다.
- 마) 만약 기존 중심점과 새로운 중심점간의 차이가 없으면 중지하고, 그렇지 않으면 2번으로 돌아가 다시 수행한다.

※ Euclidian 거리계산법 : 두 점 $P = (p_x, p_y)$, $Q = (q_x, q_y)$ 에 대해 $\sqrt{(p_x - q_x)^2 + (p_y - q_y)^2}$

The screenshot shows a window titled "Euclid Distance by Hamlet" with a menu bar (File, Option) and a scroll bar. The main area contains a table with 5 rows and 8 columns. The rows are labeled as follows:

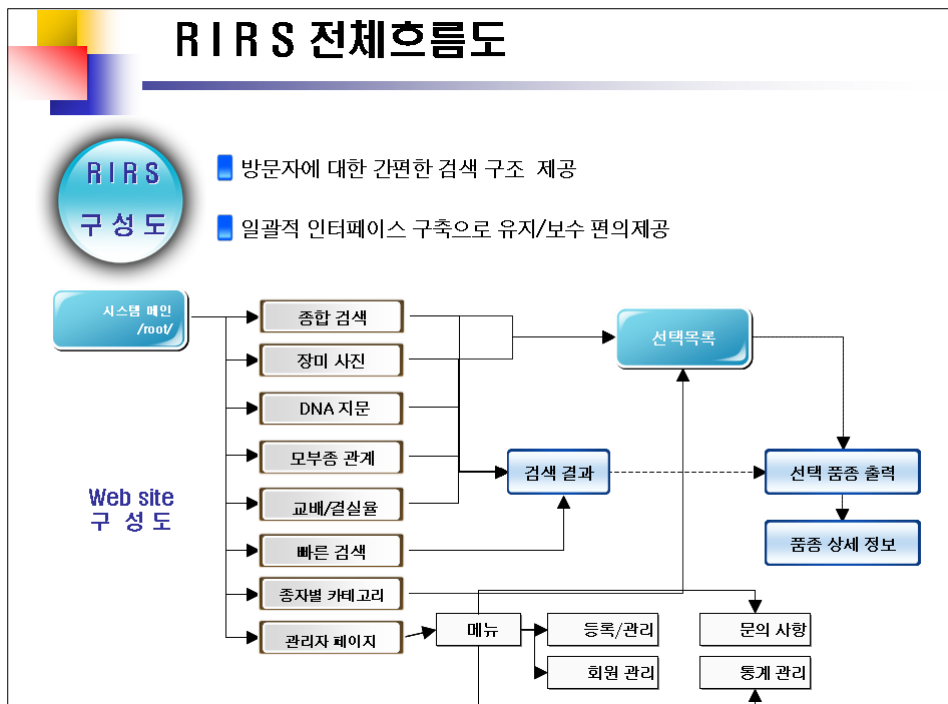
- [0]: 니꼴
- [1]: 오몰라호마
- [2]: 니×오10
- [3]: 니×악10
- [4]: 엑스타세
- [5]: 스칼라

The table contains numerical values (1.00, 0.00) representing distances between these points. To the right of the table, two calculations are shown:

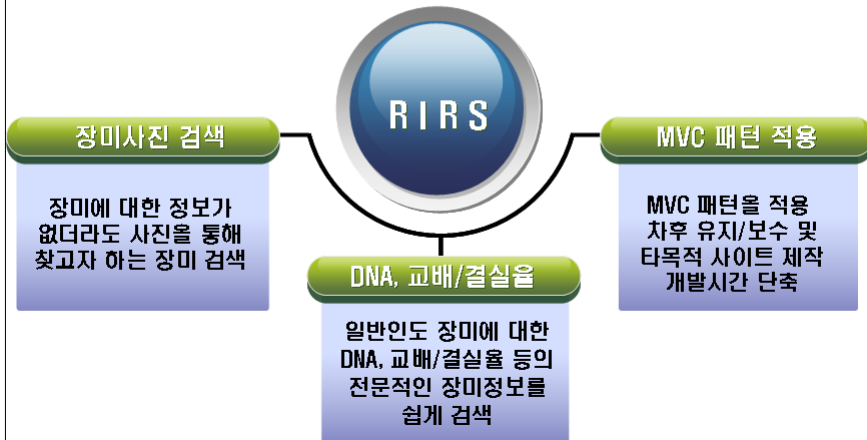
- [0] : 0 + 2 + 4
- [1] : 1 + 3 + 5 + 8 + 9

Below these calculations, there are three columns of numbers: 1.00, 1.00, 0.00 for the first row and 1.00, 1.00, 0.20 for the second row.

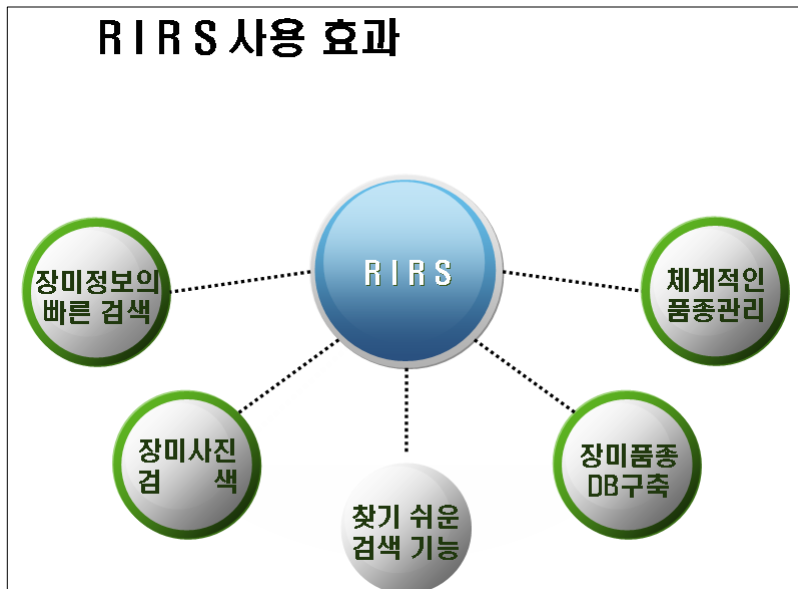
마. 장미 종합정보검색시스템(RIRS: Rose Information Retrieval System)

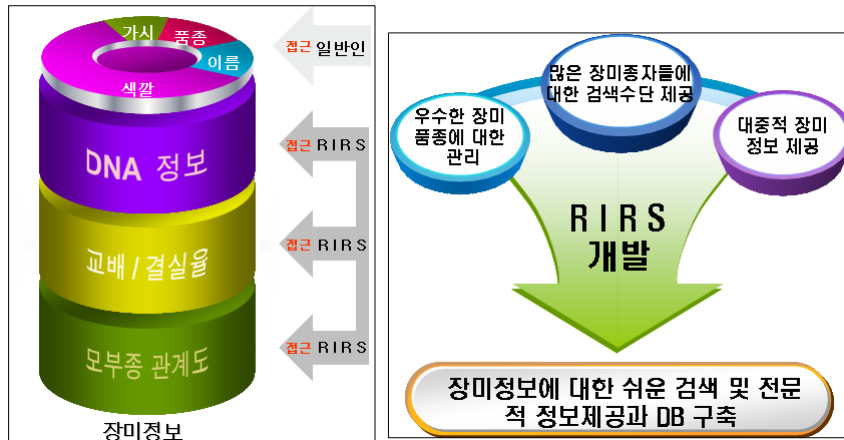


RIRS 주요 특징




RIRS 사용 효과





R I R S를 통해 검색 기능 제공 및 DB제공으로 좀 더 쉽고 빠르게 장미에 대한 정보를 찾습니다.

<p>종합검색 / 빠른 검색</p>	<ul style="list-style-type: none"> • 장미품종의 특성별 선택 검색 • 세분화된 검색 목록 제공으로 빠른 검색 가능 • 특정단어의 검색만으로 장미의 모든 특징 및 정보들을 검색
<p>장미사진 DNA 검색</p>	<ul style="list-style-type: none"> • 장미에 대한 정보가 없는 일반인들이 쉽게 검색할 수 있도록 기능 제공 • 장미사진을 보면서 검색 • 장미에 대한 DNA정보 검색 가능 • 1 vs n 의 관계의 DNA 정보의 쉬운 관리



Rose Information Retrieval System

Logout

빠른검색








장미종합정보시스템 종합검색 장미사진 DNA지문 모부종관계 교배/결실율

부분 검색 일반 검색


종자근색 <input type="checkbox"/> 하이브리드 티 <input type="checkbox"/> 플로리본다 <input type="checkbox"/> 글랜디로라 <input type="checkbox"/> 클라이밍 <input type="checkbox"/> 슈러브 <input type="checkbox"/> 미니어켜	색상 및 광택 <input type="checkbox"/> 개화지 <input type="checkbox"/> 수술과 암술의 배열 <input type="checkbox"/> 모양 및 특징 <input type="checkbox"/> 소화경 <input type="checkbox"/> 흰가투병 발생정도 <input type="checkbox"/> 크기 및 습성 <input type="checkbox"/> 꽃 형태 <input type="checkbox"/> 향기 <input type="checkbox"/> 가시 및 가시모양 <input type="checkbox"/> 꽃 직경 <input type="checkbox"/> 개화시기 및 습성 <input type="checkbox"/> 소엽 <input type="checkbox"/> 꽃잎 특징
---	---

일반 검색 한글이름 영문이름

검색된 목록 : 35 한글명 오름차순 정렬

				
한글명 가덴자바84 영문명 가덴자바84	한글명 가든파티 영문명 가든파티	한글명 가부끼89 영문명 가부끼89	한글명 건배 영문명 건배	한글명 골드마리84 영문명 골드마리84
				
한글명 골드베니 영문명 골드베니	한글명 골든게이트 영문명 골든게이트	한글명 그라나다 영문명 그라나다	한글명 그랑프리 영문명 그랑프리	한글명 그랜드가라 영문명 그랜드가라

[1] 2 3 4



Rose Information Retrieval System

Logout

빠른검색

장미종합정보시스템 종합검색 장미사진 DNA지문 모부종관계 교배/결실율

번호	한글명	DNA				
136	건배	1				
468	골든게이트	1				
5	로라	2				
9	로얄드림	1				
11	로즈마린	1	한글명 건배	한글명 골든게이트	한글명 마니쉬	한글명 [로라]
10	루볼	1				
12	루스티카	1				
14	리모나	1				
123	마니쉬	1	한글명 루볼	한글명 로즈마린	한글명 루스티카	한글명 롤레드
			한글명 리모나			

[1]

RIRS Site 구성

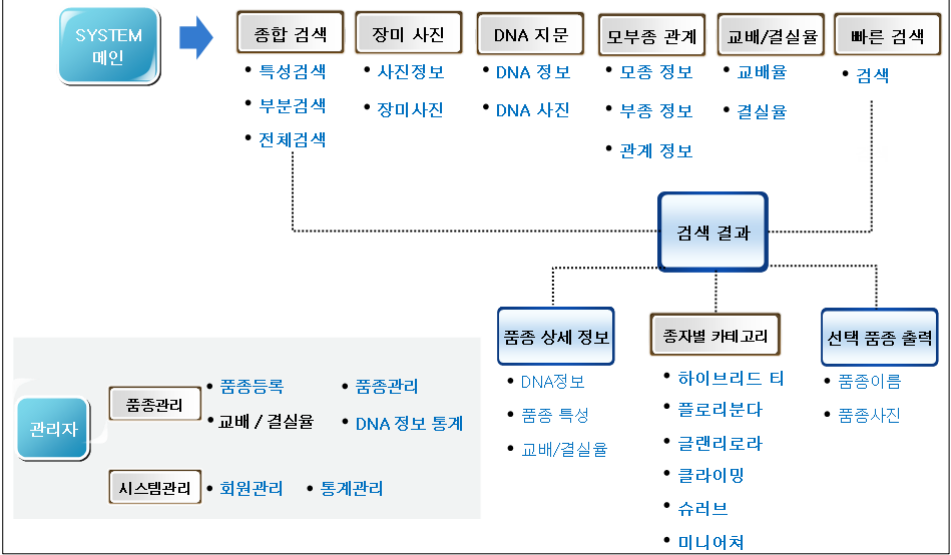
- 방문자에 대한 편리한 인터페이스 제공을 위한 레이아웃 구성
- 빠른 접근을 위한 기능별 바로가기 메뉴

Rose Information Retrieval System Admin

최근인기 검색종

한글명	후리아	한글명	하이브리드 레스	한글명	하이브리드 유로 칼	한글명	하이브리드 스틱	한글명	하이브리드릭
조회수	15	조회수	10	조회수	9	조회수	7	조회수	4

RIRS 기능 구성도



종합검색 및 빠른검색 화면

Rose Information Retrieval System

빠른검색 [입력] [확인]

장미종합정보시스템

종합검색 장미사진 DNA지문 오부종관계 교배/결실물

Power Quick Search
검색하신 검색어는 "건배"

검색된 목록 : 35

장미명	가버 7369A	장미명	가버 69A	장미명	가버 7369A	장미명	건배	장미명	꽃드 09A
영양명	7369A	영양명	가버 69A	영양명	가버 7369A	영양명	건배	영양명	꽃드 09A



Rose Information Retrieval System

빠른검색 [입력] [확인]

장미종합정보시스템

종합검색 장미사진 DNA지문 오부종관계 교배/결실물

Power Quick Search
검색하신 검색어는 "건배"

검색된 목록 : [선택검색] [결과]

종류번호	한글이름	영문이름	DNA	
136	건배		T1	인기검색용 종래야 하이브리드물결스 하이브리드물결 하이브리드물결스 하이브리드물결

장미사진 정보 검색

Rose Information Retrieval System

빠른검색 [입력] [확인]

장미종합정보시스템

종합검색 장미사진 DNA지문 오부종관계 교배/결실물

검색된 목록 : 35

장미명	가버 7369A	장미명	가버 69A	장미명	가버 7369A	장미명	건배	장미명	꽃드 09A
영양명	가버 7369A	영양명	가버 69A	영양명	가버 7369A	영양명	건배	영양명	꽃드 09A

선택시 해당 화면 출력



Rose Information Retrieval System

Admin

빠른검색 [입력] [확인]

장미종합정보시스템

종합검색 장미사진 DNA지문 오부종관계 교배/결실물

검색된 목록 : 1

장미명	가버 69A
영양명	가버 69A

DNA 지문 검색

번호	한글명	DNA
136	건배	1
466	골든케이프	1
5	로라	2
9	로얄드림	1
11	로즈마린	1
10	루봉	1
12	루스티카	1
14	리모나	1

정보를 선택하기 전까지 우측하면엔 '선택' 하기전 메뉴가 출력

모종명과 부종명을 입력하여 검색 하면 해당 메뉴가 선택이 됩니다.

모부종 관계도 검색 화면

번호	모종명	자식 수	번호	부종명	자식 수
404	건배	5	404	골드마린	5
274	니키타	4	274	리모나	4
232	적백	2			
290	적봉봉	1			

모종명과 부종명을 입력하여 검색 하면 해당 메뉴가 선택이 됩니다.

검색 결과가 있을시 화면이 출력이 됩니다.

```

    graph TD
      A[로라] --- B[골드마린]
      style A stroke-dasharray: 5 5
      style B stroke-dasharray: 5 5
      
```

번호	모종명	자식 수	번호	부종명	자식 수
404	건배	5	404	골드마린	5
274	니키타	4	274	리모나	4
232	적백	2			
290	적봉봉	1			

검색 결과가 있을시 화면이 출력이 됩니다.

교배 / 결실을 검색 화면

모종명과 부종명을 입력하여 검색 하면 해당 메뉴가 선택이 됩니다.

검색 결과가 있을시 화면이 출력어 됩니다.

Physical Design - 테이블 명세서	시 스템				작성일자
	장미 종합정보 검색 시스템				
데 이 블		nis_rose(기본 / 상세정보 테이블)		작성 자	
필드명	자료형	길이	NULL	설명	
nNo(primary key, auto_incre)	mediumint	10	N	일련 번호	
nID	Mediumint	10	N	계통 번호	
vKorName	Varchar	100	N	계통 한글명	
vEngName	Varchar	100	N	계통 영명	
vFeature1	varchar	100	N	생장 습성(Growth habit)	
vFeature2	Varchar	100	N	초장(Plant height)	
vFeature3	Varchar	100	N	폭 (width)	
vFeature4	Varchar	100	N	안토니아닌 색소(Anthocynin color)	
vFeature5	Varchar	100	N	안토니아닌 색 (Anthocynin color)	
vFeature6	Varchar	100	N	가시(Spine)	
vFeature7	varchar	100	N	가시머릿부분의 모양(Spine shape of lower side)	
vFeature8	Varchar	100	N	짧은 가시수(Number of short thorns)	
vFeature9	Varchar	100	N	긴 가시수(Number of long thorns)	
vFeature10	Varchar	100	N	마디 길이(Intermode length)	
vFeature11	Varchar	100	N	잎 크기(Leaf size)	
vFeature12	Varchar	100	N	잎 녹색(Leaf color)	
vFeature13	Varchar	100	N	잎 표면 광택(Surface gloss)	
vFeature14	Varchar	100	N	소엽(횡단면) (Cross section shape)	
vFeature15	Varchar	100	N	소엽(가장 자리 파동 : Undulation)	
vFeature16	Varchar	100	N	정단부 소엽(엽신의 길이) (Leaf blade length)	
vFeature17	Varchar	100	N	정단부 소엽(엽신의 넓이) (Leaf blade width)	
vFeature18	varchar	100	N	정단부 소엽(기부의 모양) (Proxymal shape)	
vFeature19	Varchar	100	N	개화지(꽃수) (Flower number)	

Page - 1

Physical Design - 테이블 명세서	시 스템	장미 종합정보 검색 시스템			작성일자
	테 이 블	nis_rose(기본 / 상세정보 테이블)			작성 자
필드명	자료형	길이	NULL	설명	
vFeature20	Varchar	100	N	소화경(가시또는 털의수) (pedicel)	
vFeature21	Varchar	100	N	꽃 눈(꽃단면) (Flower bud cross section)	
vFeature22	Varchar	100	N	꽃 형태 (Flower Shape)	
vFeature23	Varchar	100	N	꽃잎 수 (Petal number)	
vFeature24	Varchar	100	N	꽃 직경(Flower diameter)	
vFeature25	Varchar	100	N	꽃 모양(위에서 봄) (Flower shape a bird's eye view)	
vFeature26	Varchar	100	N	꽃 모양(위부분 측면조감) (Flower shape a side view)	
vFeature27	Varchar	100	N	꽃 모양(아랫부분 측면조감) (Flower shape an upward view)	
vFeature28	Varchar	100	N	향기 (Flower fragrance)	
vFeature29	Varchar	100	N	꽃 발침(전개의 정도) (Calyx)	
vFeature30	Varchar	100	N	꽃잎 크기 (Petal size)	
vFeature31	Varchar	100	N	꽃잎 표면 중간색 (Surface center color)	
vFeature32	Varchar	100	N	꽃잎 표면 가장자리색 (Surface edge color)	
vFeature33	Varchar	100	N	꽃잎 표면 반점유무 (Surface spot)	
vFeature34	Varchar	100	N	꽃잎 표면 반점크기 (Spot size)	
vFeature35	Varchar	100	N	꽃잎 표면 기부반점색 (Spot color)	
vFeature36	Varchar	100	N	꽃잎 이면 중간색 (Leaf ventral surface color)	
vFeature37	Varchar	100	N	꽃잎 이면 가장자리색 (Leaf ventral Surface margin color)	
vFeature38	Varchar	100	N	꽃잎이면기부반점유무 (Speckling in leaf ventral surface)	
vFeature39	Varchar	100	N	꽃잎이면반점의크기 (Speckling size in ventral surface)	
vFeature40	Varchar	100	N	꽃잎이면기부반점색 (Speckling color in ventral surface)	
vFeature41	Varchar	100	N	꽃잎가장자리말림 (Rolled margin)	

Page - 2

Physical Design - 테이블 명세서	시 스템	장미 종합정보 검색 시스템			작성일자
	테 이 블	nis_rose(기본 / 상세정보 테이블)			작성 자
필드명	자료형	길이	NULL	설명	
vFeature42	varchar	100	N	꽃잎가장자리의 물결 모양(Undulation margin)	
vFeature43	Varchar	100	N	꽃잎 두께 (Petal thickness)	
vFeature44	Varchar	100	N	수술과 암술의 배열(Undulated margine)	
vFeature45	Varchar	100	N	비말수술(주요색)(Filament color)	
vFeature46	Varchar	100	N	암술대의 색 (Style color)	
vFeature47	Varchar	100	N	자방:크기 (Ovary)	
vFeature48	Varchar	100	N	결실과(종단면모양) (Fruits set)	
vFeature49	Varchar	100	N	개화시기(Flowering season)	
vFeature50	Varchar	100	N	개화습성 (Flowering habit)	
vFeature51	Varchar	100	N	흰가루병발생정도(Powdery mildew resistance)	
vFeature52	Varchar	100	N	스탠다드, 스프레이	
vFeature53	Varchar	100	N	화색	
vFeature54	Varchar	100	N	화색 이중및기타색	
vMotherName	Varchar	100	N	모종명	
vFatherName	Varchar	100	N	부종명	
Nal	Date		Y	입력일	
Ttl	Varchar	100	Y		
Content	Blod		Y	기타설명	
vPhtoName	Varchar	100	N	장미사진명	
vPhotofsize	Tinytext		Y	장미 사진 파일크기	
Cgry	Tinytext		Y	카테고리	
Probability	float		Y	교배율	

Page - 3

Pyshical Design - 테이블 명세서		시 스템	장미종합정보 시스템	작성일자	
		테 이 블	nis_rose_cnt(클라이언트 정보)	작성 자	
필드명	자료형	길이	NULL	설명	
Ip	varchar	20	Y	접속자 IP	
Visit	Datetime		Y	방문자	
Rlt_num	int	5	Y	카운트	
Pyshical Design - 테이블 명세서		시 스템	장미종합정보 시스템	작성일자	
		테 이 블	nis_rose_dna_fingerprint(dna 정보)	작성 자	
필드명	자료형	길이	NULL	설명	
nNo	Mediumint	10	N	일련번호	
nID	Mediumint	10	N	계통번호	
vKorName	varchar	100	N	계통 한글명	
vFingerPrintPhotoName	varchar	100	N	DNA사진 명	
vFingerPrintPhotoSize	Tinytext		Y	DNA 파일사진 크기	
Page - 4					

Pyshical Design - 프로그램 명세서		시 스템	장미 종합정보 검색 시스템	작성일자	
				작성 자	
대메뉴명	소메뉴명	파일 경로 / 파일명	종류	페이지명	비고
사용자	기타	Index.php		메인 화면 페이지	
		/lib	Directory		
		Global.php	Function	응용 페이지 함수 페이지	
		MySqlDb.php	Function	SQL 실행 함수 페이지	
		Template_class.php	Function	Template_ 클래스 함수 페이지	
		Template_compiler.php	Function	Tempalte_ 컴파일 함수 페이지	
		Function.php	Function	응용 일반 함수 페이지	
		Category_array.inc	Function	메뉴항목의 배열이 저장된 함수	
		/_template	Directory	Template_ 파일이 있는 디렉토리	
		Image_list.tpl	R	장미 이미지정보 출력 리스트 페이지	
		Main_dna.tpl	R	DNA 검색 메인 페이지	
		Main_image.tpl	R	장미사진 검색 메인 페이지	
		Main_index.tpl	R	메인 페이지	
		Main_login.tpl	R	관리자 로그인 페이지	
		Main_probability.tpl	R	교배 / 결실률 검색 메인 페이지	
		Main_relation.tpl	R	모부종관계 검색 메인 페이지	
		Main_search.tpl	R	종합 검색 메인 페이지	
		Main_view.tpl	R	검색결과 출력 페이지	
		Popup.tpl	R	popup 페이지	
		Search_result_page.tpl	R	비중검색 결과 메인 페이지	
		/layout1	Directory	Template_ Layout 디렉토리	
		Footer.tpl	R	Footer 템플릿 파일	
		Header.tpl	R	Header 템플릿 파일	
Layout.tpl	R	layout 템플릿 파일			
Page - 5					

C : 생성, R : 조회, U : 수정, D : 삭제

Physical Design - 프로그램 명세서		시 스템	장미 종합정보 검색 시스템		작성일자	
					작성 자	
대메뉴명	소메뉴명	파일 경로 / 파일명	종류	페이지명	비고	
사용자	기타	/layout2	Directory	Template_ Layout 디렉토리		
		Footer.tpl	R	Footer 템플릿 파일		
		Header.tpl	R	Header 템플릿 파일		
		Layout.tpl	R	layout 템플릿 파일		
		/layout3	Directory	Template_ Layout 디렉토리		
		Footer.tpl	R	Footer 템플릿 파일		
		Header.tpl	R	Header 템플릿 파일		
		Layout.tpl	R	layout 템플릿 파일		
		/_compile	Directory	Template파일을 변경하여 저장하는 디렉토리		
		/image	Directory	이미지 파일 디렉토리		
		/roseimg	Directory	장미사진 디렉토리		
		/dnaimge	Directory	DNA 이미지 디렉토리		

바. 주요 프로그램 소스

```
void CBandMasterDoc::ChangeBandValueUsingThresh(int nThresh)
{
    // 새로 생성된 이미지에 복사할 영역을 픽셀 단위로 복사
    if(m_Image->GetHeight()==0 || m_pDataArr==NULL)
        return;

    if(m_Image->GetBpp() == 8)
    {
        CPixelPtr SourcePtr(*m_Image);

        for(int i=1; i < m_nArrHeight; i++)
        {
            //for(int j=1; j < m_nArrWidth; j++)
            {
                if(
SourcePtr[m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.y][m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.x] <
nThresh)
                    m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue =
POINT_NOTEXIST;
                else
                    m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue =
POINT_EXIST;
            }
        }
    }
    else if(m_Image->GetBpp() == 24)
    {
        BYTE val;
        int x, y;
        long yflip;

        RGBQUAD rgb;
        for(int i=1; i < m_nArrHeight; i++)
        {
            y = m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.y;
            x = m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.x;

            yflip = m_Image->GetHeight() - y - 1;

            rgb = m_Image->GetPixelColor(x,yflip);
            if (m_Image->IsAlphaPaletteEnabled())
                rgb.rgbReserved=m_Image->AlphaGet(x,yflip);
        }
    }
}
```

```

else

rgb.rgbReserved=m_Image->GetPaletteColor(m_Image->GetPixelIndex(x,yflip)).rgbReserved;

val = (BYTE)RGB2GRAY(rgb.rgbRed, rgb.rgbGreen, rgb.rgbBlue);

if( val < nThresh)
    m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue =
POINT_NOTEXIST;
else
    m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue =
POINT_EXIST;
}
}

void CBandMasterDoc::InitializeXAxisMarker()
{
    int i;
    for(i=1; i < m_nArrHeight; i++)
    {
        m_pDataArr[i][0].m_enumDataType = TYPE_BANDHEADER;

        m_pDataArr[i][0].m_ptCenter.x = m_pDataArr[i][1].m_ptCenter.x-20;
        m_pDataArr[i][0].m_ptCenter.y = m_pDataArr[i][1].m_ptCenter.y;
    }
    for(i=1; i < m_nArrWidth; i++)
    {
        m_pDataArr[0][i].m_enumDataType = TYPE_BANDHEADER;

        m_pDataArr[0][i].m_ptCenter.x = m_pDataArr[1][i].m_ptCenter.x;
        m_pDataArr[0][i].m_ptCenter.y = m_pDataArr[1][i].m_ptCenter.y/2;
    }

    if(m_pDataArr!=NULL && m_nIdxOfBandBasis==0)
    {
        m_nIdxOfBandBasis =1;
        m_ptBandBasis.x = m_pDataArr[0][m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.x;
        m_ptBandBasis.y = m_pDataArr[0][m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.y-
CIRCLE_RADIUS*4;
    }
}
}

```

```

void CBandMasterDoc::DeleteBandLine(int nMovingIdxX, int nMovingIdxY)
{
    int nTmpWidth, nTmpHeight;
    int i, j, k;
    CBandPoint      **pTmpBandArr=NULL;

    if((nMovingIdxX==0 && m_nArrHeight==2) || (nMovingIdxY==0 && m_nArrWidth==2))
    {
        m_nCurEditablePos =1;
        DeleteMemory();
        m_nArrHeight =0;
        m_nArrWidth=0;
        m_nIdxOfBandBasis=0;
        return;
    }

    //Tmp 메모리 설정
    pTmpBandArr = (CBandPoint **)malloc(sizeof(CBandPoint) * m_nArrHeight);
    for(i=0; i < m_nArrHeight; i++)
    {
        pTmpBandArr[i] = (CBandPoint *) malloc(sizeof(CBandPoint) * m_nArrWidth);
        memcpy(pTmpBandArr[i], m_pDataArr[i], sizeof(CBandPoint) * m_nArrWidth);
    }
    //재설정을 하기전에 m_pDataArr메모리 해제
    DeleteMemory();

    nTmpWidth = m_nArrWidth;
    nTmpHeight = m_nArrHeight;

    if(nMovingIdxX==0)
        m_nArrHeight --;
    else
    {
        //수직 라인 Yellow (선택) 설정
        for(i=1; i < m_nArrWidth; i++)
        {
            if(nMovingIdxX ==i)
            {
                if(i==m_nArrWidth-1)
                    m_nCurEditablePos = i-1;
                else
                    m_nCurEditablePos = i;
            }
        }
    }
}

```

```

    }

    //수직 라인 인덱스 하나 축소
    m_nArrWidth --;
}

//m_pDataArr 메모리 크기 재설정 및 할당.
m_pDataArr = (CBandPoint **)malloc(sizeof(CBandPoint) * m_nArrHeight);
for(i=0; i < m_nArrHeight; i++)
    m_pDataArr[i] = (CBandPoint *) malloc(sizeof(CBandPoint) * m_nArrWidth);

// Y 값에 해당하는 X축 라인 삭제
if(nMovingIdxX==0)
{
    for(i=0,j=0; i < m_nArrHeight; i++, j++)
    {
        if(nMovingIdxY==j)
            i--;
        else
            memcpy(m_pDataArr[i], pTmpBandArr[j], sizeof(CBandPoint) *
m_nArrWidth);
    }
}
// X 값에 해당하는 Y축 라인 삭제
else
{
    for(i=0; i < nTmpHeight; i++)
    {
        for(j=0,k=0; j < nTmpWidth; j++,k++)
        {
            if(nMovingIdxX==j)
                k--;
            else
                m_pDataArr[i][k] = pTmpBandArr[i][j];
        }
    }
}
}

```

```

        if(pTmpBandArr!=NULL)
        {
            for(i=0; i < nTmpHeight; i++)
                free(pTmpBandArr[i]);

            free(pTmpBandArr);
        }

        InitializeXAxisMarker();
    }

void CBandMasterDoc::ChangeBandValueUsingThresh(int nThresh)
{
    // 새로 생성된 이미지에 복사할 영역을 픽셀 단위로 복사
    if(m_Image->GetHeight()==0 || m_pDataArr==NULL)
        return;

    if(m_Image->GetBpp() == 8)
    {
        CPixelPtr SourcePtr(*m_Image);

        for(int i=1; i < m_nArrHeight; i++)
        {
            //for(int j=1; j < m_nArrWidth; j++)
            {
                if(
SourcePtr[m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.y][m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.x] <
nThresh)
                    m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue =
POINT_NOTEXIST;
                else
                    m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue =
POINT_EXIST;
            }
        }
    }
    else if(m_Image->GetBpp() == 24)
    {
        BYTE val;
        int x, y;
        long yflip;

        RGBQUAD rgb;
        for(int i=1; i < m_nArrHeight; i++)
    }
}

```

```

        {
            y = m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.y;
            x = m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_ptCenter.x;

            yflip = m_Image->GetHeight() - y - 1;

            rgb = m_Image->GetPixelColor(x,yflip);
            if (m_Image->IsAlphaPaletteEnabled())
                rgb.rgbReserved=m_Image->AlphaGet(x,yflip);
            else

rgb.rgbReserved=m_Image->GetPaletteColor(m_Image->GetPixelIndex(x,yflip)).rgbReserved;

            val = (BYTE)RGB2GRAY(rgb.rgbRed, rgb.rgbGreen, rgb.rgbBlue);

            if(        val < nThresh
                m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue            =
POINT_NOTEXIST;
            else
                m_pDataArr[i][m_nCurEditablePos].m_enumValue            =
POINT_EXIST;
        }
    }
}

void CBandMasterDoc::DeleteSizeMarker()
{
    CBandPoint *pBand;

    POSITION pos=m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

    while(pos)
    {
        pBand = (CBandPoint *)m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);

        if(pBand!=NULL)
        {
            delete pBand;
            pBand =NULL;
        }
        m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
    }
    m_ptrSizeMarker.RemoveAll();
}

```

```
}
```

```
void CBandMasterDoc::SaveBandInfoToFile()
```

```
{
```

```
    FILE *fp;
```

```
    CString strPath, strExt;
```

```
    strPath = GetPathName();
```

```
    strPath.MakeUpper();
```

```
    strExt = strPath.Right(4);
```

```
    strPath.Replace(strExt, ".TXT");
```

```
    int i, j;
```

```
    POSITION pos;
```

```
    CBandPoint *pBand=NULL, *pBandPrev=NULL;
```

```
    if(m_ptrSizeMarker.GetCount()==0)
```

```
    {
```

```
        AfxMessageBox("Size Marker를 설정하세요.");
```

```
        return ;
```

```
    }
```

```
    if(m_nIdxOfBandBasis==0)
```

```
    {
```

```
        AfxMessageBox("Band의 기준점을 설정하세요.");
```

```
        return ;
```

```
    }
```

```
    //->m_nIdxOfBandBasis 밴드의 Position 계산
```

```
    //// 기준 밴드의 Position을 SizeMarker position 정보를 이용하여 계산
```

```
    int nPosGap, nGeoGap;
```

```
    int y;
```

```
    float fGapRate;
```

```
    int nNum;
```

```
    for(i=m_nArrHeight-1; i >=0 ; i--)
```

```
    {
```

```
        if(i==0)
```

```
            m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition=-1;
```

```
        else
```

```
        {
```

```
            y =m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.y;
```

```
            pos = m_ptrSizeMarker.GetTailPosition();
```

```
            pBandPrev=NULL;
```

```
            nNum=1;
```

```
            while(pos)
```



```

{
    pBand = (CBandPoint *) m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);

    if(pBand->m_nPosition==0)
    {
        AfxMessageBox("SizeMarker의 위치 값은 0이 될 수
없습니다");
        return ;
    }
    //맨 마지막 밴드
    if(pBandPrev==NULL)
    {
        if( y > pBand->m_ptCenter.y)
        {
            pBandPrev = pBand;
            pBand = (CBandPoint *)
m_ptrSizeMarker.GetPrev(pos);
            nPosGap = pBand->m_nPosition -
pBandPrev->m_nPosition;
            nGeoGap = pBand->m_ptCenter.y -
pBandPrev->m_ptCenter.y;
            fGapRate = nPosGap/(float)nGeoGap;
            m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition =
int(pBandPrev->m_nPosition - abs(y -
pBandPrev->m_ptCenter.y) * fGapRate);
            break;
        }
        else
        {
            nPosGap = pBand->m_nPosition -
pBandPrev->m_nPosition;
            nGeoGap = pBand->m_ptCenter.y -
pBandPrev->m_ptCenter.y;
            fGapRate = nPosGap/(float)nGeoGap;
            //가운데 지점의 밴드
            if( y <= pBandPrev->m_ptCenter.y && y >=
pBand->m_ptCenter.y)
            {
                m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition =
int ( pBandPrev->m_nPosition +
abs(pBandPrev->m_ptCenter.y-y) * fGapRate);
                break;
            }
        }
    }
}

```

```

    }
    //첫번째 밴드
    else if(m_ptrSizeMarker.GetCount()==nNum && y <
pBand->m_ptCenter.y)
    {
m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition = int (pBand->m_nPosition + abs(pBand->m_ptCenter.y-y) *
fGapRate);
break;
    }
}
pBandPrev = pBand;
m_ptrSizeMarker.GetPrev(pos);
nNum++;
}
}
//<-m_nIdxOfBandBasis 밴드의 Position 계산

if((fp = fopen(strPath, "w"))==NULL)
{
    AfxMessageBox("Band 정보를 저장할 파일을 열지 못했습니다");
    return;
}
// Size Marker 저장 .. SM
pos = m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

fprintf(fp, "SM %4d,%4d\n", m_ptrSizeMarker.GetCount(), m_nIdxOfBandBasis); //SM,CNT,
IdxOfBandBasis
while(pos)
{
    pBand = (CBandPoint *) m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);

    if(pBand!=NULL)
        fprintf(fp, "%4d,%4d,%4d\n", pBand->m_ptCenter.x, pBand->m_ptCenter.y,
pBand->m_nPosition);

    m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
}

```

```

// 위치 및 데이터 저장.. POS

fprintf(fp, "PO %4d,%4d\n",m_nArrHeight, m_nArrWidth); // PO,M,N
for(i=0; i< m_nArrHeight; i++)
{
    for(j=0; j < m_nArrWidth; j++)
    {
        if(i==0 && j==0)
        {
            fprintf(fp, "%4d,%4d,%4d,%4d,", -1, -1, -1, -1);
        }
        else if(j==m_nArrWidth-1)
        {
            if(i==0)
                fprintf(fp, "%4d,%4d,%4d,%4d\n",m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x, m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y, -1, -1);
            else
                fprintf(fp, "%4d,%4d,%4d,%4d\n",m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x, m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y, m_pDataArr[i][j].m_enumValue, m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition);
        }
        else if(i==0 || j==0)
            fprintf(fp, "%4d,%4d,%4d,%4d,",m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x, m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y, -1, -1);
        else
            fprintf(fp, "%4d,%4d,%4d,%4d,",m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x, m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y, m_pDataArr[i][j].m_enumValue, m_pDataArr[i][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition);
    }
}

// 데이터 저장 .. DA
fprintf(fp, "DA %4d,%4d\n",m_nArrHeight-1, m_nArrWidth-1); // PO,M,N
for(i=1; i< m_nArrHeight; i++)
{
    for(j=1; j < m_nArrWidth; j++)
    {
        if(j==m_nArrWidth-1)
            fprintf(fp, "%4d\n",m_pDataArr[i][j].m_enumValue);
        else
            fprintf(fp, "%4d,",m_pDataArr[i][j].m_enumValue);
    }
}

```

```

        fclose(fp);
        m_bModify = FALSE;
    }

#define            MAX_LINE 1024
void CBandMasterDoc::ReadBandInfoFromFile(CString strFileName)
{
    //return;

    //Band 정보 Reading
    FILE *fp;

    CString      strTemp,strExt;
    strExt = strFileName.Right(4);
    strFileName.Replace(strExt, ".TXT");

    if((fp = fopen(strFileName, "r"))==NULL)
    {
        return;
    }

    ReadSizeMarker(fp);
    ReadBandInfo(fp);

    if(m_pDataArr!=NULL && m_nIdxOfBandBasis!=0)
    {
        m_ptBandBasis.x = m_pDataArr[0][m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.x;
        m_ptBandBasis.y      =      m_pDataArr[0][m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.y-
CIRCLE_RADIUS*4;
    }

    /*
    int nCnt=0;
    int nM,nN;
    BOOL    bSM=FALSE;
    BOOL    bPO=FALSE;
    CString strType="";
    char    strTmp[256];

    while(!feof(fp))
    {

        fgets(line, MAX_LINE, fp);

```

```

if(!bSM || !bPO)
    sscanf(line, "%s\t%4d,%4d\n", strTmp, &nM, &nN);
else if(

if(strcmp(strTmp, "SM")==0 || bSM)
{
    bSM = TRUE; bPO = FALSE; bDA = FALSE;

    nCnt ++;

}
else if(strcmp(strTmp, "PO")==0 || bPO)
{
    bSM = FALSE; bPO = TRUE; bDA = FALSE;

    nCnt ++;

}

}

*/
/*
token = strtok( line, seps );
if(strcmp(token, "SM"))
{
    token = strtok(line, NULL);
    nSM_cnt =
}
*/
}

void CBandMasterDoc::ReadSizeMarker(FILE *fp)
{
    int nCnt=0;
    int nM;
    BOOL    bSM=FALSE;
    char    line[MAX_LINE];
    char    strTmp[256];
    CBandPoint *pBand;
    int          nX, nY, nPosition;

```

```

while(!feof(fp))
{
    fgets(line, MAX_LINE, fp);
    if(!bSM)
    {
        sscanf(line, "%s\t%4d,%4d\n", strTmp, &nM, &m_nIdxOfBandBasis);
        if(nM==0)
            break;
        if(strcmp(strTmp, "SM")==0)
            bSM = TRUE;
    }
    else
    {
        nCnt++;

        sscanf(line, "%4d,%4d,%7d\n", &nX, &nY, &nPosition);
        pBand= new CBandPoint(CPoint(nX, nY));
        pBand->SetPosition(nPosition);
        pBand->m_enumDataType = TYPE_SIZEMARKER;
        m_ptrSizeMarker.AddTail(pBand);
        if(nCnt==nM)
            break;
    }
}
}

```

```

void CBandMasterDoc::ReadBandInfo(FILE *fp)
{
    int                nCnt=0;
    int                nM, nN;
    BOOL               bPO=FALSE;
    char                strTmp[256];
    int                nLoop=0, i;
    char                line[MAX_LINE];
    char                *token;
    char                *seps = " \n";
    int                nValue;

    while(!feof(fp))
    {

```

```

fgets(line, MAX_LINE, fp);
if(!bPO)
{
    sscanf(line, "%s\t%4d,%4d\n", strTmp, &nM, &nN);
    if(strcmp(strTmp, "PO")==0)
    {
        bPO = TRUE;
        if(nM==0)
            break;
        m_nArrHeight = nM;
        m_nArrWidth = nN;
        //m_pDataArr 메모리 크기 재설정 및 할당.
        m_pDataArr = (CBandPoint **)malloc(sizeof(CBandPoint) *
m_nArrHeight);
        for(i=0; i < m_nArrHeight; i++)
            m_pDataArr[i] = (CBandPoint *)
malloc(sizeof(CBandPoint) * m_nArrWidth);
    }
}
else
{
    for(i=0; i< nN; i++)
    {
        if(nCnt==0 && i==0)
        {
            token = strtok( line, seps );
            token = strtok( NULL, seps );
            token = strtok( NULL, seps );
            token = strtok( NULL, seps );
            continue;
        }

        if( i==0)
            token = strtok( line, seps );

        else
            token = strtok( NULL, seps );

        m_pDataArr[nCnt][i].m_ptCenter.x = atoi(token);

        token = strtok( NULL, seps );
        m_pDataArr[nCnt][i].m_ptCenter.y = atoi(token);
    }
}
}

```

```

        token = strtok( NULL, seps );
        nValue = atoi(token);
        if(nValue==0)
            m_pDataArr[nCnt][i].m_enumValue =
POINT_NOTEXIST;
        else if(nValue==1)
            m_pDataArr[nCnt][i].m_enumValue =
POINT_EXIST;
        else
            m_pDataArr[nCnt][i].m_enumValue =
POINT_EXIST2;

        if(nCnt==0 || i==0 )
            m_pDataArr[nCnt][i].m_enumDataType =
TYPE_BANDHEADER;

        token = strtok( NULL, seps );
        if(i== m_nIdxOfBandBasis)
            m_pDataArr[nCnt][m_nIdxOfBandBasis].m_nPosition
= atoi(token);

    }
    nCnt++;
    if(nCnt==nM)
        break;

}
}
}

```

```

BOOL CBandMasterDoc::CheckAllSizeMarkerValues()
{
    CBandPoint *pPt;
    BOOL bRet = TRUE;
    POSITION pos = m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();
    while(pos)
    {
        pPt = (CBandPoint *)m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
        if(pPt->m_nPosition <=0)
        {
            bRet = FALSE;
            break;
        }
    }
}

```



```

        m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
    }
    return bRet;
}

void CBandMasterView::OnUpdate(CView* pSender, LPARAM lHint, CObject* pHint)
{
    // TODO: Add your specialized code here and/or call the base class
    // switch (lHint)
    // {
        /*
        case WM_USER_NEWIMAGE:
            {
                CKeywordSpotDoc* pDoc = GetDocument();
                CxImage* ima = pDoc->GetImage();
                if (ima) {
                    int px=GetScrollPos(SB_HORZ);
                    int py=GetScrollPos(SB_VERT);
                    CSize sz(GetTotalSize());
                    int x=(int)(ima->GetWidth());
                    int y=(int)(ima->GetHeight());
                    SetScrollSizes(MM_TEXT,          CSize(x,y));
                    CSize sz2(GetTotalSize());

                    CWnd* pFrame=GetParentFrame();
                    RECT rClient;
                    pFrame->GetClientRect(&rClient);

                    if (sz.cx!=0 && sz.cy!=0){
                        if (x>rClient.right)
                            SetScrollPos(SB_HORZ,sz2.cx*px/sz.cx); else SetScrollPos(SB_HORZ,0);
                        if (y>rClient.bottom)
                            SetScrollPos(SB_VERT,sz2.cy*py/sz.cy); else SetScrollPos(SB_VERT,0);
                    }

                    if (!(pFrame->IsIconic()||pFrame->IsZoomed())){
                        RECT rMainCl,rMainFr;
                        ( ( C M a i n F r a m e
*) (AfxGetApp()->m_pMainWnd)->GetClientRect(&rMainCl);
                        ( ( C M a i n F r a m e
*) (AfxGetApp()->m_pMainWnd)->GetWindowRect(&rMainFr);
                        pFrame->GetWindowRect(&rFrame);
                        pFrame->SetWindowPos(0,0,0,

```

```

(4+rFrame.right-rFrame.left-rClient.right+rClient.left)+

min(rMainCl.right-(rFrame.left-rMainFr.left+12),x),

(4+rFrame.bottom-rFrame.top-rClient.bottom+rClient.top)+

min(rMainCl.bottom-(rFrame.top-rMainFr.top+12),y),

                                                                    SWP_NOMOVE|SWP_NOZORDER);
                                                                    //ResizeParentToFit(1);
                                                                    }
                                                                    }

                                                                    break;
                                                                    }

*/
//      default:
                                                                    {
                                                                    CBandMasterDoc* pDoc = GetDocument();
                                                                    if (pDoc){
                                                                    CxImage* ima = pDoc->GetImage();
                                                                    if (ima){

SetScrollSizes(MM_TEXT,CSize((int)(ima->GetWidth()),(int)(ima->GetHeight())));
                                                                    }
                                                                    }
                                                                    }

//      }
                                                                    CScrollView::OnUpdate(pSender, lHint, pHint);

                                                                    }

BOOL CBandMasterView::OnEraseBkgnd(CDC* pDC)
{
                                                                    // TODO: Add your message handler code here and/or call default
                                                                    return 1;
                                                                    //return CScrollView::OnEraseBkgnd(pDC);
}

void CBandMasterView::OnLButtonDbkClk(UINT nFlags, CPoint point)
{
                                                                    // TODO: Add your message handler code here and/or call default
                                                                    if(m_fZoom!=1)

```

```

        return;
    if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
    {
        CBandPoint *pPt=NULL;
        if((pPt=IsSizeMarker(point))!=NULL)
            InputSizeMarkerPosition(pPt);
        else if(IsVerticalBasis(point))
            Invalidate();
        else
        {
            if(!IsInBands(point))
            {
                CMenuXP *pMenu = new CMenuXP;
                pMenu->CreatePopupMenu();

                pMenu->SetBackColor(RGB(0xf2, 0xf2, 0xf2));
                pMenu->SetSelectedBarColor(RGB(0x66, 0x99, 0xff));
                pMenu->SetMenuStyle(CMenuXP::STYLE_XP);

                CBandMasterDoc* pDoc = GetDocument();

                BOOL    bB = pDoc->CheckAllSizeMarkerValues();
                if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount(>0 && bB)
                {
                    pMenu->AppendODMenu(0,                                new
CMenuXPText(ID_BAND_HOR, "Horizontal Band"));
                    pMenu->AppendODMenu(0,                                new
CMenuXPText(ID_BAND_VERTICAL, "Vertical Band"));
                }
                else if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount(>0 && !bB)
                {
                    AfxMessageBox("Size Marker 크기를 설정하세요!");
                    m_ptCurrent =point;
                    ::GetCursorPos(&point);
                    delete pMenu;
                    return;
                }
                pMenu->AppendODMenu(0,                                new
CMenuXPText(ID_BAND_SIZEMARKER, "Size Marker"));

                m_ptCurrent =point;
                ::GetCursorPos(&point);

```

```

        pMenu->TrackPopupMenu(TPM_LEFTBUTTON, point.x,
point.y, this);

        delete pMenu;
    }
}
else
{
    if(m_enumDataDirection==DIRECT_HOR || m_enumDataDirection==DIRECT_VER)
    {
        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

        pDoc->SaveBandTmpListToArrData(m_ptrTmpList, m_enumDataDirection);
        ClearPtrTmpList();
        pDoc->m_bModify = TRUE;
    }

    //if(m_enumDataDirection==DIRECT_SIZEMARKER)
    //자동 저장.
    Invalidate();
    m_enumDataDirection=DIRECT_NON;
}

CScrollView::OnLButtonDbtClk(nFlags, point);
}

void CBandMasterView::OnBandHor()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

    m_enumDataDirection = DIRECT_HOR;

    GetImageXY(&m_ptCurrent.x, &m_ptCurrent.y);
    CBandPoint *pPt = new CBandPoint(m_ptCurrent);
    pPt->m_enumValue = POINT_NOTEXIST;
    m_ptrTmpList->AddTail(pPt);

    Invalidate(); //good
}

```

```

void CBandMasterView::RelocateDataArr()
{

}

void CBandMasterView::DeletePtrTmpList()
{
    CBandPoint *pPt;
    if(m_ptrTmpList!=NULL)
    {
        POSITION pos = m_ptrTmpList->GetHeadPosition();
        while(pos)
        {
            pPt = (CBandPoint *)m_ptrTmpList->GetAt(pos);
            if(pPt !=NULL)
            {
                delete pPt;
                pPt =NULL;
            }
            m_ptrTmpList->GetNext(pos);
        }
        m_ptrTmpList->RemoveAll();

        delete m_ptrTmpList;
        m_ptrTmpList = NULL;
    }
}

void CBandMasterView::ClearPtrTmpList()
{
    CBandPoint *pPt;
    if(m_ptrTmpList!=NULL)
    {
        POSITION pos = m_ptrTmpList->GetHeadPosition();
        while(pos)
        {
            pPt = (CBandPoint *)m_ptrTmpList->GetAt(pos);
            if(pPt !=NULL)
            {
                delete pPt;
                pPt =NULL;
            }
            m_ptrTmpList->GetNext(pos);
        }
    }
}

```

```

        m_ptrTmpList->RemoveAll();
    }
}

void CBandMasterView::OnLButtonDown(UINT nFlags, CPoint point)
{
    if(m_fZoom!=1)
        return;

    // TODO: Add your message handler code here and/or call default
    //::GetCursorPos(&point);
    //Band 위에서 마우스가 클릭되었을 때
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

    CPoint ptTmp;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

    if(m_enumDataDirection!=DIRECT_NON)
    {
        CBandPoint *pPt = new CBandPoint(ptTmp);
        pPt->m_enumValue = POINT_NOTEXIST;

        if(m_enumDataDirection==DIRECT_HOR || m_enumDataDirection==DIRECT_VER)
            m_ptrTmpList->AddTail(pPt);
        else if(m_enumDataDirection==DIRECT_SIZEMARKER)
            pDoc->m_ptrSizeMarker.AddTail(pPt);

        Invalidate(); //good
    }

    CRect rect;
    if(pDoc->m_pDataArr!=NULL)
    {
        for(int i=0; i < pDoc->m_nArrHeight; i ++)
        {
            for(int j=0; j < pDoc->m_nArrWidth; j++)
            {
                rect.left
                pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
                rect.top
                pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
            }
        }
    }
}

```

```

                rect.right =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
                rect.bottom =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;

                if(rect.PtInRect(ptTmp))
                {

::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_SIZEALL));

                m_bMouseDown = MOUSE_DRAG_ON;
                m_bBandMoving = TRUE;
                m_nMovingIdxX =i;
                m_nMovingIdxY =j;

                DisplayClickedPoint(i, j, ptTmp );

                i=pDoc->m_nArrHeight;
                j=pDoc->m_nArrWidth;

                }
            }
        }

    }

// Size Marker 이동 시작.
if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount()!=0)
{
    CBandPoint *pBand;

    POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

    int nCnt=0;
    while(pos)
    {
        pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
        rect.left = pBand->m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
        rect.top = pBand->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
        rect.right = pBand->m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
        rect.bottom = pBand->m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;

        if(rect.PtInRect(ptTmp))

```

```

        {
            ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_SIZEALL));
            m_bMouseDown = MOUSE_DRAG_ON;
            m_bMarkerMoving = TRUE;
            m_nMarkerMovingPos=nCnt;

            break;
        }

        pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
        nCnt++;
    }
}

if(pDoc->m_nIdxOfBandBasis!=0)
{
    /*
        rect.left = pDoc->m_pDataArr[0][pDoc->m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
        rect.top = pDoc->m_pDataArr[0][pDoc->m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS -CIRCLE_RADIUS*4;
        rect.right = pDoc->m_pDataArr[0][pDoc->m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
        rect.bottom = pDoc->m_pDataArr[0][pDoc->m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS -CIRCLE_RADIUS*4;
    */

    rect.left = pDoc->m_ptBandBasis.x-CIRCLE_RADIUS;
    rect.top = pDoc->m_ptBandBasis.y-CIRCLE_RADIUS;
    rect.right = pDoc->m_ptBandBasis.x+CIRCLE_RADIUS;
    rect.bottom = pDoc->m_ptBandBasis.y+CIRCLE_RADIUS;

    if(rect.PtInRect(ptTmp))
    {
        ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_SIZEALL));
        m_bMouseDown = MOUSE_DRAG_ON;
        m_bBasisBandMoving=TRUE;
    }
}

```



```

        CScrollView::OnLButtonDown(nFlags, point);
    }

void CBandMasterView::DrawTmpListPoint(CDC *pDC)
{
    CRect dRect;
    CBrush brushGreen( RGB(0x00, 0xff, 0x00) ), *pOldBrush;
    pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushGreen); // 선택
    //pOldBrush = (CBrush*)pDC->SelectStockObject(NULL_BRUSH); // 원만 그릴 경우

    POSITION pos;
    CBandPoint *pObj;

    int i=0;
    if(m_ptrTmpList !=NULL && m_enumDataDirection!=DIRECT_NON)
    {
        pos = m_ptrTmpList->GetHeadPosition();

        while(pos)
        {
            pObj = (CBandPoint *)m_ptrTmpList->GetNext(pos);

            pDC->Ellipse( pObj->m_ptCenter.x - CIRCLE_RADIUS,
pObj->m_ptCenter.y - CIRCLE_RADIUS,
pObj->m_ptCenter.x + CIRCLE_RADIUS,
pObj->m_ptCenter.y + CIRCLE_RADIUS);
            if(i==0)
                pDC->MoveTo(pObj->m_ptCenter.x, pObj->m_ptCenter.y);
            else
                pDC->LineTo(pObj->m_ptCenter.x, pObj->m_ptCenter.y);
            i++;
        }
    }

    pDC->SelectObject(pOldBrush);
}

void CBandMasterView::GetImageXY(long *x, long *y)
{
    CPoint point=GetScrollPosition();

    long fx =*x + point.x;
    long fy =*y + point.y;
}

```

```

        *x = fx;
        *y = fy;
    }

void CBandMasterView::DrawDataArrInDoc(CDC *pDC)
{
    CRect    dRect;
    CBrush brushGreen( RGB(0x00, 0xff, 0x00) ), *pOldBrush;
    CBrush brushBlue( RGB(0x00, 0x88, 0xff) );
    CBrush brushRed( RGB(0xff, 0x88, 0x00) );
    CBrush brushYellow( RGB(0xff, 0xff, 0x00) );
    CBrush brushWhite( RGB(0xff, 0xff, 0xff) );

    pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushGreen); // 선택
    //pOldBrush = (CBrush*)pDC->SelectStockObject(NULL_BRUSH); // 원만 그릴 경우

    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    if(pDoc->m_pDataArr==NULL)
        return;

    for(int i=0; i < pDoc->m_nArrHeight; i++)
    {
        for(int j=0; j < pDoc->m_nArrWidth; j++)
        {
            if(i==0 && j==0)
                continue;

            if(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_enumDataType==TYPE_BANDHEADER)
            {
                if(pDoc->m_nCurEditablePos==j)
                    pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushYellow); //
선택
                else
                    pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushBlue); // 선택
                택

                pDC->Rectangle( pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS,
                pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS,
                pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS,
                pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS);
            }
            else
            {
                if(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_enumValue ==POINT_EXIST)

```

```

        pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushGreen); //
선택
        else if(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_enumValue ==POINT_EXIST2)
        pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushWhite); //
선택
        else
        pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushRed); // 선택
택

pDC->Ellipse(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS);
    }

    //Band 사이의 Line을 연결하기.
    if(i==0 || j==0)
        continue;
    pDC->MoveTo(pDoc->m_pDataArr[i][j-1].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_pDataArr[i][j-1].m_ptCenter.y);
    pDC->LineTo(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y);
    pDC->MoveTo(pDoc->m_pDataArr[i-1][j].m_ptCenter.x,
pDoc->m_pDataArr[i-1][j].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS);
    pDC->LineTo(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x,
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS);

    }
}

pDC->SelectObject(pOldBrush);
}

void CBandMasterView::OnBandVertical()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

    m_enumDataDirection = DIRECT_VER;

    GetImageXY(&m_ptCurrent.x, &m_ptCurrent.y);
    CBandPoint *pPt = new CBandPoint(m_ptCurrent);
    pPt->m_enumValue =POINT_NOTEXIST;
    m_ptrTmpList->AddTail(pPt);
}

```

```

        Invalidate(); //good
    }

void CBandMasterView::OnMouseMove(UINT nFlags, CPoint point)
{
    // TODO: Add your message handler code here and/or call default

    if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
    {
        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
        if(m_bMouseDown == MOUSE_DRAG_ON && m_bBandMoving)
        {
            if(pDoc->m_pDataArr==NULL)
                return;

            CPoint ptTmp;
            ptTmp = point;
            GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

            ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_SIZEALL));
            pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxX][m_nMovingIdxY].m_ptCenter.x =
ptTmp.x;
            pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxX][m_nMovingIdxY].m_ptCenter.y =
ptTmp.y;

            Invalidate(); //good
        }
        else if(m_bMouseDown == MOUSE_DRAG_ON && m_bMarkerMoving)
        {
            CPoint ptTmp;
            ptTmp = point;
            GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

            CBandPoint *pBand;

            POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

            int nCnt=0;
            while(pos)
            {
                pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
                if(nCnt==m_nMarkerMovingPos)
                {

```

```

::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_SIZEALL));
        pBand->m_ptCenter.x = ptTmp.x;
        pBand->m_ptCenter.y = ptTmp.y;
        break;
    }
    pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
    nCnt++;

    }
    Invalidate(); //good
}
else if(m_bMouseDown == MOUSE_DRAG_ON && m_bBasisBandMoving)
{
    CPoint ptTmp;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

    ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_SIZEALL));
    pDoc->m_ptBandBasis.x = ptTmp.x;
    pDoc->m_ptBandBasis.y = ptTmp.y;
    Invalidate(); //good
}
}

CScrollView::OnMouseMove(nFlags, point);
}

void CBandMasterView::OnLButtonUp(UINT nFlags, CPoint point)
{
    if(m_fZoom!=1)
        return;

    // TODO: Add your message handler code here and/or call default
    if(m_bMouseDown == MOUSE_DRAG_ON && m_bBandMoving)
    {
        m_bMouseDown = MOUSE_DRAG_OFF;
        m_bBandMoving = FALSE;
        ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_ARROW));

        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
        CPoint ptTmp;
        ptTmp = point;
    }
}

```

```

GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxX][m_nMovingIdxY].m_ptCenter.x = ptTmp.x;
pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxX][m_nMovingIdxY].m_ptCenter.y = ptTmp.y;
pDoc->m_bModify = TRUE;

if(m_nMovingIdxX==0 && m_nMovingIdxY==pDoc->m_nIdxOfBandBasis)
{
    pDoc->m_ptBandBasis.x = ptTmp.x;
    pDoc->m_ptBandBasis.y = ptTmp.y-CIRCLE_RADIUS*4;
}

Invalidate(); //good
}
else if(m_bMouseDown == MOUSE_DRAG_ON && m_bMarkerMoving)
{
    m_bMouseDown = MOUSE_DRAG_OFF;
    m_bMarkerMoving = FALSE;
    ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_ARROW));

    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    CPoint ptTmp;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

    CBandPoint *pBand;

    POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

    int nCnt=0;
    while(pos)
    {
        pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
        if(nCnt==m_nMarkerMovingPos)
        {
            pBand->m_ptCenter.x = ptTmp.x;
            pBand->m_ptCenter.y = ptTmp.y;
            pDoc->m_bModify = TRUE;
            break;
        }
        pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
        nCnt++;
    }
}

```

```

    }
    Invalidate(); //good

}

else if(m_bMouseDown == MOUSE_DRAG_ON && m_bBasisBandMoving)
{
    m_bMouseDown = MOUSE_DRAG_OFF;
    m_bBasisBandMoving = FALSE;
    ::SetCursor(AfxGetApp()->LoadStandardCursor(IDC_ARROW));

    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    CPoint ptTmp;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);

    int nMin = 50000;
    for(int j=1; j< pDoc->m_nArrWidth; j++)
    {
        if(abs(ptTmp.x - pDoc->m_pDataArr[0][j].m_ptCenter.x) < nMin)
        {
            nMin = abs(ptTmp.x - pDoc->m_pDataArr[0][j].m_ptCenter.x);
            m_nMarkerMovingPos = j;
            pDoc->m_nIdxOfBandBasis =j;
            pDoc->m_ptBandBasis.x =
pDoc->m_pDataArr[0][j].m_ptCenter.x;
            pDoc->m_ptBandBasis.y =
pDoc->m_pDataArr[0][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS*4;
            pDoc->m_bModify = TRUE;

        }

    }

    Invalidate(); //good
}

CScrollView::OnLButtonUp(nFlags, point);
}

void CBandMasterView::OnRButtonUp(UINT nFlags, CPoint point)
{
    // TODO: Add your message handler code here and/or call default
    if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
    {
        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

```

```

CRect rect;
CPoint ptTmp, ptCur;
ptCur=ptTmp = point;

GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);
//Size Marker를 지우고자 할때
CBandPoint *pBand;
POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

int nCnt=0;
while(pos)
{
    pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
    rect.left = pBand->m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
    rect.top = pBand->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
    rect.right = pBand->m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
    rect.bottom = pBand->m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;

    if(rect.PtInRect(ptTmp))
    {
        m_nMarkerMovingPos=nCnt;
        CMenuXP *pMenu = new CMenuXP;
        pMenu->CreatePopupMenu();

        pMenu->SetBackColor(RGB(0xf2, 0xf2, 0xf2));
        pMenu->SetSelectedBarColor(RGB(0x66, 0x99, 0xff));
        pMenu->SetMenuStyle(CMenuXP::STYLE_XP);

        pMenu->AppendODMenu(0, new
CMenuXPText(IDM_DELETE_THIS_SIZEMARKER, "Delete This SizeMarker"));
        pMenu->AppendODMenu(0, new
CMenuXPText(IDM_DELETE_ALL_SIZEMARKER, "Delete All SizeMarkers"));

        ::GetCursorPos(&ptCur);
        pMenu->TrackPopupMenu(TPM_LEFTBUTTON, ptCur.x,
ptCur.y, this);

        delete pMenu;
        break;
    }

    pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
    nCnt++;
}

```



```

if(pDoc->m_pDataArr==NULL)
    return;

// Band를 지우고자 할때
for(int i=0; i < pDoc->m_nArrHeight; i++)
{
    for(int j=0; j < pDoc->m_nArrWidth; j++)
    {
        if(i==0 && j==0)
            continue;

        rect.left =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
        rect.top =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
        rect.right =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
        rect.bottom =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;

        if(rect.PtInRect(ptTmp))
        {
            m_nMovingIdxX =j;
            m_nMovingIdxY =i;

            CMenuXP *pMenu = new CMenuXP;
            pMenu->CreatePopupMenu();

            pMenu->SetBackColor(RGB(0xf2, 0xf2, 0xf2));
            pMenu->SetSelectedBarColor(RGB(0x66, 0x99,
0xff));

            pMenu->SetMenuStyle(CMenuXP::STYLE_XP);

            if(pDoc->m_pDataArr[i][j].m_enumDataType
==TYPE_BANDHEADER)
            {
                pMenu->AppendODMenu(0, new
CMenuXPText(ID_DELETE_BAND_LINE, "Delete Band Line"));
            }
            else
            {
                pMenu->AppendODMenu(0, new
CMenuXPText(ID_BAND_VALUE_OFF, "0"));
                pMenu->AppendODMenu(0, new

```

```

CMenuXPText(ID_BAND_VALUE_ON, "1");
                                                                    pMenu->AppendODMenu(0, new
CMenuXPText(ID_BAND_VALUE_ON2, "2"));
                                                                    }

                                                                    m_ptCurrent =ptTmp;
                                                                    ::GetCursorPos(&ptCur);

                                                                    pMenu->TrackPopupMenu(TPM_LEFTBUTTON,
ptCur.x, ptCur.y, this);

                                                                    delete pMenu;

                                                                    break;
                                                                    }
                                                                    }
                                                                    }

                                                                    }
                                                                    CScrollView::OnRButtonUp(nFlags, point);
                                                                    }

void CBandMasterView::OnDeleteBandLine()
{
    // TODO: Add your command handler code here

    if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
    {
        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

        pDoc->DeleteBandLine(m_nMovingIdxX, m_nMovingIdxY);
        pDoc->m_bModify = TRUE;
        Invalidate();
    }
}

void CBandMasterView::OnBandValueOff()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
    {

```

```

        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
        if(pDoc->m_pDataArr==NULL)
            return;
        pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxY][m_nMovingIdxX].m_enumValue =
POINT_NOTEXIST;
        pDoc->m_bModify = TRUE;
        Invalidate();
    }
}

void CBandMasterView::OnBandValueOn()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
    {
        CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
        if(pDoc->m_pDataArr==NULL)
            return;
        pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxY][m_nMovingIdxX].m_enumValue = POINT_EXIST;
        pDoc->m_bModify = TRUE;
        Invalidate();
    }
}

BOOL CBandMasterView::IsInBands(CPoint point)
{
    //Band 위에서 마우스가 클릭되었을 때
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    CPoint ptTmp;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);
    CRect rect;
    if(pDoc->m_pDataArr!=NULL)
    {
        for(int i=0; i < pDoc->m_nArrHeight; i++)
        {
            for(int j=0; j < pDoc->m_nArrWidth; j++)
            {
                rect.left =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
                rect.top =
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
                rect.right =

```

```

pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
                                rect.bottom
pDoc->m_pDataArr[i][j].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;
                                =

                                if(rect.PtInRect(ptTmp))
                                {
                                return TRUE;
                                }
                                }
                                }

                                }

                                return FALSE;
                                }

void CBandMasterView::ChangeBandValue(int nThresh)
{
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    pDoc->ChangeBandValueUsingThresh(nThresh);
    Invalidate();
    //TRACE("%d", 1);
}

BOOL CBandMasterView::IsVerticalBasis(CPoint point)
{
    //Band 위에서 마우스가 클릭되었을 때
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    CPoint ptTmp;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);
    CRect rect;
    if(pDoc->m_pDataArr!=NULL)
    {
        for(int i=1; i < pDoc->m_nArrWidth; i ++)
        {
            rect.left = pDoc->m_pDataArr[0][i].m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
            rect.top = pDoc->m_pDataArr[0][i].m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
            rect.right = pDoc->m_pDataArr[0][i].m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
            rect.bottom = pDoc->m_pDataArr[0][i].m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;

            if(rect.PtInRect(ptTmp))
            {
                pDoc->m_nCurEditablePos =i;
            }
        }
    }
}

```

```

        return TRUE;
    }

}

return FALSE;
}

void CBandMasterView::OnBandSizemarker()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

    m_enumDataDirection = DIRECT_SIZEMARKER;

    GetImageXY(&m_ptCurrent.x, &m_ptCurrent.y);
    CBandPoint *pPt = new CBandPoint(m_ptCurrent);
    pDoc->m_ptrSizeMarker.AddTail(pPt);

    Invalidate(); //good
}

void CBandMasterView::DrawSizeMarkerInDoc(CDC *pDC)
{
    CRect    dRect;
    CBrush brushBrightGreen1( RGB(0x00, 0xff, 0xff) ), *pOldBrush;
    CBrush brushBrightGreen2( RGB(0xff, 0xcc, 0x33) );
    CBrush brushAbsolutRed( RGB(0xff, 0x00, 0x00) );

    if(m_enumDataDirection==DIRECT_SIZEMARKER)
        pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushBrightGreen1); // 선택
    else
        pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushBrightGreen2); // 선택

    //pOldBrush = (CBrush*)pDC->SelectStockObject(NULL_BRUSH); // 원만 그릴 경우

    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount()==0)
        return;

    CBandPoint *pBand, *pPreBand;

```

```

POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

int i=0;
CString str;
while(pos)
{
    pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
    pDC->Rectangle(pBand->m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS,
pBand->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS,
pBand->m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS,
pBand->m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS);

    if(i==0)
    {
        pPreBand = pBand;
        str.Format("%d",pBand->m_nPosition);
        pDC->TextOut(pBand->m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS*2,
pBand->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS, str);
    }
    else
    {
        pDC->MoveTo(pPreBand->m_ptCenter.x,
pPreBand->m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS);
        pDC->LineTo(pBand->m_ptCenter.x,
pBand->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS);
        str.Format("%d",pBand->m_nPosition);
        pDC->TextOut(pBand->m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS*2,
pBand->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS, str);
        pPreBand = pBand;
    }

    i++;

    pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
}

if(pDoc->m_nIdxOfBandBasis!=0)
{
    //int j = pDoc->m_nIdxOfBandBasis;
    pOldBrush = pDC->SelectObject(&brushAbsolutRed); // 선택
    pDC->Rectangle(pDoc->m_ptBandBasis.x-CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_ptBandBasis.y-CIRCLE_RADIUS,
pDoc->m_ptBandBasis.x+CIRCLE_RADIUS,pDoc->m_ptBandBasis.y+CIRCLE_RADIUS);
}
}

```

```

        pDC->SelectObject(pOldBrush);
    }

void CBandMasterView::OnDeleteAllSizemarker()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

    CBandPoint *pBand;
    POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

    while(pos)
    {
        pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);

        delete pBand;
        pBand = NULL;
        pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
    }
    pDoc->m_ptrSizeMarker.RemoveAll();
    pDoc->m_bModify = TRUE;
    Invalidate();
}

void CBandMasterView::OnDeleteThisSizemarker()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();

    CBandPoint *pBand;
    POSITION pos=pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();

    int nCnt=0;
    while(pos)
    {
        pBand = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);

        if(m_nMarkerMovingPos==nCnt)
        {
            delete pBand;
            pBand = NULL;
            pDoc->m_ptrSizeMarker.RemoveAt(pos);
            pDoc->m_bModify = TRUE;
        }
    }
}

```

```

                break;
            }

            pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
            nCnt++;
        }
        Invalidate();
    }

void CBandMasterView::OnSaveBandinfo()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    /*
    if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount()==0 || pDoc->m_pDataArr==NULL)
        AfxMessageBox("Band 정보가 설정되지 않아 저장할 수 없습니다.");
    */
    pDoc->SaveBandInfoToFile();
}

CBandPoint * CBandMasterView::IsSizeMarker(CPoint point)
{
    //SizeMarker 위에서 마우스가 더블클릭되었을 때
    CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
    CPoint ptTmp;
    CBandPoint *pPt;
    ptTmp = point;
    GetImageXY(&ptTmp.x, &ptTmp.y);
    CRect rect;

    POSITION pos = pDoc->m_ptrSizeMarker.GetHeadPosition();
    while(pos)
    {
        {
            pPt = (CBandPoint *)pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);
            rect.left = pPt->m_ptCenter.x-CIRCLE_RADIUS;
            rect.top = pPt->m_ptCenter.y-CIRCLE_RADIUS;
            rect.right = pPt->m_ptCenter.x+CIRCLE_RADIUS;
            rect.bottom = pPt->m_ptCenter.y+CIRCLE_RADIUS;
            if(rect.PtInRect(ptTmp))
            {
                return pPt;
            }
        }
        pDoc->m_ptrSizeMarker.GetNext(pos);
    }
}

```



```

        return NULL;
    }

void CBandMasterView::InputSizeMarkerPosition(CBandPoint *pPt)
{
    CDlgInput dlg;
    dlg.SetPosition(pPt->m_nPosition);
    if(dlg.DoModal()!=IDOK)
    {
        pPt->m_nPosition = dlg.GetPosition();
    }
    Invalidate();
}

void CBandMasterView::DisplayClickedPoint(int i, int j , CPoint ptPoint)
{
    CMainFrame      *PFrame = (CMainFrame *)AfxGetMainWnd();
    CBandMasterDoc  *pDoc = (CBandMasterDoc *) GetDocument();

    CString str;
    int nPosition=0;
    POSITION pos;
    CBandPoint *pBand=NULL, *pBandPrev=NULL;

    if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount()!=0)
    {
        AfxMessageBox("Size Marker를 설정하세요");
        return ;
    }

    if(pDoc->m_nIdxOfBandBasis==0)
    {
        AfxMessageBox("Band의 기준점을 설정하세요");
        return ;
    }

    //->m_nIdxOfBandBasis 밴드의 Position 계산
    //// 기준 밴드의 Position을 SizeMarker position 정보를 이용하여 계산
    int nPosGap, nGeoGap;
    int y;
    float fGapRate;
    int nNum;
    //for(i=m_nArrHeight-1; i >=0 ; i--)
    //{

```

```

if(i==0)
    return;
else
{
    y =pDoc->m_pDataArr[i][pDoc->m_nIdxOfBandBasis].m_ptCenter.y;
    pos = pDoc->m_ptrSizeMarker.GetTailPosition();
    pBandPrev=NULL;
    nNum=1;
    while(pos)
    {
        pBand = (CBandPoint *) pDoc->m_ptrSizeMarker.GetAt(pos);

        if(pBand->m_nPosition==0)
        {
            AfxMessageBox("SizeMarker의 위치 값은 0이 될 수
없습니다");
            return ;
        }
        //맨 마지막 밴드
        if(pBandPrev==NULL)
        {
            if( y > pBand->m_ptCenter.y)
            {
                pBandPrev = pBand;
                pBand = (CBandPoint *)
                pDoc->m_ptrSizeMarker.GetPrev(pos);
                nPosGap = pBand->m_nPosition -
                pBandPrev->m_nPosition;
                nGeoGap = pBandPrev->m_ptCenter.y -
                pBand->m_ptCenter.y;
                fGapRate = nPosGap/(float)nGeoGap;
                nPosition = int(pBandPrev->m_nPosition
                - abs(y - pBandPrev->m_ptCenter.y) * fGapRate);
                break;
            }
        }
        else
        {
            nPosGap = pBand->m_nPosition -
            pBandPrev->m_nPosition;
            nGeoGap = pBandPrev->m_ptCenter.y -
            pBand->m_ptCenter.y;
            fGapRate = nPosGap/(float)nGeoGap;

```

```

//가운데 지점의 밴드
if( y <= pBandPrev->m_ptCenter.y && y >=
pBand->m_ptCenter.y)
{
nPosition = int (
pBandPrev->m_nPosition + abs(pBandPrev->m_ptCenter.y-y) * fGapRate);
break;
}
//첫번째 밴드
else if(pDoc->m_ptrSizeMarker.GetCount()==nNum
&& y < pBand->m_ptCenter.y)
{
nPosition = int (pBand->m_nPosition +
abs(pBand->m_ptCenter.y-y) * fGapRate);
break;
}
}
pBandPrev = pBand;
pDoc->m_ptrSizeMarker.GetPrev(pos);
nNum++;
}
}

//}
//<-m_nIdxOfBandBasis 밴드의 Position 계산

str.Format("%4d,%4d,%4d,%4d", ptPoint.x, ptPoint.y,pDoc->m_pDataArr[i][j].m_enumValue,
nPosition);
PFrame->m_wndDlgBarSubAttr->m_editGrayVal->SetWindowText(str);
}

void CBandMasterView::OnBandValueOn2()
{
// TODO: Add your command handler code here
if(m_enumDataDirection==DIRECT_NON)
{
CBandMasterDoc *pDoc = GetDocument();
if(pDoc->m_pDataArr==NULL)
return;
pDoc->m_pDataArr[m_nMovingIdxY][m_nMovingIdxX].m_enumValue = POINT_EXIST2;
pDoc->m_bModify = TRUE;
}
}

```

```

        Invalidate();
    }
}
void CBandMasterView::OnImageZoomOutHalf()
{
    // TODO: Add your command handler code here
    CBandMasterDoc *pDoc = (CBandMasterDoc *)GetDocument();
    m_fZoom = 0.5f;

    SetScrollSizes(MM_TEXT, CSize((int)(pDoc->m_Image->GetWidth()*m_fZoom), (int)(pDoc->m_Image->GetHeight()
    *m_fZoom)));
    Invalidate(FALSE);
}

void CBandMasterView::OnImageZoomNormal()
{
    CBandMasterDoc *pDoc = (CBandMasterDoc *)GetDocument();
    m_fZoom = 1;

    SetScrollSizes(MM_TEXT, CSize((int)(pDoc->m_Image->GetWidth()*m_fZoom), (int)(pDoc->m_Image->GetHeight()
    *m_fZoom)));
    Invalidate(FALSE);
}

void CBandMasterView::OnImageZoomInDouble()
{
    CBandMasterDoc *pDoc = (CBandMasterDoc *)GetDocument();
    m_fZoom = 2;

    SetScrollSizes(MM_TEXT, CSize((int)(pDoc->m_Image->GetWidth()*m_fZoom), (int)(pDoc->m_Image->GetHeight()
    *m_fZoom)));
    Invalidate(FALSE);
}

void CBandMasterView::OnImageZoomInTriple()
{
    CBandMasterDoc *pDoc = (CBandMasterDoc *)GetDocument();
    m_fZoom = 3;

    SetScrollSizes(MM_TEXT, CSize((int)(pDoc->m_Image->GetWidth()*m_fZoom), (int)(pDoc->m_Image->GetHeight()
    *m_fZoom)));
    Invalidate(FALSE);
}
}

```

*****/

-읽은 파일 파싱 시도-

```
*****  
HRESULT Parsing( LPSTR pFileName ) {  
  
    TCHAR line[ LINE_BUFFER ];  
  
    일로 부터 읽어들이 라인 저장 공간  
  
    //파일 이름이 NULL 값이면 그냥 반환한다.  
    if( pFileName == NULL ) {  
        TCHAR outputString[LINE_BUFFER];  
        sprintf( outputString, TEXT("Failed to Open File : %s\n"), pFileName );  
        return FALSE;  
    }  
  
    ZeroMemory( line, sizeof( line ) );  
  
    //파일 열기  
    FILE* hFile = NULL;  
    hFile = fopen( pFileName, TEXT("r") );  
  
    //파일 열기 실패 시  
    if( hFile == NULL ) {  
        MessageBox( NULL, TEXT("Can not open the file!!"), TEXT("Error"), MB_OK |  
MB_ICONERROR | MB_ICONASTERISK );  
        fclose( hFile );  
        return FALSE;  
    }  
  
    //실제 파싱 시도  
    //1. 행렬의 갯수를 읽어온다.  
    fgets( line, sizeof( line ), hFile );  
  
    char row[ LINE_BUFFER ];  
    char column[ LINE_BUFFER ];  
    ZeroMemory( row, sizeof( row ) );  
    ZeroMemory( column, sizeof( column ) );  
  
    sscanf( line, TEXT("%s %s"), row, column );  
    sscanf( line, TEXT("%d%s"), &g_Row, row );  
    sscanf( column, TEXT("%d"), &g_Column );  
  
    //행렬 생성  
    CreateMatrix( g_Row );  
}
```

```

//값을 저장할 공간 생성
TCHAR values[100][10];

//행렬의 값 파싱
for( int index = 0; index < g_Row ; index++ ) {

    //인덱스 지정
    g_Class[ index ].index = index;

    //하나의 Row
    fgets( line, sizeof( line ), hFile );
    //클래스 이름
    sscanf( line, TEXT("%s %s"), g_Class[ index ].className, values[ index ] );
    //첫번째 수
    sscanf( values[ index ], TEXT("%f%s"), &g_Class[ index ].values[ 0 ], values[ index ]
);

    bool readNow = false;

    int ttt = 0;
    int valuesIndex = 0;

    for( int rowLength = 0; rowLength < strlen( line ); rowLength++ ) {

        if( readNow ) {

            if( line[ rowLength ] == ',' )
                continue;

            if( ( line[ rowLength ] == ' ' ) || ( rowLength == strlen( line )
-1 ) ) {

                sscanf( values[ index ] , TEXT("%f"), &g_Class[
index ].values[ valuesIndex ] );

                ttt = 0;

                ZeroMemory( values[ index ], sizeof( values[ index
] ) );

                valuesIndex++;
                continue;
            }

            values[ index ][ ttt ] = line[ rowLength ];
            ttt++;

```

```

        }//if

        if( line[ rowLength ] == ',' ) {
            ZeroMemory( values[ index ], sizeof( values[ index ] ) );
            readNow = true;
        }//if

    }//for

} //for

fclose( hFile );

return TRUE;

} //HRESULT Parsing( LPSTR pFileName )
*****/
-거리 측정 하기-
    ROOT( (X-X2)^2 + (Y-Y2)^2 )
*****/
double CalculateDistance( CLASS class1, CLASS class2 ) {

    double sum = 0;

    for( int iColumn = 0; iColumn < g_Column; iColumn++) {

        sum += pow( ( class1.values[ iColumn ] - class2.values[ iColumn ] ), 2 );

    } //for

    sum = sqrt( sum );

    return sum;

} //int CalculateDistance( CLASS class1, CLASS class2 )
*****/
-가까운 좌표 찾기 ( 클래스 집단 )-
*****/
void FindNearsetClass( CLASS* classes ) {

    double values[500];

    저장할 공간 //클래스간의 측정된 거리를

```

```

//1. 모든 class군에 대해 검사를 시도한다.
for( int index = 0; index < classes[0].maxRow; index++ ) {

    //모든 클래스 군에 대해 거리 측정
    for( int indexClass = 0; indexClass < classes[0].maxRow; indexClass++ ) {
        values[ indexClass ] = CalculateDistance( classes[ index ], classes[
indexClass ] );
    }//for

    //모든 클래스군과의 거리를 구한 후, 가장 가까운 값의 인덱스를 구한다.
    OrderValues( values, index, classes );

} //for

} //void FindNearsetClass()

```


2. 적 요

DNA fingerprint 컴퓨터 영상에서 lane, band 인식프로그램 개발을 위하여 1, 2, 3차년도에 걸쳐 DNA fingerprint JPG, BMP 컴퓨터 영상에 대해 5M이상 대용량 단일 이미지 파일 인식가능 및 반자동 lane 인식, 수동 band 인식, 인식된 marker 데이터의 정량화, marker 위치의 수치화 기능 구현하였다. 기준 마커, 기준 레인 인식 기능을 구현하였고, 기준 마커의 상대적 거리 계산 기능, 누적된 장미 DNA fingerprint DB를 바탕으로 Clusterring, Nearest Neighbor-Joining 방법을 통한 품종들의 육종약력 추적 시도 및 모부종 관계, 교배/결실을 검색을 시도하였다.

제3절 신개념에 의한 장미 교배모본 선발 및 우수계통 육성

1. 장미 특성조사 자료분석 및 특수형질 보유품종 선발

가. 재료 및 방법

전라남도농업기술원에서 UPOV 조사기준을 적용하여 조사한 장미 420종의 특성조사 자료를 통계분석프로그램을 이용, Sokal 과 Sneath's coefficients에 기초하여 군집분석을 하였다. 품종간의 유연관계, 조사항목간의 형태적 생태적 유의성 등을 분석하였다. 분석 결과를 기초로 계통육성에 중요하다고 판단되는 화형, 화색, 수세, 꽃잎수, 향기, 가지, 수량, 내병성 등의 특성이 우수한 품종 56종을 선발하였다. 선발품종 중 현재 주 재배되고 있는 주력 품종을 포함하여 선발된 모본의 결실율, 종자발아율, 화분발아력 등을 최종 검토하여 신품종 육성을 위한 교배모본으로 사용하였다.

나. 결과 및 고찰

1) 장미 품종특성 조사자료 분석

전라남도농업기술원에서는 2001년부터 2003년까지 3년간 국내외에서 수집한 장미 유전자원에 대한 특성조사를 수행하여 장미품종검색프로그램을 작성하였다. 특수한 형질을 보유하고 있는 품종, 계통을 선발하기 위해 420종의 UPOV 조사 53개 항목 조사자료를 통계분석프로그램을 이용, Sokal 과 Sneath's coefficients에 기초하여 군집분석을 하였다. 분석한 결과 신초, 꽃잎 앞 뒷면의 반점과 가시는 고도의 유의성이 있었다. 또한 화형, 개화습성, 암술과 수술의 배열은 유전적인 거리(GD)가 0.1~0.2를 나타내었다(그림 3-1). 화형은 다른 특성과 거리가 있었으며 이는 주요 화색에 집중한 인위적인 유전자원 수집의 결과로 추측된다.

니콜, 퀴엘리자베스, 레이저, 마이하트, 스위트니스, 리틀실버 등의 품종은 유전적인 거리가 0.24와 0.3(GD)으로 나타나 이는 전남도원에서 보유하고 있는 420종의 유전자원이 육종재료로 사용하는데 유용할 것임을 입증하고 있다(그림 3-1, 3-2, 3-3).

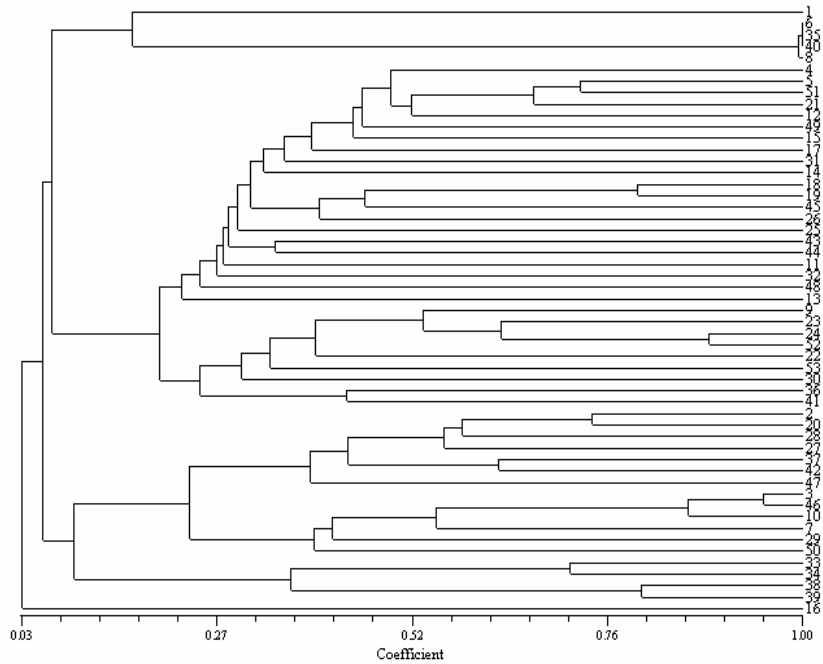


그림 3-1. UPGMA 방법에 의한 53개 특성의 형태적, 생태적인 도표.

1. 화색, 2. 화형, 3. 생장습성, 4. 초장, 5. 식물체폭, 6. 신초색소 7. 안토시아닌색, 8. 가시, 9. 가시모양, 10. 짧은가시수, 11. 긴가시수, 12. 마디길이, 13. 잎크기, 14. 잎 녹색, 15. 잎표면광택, 16. 소엽횡단면모양, 17. 소엽물결모양, 18.엽신의길이, 19. 엽신의너비, 20. 기부모양, 21. 꽃의수, 22. 소화경 털, 가시정도, 23. 꽃눈횡단면의 모양, 24. 꽃형태, 25. 꽃잎수, 26. 꽃직경, 27. 꽃 위에서본모양, 28. 꽃 윗부분의 옆에서 본모양, 29. 꽃 아래부분의옆에서 본모양, .30. 꽃향기, 31. 꽃받침전개, 32. 꽃잎크기, 33. 꽃잎표면 중간부분색 34. 꽃잎표면 가장자리색, 35. 꽃잎 표면기부반점, 36. 표면기부 반점크기, 37. 표면기부 반점의색, 38. 이면 중간부분의색, 39. 이면 가장자리색, 40. 꽃잎 이면기부 반점, 41. 꽃잎 이면기부반점크기, 42. 꽃잎 이면기부의 반점색, 43. 꽃잎 가장자리 말림, 44. 꽃잎 가장자리 물결모양, 45. 꽃잎두께, 46. 수술과 암술의 배열, 47. 수술대의색, 48. 암술대의색, 49. 자방크기, 50. 결실과 종단면모양, 51. 개화시기, 52. 개화습성, 53. 흰가루병 포장저항성

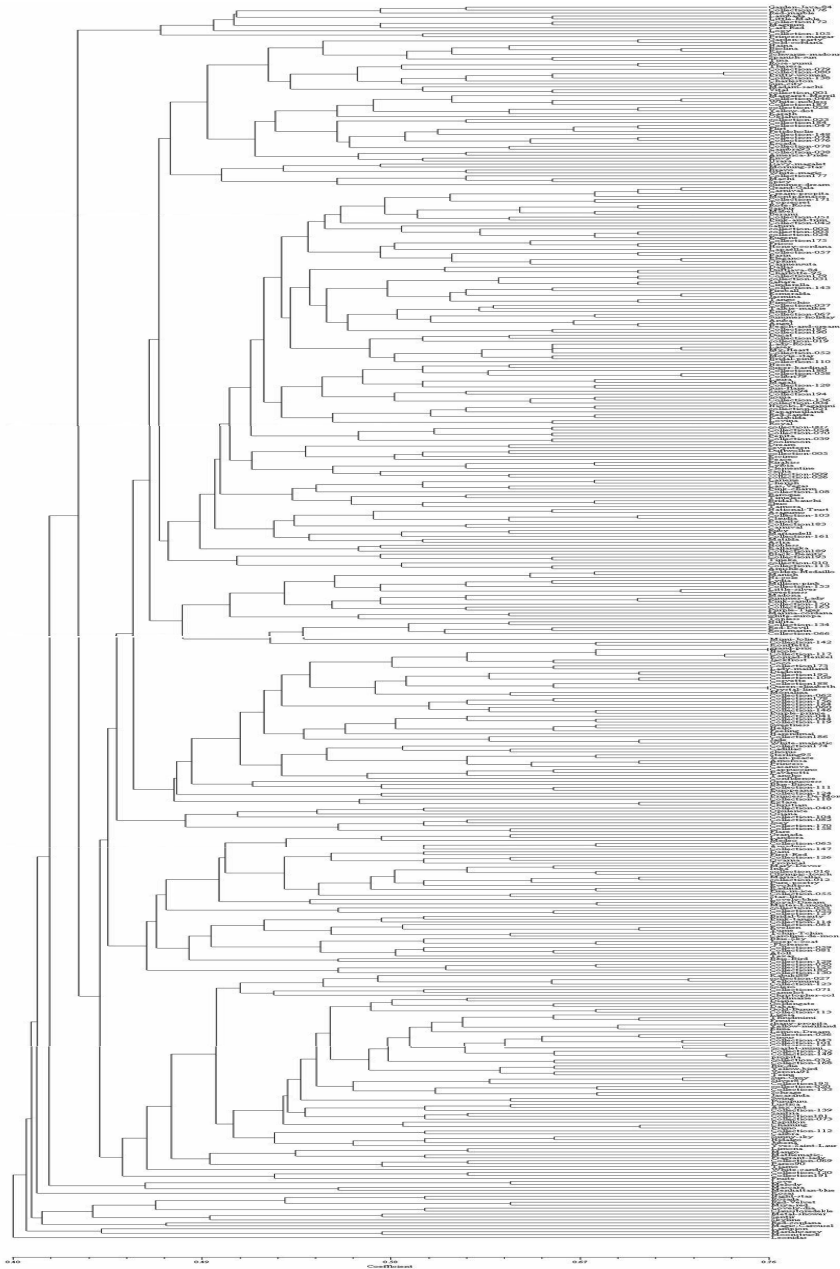


그림 3-2. 군집분석 방법인 UPGMA를 이용하여 420종 장미의 53개 형태적 특성을 바탕으로 생성된 dendrogram

평균 분류거리를 이용하여 분석한 결과 3개의 주요병합은 전체변이의 40.6%를 보였고 PC1, PC2 와 PC3는 첫 번째 주요 병합축에 대해 20.4% 였으며, 두 번째는 12.3%, 세 번째 축과는 8.0%를 나타내었다(그림 3-3).

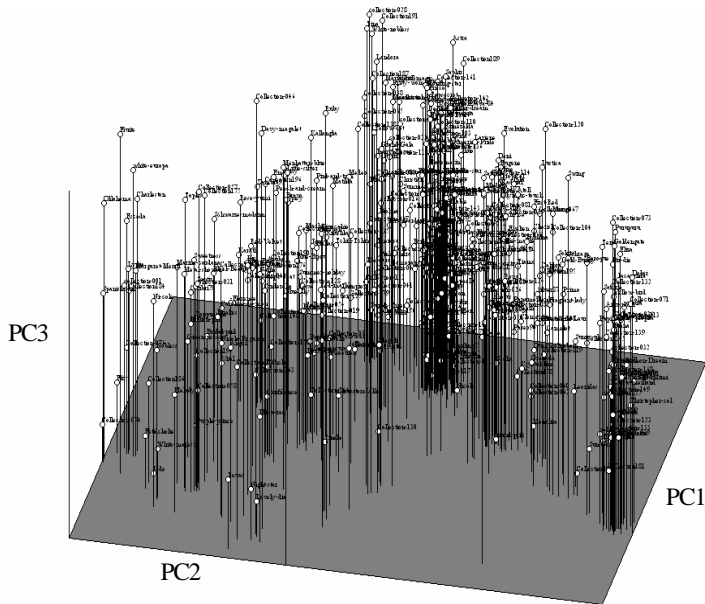


그림 3-3. 주요 병합분석에 의한 53개 형태적 특성에 기준한 420종 유연관계의 3차원 PCA 도표

2) 우수모본 선발

전남도원에서 품종특성조사 한 자료를 분석하여 주요 품종 중 교배모본으로 적합한 품종을 선발하였다. 장미 품종육성에 중요하다고 판단되는 화형, 화색, 수세, 꽃잎수, 향기, 가시, 수량성, 내병성을 주요한 항목으로 설정하여 주요 특성별 비탈 등 56개 품종을 표 3-1 과 같이 선발하였다. 화형, 화색을 주 기준으로 카디날 등 24품종을 선발하였고, 수세를 기준으로 레드산드라 등 4품종, 향기를 기준으로 8품종, 가시를 기준으로 레몬드림 등 9품종, 수량성을 기준으로 3종, 흰가루병을 기준으로 8품종을 선발하여 스탠다드 46, 스프레이 10품종, 총 56품종을 선발하였다. 모본선발 내용과 화분발아율, 결실율, 종자발아율 등을 종합적으로 검토하여 교배조합 등 작성에 이용하였다.

표 3-1. 장미 우수모본 선발

No.	품종명	화형	화색	수세	꽃잎수	향기	가시	수량성	흰가루병	주 선발기준
1	꿈든게이트	ST	황	중	매우많음	중	적음	중	약간있음	화형, 화색
2	카디날	ST	적	중	중	약	중	중	약간있음	화형, 화색
3	노블레스	ST	분홍	중	매우많음	중	중	중	약간있음	화형, 화색
4	쿨벳	ST	주홍	중	중	약	적음	중	약간있음	화형, 화색
5	로즈유미	ST	백	작음	매우많음	약	중	중	약간있음	화형, 화색
6	블루버드	ST	보라	작음	매우많음	약	중	소	많음	화형, 화색
7	큰페티	ST	적백	중	중	중	중	중	심함	화형, 화색
8	리틀마블	SP	주홍	작음	적음	약	많음	다	거의없음	화형, 화색
9	마돈나	SP	적	중	중	약	많음	중	거의없음	화형, 화색
10	롯데로제	ST	적	중	중	중	중	중	심함	화형, 화색
11	벨아미	ST	분홍	중	중	중	중	중	심함	화형, 화색
12	로얄	ST	적	중	중	매우약	중	중	약간있음	화형, 화색
13	실버87	ST	분홍	중	적음	약	중	중	약간있음	화형, 화색
14	전남R-25	ST	백분홍	중	중	매우약	중	적음	약간있음	화형, 화색
15	차밍	SP	백,분홍	중	중	중	중	중	많음	화형, 화색
16	블루바조	ST	보라	중	매우많음	중	적음	중	약간있음	화형, 화색
17	티네케	ST	백	중	매우많음	중	적음	중	약간있음	화형, 화색
18	클레멘타인	SP	황	작음	매우많음	매우약	중	중	많음	화형, 화색
19	다이아덤	SP	백	중	매우많음	중	중	중	약간있음	화형, 화색
20	써커스	ST	황적	작음	많음	중	중	중	약간있음	화형, 화색
21	에블루션	ST	적백	중	매우많음	중	매우많음	중	약간있음	화형, 화색
22	전남R-26	ST	황,분홍	큼	많음	중	적음	중	약간있음	화형, 화색
23	단미	SP	백	중	많음	매우약	매우적음	중	약간있음	화형, 화색
24	밀리언핑크	SP	백,분홍	중	중	약	매우적음	중	많음	화형, 화색
25	레드산드라	ST	적	큼	매우많음	중	중	중	약간있음	수세
26	사피어	ST	분홍	큼	중	중	중	중	약간있음	수세
27	쥬베나	ST	백	큼	중	약	중	중	약간있음	수세
28	피레오90	ST	주황	큼	많음	중	매우적음	중	이주심함	수세
29	니콜	ST	적백	중	매우많음	강	많음	소	거의없음	향기
30	가든파티	ST	백	매우큼	중	강	적음	소	많음	향기
31	엘로우미	SP	황	중	매우많음	강	매우적음	중	약간있음	향기
32	드프트블케	ST	적	중	많음	매우강	적음	소	약간있음	향기
33	미스터링컨	ST	적	중	매우많음	매우강	매우많음	소	많음	향기
34	엑스타세	ST	적	중	많음	강	매우적음	적음	약간있음	향기
35	프로이트	ST	중	중	많음	강	많음	중	향기	향기
36	모나리자	ST	적	중	매우많음	매우강	중	적음	약간있음	향기
37	레몬드립	ST	황	작음	적음	중	매우적음	중	약간있음	가시
38	리틀실버	ST	보라	중	중	강	매우적음	중	심함	가시
39	머라이어	ST	이중색	작음	중	중	매우적음	중	약간있음	가시
40	드립	ST	분홍	중	중	약	매우적음	중	심함	가시
41	엘로우버드	ST	황	큼	중	강	없음	소	약간있음	가시
42	스위트허니	ST	황	큼	많음	중	무	중	약간있음	무가시
43	퍼플타이거	ST	적,백	작음	매우많음	강	매우적음	적음	거의없음	무가시
44	비탈	ST	적	큼	중	중	적음	중	많음	가시적음
45	마르디보아	ST	적	중	매우많음	약	적음	중	이주심함	가시적음
46	사샤	ST	적	작음	적음	강	매우적음	다	심함	수량성
47	티아모	ST	적	중	중	매우약	중	다	심함	수량성
48	전남R-18	SP	적	중	매우적음	매우약	매우많음	다	약간있음	수량성
49	토플레스	ST	분홍	중	매우많음	중	적음	중	거의없음	흰가루병
50	입생로랑	ST	분홍	중	많음	약	적음	중	거의없음	흰가루병
51	그린석세스	ST	황	중	중	매우약	매우적	중	거의없음	흰가루병
52	환마음	ST	적	매우큼	매우많음	약	매우많음	중	거의없음	흰가루병
53	센타이너	SP	분홍	작음	매우많음	약	중	중	거의없음	흰가루병
54	테레사	ST	자주	큼	중	중	중	중	거의없음	흰가루병
55	프리티우먼	ST	분홍	중	중	중	매우적음	중	약간있음	흰가루병
56	알렉스레드	ST	적	중	매우많음	매우강	중	중	약간있음	흰가루병

2. 유전분석을 위한 우수계통 육성

가. 재료 및 방법

장미 품종육성을 체계적으로 추진하기 위해 교배계통 확보가 절실하다. 지금의 품종간의 교배에 의해서는 우리만의 독특한 품종을 얻기가 쉽지 않다. 육종계통 확보를 위해 고정계통을 만들어 교배모본으로 활용하여 신품종육성에 활용하고 장미에 관련된 다양한 유전양상을 분석하다면 효율적인 품종육성을 위해 보탬이 되리라 생각된다.

1) 자가수분 계통 전개

우수 교배계통 육성을 위해 전라남도농업기술원 장미 유전자원포장에서 2004~2005년 5월부터 6월까지 2년 동안 교배조합을 구성하여 자가수분 하였다. 1차년도에 216조합 2,017화, 2차년도에 244조합, 2,247화를 자가수분하여 4개월 후 착과된 종자를 수확하여 종자를 분리한 후 모래에 저장하여 3개월 정도 저온처리($4^{\circ}\text{C}\pm 1^{\circ}\text{C}$)하였다. 저온처리 후 2~3월 파종상자에 파종($2\times 3\text{cm}$)한 후 습도 및 지면 온도관리(21°C)가 가능한 육묘베드에 옮겨 발아를 시켰으며 발아율을 조사하였다. 본엽이 2매정도 되었을때 직경 10cm 분에 조제한 상토로 배지를 만들어 옮겨 심고 저면급액 베드에서 수분 관리하였으며 첫 꽃이 개화하는 시기에 맞추어 개화특성 등에 대해 조사하고 계속적으로 선발을 진행하였다. 선발된 개체는 17cm 정식분에 옮겨 양액관리하며 수체를 성장시켜 최종적으로 화색별 대표형질을 주목표로 S₁ 계통을 선발하고 S₂ 계통양성을 위해 자가수분하였다. 자가수분한 종자는 앞에서와 같이 결실종자를 수확하여 저온처리 후 종자를 파종하여 발아된 종자를 포트에 옮겨 생육을 시키고 생육 및 특성에 대해 조사를 진행하고 있다.

2) 미숙배 및 종자배양

장미 교배시 계통간 교배친화성이 낮아 유전적, 생리적 퇴화가 빈번하며 일부 형성된 종자는 발아율이 낮고 발아 기간이 오래 소요되는 특성이 있어 이러한 저해 요인을 회피하고 육종의 효율을 높일 수 있는 방법들이 요구된다. 종자를 얻지 못하는 조합을 미숙배 배양을 통해 필요한 계통을 전개해 보고자 배양을 시도하였다. MS 기본배지에 sucrose 3%, BA 0.5mg/L, NAA 0.1mg/L,

Phyta-Gel 3g/L가 첨가된 시험관에 치상한 후 생육상태를 관찰하며 4주 간격으로 계대배양하며 식물체 재분화를 유도하였다. 발생한 캘러스는 기본배지가 첨가된 petri dish에 치상하여 23℃, 조명하에서 배양하여 배발생 캘러스를 유도하였다. 척출된 미숙배는 70% ethanol에 30초 0.5% NaClO 용액에 10분간 소독하여 기본배지에 0.5mg/L BA, 0.1mg/L NAA가 첨가된 petri dish에 각각 치상하였고 미수분과의 지방배양은 로즈유미 품종을 이용하였으며 지방의 지름이 5mm미만인 지방을 포장에서 채취하여 상기방법으로 소독 후 1mm로 얇게 잘라서 치상하였다. 또한 장미의 종자배양을 통해 식물체를 얻기 위해 유망 품종의 교배 및 자가수분 결실 69개 조합의 성숙종자를 97% H₂SO₄ 액에 6시간동안 침지하여 종피를 제거하였고 흐르는 물에 18시간 세척 후 70% ethanol 30초, 0.5% NaClO 용액에서 15분 동안 멸균하여 test tube에 치상하였다.

3) 장미 유전분석

유전특성을 구명하기 위해서는 고정계통을 가지고 분석해야 하나 계통을 육성하는 과정이므로 자가수분 세대별로 유전양상의 변화를 조사해보고자 한다. 주요 특성에 대한 자가수분 계통의 유전양상을 알아보기 위해 계통의 화색, 향기, 가시, 꽃잎수 등에 관련된 유전양상을 모본의 특성과 비교하여 조사해 보았다.

4) 장미 화분 발아율

품종간 화분 발아력을 검토하기 위해 2004년 5~7월에 약 218종의 약을 채취하여 30℃로 설정된 개약기에서 12시간 경과 후 화분을 채취하였다. 화분발아율 검사는 sucrose 20%의 0.8% 한천배지를 조성하여 피펫으로 슬라이드글라스 위에 떨어뜨려 도포한 다음 그 위에 화분을 분사하였다. 화분분사 방법은 화분을 티슈에 묻히고 고르게 화분이 떨어지도록 입김으로 불어 분사하였다. 화분 도포가 끝난 후 샤레에 담고 밀폐하고 30℃ 배양기에 12시간 배양한 다음 현미경으로 관찰하면서 연결된 디지털카메라로 촬영하였다. 조사내용은 육안으로 관찰된 화분량, 정상화분율, 화분발아율을 조사하였다.

5) 결실과 비대

수분에서 착과까지의 과 비대양상을 알아보기 위해 자가수분조합과 교배조합

각각 2조합을 구성하였고, 비교적 착과율이 높은 조합 중 스탠다드 조합으로 니콜, 스프레이 조합으로 화이트캔디 품종을 선정하여 5월말 교배를 수행하였다, 수분 후 과 수확까지 120일간, 15일 간격으로 과 크기 및 착과율을 조사하였다.

6) 자가수분 조합의 결실 및 발아율

장미는 타가수분작물로 알려져 있어 자가수분을 하게 되면 결실율이 감소할 것으로 생각되며 조합간 상이한 결실 및 발아율을 나타낼 것으로 생각되었다. 2004~2005년 2차년 동안 자가수분 한 결과 중 많은 개체를 확보한 2005년 자가수분 계통을 대상으로 결실 및 발아율을 조사하였다.

7) 장미 배수성 검정

장미의 염색체 검정은 경북대학교 임기병교수 실험실의 도움으로 검정하였고 검정재료 및 방법은 장미 근단 조직을 이용하였고, 염색은 포트에서 자란 뿌리를 전처리와 고정 단계를 거친 후 형광물질을 이용한 4',6-diamidino-2-phenylindol(DAPI) 방법을 이용하여 형광현미경으로 염색체를 관찰하였다.

나. 결과 및 고찰

장미 품종 육성을 체계적으로 추진하기 위해서는 현재의 품종간의 교배에 의한 품종육성을 추진하며 한편으로 고정계통을 육성해 나가는 것이 주요할 것으로 판단된다. 확보된 계통을 통해 유전양식 등 기초 유전연구를 수행할 수 있다. 본 시험은 육종계통을 확보하기 위해 2004~2005년 2차례 자가수분을 통해 S₁, S₂ 계통을 전개하였다.

1) 자가수분 계통 전개(2004년, 2005년)

카디날 등 216조합, 2,017화를 2004년 5월부터 6월까지 교배하였다. 교배 후 교배모본의 충실한 관리를 위해 측지 등을 제거하였고 병해충방제 등 일반관리는 장미 기준재배법에 준하여 관리하였다. 11월초 종자를 수확한 결과 63조합 209과가 수확되었으며 결실율은 10.4%를 나타내었다. 수확된 종자에 대한 과 특성을 조사한 후 저온저장고 4℃에 휴면타파를 위해 4개월간 저온처리를 하였다.

저온처리 한 종자를 꺼내어 미스트 시설이 되어 있는 삼목상에 파종하여 관리

하였고 결실 및 발아율은 다음 표와 같다(표 3-2).

표 3-2. 2004년 자가수분 조합의 결실 및 종자특성

자가수분 조합번호	자가수분품종	자가 수분 화수	결실 과수	결실율	과크기		과중 (g)	평 균 종자수	발아율 (%)
					중경 (cm)	횡경 (cm)			
JRS0401	엔젤	10	1	10.0	1.0	1.2	0.4	1.0	0
JRS0402	카디날	15	3	20.0	2.2	3.5	8.4	25.0	0
JRS0403	뉴네계쉬	10	2	20.0	0.9	1.7	0.9	5.0	0
JRS0404	마이하트	10	3	30.0	1.1	1.4	0.8	6.7	13.3
JRS0405	레이저	10	1	10.0	1.2	1.3	0.5	1.0	0
JRS0406	파바로티	10	3	30.0	1.1	1.4	0.6	2.7	0
JRS0407	스카이라인	10	2	20.0	0.9	1.4	0.7	4.5	25.0
JRS0408	파이어인아이스	10	7	70.0	0.9	1.3	0.5	3.1	0
JRS0409	무비스타	10	3	30.0	0.7	1.6	0.5	0.7	0
JRS0410	크리스토퍼콜롬보	11	6	54.5	1.1	1.3	1.2	3.7	0
JRS0411	블루버드	18	1	5.6	1.1	2.0	1.1	4.0	60.0
JRS0412	올란트	10	2	20.0	1.6	1.6	1.4	9.0	0
JRS0413	스타링95	10	10	100.0	1.6	1.7	2.5	11.5	0.9
JRS0414	엘리자	10	1	10.0	2.1	2.5	3.6	24.0	20.0
JRS0415	잠브라93	10	10	100.0	1.0	1.8	1.0	4.2	0
JRS0416	산트리아	10	1	10.0	0.9	1.3	0.4	3.0	0
JRS0417	트로피칼	10	6	60.0	1.4	2.1	2.3	9.2	0
JRS0418	모나리자	10	1	10.0	1.2	1.1	0.8	3.0	0
JRS0419	웨리아	10	2	20.0	0.9	1.7	0.5	4.5	0
JRS0420	헬로	10	8	80.0	1.2	1.5	0.9	4.9	3.6
JRS0421	탐시크리트	10	3	30.0	1.0	1.4	0.5	3.7	0
JRS0422	탱고	4	4	100.0	1.1	1.8	1.4	6.3	0
JRS0423	입쟁로랑	15	1	6.7	1.7	2.2	3.7	21.0	20.5
JRS0424	레드산드라	15	2	13.3	0.9	1.2	0.5	3.5	0
JRS0425	니콜	6	2	33.3	1.5	1.8	2.1	11.5	2.2
JRS0426	피리모	10	5	50.0	2.2	2.0	6.4	16.2	0
JRS0427	프린세스모나코	10	2	20.0	0.9	0.8	0.2	1.0	0
JRS0428	콘라쉬	2	1	50.0	1.1	1.9	1.4	5.0	0
JRS0429	수집033	2	2	100.0	1.5	2.2	2.6	5.5	0
JRS0430	로라	10	1	10.0	1.1	1.0	0.3	3.0	0

표 3-2. 계속

자가수분 조합번호	자가수분 품종	자가 수분 화수	결실 과수	결실 율	과크기		과중 (g)	평 균 중자수	발아율 (%)
					중경 (cm)	횡경 (cm)			
JRS0431	리비아	10	2	20.0	1.7	1.6	2.6	9.5	13.3
JRS0432	오시아나	8	1	12.5	1.4	1.5	1.2	12.0	0
JRS0433	달라스	10	1	10.0	0.6	1.1	0.2	2.0	0
JRS0434	카를리네드모나코	10	2	20.0	1.5	2.2	2.3	11.0	0
JRS0435	루블	13	1	7.7	2.1	2.7	4.7	23.0	7.7
JRS0440	미량	2	2	100.0	2.3	2.1	6.7	27.0	4.5
JRS0441	골든마멜론	10	7	70.0	0.9	1.0	0.5	3.3	18.8
JRS0442	센티나	10	7	70.0	1.3	1.6	1.7	14.9	5.5
JRS0443	춘무	10	5	50.0	7.5	1.2	0.3	6.8	0
JRS0444	화이트캔디	30	7	23.3	0.8	1.5	0.4	2.8	25.4
JRS0445	마갈리	10	9	90.0	1.3	1.3	1.5	11.1	7.7
JRS0446	골드마리84	10	5	50.0	1.8	1.8	3.1	8.8	0
JRS0447	실버87	10	1	10.0	1.8	1.8	2.5	11.0	16.7
JRS0448	니코로파가니니	10	1	10.0	1.1	1.5	1.1	2.0	0
JRS0449	람피온	10	3	30.0	0.5	0.8	0.2	1.0	0
JRS0450	가텐자바84	5	3	60.0	1.5	1.9	2.2	17.0	0
JRS0451	샤샤	7	1	14.3	1.3	2.2	2.2	14.0	33.3
JRS0452	모닝스타	15	5	33.3	1.0	1.1	0.5	1.8	0
JRS0453	메데오	10	8	80.0	1.4	1.8	1.9	6.4	0
JRS0454	마가렛마리	6	2	33.3	0.7	1.1	0.1	3.0	0
JRS0455	람바다	11	5	45.5	1.3	1.8	2.0	12.0	0
JRS0456	맨하탄블루	10	1	10.0	2.0	1.7	0.8	2.0	0
JRS0457	메데오	7	2	28.6	1.0	1.6	1.1	6.0	0
JRS0458	플로렌스	10	2	20.0	1.1	1.7	1.0	8.5	0
JRS0459	워싱턴	4	1	25.0	0.9	1.6	0.4	1.0	0
JRS0460	센타이너	10	1	10.0	1.5	1.5	2.2	14.0	10.4
JRS0461	차밍	10	4	40.0	1.2	1.3	1.0	5.8	15.4
JRS0462	프린세스	10	1	10.0	0.6	1.0	0.2	1.0	0
JRS0463	밀리온핑크	10	10	100.0	1.1	1.7	0.9	8.0	47.1
JRS0464-216	로얄 등 153조합	1,350	90	-	-	-	-	-	-
계	216조합	2017	209	10.4					5.6

2004년에 자가수분하여 득묘한 S₁ 계통은 27조합 124개체로, 계통의 특성이 잘 발현되도록 포트에서 직경 17cm(8L) 분에 정식하여 생육 및 특성을 조사하였고 그 특성은 표 3-3과 같다. S₁ 계통의 화색발현은 다양한 화색으로 분리되었고, 향기, 가지특성 역시 많은 분리가 일어났다.

표3-3. 2004년 자가수분 S₁ 계통의 후대특성

No.	자가수분 품종명(계통명)			S ₁ 계통의 특성		
	품종(계통)	화형(화색)	개체수	분류 화색	가시 ¹⁾	향기 ²⁾
1	카디날	ST(적)	4	연황, 분홍, 주홍	5	1-3
2	마이하트	ST(적)	1	적	3	1
3	스카이라인	ST(황)	1	황	5	1
4	파이어인아이스	ST(적,백)	1	적	1	1
5	블루버드	ST(보라)	2	연보라	1-3	1
6	엘리자	ST(분홍)	1	분홍	3	1
7	트로피칼	ST(주홍)	2	적	3-5	1-3
8	헬로	ST(적,황)	1	적,황	5	5
9	답시크리트	ST(적)	1	적	5	1
10	입생로랑	ST(분홍)	7	분홍, 백, 연분홍, 주홍	1-5	1-3
11	피리모	ST(적)	1	적	3	1
12	리비아	SP(분홍)	1	분홍	5	1
13	루블	ST(적,백)	2	황,주홍	3	3
14	블루마조	ST(보라)	3	백, 적황, 보라	1-5	1-3
15	차알스톤	ST(적,백)	8	분홍, 적황, 황주홍, 분홍황	1-5	1-3
16	미량	ST(적)	4	분홍	1	1-5
17	마갈리	ST(분홍)	17	분홍, 백	1-5	1-5
18	실버87	ST(분홍)	1	분홍	5	3
19	샤샤	ST(적)	2	주홍	3	1
20	메테오	ST(분홍)	1	분홍	1	1
21	람바다	ST(주황)	1	주홍	3	3
22	플로렌스	ST(미색)	1	분홍	1	1
23	차밍	SP(백,분홍)	3	백, 백분홍	1-5	1-3
24	밀리언핑크	SP(분홍)	25	분홍, 황, 황분홍, 연보라, 백, 연녹	0-5	1-5
25	골든마텔론	SP(백,분홍)	7	백, 백분홍, 분홍, 황	1-5	1-3
26	센티나	SP(분홍)	22	분홍, 백, 황백, 황, 주홍, 백분홍	0-5	1-5
27	화이트캔디	SP(백)	4	백, 연황	1-5	1-5
	계		124			

1) 가시분류 : 무(0), 소(1), 중(3), 다 (5),

2) 향기분류 : 무(0), 약(1), 중(3), 강(5)

고정계통 육성을 위한 주요화색은 적색 등 7종으로 구분하여 총 14품종, 37개체를 표 3-4와 같이 선발하고 2006년 5월 S₂ 계통 전개를 위해 자가수분하였다. 고정계통을 육성하는데 조합당 많은 개체 수 확보가 필요하나 자가수분하여 얻은 개체가 적어 우선 개체수가 일정량 확보된 조합을 위주로 화색별로 선발, 고정계통을 양성하였다.

표 3-4. 2004년 자가수분 S₁ 계통 선발

No.	화 색	S ₁ 계통의 화색별 선발 내역	선 발 개 체 수
1	적	마이하트, 피리모 탐시크리트	3
2	분홍	밀리언핑크, 센티나, 마갈리, 입생로랑	18
3	주황(홍)	트로피칼, 람바다	2
4	백	화이트캔디	4
5	황	스카이라인	1
6	보라	블루버드	2
7	이중	골든마델론, 루블	7
계			37

2006년 S₂ 계통 전개를 위해 37조합 185화를 자가수분하여 35과가 결실되었고 결실율은 18.9%였으며 종자수는 338개로 45개체가 발아되어 발아율은 13.3%를 나타내었다. 자가수분 계통의 자식약세 현상으로 수세가 약화되었으며 자가수분을 및 종자발아율이 예상치 만큼 높지않아 세대를 진전시키는데 어려움이 있었다. 아래 계통을 화색별로 선발하여 S₃ 계통양성을 위해 자가분할 예정으로 2005년 자가수분 계통전개와 연계하여 처리할 예정이다(그림 3-4, 3-5).



그림 3-4 . 종자 파종후 발아전경



그림 3-5 . S₁, S₂ 계통 전개

표 3-5. 2004년 자가수분 선발계통에 의한 S₂ 계통양성 결과

자가수분 조합번호	자가수분 품 종	화색선 발기준	자가수 분화수	결실 과수	결실율 (%)	과크기		과 중 중자수	발 아 개체수	발아율 (%)
						중경 (cm)	횡경 (cm)			
JRS ₂ 0501-01	마이하트	적	5	1	20.0	1.2	1.5	7	1	14.3
JRS ₂ 0502-01	피리모	적	5	1	20.0	2.1	1.9	16	2	12.5
JRS ₂ 0503-01	답시크리트	적	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0504-01	밀리언핑크	분홍	5	1	20.0	1.1	1.6	9	2	22.2
JRS ₂ 0504-02	밀리언핑크	분홍	5	1	20.0	1.0	1.5	9	1	11.1
JRS ₂ 0504-03	밀리언핑크	분홍	5	1	20.0	1.1	1.5	10	2	20.0
JRS ₂ 0504-04	밀리언핑크	분홍	5	2	40.0	1.1	1.5	20	3	15.0
JRS ₂ 0504-05	밀리언핑크	분홍	5	1	20.0	1.1	1.4	8	0	0
JRS ₂ 0505-01	센티나	분홍	5	1	20.0	1.3	1.5	11	1	9.1
JRS ₂ 0505-02	센티나	분홍	5	2	40.0	1.2	1.4	20	4	20.0
JRS ₂ 0505-03	센티나	분홍	5	2	40.0	1.3	1.5	20	3	15.0
JRS ₂ 0505-04	센티나	분홍	5	1	20.0	1.3	1.5	10	0	0
JRS ₂ 0505-05	센티나	분홍	5	2	40.0	1.2	1.4	20	2	10.0
JRS ₂ 0506-01	마갈리	분홍	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0505-02	마갈리	분홍	5	2	40.0	1.2	1.2	18	3	16.6
JRS ₂ 0505-03	마갈리	분홍	5	1	20.0	1.3	1.3	10	2	20.0
JRS ₂ 0505-04	마갈리	분홍	5	1	20.0	1.3	1.2	9	1	11.1
JRS ₂ 0505-05	마갈리	분홍	5	2	40.0	1.2	1.2	22	2	18.2
JRS ₂ 0506-01	입생로랑	분홍	5	1	20.0	1.8	2.3	20	3	15.0
JRS ₂ 0506-02	입생로랑	분홍	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0506-03	입생로랑	분홍	5	1	20.0	1.7	2.3	19	2	10.5
JRS ₂ 0507-01	트로피칼	주황	5	1	20.0	1.4	2.2	10	1	10.0
JRS ₂ 0508-01	람바다	주황	5	1	20.0	1.4	1.9	11	1	9.1
JRS ₂ 0509-01	화이트캔디	백	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0509-02	화이트캔디	백	5	1	20.0	1.3	1.2	6	1	16.7
JRS ₂ 0509-03	화이트캔디	백	5	2	40.0	1.1	1.4	5	1	20.0
JRS ₂ 0509-04	화이트캔디	백	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0510-01	스카이라인	황	5	1	20.0	0.9	1.5	5	1	20.0
JRS ₂ 0512-01	블루버드	보라	5	1	20.0	1.2	1.9	6	1	16.7
JRS ₂ 0512-02	블루버드	보라	5	1	20.0	1.1	1.9	7	1	14.3
JRS ₂ 0513-01	골든마텔론	양적	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0513-02	골든마텔론	양적	5	1	20.0	1.1	1.7	5	1	20.0
JRS ₂ 0513-03	골든마텔론	양적	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0513-04	골든마텔론	양적	5	1	20.0	1.2	1.8	5	1	20.0
JRS ₂ 0513-05	골든마텔론	양적	5	0	0	0	0	0	0	0
JRS ₂ 0514-01	루블	양적	5	1	20.0	2.0	2.5	20	2	10.0
JRS ₂ 0514-02	루블	양적	5	0	0	0	0	0	0	0
37계통			185	35	18.9			338	45	13.3

2005년도 예도 육종계통 양성을 위해 244조합, 2,247화를 자가수분한 결과 115조합, 542과 5,800립의 종자를 얻었으며 결실율은 24.1%였으며 4,244개의 종자를 파종하여 776개체가 발아하여 16.4%의 발아율을 보였다(표 3-6).

표 3-6. 2005년 자가수분 조합의 결실 및 종자특성

자가수분 조합번호	자가수분 품종	교 화 수 (개)	배 과 수 (과)	결 실 율 (%)	과크기		과 중 (g)	과 중 자 수 (개)	발 아 개 체 수 (개)	발 아 율 (%)
					종 경 (mm)	횡 경 (mm)				
JRS0501	로얄	15	1	6.7	7.7	8.2	0.2	1	0	0
JRS0502	뉴패션	7	1	14.3	19.6	15.2	3.7	1	0	0
JRS0506	오픈렌스	8	3	37.5	13.6	13.6	1.8	10	0	0
JRS0507	레드벨벳	20	2	10.0	10.9	10.4	0.3	2	0	0
JRS0509	엔젤	7	3	42.9	10.9	17.0	1.0	4	0	0
JRS0510	카디날	6	3	50.0	12.1	17.8	1.4	14	1	7.1
JRS0512	올리브	3	1	33.3	18.6	20.1	3.3	12	0	0
JRS0521	퀸엘리자베스	7	7	100.0	16.7	18.5	2.7	61	10	16.4
JRS0525	마이하트	13	7	53.8	10.9	8.0	0.4	20	0	0
JRS0527	백은	6	2	33.3	14.1	20.9	2.3	7	0	0
JRS0534	파레오90	12	1	8.3	20.5	17.5	4.0	1	0	0
JRS0556	러브	5	3	60.0	17.7	16.3	3.2	33	0	0
JRS0557	섬머레이디	1	1	100.0	12.7	11.6	0.4	1	0	0
JRS0558	스카이라인	8	3	37.5	14.5	15.0	0.9	18	2	11.1
JRS0559	소니아	5	4	80.0	9.2	13.3	0.3	11	2	18.2
JRS0560	탄초	6	6	100.0	16.4	17.4	1.8	41	1	2.4
JRS0561	텍사스	12	4	33.3	11.5	10.4	0.4	6	1	16.7
JRS0564	폴문	12	12	100.0	18.5	18.0	2.7	96	29	30.2
JRS0570	버-디	12	4	33.3	12.6	16.6	1.2	6	0	0
JRS0584	마담사치	13	11	84.6	13.6	21.7	2.8	91	1	1.1
JRS0585	퓨어포인트리	1	1	100.0	15.6	22.0	3.3	3	0	0
JRS0586	하모니	9	5	55.6	15.0	23.1	3.6	36	2	5.6
JRS0587	쥬베나	12	2	16.7	11.5	17.0	1.8	2	0	0
JRS0599	브라이달바우티	12	1	8.3	11.5	14.5	1.3	1	1	100.0
JRS05108	선글로리	5	4	80.0	10.3	13.3	1.0	18	0	0
JRS05111	무비스타	10	5	50.0	11.7	18.1	1.5	12	1	8.3
JRS05114	코이고코로	12	4	33.3	12.4	17.4	1.8	16	0	0
JRS05117	벨아미	12	1	8.3	9.0	14.6	0.5	1	0	0
JRS05120	핑크산드라	12	1	8.3	10.6	17.3	1.3	0	0	0
JRS05123	크리스토퍼콜럼보	4	4	100.0	8.9	14.4	0.5	10	0	0
JRS05126	마운스샤스타	3	3	100.0	13.7	20.4	2.3	11	1	9.1
JRS05132	수퍼카디날	11	5	45.5	9.5	11.4	0.3	7	0	0
JRS05135	사하라	14	4	28.6	11.2	18.2	1.1	6	0	0
JRS05136	건배	8	2	25.0	17.9	21.9	3.5	52	0	0
JRS05138	스위트니스	12	8	66.7	11.9	13.5	0.5	16	2	12.5
JRS05144	블루버드	10	8	80.0	9.3	13.7	0.5	14	1	7.1
JRS05149	올란트	12	4	33.3	13.2	15.6	1.3	19	4	21.1
JRS05152	마스카라	21	4	19.0	18.6	21.8	4.3	126	24	19.0
JRS05155	아모로사	12	8	66.7	13.6	19.3	1.6	30	0	0

표 3-6. 계속

자가수분 조합번호	자가수분 품종	교배 화수 (개)	결실 과수 (과)	결실율 (%)	과크기		과중 (g)	과중 자수 (개)	발아 개체수 (개)	발아율 (%)
					중경 (mm)	횡경 (mm)				
JRS05157	스타링95	8	7	87.5	16.2	20.3	3.1	79	2	2.5
JRS05164	엘리자	12	11	91.7	14.8	17.0	0.9	135	42	31.1
JRS05168	퍼스트레드	10	2	20.0	16.4	16.2	2.9	14	5	35.7
JRS05169	테이네	16	3	18.8	13.6	17.4	1.8	18	5	27.8
JRS05170	잠브라93	12	6	50.0	12.3	17.1	1.1	36	1	2.8
JRS05171	로즈유미	15	3	20.0	10.9	11.2	0.3	5	1	20.0
JRS05172	비탈	12	1	8.3	10.2	12.3	0.7	1	0	0
JRS05173	산트리아	13	4	30.8	9.5	12.0	0.2	10	0	0
JRS05175	모다포스체크	2	1	50.0	20.5	17.3	3.8	1	0	0
JRS05179	트로피칼	11	9	81.8	14.5	22.3	2.4	137	23	16.8
JRS05180	모나리자	12	12	100.0	18.5	18.3	3.4	80	12	15.0
JRS05182	필링	8	1	12.5	12.6	14.8	1.3	55	12	21.8
JRS05184	푸루이트	11	5	45.5	12.8	15.4	1.4	44	17	38.6
JRS05190	란도라	6	5	83.3	15.4	24.3	3.2	66	2	3.0
JRS05198	프레지던트생고르	4	4	100.0	16.9	30.1	4.0	80	15	18.8
JRS05199	라비그웨켄넬	9	3	33.3	11.6	15.0	0.9	5	1	20.0
JRS05200	헬로	16	13	81.3	13.0	18.1	1.8	123	23	18.7
JRS05202	산타페	6	2	33.3	14.8	13.7	0.8	21	0	0
JRS05203	탑시크리트	12	2	16.7	11.7	18.8	1.0	21	2	9.5
JRS05207	프린세스마가렛	14	11	78.6	10.6	16.0	1.5	141	25	17.7
JRS05208	탱고	12	10	83.3	12.5	15.8	1.2	74	1	1.4
JRS05210	썸머드림	8	2	25.0	9.0	16.6	0.4	2	2	100.0
JRS05215	타임레스	12	5	41.7	16.6	19.1	1.7	35	2	5.7
JRS05216	리모나	7	7	100.0	14.0	18.0	1.2	34	0	0
JRS05217	메스메틱	9	1	11.1	13.4	19.0	1.6	3	0	0
JRS05225	테레사	12	1	8.3	19.0	22.0	5.1	3	0	0
JRS05226	임생로랑	11	8	72.7	15.8	20.9	3.1	101	12	11.9
JRS05229	레드산드라	12	7	58.3	9.8	12.4	0.4	14	2	14.3
JRS05230	피이스	11	1	9.1	15.6	11.1	0.5	1	0	0
JRS05232	니콜1	7	5	71.4	13.1	13.5	0.8	27	1	3.7
JRS05233	니콜2	13	10	76.9	18.7	20.4	2.9	149	17	11.4
JRS05235	아마테우스	12	7	58.3	10.9	12.5	0.4	4	0	0
JRS05236	콘라드헨겔	12	2	16.7	14.6	10.6	0.4	4	0	0
JRS05237	피리모	12	8	66.7	14.2	17.4	1.2	28	4	14.3
JRS05239	프린세스모나코	11	5	45.5	11.8	8.9	0.4	22	3	13.6
JRS05240	콘라쉬	5	5	100.0	9.0	15.3	0.5	12	1	8.3
JRS05251	로라	13	4	30.8	12.1	10.3	0.6	10	0	0
JRS05253	마리드보아	12	3	25.0	11.2	12.2	0.9	15	0	0
JRS05256	롤레드	12	1	8.3	19.3	18.7	4.2	3	0	0
JRS05262	리비아	12	6	50.0	17.1	19.1	3.0	47	17	36.2
JRS05268	오시야나	12	6	50.0	12.5	13.2	1.1	37	1	2.7
JRS05269	카사노바	4	2	50.0	14.6	19.8	2.3	4	0	0
JRS05270	마카레나	12	11	91.7	13.5	12.2	1.5	83	42	50.6

표 3-6. 계속

자가수분 조합번호	자가수분 품 종	교 배 화 수 (개)	결 실 과 수 (과)	결실율 (%)	과크기		과 중 (g)	과중 중자 수 (개)	발 아 개 체 수 (개)	발아율 (%)
					종경 (mm)	횡경 (mm)				
JRS05271	달라스	12	4	33.3	8.6	10.1	0.3	5	0	0
JRS05278	마가리	12	12	100.0	16.8	19.0	3.5	224	87	38.8
JRS05280	오클라호마	7	1	14.3	14.0	19.3	0.9	3	0	0
JRS05286	카를라네드모나코	9	7	77.8	14.3	17.3	2.2	20	4	20.0
JRS05287	주왕	12	1	8.3	10.4	8.7	0.2	1	0	0
JRS05300	가든파티	12	1	8.3	15.3	7.0	0.5	1	0	0
JRS05304	록시	2	1	50.0	16.8	19.8	3.0	1	0	0
JRS05308	루불	12	12	100.0	15.7	19.4	2.8	122	27	22.1
JRS05309	블루바조	11	10	90.9	14.3	18.1	2.1	155	14	9.0
JRS05333	팩크로폰듀	5	1	20.0	21.0	23.6	9.0	3	3	100.0
JRS05341	미랑	9	2	22.2	23.0	22.5	8.7	126	20	15.9
JRS05343	골든마델론	12	11	91.7	11.7	11.1	1.1	60	14	23.3
JRS05356	셴티나	8	3	37.5	9.6	13.8	1.1	1	0	0
JRS05366	화이트캔디	12	9	75.0	8.4	12.8	0.6	49	11	22.4
JRS05380	마갈리	7	7	100.0	19.3	20.8	4.6	226	78	34.5
JRS05385	골드마리84	8	7	87.5	19.4	18.0	4.0	118	4	3.4
JRS05386	실버87	12	12	100.0	17.4	20.1	3.6	148	60	40.5
JRS05389	데스티니	7	6	85.7	11.3	16.8	1.1	69	39	56.5
JRS05392	니콜로파갈리니	7	1	14.3	13.6	12.8	1.2	1	0	0
JRS05394	지콜레드	5	5	100.0	12.5	11.3	1.0	49	0	0
JRS05395	잭프러스트	12	6	50.0	11.2	21.2	1.5	34	0	0
JRS05400	AL골드버니	5	3	60.0	15.3	17.2	2.3	16	0	0
JRS05401	람피온	15	5	33.3	8.0	9.3	0.4	6	0	0
JRS05407	코로스	12	10	83.3	15.4	19.4	2.5	88	27	30.7
JRS05410	친친	9	2	22.2	10.2	13.4	1.0	7	1	14.3
JRS05413	라이지아	5	5	100.0	11.8	12.7	1.0	24	1	4.2
JRS05415	스위트허니	12	2	16.7	10.4	12.6	0.9	9	2	22.2
JRS05496	리라키스	4	1	25.0	8.3	10.6	0.2	1	1	100.0
JRS05513	엘로우리버	10	1	10.0	12.0	12.4	0.8	1	0	0
JRS05522	미미쥬리	17	3	17.6	12.1	11.8	1.0	8	0	0
JRS05543	셴타이너	17	8	47.1	8.1	10.9	0.6	32	1	3.1
JRS05546	에벌린	4	1	25.0	12.0	12.4	0.8	3	0	0
JRS05567	밀리온핑크	10	7	70.0	8.7	10.4	0.5	13	6	46.2
	미결실 : 129	1,112	0	0.0	0	0	0	0	0	0
	결 실 : 115	1,135	542	-	13.5	16.0	1.8			
	계 :	2,247	542	24.1	-	-	-	4,244	776	16.4

조합별 결실율은 115개 결실조합 중 결실율이 51% 이상인 조합이 49조합, 21~50% 가 38조합, 10% 이하 조합이 13%를 나타내었다(표 3-7).

표 3-7. 2005년 자가수분 결실조합의 분류

조합수 (개)	결실조합 (개)	결실율 (%)	결실 정도별 조합수(개)					미결실
			10%이하	11~20	21~30	31~50	51이상	
244	115	24.1	13	15	10	28	49	129

2005년에 자가수분한 계통 중 특묘한 다수집단 중 2004년도 자가수분 선발계통을 참조하여 화색을 주요인으로 7화색으로 분류하고 15품종, 28개체를 선발하였다. 선발품종에 대해 2007년 5-6월에 S₂ 계통양성을 위해 자가수분하고 계속적으로 고정집단을 전개할 계획이다(표 3-8).

표 3-8. 2005년 자가수분 조합의 S₁ 계통 선발내역

No.	화 색	S ₁ 계통의 화색별 선발 내역	선 발 개 체 수
1	적	마이하트, 탑시크리트, 프레지던트생고르	6
2	분홍	밀리언핑크, 마갈리, 입생로랑, 마스크리	8
3	주황(홍)	트로피칼, 푸루이트	2
4	백	화이트캔디	2
5	황	스카이라인, 폴문	4
6	보라	블루바쥬	2
7	이중	루블, 니콜	4
계			28

2) 미숙배 및 종자배양

장미 교배시 계통 간 교배친화성이 낮아 유전적, 생리적 퇴화가 빈번하며 일부 형성된 종자는 발아율이 낮고 발아 기간이 오래 소요되는 특성이 있어 이러한 저해 요인을 회피하고 육종의 효율을 높일 수 있는 방법들이 요구된다. 종자를 얻지 못하는 조합을 미숙배 배양을 통해 필요한 계통을 전개해 보고자 배양을 시도하였다. 계통 간 다소 차이는 있었지만 배배양을 위한 절편체의 형태적 특징은 수분 후 4주 경과부터 종자의 외피가 급속도로 발달하고 경화되어 시간이 경과할수록 외피를 제거하기가 어려웠다. 외피가 경화된 절편체는 배의 적출이 어려워 배배양의 절편체로 사용하기에는 부적절 하였다. 27개 조합으로부터 적절한 배를 치상한 결과 대부분의 19개 조합으로부터 callus발달을 확인 할 수 있었으며 8개 조합은 치상 후 고사되는 것을 확인 하였다. 배로부터 callus가 발달한 19개 조합역시 계통 간 배양 효율의 차이가 있음을 확인 할 수 있었다(표 3-9, 그림 3-6).

표 3-9. 장미 미숙배 배양

라인	미숙배 개체수	캘러스 발생 개체수	라인	미숙배 개체수	캘러스 발생 개체수
7	2	2	268	11	1
43	3	2	279	3	0
117	1	0	280	3	2
144	1	1	299	3	2
165	3	0	300	18	14
167	4	0	339	4	3
171	3	3	366	11	0
172	3	3	383	5	0
225	2	2	386	11	7
226	8	8	451	4	4
233	10	1	543	31	0
235	7	4	552	9	4
259	1	1	558	3	0
계			26	164	65

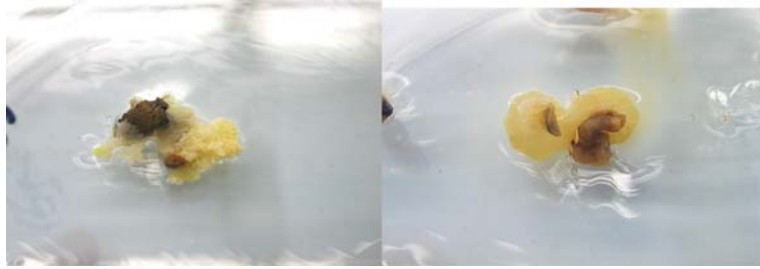


그림 3-6. 장미 배배양 광경

적출된 배는 배지에 치상 후 높은 빈도의 캘러스 발달을 확인할 수 있었다. 외피발달이 진행된 배는 종피로부터 callus는 발달하였지만 배로부터 발생한 callus로 여겨지지 않았다. 미수분종자의 자방을 배양한 결과 자방내 모세포가 비대하는 것을 확인 할 수 있었으며 이들 모세포로부터 상당량의 배발생 캘러스의 발생을 확인 할 수 있었다. 하지만 발생된 배발생 캘러스들은 쉽게 비배발생 캘러스로 전환되어 식물체를 얻기는 곤란하였다(그림 3-7).

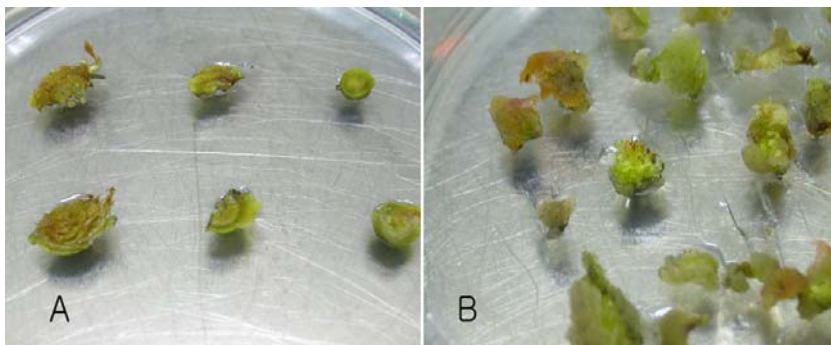


그림 3-7. 자방배양

먼저 수확한 성숙종자의 효율적인 황산용액에 처리시간을 확인하기 위하여 황산용액의 처리시간을 1시간, 2시간, 4시간, 6시간, 8시간으로 나누어 처리한 결과 1~4시간처리에서는 종피제거가 되지 않았으며, 8시간은 종피안의 배까지도 황산에 타버렸고 6시간 처리에서는 종자의 크기에 따라 다소 차이는 있었지만 대체

적으로 종피의 제거가 가장 효율적임을 확인 할 수 있었다. 이에 수확한 성숙종자를 황산용액에 6시간 침지하여 외피를 제거하였다. 외피를 제거한 절편체를 배지에 치상한 결과 일부 개체에서 치상한 절편체의 자엽의 비대를 확인할 수 있었으며(그림 3-8) 또한 이들 중 10개 조합에서 종자배로부터 발생한 callus를 확인할 수 있었다(그림 3-10. A-C). 이들 캘러스는 일부 체세포 배발생 캘러스로 증식되어졌으나 배발생 능력의 유지에 어려움이 확인되었으며 장미의 배발생 캘러스로부터 식물체를 재분화하는 방법이 보완되면 유도된 캘러스로부터 식물체 재분화도 가능하리라 여겨진다(그림 3-9).



그림 3-8. 자엽의 비대

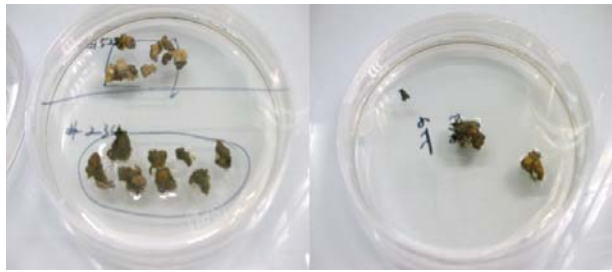


그림 3-10. 배발생 캘러스의 증식 및 고사

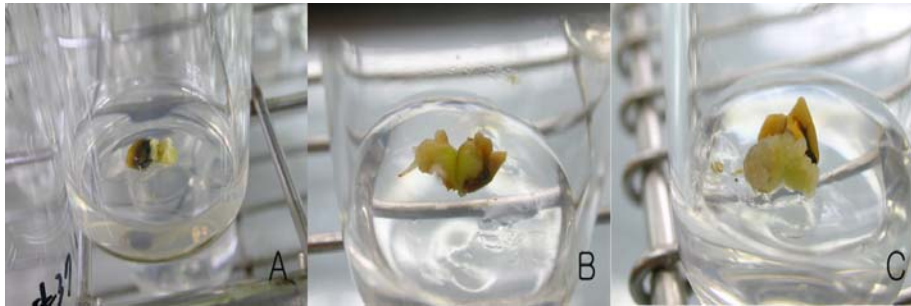


그림 3-9. 성숙종자 배양(A-C : 종자 배로부터 유도된 callus)

MS 기본배지에 sucrose 3%, BA 0.5mg/L, NAA 0.1mg/L, Phyta-Gel 3g/L가 첨가된 시험관에 치상한 후 생육상태를 관찰하며 4주 간격으로 계대배양하며 식물체 재분화를 유도하였다. 목질외피를 제거한 절편체를 배지에 치상한 결과 일부 개체에서 절편체의 자엽 비대를 확인하였고 이들 중 10개체에서 종자배로부

터 켈러스가 발생하였다. 발생한 켈러스는 기본배지가 첨가된 petri dish에 치상하여 23℃, 조명하에서 배양하였다. 켈러스는 초기 배양 기간 동안 배발생 능력을 갖는 켈러스로 여겨졌으나 시간이 경과 후 1~2달 배양 후 비배발생 켈러스로 바뀌어 식물체 형성능력을 상실하였으며 룰라레 품종의 자가 결실 종자의 종자배에서 유도된 켈러스의 경우 그림 3-11과 같이 배발생 켈러스가 발생되어 약 4달 동안 배발생 능력을 갖는 켈러스로 유지 후 비배발생 켈러스화 되었다. 따라서 성숙종자의 장미 배를 이용할 경우 초기배양과정에서 유도되는 배발생 켈러스를 식물체로 재분화하거나 황산침지 후 직접 식물체를 유도하는 방법이 보완되어야 할 것으로 여겨진다.

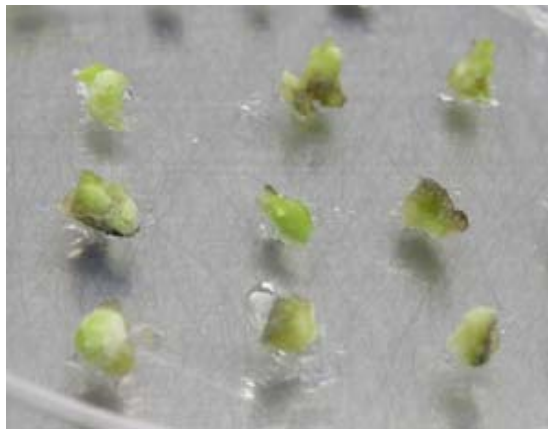


그림 3-11. 룰라레 품종 1대 자식 종자의 미숙배배양

3) 유전분석

자가수분 S₁ 계통의 20조합, 110개체를 대상으로 화색별 표현양상을 분석해 본 결과 표 3-10과 같이 적색조합에서는 분홍이 38.5% 주황(주홍)색 30.8%, 적색 23.0%를 나타내어 적색 유사 화색이 92.8%를 나타내었다. 분홍색 조합은 분홍색발현이 73.4%, 주황(홍)이 5.3%로 우위를 점유하고 백색 13.4% 등 다양한 화색으로 표현되었으나 적색은 발현되지 않았다. 이중색 조합은 이중색이 40.9%로 우위를 나타내었고 분홍색이 27.3%, 백, 황, 보라색 등으로 다양한 화색으로 표현되었다(표 3-10).

표 3-10. 장미 자가수분 집단의 화색 분리비

자가수분 조합			S ₁ 계통의 화색 표현형 비율(%)							
화 색	조합수	조사개체 (수)	적	분홍	주황 (주홍)	백	황	보라	이중	기타
적	6	13	23.0	38.5	30.8	0	7.7	0	0	0
분홍	8	75	0	73.4	5.3	13.4	4.0	1.3	1.3	1.3
이중색	6	22	4.6	27.3	0	13.6	13.6	0	40.9	0
계	20	110	9.2	46.4	12.1	9.0	8.4	0.4	14.1	0.4

향기 표현양상은 모본의 향기정도에 따라 S₁ 계통의 향기 표현비율이 높게 표현되었다. 마갈리 품종의 향기는 중간정도인데 중간의 표현비율이 53.0%를 차지하였고 밀리언핑크의 향기는 약한 편으로 후대 표현양상은 약함이 80%를 나타내었다. 입생로랑 품종은 약한 향기를 가지고 있어 S₁ 계통의 약한 향기 비율이 85.7%로 나타났으며 향기가 중간인 마갈리 품종은 중간향기가 53%로 많은 비율을 차지하였다. 전체적으로 방향성 계통보다는 향기가 없는 계통이 많았다. 향기는 유전자 상호간에 많은 메카니즘이 관련된다고 알려져 있어 계속적으로 고정계통을 육성하면서 자료를 축적 분석할 필요가 있다(표 3-11).

표 3-11. 장미 자가수분 집단의 향기 분리비

No.	자가 수분조합 (품종명)	조사개체 (개)	모 본 향기정도	S ₁ 계통의 향기 표현형 비율(%)			
				약함	중간	강함	무
1	마갈리	17	중간	29.4	53.0	17.6	0
2	밀리언핑크	25	약	80.0	20.0	0	0
3	센티나	22	약	68.1	13.7	18.2	0
	계	64		59.2	28.9	11.9	0

가시정도에 따른 표현양상은 모본의 가시정도가 중간일 때 많음이 36~39%였고 중간이 27~29%를 나타내었고 적음이 12~23%를 나타내었다. 모본의 가시가 적었을 때 가시가 적음이 표현되는 비율은 80%, 중간이 20%를 나타내었다. 전체적으로는 많음>적음>중간>무 비율로 표현되었다(표 3-12).

표 3-12. 장미 자가수분 집단의 가시 분리비

No.	자가 수분조합 (품종명)	조사개체 (개)	모 본 가시정도	S ₁ 계통의 가시 표현형 비율(%)			
				적음	중간	많음	무
1	마갈리	17	중간	11.8	29.4	58.8	0
2	밀리언핑크	25	적음	64.0	20.0	8.0	8.0
3	센티나	22	중간	22.7	27.4	36.3	13.6
	계	64		32.8	25.6	34.4	7.2

꽃잎수 정도에 따른 표현양상은 모본의 꽃잎수가 중간일 때 중간이 18~22%, 적음이 35~44%, 많음이 12~26%를 나타내었고 매우적음이 29~0%였다. 모본의 꽃잎수가 매우 많은 경우 S₁ 계통이 매우많은 비율은 36%, 중간 23%, 적음 18% 순으로 표현되었고 전체적으로 매우 적거나 적은 꽃잎수의 비율이 45%로 많거나 매우 많음에 비해 높은 비율로 표현되었다(표 3-13).

표 3-13. 장미 자가수분 집단의 꽃잎수 분리비

No.	자가 수분조합 (품종명)	조사개체 (개)	모본 꽃잎수	S ₁ 계통의 꽃잎수 표현형 비율(%)				
				매우 적음	적음	중간	많음	매우 많음
1	마갈리	17	중간	29.4	35.2	17.7	11.8	5.9
2	밀리언핑크	25	중간	0	44.4	22.2	25.9	7.5
3	센티나	22	매우많음	9.1	18.2	22.7	13.6	36.4
	계	64		12.8	32.6	20.9	17.1	16.6

* 매우적다 : 10매이하, 적다 : 11~20매, 중간 : 21매~30매, 많다 : 31~40매, 매우많다 : 41매이상

4) 화분 발아율

장미 교배는 정상 개화기인 5월~6월에 하는 것이 결실율을 높일 수 있으며 장마기 및 고온기에는 결실율이 떨어지는 경향이 있다. 장미 결실에 관여하는 환경적인 요인과 모본의 교잡불친화에 따른 문제가 있을 수 있다. 수분 후 수정이 되지 않는 경우, 수정 후 종자를 얻을 수 없는 경우이다. 조사품종 218종의 화분발아력을 검정하기 위해 5~7월에 약을 샐레에 채취하여 조사 전 전처리 한 후 현미경으로 관찰하면서 현미경에 부착된 디지털카메라로 촬영하였다 화분을 개약한 후 샐레를 흔들었을때 육안으로 관찰되는 화분량은 니콜, 실버87, 콘페티 등이 많았으나 콜벳의 경우 적은 화분량을 관찰할 수 있었다. 화분 중 비정상화분으로 판단되는 화분이 상당히 많아 정상화분율은 56.1%를 나타내었고 품종 간 화분발아율은 51% 이상의 화분발아율을 나타내는 품종은 스위트허니 등 71종이었고 화분발아가 전혀 되지 않는 품종은 퍼플타이거 등 46종이었다(그림 3-12).

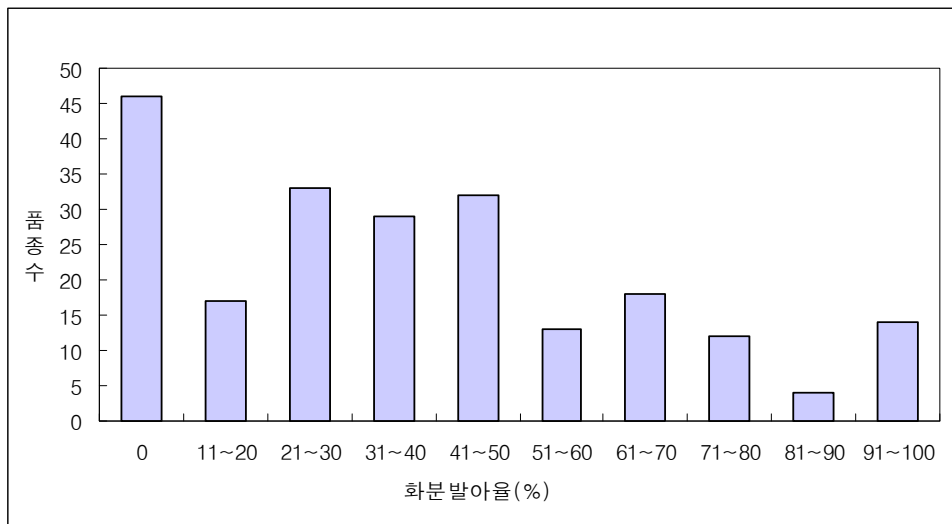


그림 3-12. 화분 발아율 분류에 따른 품종 수

검정 화분 중 화분 발아율이 100%인 품종은 센티나, 마치, 스파이시, 페피타 4종이었고 표 3-14와 같이 화분발아율이 25% 이상인 상위 20품종의 조사결과와는 다음과 같다. 우수모본으로 선발한 품종의 화분 발아율은 표 3-15와 같고 그 중 70% 이상 발아율을 보인 품종은 프로이트, 모나리자, 스위트허니 품종이었다(그림 3-13).

표 3-14. 화분 발아율이 우수한 상위 품종

NO.	품종명	화분량	관찰 화분수	정상 화분수	비정상 화분수	정상 화분율 (%)	발아 화분수	화분 발아율(%)
1	센티나	+++	20	6	14	30.0	8	100.0
2	마 치	+	5	3	2	60.0	4	100.0
3	스파이시	++++	10	7	3	70.0	8	100.0
4	페피타	+++	10	5	5	50.0	5	100.0
5	친 친	++++	15	11	4	73.3	9	81.8
6	잉 카	+++	5	4	1	80.0	3	75.0
7	스위트허니	++++	20	7	13	35.0	5	71.4
8	티아모	+++	10	6	4	60.0	4	66.7
9	체 운	+++++	10	6	4	60.0	4	66.7
10	화이트캔디	++	5	3	2	60.0	2	66.7
11	샤 샤	+++	15	6	9	40.0	4	66.7
12	골든마델론	+	20	14	6	70.0	9	64.3
13	니 쿨	+++++	15	8	7	53.3	4	50.0
14	실버87	+++++	20	10	10	50.0	5	50.0
15	카디날	++++	20	14	6	70.0	6	42.9
16	마리드보아	+++++	15	10	5	66.7	4	40.0
17	쿨 벳	+	15	8	7	53.3	3	37.5
18	큰페티	+++++	10	6	4	60.0	2	33.3
19	토플레스	++	10	4	6	40.0	1	25.0
20	마니쉬	+++	10	4	6	40.0	1	25.0

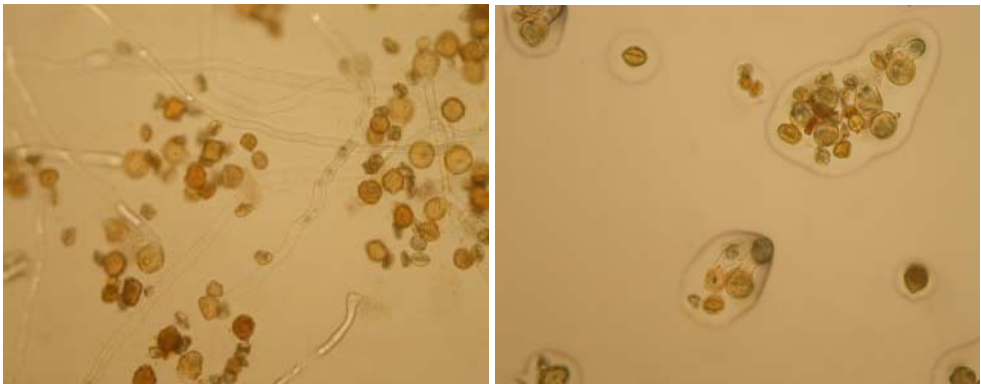


그림 3-13. 화분발아(좌 “마르드보아”, 우 “스위트허니”)

표 3-15. 우수모본 선발품종의 화분 발아율

NO.	품종명	화분량	관찰 화분수	정상 화분수	비정상 화분수	정 상 화분율(%)	발아 화분수	화분 발아율(%)
1	골든게이트	+++	30	24	6	80.0	15	31
2	카디날	++++	20	14	6	70.0	6	43
3	노블레스	+	5	2	8	0	1	50
4	콜벳		0	0	0	0	0	0
5	로즈유미	+	5	3	2	60.0	1	33
6	블루버드	+	5	2	3	40.0	1	50
7	콘페티	+++++	10	6	4	60.0	2	33
9	마돈나	+	5	2	3	40.0	0	0
10	롯데로제	+	5	4	1	80.0	2	50
11	벨아미	+++++	15	9	6	60.0	1	11.
12	로얄	++	10	2	8	20.0	1	50
13	실버87	+++++	20	10	10	50.0	5	50
15	차밍	+	10	5	5	50.0	1	20
16	블루마조	++	15	9	6	60.0	4	44
17	티네케	+	20	11	9	55.0	9	82
18	클레멘타인	+	10	6	4	60.0	2	33
19	다이아덤	++++	30	14	16	46.7	8	57
20	썬커스	+	5	4	1	80.0	1	25
21	에블루션	++++	10	2	8	20.0	0	0
24	밀리언핑크	+++++	20	16	4	80.0	7	44
25	레드산드라		0	0	0	0	0	0
26	사피어	++	15	2	13	13.3	0	0
27	쥬베나	+	0	0	0	0	0	0
28	피레오90		0	0	0	0	0	0
29	니콜	+++++	15	8	7	53.3	4	50
30	가든파티		5	1	4	20.0	0	0
31	엘로우미미	+++++	20	7	13	35.0	1	14
32	드프트볼케	+	0	0	0	0	0	0
35	프로이트	++	10	4	6	40.0	3	75
36	모나리자	+++++	10	4	6	40.0	3	75
37	레몬드림	+	10	9	1	90.0	4	44
38	리틀실버	++	30	18	12	60.0	12	67
39	머라이케이	+	5	1	4	20.0	0	0
40	드림	+	5	2	3	40.0	0	0
41	엘로우버드		0	0	0	0	0	0
42	스위트허니	++++	20	7	13	35.0	5	71
43	퍼플타이거	++	10	1	9	10.0	0	0
44	비탈	+	10	5	5	50.0	3	60
45	마르디보아	+++++	15	10	5	66.7	4	40
46	샤샤	+++	15	6	9	40.0	4	67
47	티아모	+++	10	6	4	60.0	4	67
49	토플레스	++	10	4	6	40	1	25
50	입생로랑	++	10	6	4	60.0	1	17
51	그린석세스	+	5	1	4	20.0	0	0
53	센타이너	++++	30	14	16	46.7	7	50
54	테레사	++++	10	5	5	50.0	0	0
56	알렉스레드	++	15	5	10	33.3	2	40

5) 결실과의 비대

수분 후 과 수확까지 과비대율 및 착과율을 검토하기 위해 자가수분 및 교배 2 조합을 조사한 결과 수분 후 45일까지 급격하게 비대하였으나 이후 완만한 비대를 나타냈다(그림 3-14). 착과율은 자가수분조합이 타가수분조합에 비해 다소 착과율이 낮았으며, 조합에 따라 많은 차이를 나타내었다(그림 3-15).

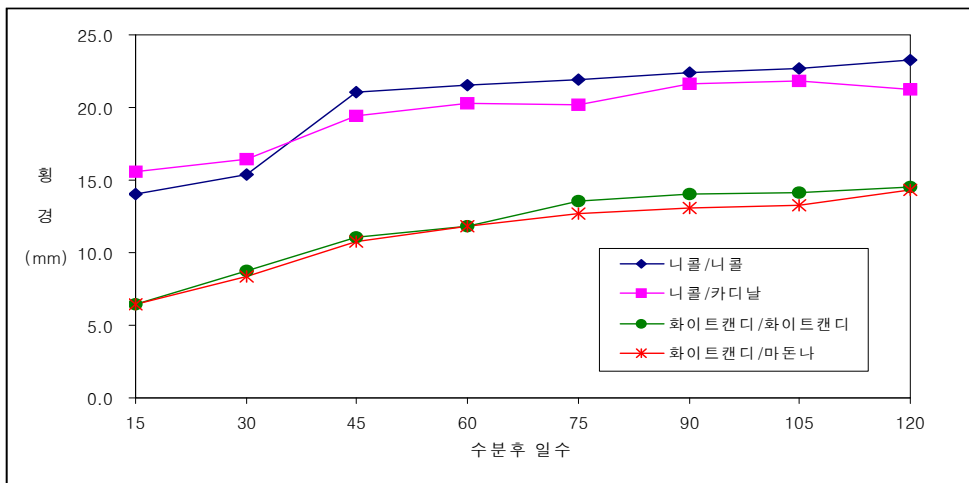


그림 3-14. 타가 및 자가수분 조합의 결실과 비대

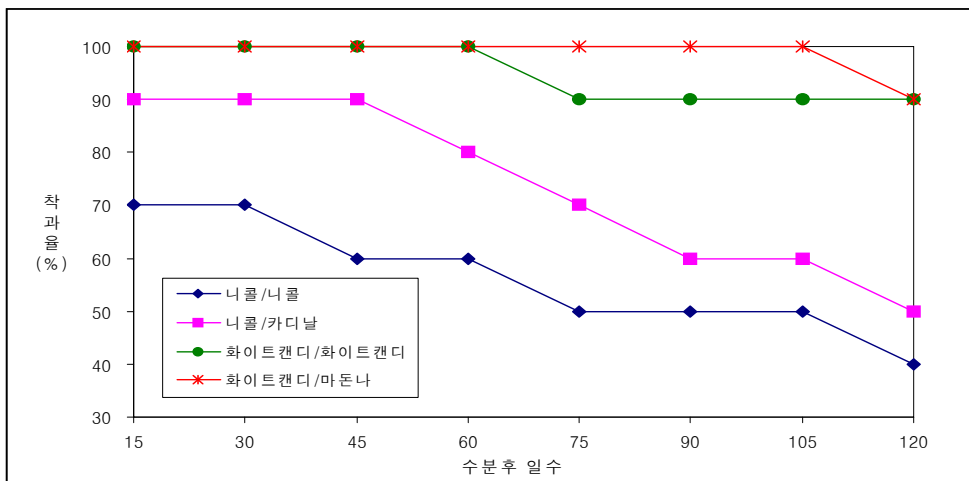


그림 3-15. 타가 및 자가수분 조합의 착과율

6) 자가수분 조합의 결실을 및 발아율

2005년 자가수분 조합을 분석한 결과 80% 이상의 결실율을 나타낸 조합은 루블 등 30조합 이었고 61~80% 가 입생로랑 등 13조합, 41~60%가 카디날 등 21조합, 1~40%가 마르디보아 등 23조합, 11~20%가 로즈유미 등 15조합, 10~1%가 로얄 등 13조합으로 나타났다(표 3-16).

표 3-16. 장미 유전자원의 자가수분 결실율

자가수분 결실율 (%)	계 (종)	품종(계통)명
81~100	30	퀸엘리자베스, 섬머레이디, 탄초, 풀문, 퓨어포인트리, 리스토퍼콜럼버, 마운트샤스타, 모나리자, 프레지던트생고르, 리모나, 콘라쉬, 마가리, 루블, 마갈리, 실버87, 지골레드, 라이지아, 골든마렐론, 마카레나, 엘리자, 블루바조, 골드마리84, 스타링95, 데스티니, 마담사치, 코로스, 탕고, 란도라, 트로피칼, 헬로
61~80	13	블루버드, 선글로리, 소니아, 프린세스마가렛, 카를리네드모나코, 니콜, 밀리언핑크, 피리모, 아모라사, 스위트니스, 입생로랑, 화이트캔디, 니-콜
41~60	21	골드버니, 러브, 아마데우스, 레드산드라, 하모니, 마이하트, 잭프리스트, 록시, 카사노바, 오시아나, 리비아, 모다포스체크, 잠브라93, 무비스타, 카디날, 센티나, 프린세스모나코, 푸루이트, 수퍼카디날, 엔젤, 타임레스,
21~40	23	센티나, 스카이라인, 오픈렌스, 람피온, 달라스, 산타페, 라비그쉐펜넬, 올란트, 코이고코로, 버디, 텍사스, 백은, 올리르버, 로라, 산트리야,, 사하라, 에벌린, 리라키스, 마르디보아, 썸머드림, 건배, 미랑, 친친
11~20	15	팩크로폰듀, 로즈유미, 퍼스트레드, 마스카라, 테이네, 미미쥬리, 스위트허니, 콘라드헨겔, 탐시크리트, 쥬베나, 니콜로파가니니, 오클라호마, 뉴패션, 필링, 메스메틱
10~1	13	엘로우리버, 레드벨벳, 피이스, 가든파티, 주왕, 롤레드, 테레사, 비탈, 핑크산드라, 벨아미, 브라이달바우티, 파레오90, 로얄

조합별 종자발아율을 분석해본 결과 80% 이상의 종자 발아율을 나타내는 조합이 브라이달바우티 등 4조합, 51~80%가 마카레나 등 2조합, 41~50%가 실버87 등 2조합, 31~40%가 푸루이트 등 7조합, 21~30%가 루블 등 8조합, 11~20%가 로즈유미 등 22조합, 1~10%가 카디날 등 10조합 이었다(표 3-17).

표 3-17. 장미 유전자원의 자가수분 결실종자 발아율(%)

자가수분 결실종자 발아율(%)	계(종)	품종(계통)명
81~100%	4	브라이달바우티, 썸머드림, 팩크로폰듀, 리라키스,
51~80%	2	마카레나, 테스티니,
41~50%	2	실버87, 밀리언핑크
31~40%	7	풀문, 퍼스트레드, 푸루이트, 리비아, 마가리, 마갈리, 코로스,
21~30%	8	올란트, 엘리자, 테이네, 필링, 루블, 골든마델론, 화이트캔디, 스위트허니,
11~20%	22	퀸엘리자베스, 스카이라인, 소니아, 텍사스, 스위트니스, 마스크라, 로즈유미, 트로피칼, 모나리자, 프레던트생고르, 라비그웨펠, 헬로, 산타페, 프린세스마가렛, 입생로랑, 레드산드라, 니콜2, 피리모, 프린세스모나코, 카를리네드모나코, 미량, 친친,
1~10%	20	카디날, 탄초, 마담사치, 쥬베나, 무비스타, 마운트샤스타, 블루버드 스타링95, 잠브라93, 란도라, 탑시크리트, 탱고, 타임레스, 니콜1, 콘라쉬, 오시아나, 블루바조, 골드마리84, 라이지아, 센티나, ,

7) 장미 배수성검정

장미 근단 조직을 이용, 형광물질을 이용한 DAPI 방법을 이용하여 형광현미경으로 염색체를 관찰하였다. 찔레 1종, 절화장미 2종의 배수성 검정결과(그림 3-16) 찔레원예1호는 $2n=2x=14$, 절화장미 오클라호마, 엑스타세는 $2n=4x=28$ 로 나타났다(표 3-18).

표 3-18. 장미 품종별 배수성

구분	품종명	구분	화색	배수성
정원용	퀸엘리자베스	ST	분홍	4배체
	피이스	ST	황홍	4배체
	니콜로파가니니	ST	적홍	4배체
	오클라호마	ST	적	4배체
절화용	카디날	ST	적	4배체
	로즈유미	ST	백	4배체
	엑스타세	ST	적	4배체
	단미	SP	백	4배체
	골든게이트	ST	황	4배체
찔레	원예1호		백	2배체

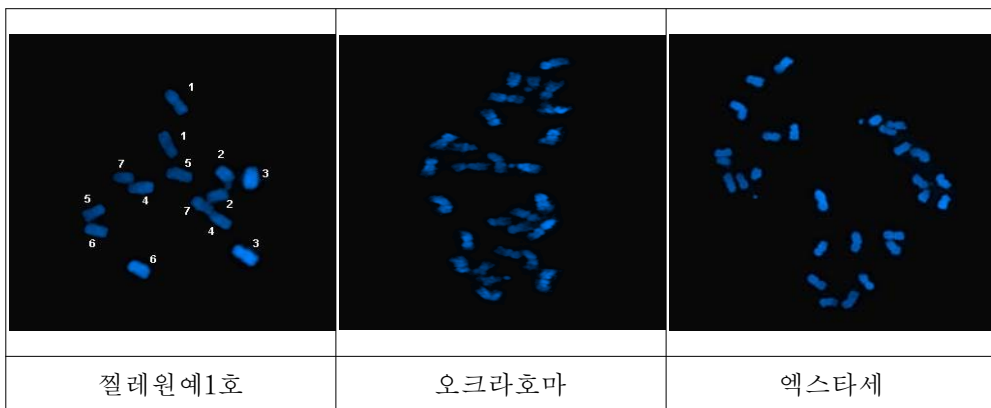


그림 3-16. 장미 품종의 염색체

3. 신개념에 의한 장미 신품종 육성

가. 재료 및 방법

1) 2005년 교배에 의한 신품종 육성계통 전개

장미 품종특성 분석을 기초로 하여 56개 품종을 주요 목표 형질별로 선발하여 89조합, 1,773화를 교배하였고 종자 수확까지 교배모본의 수분 및 병해충 방제관리를 하였다. 교배 후 3~4개월 후 종자를 수확하여 과 특성을 조사하고 조합별로 모래로 층적 저장하여 3개월 간 $4^{\circ}\text{C}\pm 1^{\circ}\text{C}$ 저온저장고에서 저온처리 하였다. 2006년 2~3월에 종자를 파종상자에 파종하고 발아율을 조사하였고 본엽 2매에 10cm 포트에 이식하여 저면급액베드에서 관리하며 화색, 화형, 꽃잎 수, 가지, 향기정도 등에 대해 조사하여 1차 선발을 수행하였으며 묘를 번식하여 특성검정을 수행할 예정이다.

2) 2006년 교배에 의한 신품종 육성계통 전개

선발 품종에 의해 157조합, 3,339화를 교배하여 종자를 수확하고 파종하여 발아된 개체는 10cm 포트에 이식하고 현재 저면급액베드에서 관리하고 있으며 그 특성을 조사하여 1차 선발을 수행할 예정이다. 우수하다고 판단되는 계통은 특성 및 생산력검정을 추후 수행하여 최종 품종화하도록 할 예정이다.

나. 결과 및 고찰

1) 2005년 교배에 의한 신품종 육성계통 전개

1차년도 우수모본 선발내역을 가지고 2차년도에 89조합, 1,773화를 교배하여 40조합, 246과가 결실되어 13.9%의 결실율을 나타내었으며 1,342개의 종자를 파종하여 143개체가 발아되어 10.7%의 결실율을 나타내었다(표 3-19). 발아된 개체는 직경 10cm 포트에 옮겨 생육특성에 대해 조사하여 선발하였다. 결실율 및 발아율이 낮은 이유는 2005년 S₁ 계통양성을 위한 자가수분에 1차적으로 우선 착수하여 6월에 교배한 원인이 컸을 것으로 생각된다.

표 3-19. 2005년 교배조합의 결실을 및 받아들

No.	교배조합	교 배 결 실		결실율 (%)	과 크기		과 중 (g)	과 중 자 수 (개)	받 아 개체수 (개)	받 아 율 (%)
		화 수 (개)	과 수 (과)		중경 (mm)	횡경 (mm)				
JRO501	레드산드라/카디날	30	29.0	96.7	12.4	17.6	1.2	57	5	8.8
JRO502	레드산드라/티아모	30	14.0	46.7	10.9	30.8	1.8	120	6	5.0
JRO503	레드산드라/샤샤	30	27.0	90.0	12.1	17.6	1.3	369	33	8.9
JRO504	레드산드라/드프트볼케	27	3.0	11.1	7.5	13.2	0.3	3	0	0.0
JRO505	레드산드라/비탈	25	10.0	40.0	12.9	52.2	1.7	29	2	6.9
JRO506	레드산드라/롯데로제	21	14.0	66.7	11.8	17.4	1.1	50	3	6.0
JRO507	레드산드라/JR0007-03	20	1.0	5.0	8.6	12.1	0.7	1	0	0.0
JRO508	카디날/레드산드라	20	17.0	85.0	11.9	17.3	1.2	73	3	4.1
JRO509	카디날/티아모	20	10.0	50.0	11.4	13.9	0.7	34	0	0.0
JRO510	카디날/샤샤	30	18.0	60.0	11.3	15.9	0.9	63	1	1.6
JRO511	카디날/비탈	12	3.0	25.0	12.9	17.1	1.4	8	0	0.0
JRO512	카디날/롯데로제	7	1.0	14.3	9.3	9.0	0.2	1	0	0.0
JRO513	카디날/JR0007-03	20	5.0	25.0	7.3	10.6	0.3	5	1	20.0
JRO514	티아모/레드산드라	20	1.0	5.0	8.2	14.3	0.6	2	0	0.0
JRO515	티아모/샤샤	24	4.0	16.7	9.6	12.9	0.5	24	1	4.2
JRO516	티아모/카디날	30	2.0	6.7	6.2	8.9	0.3	5	0	0.0
JRO517	티아모/노블레스	20	1.0	5.0	7.6	11.3	0.3	1	0	0.0
JRO518	티아모/티아모	20	2.0	10.0	9.5	14.5	1.0	8	0	0.0
JRO519	티아모/카디날	21	2.0	9.5	9.3	9.3	0.3	14	0	0.0
JRO520	드프트볼케/샤샤	5	3.0	60.0	14.1	16.2	1.7	35	7	20.0
JRO521	미스터링컨/샤샤	2	1.0	50.0	10.7	11.6	0.9	1	0	0.0
JRO522	노블레스/프리티우먼	20	2.0	10.0	10.3	19.0	1.3	6	1	16.7
JRO523	로즈유미/티네케	20	1.0	5.0	6.6	6.4	0.1	2	0	0.0
JRO524	스프렉스/로즈유미	20	1.0	5.0	9.0	20.1	0.7	2	0	0.0
JRO525	블루버드/샤샤	8	1.0	12.5	7.0	9.6	0.3	1	0	0.0
JRO526	스위트허니/카디날	20	2.0	10.0	26.1	19.7	1.0		0	0.0
JRO527	로얄/레드벨벳	20	3.0	15.0	7.1	8.9	0.2	5	1	20.0
JRO528	레드벨벳/로얄	20	14.0	70.0	14.8	14.3	2.0	200	44	22.0
JRO529	퍼스트레드/샤롯데	20	1.0	5.0	7.8	14.8	0.4	9	0	0.0
JRO530	샤롯데/퍼스트레드	20	1.0	5.0	9.9	9.8	0.2	1	0	0.0
JRO531	테레사/그랑프리	20	3.0	15.0	11.1	9.0	0.4	7	0	0.0
JRO532	리모나/다니	20	4.0	20.0	9.9	14.3	0.8	8	0	0.0
JRO533	리틀마블/클레멘타인	32	1.0	3.1	4.4	7.2	0.1	1	0	0.0
JRO534	마돈나/리틀마블	18	4.0	22.2	11.7	13.7	1.3	25	0	0.0
JRO535	다이아덤/리틀마블	28	5.0	17.9	6.2	9.7	0.3	4	1	25.0
JRO536	엘로우미미/리틀마블	9	1.0	11.1	17.8	17.3	2.9	11	0	0.0
JRO537	러블리리디아/화이트캔디	28	19.0	67.9	9.7	13.4	1.0	117	24	20.5
JRO538	차밍/리틀마블	15	7.0	46.7	9.1	10.9	0.8	24	8	33.3
JRO539	클레멘타인/리틀마블	34	7.0	20.6	6.4	9.9	0.4	13	2	15.4
JRO540	리틀마블/화이트캔디	14	1.0	7.1	7.3	8.5	0.5	3	0	0.0
	미결실 : 49	953	0	0.0	0	0	0	0	0	0
	결 실 : 40	820	246	-	7.1	10.7	0.6			
	계 : 89	1,773	246	13.9	-	-	-	1,342	143	10.7

많은 후대를 얻지 못하였으나 이 중 우수하다고 판단되는 개체를 표 3-20과 같이 선발하였다. 스탠다드 5종, 스프레이 3종이며 적색품종이 3종이었고 흰가루병에 강한 계통이 2종이 선발되었다. 1차 선발된 묘를 양성하여 재배적 특성 및 수량성등을 검토할 예정이다.

표 3-20. 2005년 교배계통에 대한 1차 선발내역

No.	계통번호(교배조합)	화형	화색	꽃잎수	향기 정도	가시 정도	흰가루 병정도
1	JRO501-03(레드산드라/카디날)	스탠다드	분홍	12	약	강	중
2	JRO502-02(레드산드라/티아모)	스탠다드	진분홍	32	약	약	중
3	JRO503-18(레드산드라/샤샤)	스탠다드	적	18	약	강	중
4	JRO585-11(레드벨벳/로얄)	스탠다드	적	16	약	강	중
5	JRO585-17(레드벨벳/로얄)	스탠다드	적	15	약	강	강
7	JRO5116-07(러블리리디아/화이트캔디)	스프레이	백	13	약	약	중
8	JRO5116-07(러블리리디아/화이트캔디)	스프레이	백	24	약	약	중
9	JRO5117-03(차밍/리틀마블)	스프레이	분홍	17	약	약	강

2) 2005년 교배조합의 교잡친화성 및 발아율

교배조합의 결실율은 81~100%인 조합은 레드산드라/카디날, 카디날/레드산드라 등 3조합, 61~80% 조합은 레드산드라/롯데로제 등 3조합 41~60% 조합은 레드산드라/티아모 등 6조합, 21~40% 조합은 레드산드라/비탈 이었다(표 3-21).

표 3-21. 2005년 교배조합의 결실율(%)

교잡 결실율 (%)	계 (조합)	교 배 조 합
81~100	3	레드산드라/카디날, 레드산드라/샤샤, 카디날/레드산드라,
61~80	3	레드벨벳/로얄, 리블리리다아/화이트캔디, 레드산드라/롯데로제,
41~60	6	드프트볼케/샤샤, 카디날/샤샤, 카디날/티아모, 미스터링컨/샤샤, 레드산드라/티아모, 차밍/리틀마블,
21~40	5	레드산드라/비탈, 레드산드라/전남R-16, 카디날/비탈, 마돈나/리틀마블, 클레멘타인/리틀마블,
11~20	8	티아모/샤샤, 리모나/다니, 로얄/레드벨벳,, 테레사/그랑프리, 블루버드/ 샤샤,, 카디날/롯데로제, 레드산드라/드프트볼케, 엘로우미미/리틀마블 노블레스/프리티우먼, 스위트허니/카디날, 리틀마블/화이트캔디 샤샤/카디날,
10~1	15	샤샤/티아모, 티아모/카디날, 레드산드라/전남R-16, 티아모/노블레스, 샤롯데/퍼스트레드, 로즈유미/티네케, 스프렉스/로즈유미, 티아모/레드산드 라, 퍼스트레드/샤롯데93, 로즈유미/티네케, 리틀마블/클레멘타인,

부분의 품종에 따라 결실율에서 다양한 결과를 나타내었다. 레드산드라, 카디날을 모본으로 몇가지 품종을 부분으로 교배한 레드산드라 조합은 57.5%, 카디날 조합은 43.2%로 타 교배조합보다 교잡친화성이 우수하였다. 80%이상 교잡친화성이 우수한 조합은 레드산드라/카디날, 레드산드라/샤샤, 카디날/레드산드라 조합이었고 반대로 10% 이하인 조합도 레드산드라/전남R-16 등 2조합이었으며 같은 레드산드라 모본이더라도 부분에 따라 5.0%의 낮은 교잡친화성을 보인 조합도 있어 다양한 친화성을 나타내었다(표 3-22).

표 3-22. 모본에 따른 교배조합의 결실율

교배조합		교배화수	결실과수	결실율(%)
모본	부분			
레드산드라	카디날	30	29	96.7
	티아모	30	14	46.7
	샤샤	30	27	90.0
	비탈	25	10	40.0
	롯데로제	21	14	66.7
	전남R-16	20	1	5.0
계		156	95	57.5
카디날	레드산드라	20	17	85.0
	티아모	20	10	50.0
	샤샤	30	18	60.0
	비탈	12	3	25.0
	롯데로제	7	1	14.3
	전남R-16	20	5	25.0
		109	54	43.2

교배조합에 따른 교배종자 발아율은 31% 이상 조합은 차밍/리틀마블 1조합, 21~30%인 조합은 노블레스/프리티우먼 등 3조합, 11~20%는 클레멘타인/리틀마블 등 5조합, 10~1% 조합은 카디날/샤샤 등 8조합 이었다(표 3-23).

표 3-23. 2005년 교배 종자 발아율에 따른 분류

교배종자 발아율 (%)	계 (조합)	교 배 조 합
31~	1	차밍/리틀마블,
21~30	3	레드벨벳/로얄, 다이아덤/리틀마블, 러블리리디아/화이트캔디,
11~20	5	카디날/JR0007-03, 드프트볼케/샤샤, 노블레스/프리티우먼, 로얄/레드벨벳, 클레멘타인/리틀마블
10~1	8	레드산드라/카디날, 레드산드라/티아모, 레드산드라/샤샤, 레드산드라/비탈, 레드산드라/롯데로제, 카디날/레드산드라, 카디날/샤샤, 티아모/샤샤,

3) 2006년 교배에 의한 신품종 육성계통 전개

2006년 신품종 육성을 위한 교배는 157조합, 3,359화를 교배하여 135조합, 1,652과가 결실되었으며 26,645립을 파종하여 118조합, 5,159 개체가 발아되어 19.4%의 발아율을 나타내었다(표 3-24). 이들 계통에 대한 특성조사를 진행 중이다(그림 3-17).



그림 3-17. 장미 2006년 교배 전개계통의 모습

표 3-24. 2006년 교배조합의 결실율 및 발아율

No.	교배조합	교 배 결 실		결실율 (%)	과크기		과 중 (g)	과 중 자 개체수 (개)	발 아 개체수 (개)	발아율 (%)
		화 수 (개)	과 수 (과)		종경 (mm)	횡경 (mm)				
JRO601	비탈/카디날	30	24	80.0	27.2	26.4	10.9	982	304	31.0
JRO603	비탈/롯데로제	20	10	50.0	25.7	24.3	9.5	355	114	32.1
JRO604	비탈/마르디보아	29	23	79.3	26.3	26.3	10.5	775	231	29.8
JRO605	비탈/샤샤	14	12	85.7	28.0	28.0	10.2	315	62	19.7
JRO606	비탈/티아모	20	16	80.0	24.1	23.9	8.0	346	93	26.9
JRO609	카디날/비탈	21	16	76.2	19.1	32.7	7.1	227	5	2.2
JRO610	카디날/롯데로제	10	4	40.0	13.1	26.2	4.1	25	0	0
JRO611	카디날/레드산드라	10	10	100.0	22.6	38.8	10.7	217	5	2.3
JRO612	카디날/로얄	11	5	45.5	8.9	15.2	2.8	46	3	6.5
JRO613	카디날/샤샤	10	5	50.0	21.4	28.7	7.5	88	5	5.7
JRO614	카디날/티아모	19	18	94.7	12.6	24.3	3.9	167	3	1.8
JRO615	카디날/마르디보아	1	1	100.0	11.9	19.4	2.3	3	0	0
JRO616	카디날/JR02265-29	25	12	48.0	11.9	18.2	2.9	41	1	2.4
JRO617	카디날/노블레스	10	3	30.0	16.2	31.59	5.4	26	2	7.7
JRO618	레드산드라/카디날	21	16	76.2	27.1	31.5	11.4	394	9	2.3

표 3-24. 계속

No.	교배조합	교 배 결 실		결실율 (%)	과크기		과 중 (g)	과 중 자 개 수 (개)	발 아 개 체 수 (개)	발아율 (%)
		화 수 (개)	과 수 (과)		종경 (mm)	횡경 (mm)				
JRO619	레드산드라/롯데로제	31	21	67.7	78.2	94.6	23.1	233	9	3.9
JRO620	레드산드라/비탈	20	8	40.0	23.7	27.7	7.9	127	6	4.7
JRO621	레드산드라/티아모	37	30	81.1	22.5	27.1	7.8	606	49	8.1
JRO622	레드산드라/노블레스	31	20	64.5	15.7	19.9	4.5	246	7	2.8
JRO623	롯데로제/비탈	9	9	100.0	17.4	27.5	5.2	311	11	3.5
JRO624	롯데로제/카디날	10	4	40.0	11.1	16.7	4.3	294	4	1.4
JRO625	롯데로제/레드산드라	7	7	100.0	23.1	32.4	8.2	283	9	3.2
JRO628	마르디보아/카디날	12	10	83.3	21.1	19	5.0	133	6	4.5
JRO629	마르디보아/레드산드라	5	4	80.0	20.4	14.9	6.5	49	1	2.0
JRO632	로얄/티아모	22	1	4.5	7.4	11.2	1.6	14	1	7.1
JRO634	샤샤/카디날	40	37	92.5	20.0	29.2	7.2	1540	436	28.4
JRO636	샤샤/티아모	19	6	31.6	19.7	31.3	6.6	198	45	22.7
JRO637	샤샤/비탈	15	2	13.3	17.2	26.2	4.5	37	9	24.3
JRO640	샤샤/모나리자	12	11	91.7	22.5	30.2	8.1	403	110	27.3
JRO641	샤샤/알렉스레드	24	8	33.3	17.2	26.0	4.4	109	32	29.4
JRO643	티아모/마르디보아	20	10	50.0	29.6	7.3	27.6	330	107	32.4
JRO645	티아모/샤샤	34	11	32.4	11.9	18.4	3.1	426	46	10.8
JRO646	티아모/비탈	20	5	25.0	9.6	14.2	3.0	137	28	20.4
JRO647	티아모/로얄	10	2	20.0	11.5	22.4	1.6	26	3	11.5
JRO649	티아모/모나리자	28	20	71.4	18.2	24.2	5.1	567	137	24.2
JRO650	티아모/알렉스레드	10	5	50.0	21.7	35.7	8.6	170	47	27.6
JRO651	티아모/노블레스	15	2	13.3	6.4	12.1	1.0	7	2	28.6
JRO652	노블레스/토플레스	5	2	40.0	7.5	12.5	1.5	18	0	0
JRO653	노블레스/입생로랑	10	7	70.0	26.1	36.2	12.9	553	187	33.8
JRO656	노블레스/프리티우먼	20	16	80.0	22.8	33.3	9.4	433	92	21.2
JRO659	노블레스/샤샤	20	16	80.0	26.7	37.3	13.4	796	330	41.5
JRO660	노블레스/비탈	25	14	56.0	23.4	36.2	9.8	633	129	20.4
JRO662	입생로랑/노블레스	17	2	11.8	5.0	6.4	1.6	51	8	15.7
JRO663	사피어/토플레스	17	9	52.9	16.3	22.1	3.2	95	28	29.5
JRO665	프리티우먼/노블레스	112	17	15.2	8	13.3	2.7	626	105	16.8
JRO667	테레사/노블레스	60	20	33.3	6.4	8	1.6	283	69	24.4
JRO670	골든게이트/레몬드림	20	10	50.0	24.0	24.3	7.7	475	70	14.7
JRO672	스위트허니/골든게이트	20	18	90.0	29.1	42.5	16.7	228	14	6.1
JRO675	스카이라인/골든게이트	26	2	7.7	9.1	7.4	1.6	36	0	0
JRO678	로즈유미/티네케	40	6	15.0	2.2	5.5	0.4	509	55	10.8
JRO680	로즈유미/티아모	18	3	16.7	15.5	31.4	5.3	393	102	26.0
JRO681	스프렉스/로즈유미	32	18	56.3	11.3	22.1	3.5	115	19	16.5
JRO683	가든파티/로즈유미	9	1	11.1	3.5	6.1	0.8	63	0	0
JRO686	쥬베나/로즈유미	29	14	48.3	17.6	26.8	4.5	94	9	9.6
JRO687	엑스타세/그랑프리	12	7	58.3	20.4	28.8	6.9	142	1	0.7
JRO689	엑스타세/퍼스트레드	10	5	50.0	16.2	28.9	5.1	128	1	0.8
JRO690	엑스타세/티아모	25	8	32.0	9.0	13.2	1.9	113	0	0

표 3-24. 계속

No.	교배조합	교 화 수 (개)	배 과 수 (과)	결 실 율 (%)	과크기		과 중 량 (g)	과 중 자 수 (개)	발 아 개 체 수 (개)	발 아 율 (%)
					종 경 (mm)	횡 경 (mm)				
JRO692	그랑프리/엑스타세	30	4	13.3	10.9	15.4	4.0	217	66	30.4
JRO693	레드벨벳/엑스타세	31	23	74.2	28.2	24.5	10.1	716	74	10.3
JRO694	콜벳/스칼라	10	8	80.0	14.6	20.7	2.9	118	19	16.1
JRO696	콜벳/티아모	11	5	45.5	9.6	13.1	1.6	73	18	24.7
JRO697	스칼라/콜벳	10	6	60.0	19.3	26.1	4.3	72	14	19.4
JRO699	다니/콜벳	10	3	30.0	10.8	20.7	1.7	20	6	30.0
JRO6100	키스/콜벳	10	7	70.0	22.2	27.6	6.9	121	16	13.2
JRO6108	샤롯데95/한마음	9	1	11.1	4.5	10.0	0.3	0	1	0
JRO6109	씨커스/한마음	19	8	42.1	5.8	5.6	2.1	197	22	11.2
JRO6110	블루버드/블루바초	18	4	22.2	9.8	14.5	3.6	93	13	14.0
JRO6112	블루바초/블루버드	10	5	50.0	12.9	16.2	3.9	138	15	10.9
JRO6113	블루바초/샤샤	12	6	50.0	29.3	34.2	7.4	103	1	1.0
JRO6115	리틀실버/블루버드	10	2	20.0	8.9	11.3	1.9	70	10	14.3
JRO6201	리틀마블/화이트캔디	20	3	15.0	11.5	11.5	0.9	6	3	50.0
JRO6205	리틀마블/러블리리디아	20	1	5.0	8.8	10.8	0.6	3	1	33.3
JRO6206	리틀마블/마니쉬	13	2	15.4	3.9	5.0	0.2	2	1	0
JRO6207	리틀마블/마돈나	7	1	14.3	7.5	8.4	0.3	1	0	0
JRO6209	리틀마블/다이아덤	20	2	10.0	7.5	7.4	0.3	3	0	0
JRO6210	리틀마블/엘로우미미	20	1	5.0	7.1	10.1	0.4	2	0	0
JRO6211	화이트캔디/리틀마블	47	43	91.5	11.5	13.2	1.2	224	41	18.3
JRO6212	화이트캔디/러블리리디아	20	7	35.0	9.3	10.7	0.6	28	2	7.1
JRO6213	화이트캔디/마니쉬	21	21	100.0	13.3	17.1	1.7	145	59	40.7
JRO6214	화이트캔디/마돈나	44	38	86.4	11.1	13.3	1.0	169	35	20.7
JRO6215	화이트캔디/클레멘타인	20	18	90.0	12.5	16.3	1.5	110	23	20.9
JRO6216	화이트캔디/차밍	26	25	96.2	10.4	10.7	0.9	78	15	19.2
JRO6218	화이트캔디/센티나	51	40	78.4	8.9	9.9	0.5	103	23	22.3
JRO6219	화이트캔디/다이아덤	10	10	100.0	12.8	13.2	1.3	63	15	23.8
JRO6220	화이트캔디/엘로우미미	30	26	86.7	9.9	11.5	0.7	106	11	10.4
JRO6221	클레멘타인/화이트캔디	37	27	73.0	19.0	17.9	4.3	269	43	16.0
JRO6222	클레멘타인/리틀마블	20	13	65.0	19.6	17.9	4.3	269	43	16.0
JRO6223	클레멘타인/마니쉬	30	18	60.0	16.4	15.3	3.0	250	35	14.0
JRO6224	클레멘타인/마돈나	20	8	40.0	17.2	14.7	3.0	99	11	11.1
JRO6225	클레멘타인/러블리리디아	10	2	20.0	15.1	15.9	2.7	19	1	5.3
JRO6226	클레멘타인/차밍	20	10	50.0	17.8	15.7	2.8	137	24	17.5
JRO6227	클레멘타인/전남R-18	41	30	73.2	14.8	13.3	1.9	286	33	11.5
JRO6228	클레멘타인/단미	18	4	22.2	14.5	13.7	2.0	51	2	3.9
JRO6229	단미/리틀마블	15	5	33.3	15.9	17.8	2.7	25	6	24.0
JRO6230	단미/화이트캔디	10	3	30.0	13.8	16.1	2.0	9	2	22.2
JRO6231	단미/마니쉬	9	3	33.3	11.4	15.0	1.2	5	2	40.0
JRO6235	마니쉬/화이트캔디	10	1	10.0	15.6	14.5	23.0	5	0	0
JRO6238	마돈나/리틀마블	14	14	100.0	15.4	16.3	2.6	143	3	2.1
JRO6239	마돈나/화이트캔디	24	9	37.5	9.0	8.7	0.9	79	0	0
JRO6240	마돈나/클레멘타인	21	3	14.3	12.3	11.6	1.9	24	0	0
JRO6241	레드다이아덤/리틀마블	41	32	78.0	15.7	15.8	2.7	300	84	28.0
JRO6242	레드다이아덤/화이트캔디	70	20	28.6	10.8	12.2	1.3	82.5	3	3.613.0
JRO6243	스칼렛미미/리틀마블	32	14	43.8	13.0	20.0	2.2	188	45	23.9

Table 3-24. 계속

No.	교배조합	교배결실		결실율 (%)	과크기		과중 (g)	과중자 수(개)	발아 개체수 (개)	발아율 (%)
		화수 (개)	과수 (과)		중경 (mm)	횡경 (mm)				
JRO6244	스칼렛미미/화이트캔디	41	20	48.8	14.3	21.9	2.8	481	139	28.9
JRO6245	투르드미미/리틀마블	48	31	64.6	13.0	12.9	1.9	261	44	16.9
JRO6246	투르드미미/화이트캔디	30	19	63.3	15.9	15.4	2.6	136	35	25.7
JRO6247	퍼플프린스/리틀마블	38	26	68.4	16.7	20.2	3.2	287	70	24.4
JRO6248	퍼플프린스/화이트캔디	31	20	64.5	14.9	19.2	2.7	267	63	23.6
JRO6249	스윙/리틀마블	7	6	85.7	17.1	18.8	3.1	71	3	4.2
JRO6250	스윙/화이트캔디	9	5	55.6	15.9	17.6	2.8	61	11	18.0
JRO6251	조이/리틀마블	36	27	75.0	13.2	16.9	1.7	130	19	14.6
JRO6252	조이/화이트캔디	34	3	8.8	12.0	18.2	1.6	10	3	30.0
JRO6253	에벌린/리틀마블	31	23	74.2	15.3	16.5	2.2	179	32	17.9
JRO6254	에벌린/화이트캔디	49	47	95.9	16.9	18.7	2.8	428	106	24.8
JRO6255	리디아/리틀마블	34	17	50.0	15.3	15.8	2.3	65	11	16.9
JRO6256	리디아/화이트캔디	35	31	88.6	13.9	14.3	1.6	90	22	24.4
JRO6257	프린세스/리틀마블	48	33	68.8	17.1	19.4	3.3	354	66	18.6
JRO6258	프린세스/화이트캔디	22	18	81.8	18.3	20.0	3.8	153	38	24.8
JRO6259	피노키오/리틀마블	13	13	100.0	11.5	13.2	1.2	117	19	16.2
JRO6260	피노키오/화이트캔디	21	15	71.4	12.6	13.9	1.4	237	38	16.0
JRO6261	피노키오/클레멘타인	20	9	45.0	11.9	14.2	1.3	86	22	25.6
JRO6262	푸루푸루/리틀마블	20	11	55.0	15.3	20.0	2.6	51	0	0
JRO6263	푸루푸루/화이트캔디	8	5	62.5	18.6	21.9	4.5	306	11	3.6
JRO6264	푸루푸루/클레멘타인	26	12	46.2	13.5	19.4	2.2	71	0	0
JRO6265	썬시티/리틀마블	20	3	15.0	9.2	14.0	0.9	3	0	0
JRO6267	썬시티/화이트캔디	22	5	22.7	13.5	17.5	2.1	30	2	6.7
JRO6270	트루드미미/클레멘타인	14	6	42.9	13.1	13.3	1.5	20	7	35.0
JRO6271	미야레드/리틀마블	20	10	50.0	13.0	14.6	1.5	84	10	11.9
JRO6272	미야레드/화이트캔디	21	9	42.9	13.1	16.2	1.5	31	8	25.8
JRO6273	러블리리디아/마니쉬	20	15	75.0	14.5	15.0	2.0	132	23	17.4
JRO6274	러블리리디아/마돈나	21	21	100.0	14.7	15.1	2.0	247	86	34.8
JRO6275	러블리리디아/리틀마블	20	16	80.0	14.1	14.4	1.9	154	42	27.3
JRO6276	러블리리디아/화이트캔디	20	20	100.0	14.2	13.7	1.8	245	98	40.0
JRO6277	러블리리디아/클레멘타인	20	6	30.0	11.9	13.3	1.1	19	7	36.8
JRO6278	러블리리디아/단미	15	11	73.3	14.7	13.9	1.9	126	49	38.9
	미결실 : 22조합	315	0	0	0	0	0	0	0	0
	결실 : 135조합	3,024	1,652							
	계 : 157조합	3,339	1,652	49.5				26,645	5,159	19.4

결실정도별로 분류해보면 미결실이 로얄/샤샤 등 22조합, 10~1%가 로얄/티아모 등 7조합, 1~20%가 샤샤/비탈 등 17조합, 21~40%가 카디날/롯데로제 등 23조합, 41~60%가 비탈/마르디보아 등 30조합, 61%~80%가 비탈/카디날 등 32조합, 81% 이상인 조합이 비탈/샤샤 등 26조합이었다(표 3-25).

표 3-25. 2006년 교배조합별 결실율

결실율 (%)	계 (종)	교 배 조 합 명
81~100	26	비탈/샤샤, 카디날/레드산드라, 카다닐/티아모, 카디날/마르디보아, 레드산드라/티아모, 롯데로제/비탈, 롯데로제/레드산드라, 마르디보아/카디날, 샤샤/카디날, 샤샤/모나리자, 스위트허니/골든게이트, 화이트캔디/리틀마블, 화이트캔디/마니쉬, 화이트캔디/마돈나, 화이트캔디/클레멘타인, 화이트캔디/차밍, 화이트캔디/다이아덤, 화이트캔디/엘로우미미, 마돈나/리틀마블, 스윙/리틀마블, 에벌린/화이트캔디, 리디아/화이트캔디, 프린세스/화이트캔디, 피노키오/리틀마블, 러블리리디아/마돈나, 러블리리디아/화이트캔디
61~80	32	비탈/카디날, 비탈/레드산드라, 비탈/티아모, 카디날/비탈, 레드산드라/카디날, 레드산드라/롯데로제, 레드산드라/노블레스, 마르디보아/레드산드라, 티아모/모나리자, 노블레스/입생로랑, 노블레스/프리티우먼, 노블레스/샤샤, 레드벨벳/엑스타세, 콜벳/스칼라, 키스/콜벳, 화이트캔디/센티나, 클레멘타인/화이트캔디, 클레멘타인/리틀마블, 클레멘타인/전남R-18, 레드다이아덤/리틀마블, 트루드미미/리틀마블, 트루드미미/화이트캔디, 퍼플프린스/리틀마블, 퍼플프린스/화이트캔디, 조이/리틀마블, 에벌린/리틀마블, 프린세스/리틀마블, 피노키오/화이트캔디, 푸루푸루/화이트캔디, 러블리리디아/마니쉬, 러블리리디아/리틀마블, 러블리리디아/단미
41~60	30	비탈/마르디보아, 카디날/로얄, 카디날/샤샤, 카디날/JR02265-29, 티아모/마르디보아, 티아모/알렉스레드, 노블레스/비탈, 사피어/노블레스, 골든게이트/레몬드림, 스프렉스/로즈유미, 쥬베나/로즈유미, 엑스타세/그랑프리, 엑스타세/퍼스트레드, 콜벳/티아모, 스칼라/콜벳, 써커스/한마음, 블루바쥬/블루버드, 블루바쥬/샤샤, 클레멘타인/마니쉬, 클레멘타인/차밍, 스칼렛미미/리틀마블, 스칼렛미미/화이트캔디, 스윙/화이트캔디, 리디아/리틀마블, 피노키오/클레멘타인, 푸루푸루/리틀마블, 푸루푸루/클레멘타인, 트루드미미/클레멘타인, 미야레드/리틀마블, 미야레드/화이트캔디
21~40	23	카디날/롯데로제, 카디날/노블레스, 레드산드라/비탈, 롯데로제/카디날, 샤샤/티아모, 샤샤/알렉스레드, 티아모/샤샤, 티아모/비탈, 노블레스/토플레스, 테레사/노블레스, 엑스타세/티아모, 다니/콜벳, 블루버드/블루바쥬, 화이트캔디/러블리리디아, 클레멘타인/마돈나, 클레멘타인/단미, 단미/리틀마블, 단미/화이트캔디, 단미/마니쉬, 마돈나/화이트캔디, 레드다이아덤/화이트캔디, 썬시티/클레멘타인, 러블리리디아/클레멘타인
11~20	17	샤샤/비탈, 티아모/로얄, 티아모/노블레스, 입생로랑/노블레스, 프리티우먼/노블레스, 로즈유미/티네케, 로즈유미/티아모, 가든파티/로즈유미, 그랑프리/엑스타세, 샤롯데95/한마음, 리틀실버/블루버드, 리틀마블/화이트캔디, 리틀마블/차밍, 리틀마블/밀리언핑크, 클레멘타인/러블리리디아, 마돈나/클레멘타인, 썬시티/리틀마블
10~1	7	로얄/티아모, 스카이라인/골든게이트, 리틀마블/클레멘타인, 리틀마블/다이아덤, 리틀마블/엘로우미미, 마니쉬/화이트캔디, 조이/화이트캔디
0	22	비탈/롯데로제, 롯데로제/샤샤, 로얄/샤샤, 샤샤/드프트볼케, 샤샤/노블레스, 노블레스/사피어, 노블레스/드림, 노블레스/벨아미, 벨아미/노블레스, 골든게이트/스위트허니, 골든게이트/샤샤, 스위트니스/골든게이트, 전남R-26/골든게이트, 로즈유미/가든파티, 퍼스트레드/엑스타세, 콜벳/전남R-23, 전남R-23/콜벳, 한마음/뉴패션, 한마음/에벌루션, 한마음/티아모, 리틀실버/티아모, 단미/마돈나,

교배조합별 종자발아율을 살펴보면 26,645립을 파종하여 5,159 개체가 발아되어 19.4%의 발아율을 나타내었고 발아정도별 조합은 미발아가 17조합, 41~50% 발아된 조합은 3조합, 31~40%가 11조합, 21~30%가 36조합, 11~20%가 35조합, 10%이하가 33조합 이었다(표 3-26).

표 3-26. 2006년 교배조합별 종자발아율

종자발아율 (%)	계 (중)	교 배 조 합 명
41~	3	노블레스/샤샤, 리틀마블/화이트캔디, 화이트캔디/마니쉬
31~40	11	비탈/카디날, 비탈/마르디보아, 니아모/마르디보아, 노블레스/입생로랑, 리틀마블/클레멘타인, 단미/마니쉬, 투루드미미/클레멘타인, 러블리리디아/마돈나, 러블리리디아/화이트캔디, 러블리리디아/클레멘타인, 러블리리디아/단미
21~30	36	비탈/레드산드라, 비탈/티아모, 샤샤/카디날, 샤샤/티아모, 샤샤/비탈, 샤샤/모나리자, 샤샤/알렉스레드, 티아모/모나리자, 티아모/알렉스레드, 티아모/노블레스, 노블레스/프리티우먼, 사피어/노블레스, 테레사/노블레스, 로즈유미/티아모 그랑프리/엑스타세, 콜벳/티아모, 다니/콜벳, 화이트캔디/마돈나, 화이트캔디/클레멘타인, 화이트캔디/샌티나, 화이트캔디/다이아덤, 단미/리틀마블, 단미/화이트캔디, 레드다이아덤/리틀마블, 스칼렛미미/리틀마블, 스칼렛미미/화이트캔디, 트루드미미/화이트캔디, 퍼플프린스/리틀마블, 퍼플프린스/화이트캔디, 조이/화이트캔디, 에벌린/화이트캔디, 리디아/화이트캔디, 프린세스/화이트캔디, 피노키오/클레멘타인, 미야레드/화이트캔디, 러블리리디아/리틀마블
11~20	35	비탈/샤샤, 티아모/샤샤, 티아모/비탈, 티아모/로얄, 노블레스/비탈, 입생로랑/노블레스, 프리티우먼/노블레스, 골든게이트/레몬트림, 로즈유미/티네케, 스프렉스/로즈유미, 콜벳/스칼라, 스칼라/콜벳, 키스/콜벳, 써커스/한마음, 블루버드/블루바조, 블루바조, 블루버드, 리틀실버/블루버드, 화이트캔디/리틀마블, 화이트캔디/차밍, 클레멘타인/화이트캔디, 클레멘타인/리틀마블, 클레멘타인/마니쉬, 클레멘타인/마돈나, 클레멘타인/차밍, 클레멘타인/전남 R-18, 트루드미미/리틀마블, 스윙/화이트캔디, 조이/리틀마블, 에벌린/리틀마블, 리디아/리틀마블, 프린세스/리틀마블, 피노키오/리틀마블, 피노키오/화이트캔디, 미야레드/리틀마블, 러블리리디아/마니쉬
1~10	33	카디날/비탈, 카디날/레드산드라, 카디날/로얄, 카디날/샤샤, 카디날/티아모, 카디날/JR02265-29, 카디날/노블레스, 레드산드라/카디날, 레드산드라/롯데로제, 레드산드라/비탈, 레드산드라/티아모, 레드산드라/노블레스, 롯데로제/비탈, 롯데로제/카디날, 롯데로제/레드산드라, 마르디보아/카디날, 마르디보아/레드산드라, 로얄/티아모, 스위트허니/골든게이트, 쥬베나/로즈유미, 엑스타세/그랑프리, 엑스타세/퍼스트레드, 레드벨벳/엑스타세, 블루바조/샤샤, 화이트캔디/러블리리디아, 화이트캔디/엘로우미미, 클레멘타인/러블리리디아, 클레멘타인/단미, 마돈나/리틀마블, 레드다이아덤/화이트캔디, 스윙/리틀마블, 푸루푸루/화이트캔디, 썬시티/클레멘타인
0	16	카디날/롯데로제, 카디날/마르디보아, 노블레스/토플레스, 스카이라인/골든게이트, 가든파티/로즈유미, 엑스타세/티아모, 리틀마블/차밍, 리틀마블/밀리언핑크, 리틀마블/다이아덤, 리틀마블/엘로우미미, 마니쉬/화이트캔디, 마돈나/화이트캔디, 마돈나/클레멘타인, 푸루푸루/리틀마블, 푸루푸루/클레멘타인, 썬시티/리틀마블, 샤롯데95/한마음

4. 적 요

가. 장미 특성조사 자료 분석 및 특수형질 보유품종 선발

장미 유전자원 420종에 대해 UPOV 특성을 조사한 자료를 토대로 하여 Sokal 과 Sneath's coefficient에 의한 군집분석을 한 결과 신초, 꽃잎 앞뒷면의 반점, 가지유무는 고도의 유의성이 있었으며 화형, 개화습성, 암술과 수술의 배열은 유전적인 거리가 0.1~0.2를 나타내었고 니콜, 퀴엘리자베스, 마이하트 등의 품종은 유전적 거리가 0.24와 0.3(GD)으로 나타나 육종재료로 유용할 것으로 생각된다.

품종육성에 중요하다고 판단되는 화형, 화색, 수세, 향기, 가지, 내병성, 다수성 등의 항목을 가지고 선발한내역은 화형, 화색기준에 의해 24종, 수세기준 4종, 향기 기준 8종, 가지 기준으로 9종, 수량성기준 3종, 흰가루병정도 기준 8종으로 총 56종을 선발하였다. 선발된 품종은 스탠다드 46종, 스프레이 10품종이었고 선발품종을 가지고 교배조합을 구성하였다.

나. 유전분석을 위한 우수계통 육성

1) 유전분석을 위한 우수계통 선발 및 전개

유전분석을 위한 우수계통 육성을 위해 2004~2005년(2년) 교배조합을 구성하여 1차년도에 216조합, 2,017화, 2차년도에 244조합, 2,247화를 자가수분하였다. 1차년도 자가수분 결과는 63조합, 209과가 결실되었으며 27조합, 124개체가 발아되었다. 계통을 양성하고 자가수분 S₁ 계통을 화색별로 37종을 선발하였고 S₂ 계통 양성을 위해 37조합 185화를 자가수분하여 35과가 결실되었으며 338개의 종자를 파종하여 45개체를 얻어 특성을 조사하고 있다. 2차년도 자가수분 결과는 115조합, 542과가 결실되어 결실을 24.1%를 나타내었고 4,244개 종자를 파종하여 776개체를 득묘하여 16.4%의 발아율을 나타내었다. S₂ 계통 양성을 위해 7개 화색별로 28종의 품종을 선발하고 계속적으로 고정집단을 만들어 가고 있다. 종자를 얻지 못하는 조합의 필요계통 양성을 위해 미숙배, 자방, 성숙종자의 배를 절편체로하여 배양한 결과 치상한 절편체로부터 배발생 캘러스가 유기되는 것을 확인하였으나 유기된 배발생 캘러스들은 쉽게 식물체 재분화 능력이 없는 비배발생 캘러스로 전환되어 재분화 식물체를 얻기는 어려웠다. 자가수분 S₁ 계통을 전개 하여 유전분석을 위해 화색별 표현형을 분석한 결과 모본의 유사화색 발현비율이 다른 화색 비율 보다 높았으며 향기는 약함의 비율이, 꽃잎수는 적은것이, 가시는 많거나 있는것의 표현 비율이 높게 나타났다. 계속적으로 여러 형질에 대한 조사 및 분석이 계속적으로 필요할 것으로 생각된다.

2) 장미 결실 생리 연구

장미 유전자원 중 218종의 장미 화분을 채취하여 정상, 비정상화분을, 화분 발아율을 조사하였다. 화분 발아율이 우수한 상위 품종은 센티나, 마치, 스파이시, 페피타, 친친, 잉카, 스위트허니 등의 품종이었다. 결실과의 비대양상은 수분 후 45일경까지 급격한 비대양상을 보인 후 수확기까지 완만한 비대를 나타내었고 타가, 자가수분 조합간의 결실율의 차이는 거의 비슷하였다 자가수분 조합의 결실율이 81% 이상인 품종은 퀴엘리자베스, 블루바조 등 30품종이었으며 발아율이 81% 이상인 품종은 썸머드림 등 4품종이었다. 장미 근단조직을 이용하여 형광물질을 이용한 DAPI 방법으로 10여 품종의 염색체를 관찰한 결과 정원용 장미 퀴엘리자베스 등 4품종은 4배체, 절화용 장미 카디날 등 5품종도 4배체로 검정되었고 찰레원에1호는 2배체로 나타났다.

다. 신개념에 의한 장미 신품종 육성

1) 2005년 교배에 의한 신품종 육성계통 전개

교배모본으로 선발된 품종을 위주로 89조합, 1,773화를 교배하여 13.9%의 발아율을 보였고 1,342개의 종자를 파종하여 10.7%의 종자 발아율을 나타내어 143개체를 대상으로 1차 선발을 추진하여 JR0501-03 등 9계통을 선발하여 특성을 계속 조사 중이며 추후 수량성을 검토할 예정이다. 교배조합의 교잡친화성 및 종자발아율 등을 분석한 결과 결실율이 81% 이상되는 조합은 카디날/레드산드라 등 3조합으로 조사되었고 모본을 레드산드라, 카디날 두 품종으로 하여 부분을 다양한 품종으로 교배한 결과 부분의 품종에 따라 결실율이 5.0~96.7%로 많은 차이가 나타났다.

2) 2006년 교배에 의한 신품종 육성계통 전개

최종 교배모본으로 선발된 품종을 가지고 157조합, 3,339화를 교배하여 49.5%의 발아율을 보였고 26,645개의 종자를 파종하여 5,159개가 발아되어 19.4%의 종자 발아율을 나타내었다. 발아된 개체는 분엽 2매시기에 10cm 포트에 옮겨 관리하며 생육특성을 조사 중이다. 교배조합별 결실율과 종자발아율을 교배조합별로 분석하였다. 결실율이 41% 이상 조합은 비탈/샤샤 등 88조합 이었고, 0% 조합은 비탈/롯데로제 등 22조합이었다. 그리고 발아율이 21% 이상인 조합은 노블레스/샤샤 등 50조합이었다. 효율적인 조합구성은 결실율, 발아율이 높고 선발확률이 높아 최종적으로 품종화 할 수 있는 비율이 높은 조합으로 생각할 수 있어 지속적인 자료 축적이 필요하리라 생각된다.

제4장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

세계 3대 절화중 하나이며 우리나라 화훼산업 중 시장성이 가장 큰 작목인 장미에 대한 “RAPD 마커를 이용한 장미 교배조합 예측 fingerprint DB 프로그램 개발과 우수계통 육성”에 대한 연구는 아직까지 육종의 초보단계라고 할 수 있는 국내의 육종산업의 기초연구 및 응용연구에 도움을 주는데 있다.

1. 장미의 fingerprint 기술개발

전남대학교와 전남농업기술센터의 장미 유전자원포장에서 보유하고 있는 유전자원을 이용하여 장미 DNA fingerprint에 적합한 RAPD PCR 조건 탐색 및 다형성을 가진 프라이머 20종 선별하여 누구나 손쉽게 이용할 수 있도록 인터넷 (<http://hanth.jnu.ac.kr>)상에 공개하였다.

장미육종 프로그램에 사용되는 51품종을 집중적으로 RAPD분석 한 결과 유전자원간의 유전적 거리를 측정할 수 있었으며, 이를 이용하여 원거리의 육종자원을 선택하여 보다 **다양한 형질의 변이를 유도 할 수 있어 교배조합 작성법을 개선**하였다.

아울러 이러한 기술을 이용하여 국내육성 우수 품종과 20개체의 자식계통(F_1) 그리고 교배 부모종 사이의 RAPD 마커 분석을 통한 부모본의 추정을 통하여 향후 **half-sib전략을 통한 대량 교배전략**에 도움을 주고 부모본이 정확하지 않은 **외국계 우수 품종의 유전 백그라운드**의 추정이 가능하다. 또한 RAPD 프라이머의 다형밴드를 통한 교배양친 과 자식계통간의 분리비를 조사하여 4배체 장미의 유전자지도 작성의 가능성을 타진하였다. 따라서 미래 장미 유전자지도 작성연구를 통해 장미육종기술의 진보에 크게 기여 할 수 있다고 생각된다.

교배육종 프로그램에서 교배조합의 결정에 도움을 줄 수 있는 체계적인 연구방법은 아직까지 적용되지 않고 있다. 지금까지는 육종가의 직관에 따르는 수준이었기 때문에 본 연구에서 수행한 DNA fingerprint 기술개발은 국제적으로 뒤쳐져 있는 국내 장미육종기술을 한단계 끌어올리게 될 것이다. 이러한 유전연구를 계속하여 좀 더 많은 장미유전자원의 유전적 다양성을 fingerprint화 하여 DB화 작업의 기초 자료로 사용될 예정이다. 또한 본 연구와 관련하여 국내 학회 발표는 원예과학기술지에 “**장미 fingerprint에 적합한 RAPD primer**”에 관한 논문,

“장미 품종개발 저변확대를 위한 방안”의 주제로 2005년 추계한국원예학회에서 구두발표 그리고 “RAPD analysis could distinguish genome septet in rose(2007년 한국원예학회 초록집)”등 4편을 한국원예학회와 한국육종학회 초록집에 발표하였으며, 계속해서 논문을 작성하여 관련학회에 제출할 예정이다.

2. 장미 DNA fingerprint DB용 프로그램 개발

농업에 있어서 육종산업은 농업기술의 척도로 제시되고 있는 세계적인 추세로 볼 때 fingerprint DB를 이용한 우수품종의 단기육종은 우리나라 농업 선진화의 발판이 될 수 있을 것이다. 장미 유전자원의 DNA fingerprint 데이터의 상대적 거리를 측정할 수 있는 프로그램과 DNA fingerprint 패턴들을 간단한 조작을 통해 데이터 베이스화 시킬 수 있는 프로그램을 이용 한다면 누적된 장미 정보를 바탕으로 교배조합간 교배율 이나 발아율 같은 품종간 육종약력 추적 및 교배 조합 검색(<http://flower.jnu.ac.kr>)을 할 수 있다.

본 연구를 통하여 국내에서 처음으로 농업에 이용할 수 있는 DNA fingerprint 인식프로그램인 “밴드마스터” 프로그램을 등록(2006-01-129-003924: 프로그램조정심의 위원회)하였다. 이 프로그램의 새로운 알고리즘인 DNA fingerprint 영상의 힘교정 및 이진화 기술은 특허 출원 예정이다. 이밖에 2편의 포스터(장미 DNA fingerprint영상 인식시스템 개발. 2005. 원예과학기술지; DNA fingerprint인식 프로그램 개발. 2006. 한국작물학회)와 1편의 우수논문상을 받은 구두발표(DNA fingerprint영상의 이진화 및 인식에 관한 연구. 2007. 한국멀티미디어학회) 실적 쌓았다.

3. 신개념에 의한 장미 교배모본 선발 및 우수계통 육성

현재의 품종간의 교배에 의해서는 새로운 화형, 화색 등을 창출하기가 어렵기 때문에 육종계통으로 사용할 수 있는 유전자원에 대한 계속적인 탐색과 수집이 필요하다. 신개념에 의한 장미 교배모본 선발 및 우수계통 육성을 위해서는 먼저 필요한 육종계통 확보를 위해 중간모본 및 육종계통을 만들기 위한 노력이 필요하며 품종간의 교배친화력, 화분발아력, 유전양상 등 기초적인 유전연구가 필요하다. 본 연구를 통하여 품종육성에 중요하다고 판단되는 화형, 화색, 수세, 향기, 가시, 내병성, 다수성 등의 항목을 가지고 스탠다드 46종, 스프레이 10품종을 선발하였으며, 선발된 품종으로 교배조합을 구성하여 자가수분을 실시하였고, 자가수분 S₁ 계통의 전개를

가지고 화색, 향기, 가시정도, 꽃잎수를 모본의 특성과 비교하여 모본의 화색이 다른 화색에 비해 많은 비율을 차지한다는 결과를 얻었다. 또한 국내 최초로 장미 유전자원 중 218종의 장미 화분을 채취하여 정상, 비정상화분을, 화분 발아율을 조사한 결과 화분 발아율이 우수한 상위 품종은 센티나, 마치, 스파이시, 페피타, 친친, 잉카, 스위트허니 등의 품종이었다. “장미 품종 및 형질의 유연관계분석”이라는 내용으로 2004년 한국원예학회 초록집에 발표하였다.

제5장 연구개발결과의 활용계획

1. DNA fingerprint DB 프로그램은 아직까지 세계적으로 개발되지 않은 새로운 개념의 프로그램으로 유전자은행, 육종회사 등 다양한 층에서 필요성이 높다. 따라서 상용화하였을 경우 **국내 바이오 IT 분야에 일조를 할 것으로 예상된다.**
2. DNA fingerprint DB를 이용한 교배조합 결정 프로그램은 육종역사가 짧은 국내 **여러 작물의 육종프로그램에 효율증진**에 도움을 줄 것으로 기대되며 이는 곧바로 노동력 절감으로 이어질 것이다.
3. 결음마 단계인 장미 육종분야에 지속적 투자가 이루어지면 결국에는 수출에 적합한 **경쟁력이있는 장미 품종개발이 가능할 것으로 보인다.** 이는 장기적으로 전 품종을 수입하는 장미시장을 국산장미로 대체할 수 있는 초석이 될 것이다.
4. 본 연구의 결과물을 장미 신품종으로 등록하고 점차적으로 세계경쟁력이 있는 신품종으로 육성 하여 국내 장미 육종 프로그램에 활력을 주고 **농가 소득 향상**에 기여한다. 또한 **장미 육종가들에게 육종기술과 유전정보를 제공할** 할 수 있을 뿐만 아니라 **장미재배가 및 연구 인력의 지속적이고 유기적 관계 유지의 구심점을 구축**하여 육종분야의 활성화를 이룰 수 있다.
5. 장미 유전자원의 정보인 배수성, 염색체수, 화분 발아율, 결실율, 씨앗 발아율, 유전적 다양성, 변이 발생률, 계통 가계도 등과 함께 일반적 식물의 특성 등에 대한 연구기술이 본 시스템을 통하여 **개인 육종가들이 사용할 수 있는 중간 모본의 정보가 체계적으로 정리되어 열람 및 등록 (<http://flower.jnu.ac.kr>)이 가능할 것이다.**
6. 개발된 프로그램은 인터넷을 통하여 세계적으로 공개할 것이며 이는 세계육종 시장에서 우리나라의 위상을 높일 수 있을 것이다. 또한 많은 동·식물유전, 육종샘플작업이 필요한 연구기관이나 회사에 유용하게 사용될 수 있음.
7. 유망 장미품종들을 지속적으로 DB에 추가하여 국내 장미 육종계통의 fingerprint를 서비스 하여 국내 장미육종의 가속화에 이바지할 수 있다.
8. 향후 국내 화훼육종회사와 연결하여 세계에 분포하고 있는 장미 야생종을 수집하여 장미 육종 프로그램에 유전분석적인 개념을 더 할 수 있다.

6장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

1. 일본 경성장미원

- 위 치 : 755, Owadashinden, Yachiyo-Shi, Chiba , 276-0046, Japan
TEL: 81-(0)47-459-0212 (International Division)
- 부지면적 : 10ha, 온실 1ha(장미원 30,000㎡)
- 장미원(30,000㎡)재식주수 : 장미 700종, 7,000주, 수목 200종, 16,000주, 초화 200종
- 조 직 : 조직은 원예부, 화훼부 등에서 1,200명이 근무, 매년 절화, 정원용 장미 1-3품종 개발, 로즈가든 센터 운영
- 주요연구 : 모본의 교배는 주로 3~6월에 하고, 연간 10~12만립의 종자 파종 육성품종 중 시장에 출하 : 절화용 1종/년, 정원용 2-3종/년, 외국 육성종의 현지 시험을 수행함



육종재배 시험장



육종재배 시험장



출하전



경성장미 장미정원 입구



경성장미 장미정원



경성장미 장미정원



경성장미 장미정원



경성장미 출하



경성장미 가든센터



아침 재배실험

2. 오다시장

- 위 치 : 143-0001 東京都大田丘東海 2-2-1
- 구 성 : 경매업자 2개사, 중매업자 20개사, 관련사업자 11개사, 1990년 9월 개장
- 면 적 : 55,604m²(’03년 거래량 166백만엔/일)
- 경매 방법 : 전자식 경매

※ 2003년 오타 화훼시장 취급량 및 금액 (개장일수 309일)

(단위 : 톤/백만엔)

	절화	1일당	분화	1일당	기타	1일당	합계	1일당
수량	535,335	1,732	31,716	103				
금액	31,232	101	12,943	42	7,169	23	51,344	166

- 절화환산(1,000본) 1,021,283/년 3,305/일
- 동경도중앙도매시장 5개시장이 차지하는 거래액의 비율 54%
- 전국의 중앙도매시장 24개시장이 차지하는 거래액의 비율 33.5%

○ 절화 수명 연구

- 온 도 : 25℃
- 습 도 : 60%
- 광 도 : 1,000 lux
- 광주기 : 12시간 암기, 12시간 명기



화훼경매



자동운반 시스템



국화품종전시



장미 운반용 포장박스



컨베이어 시스템



출하전 저장고



절화류 습식저장



절화수명 테스트

3. National Institute of Floricultural Science (NIFS)

- 주 소 : Fujimoto, Tsukuba, Ibaraki, 305-8519
- 인터넷 주소 : <http://flowernaro.affrc.go.jp/>
- 규 모 : 4808m²
- 주 요 연 구 :
 - 유전 생리분야 : 육종기술, 유전육종, 개화생리, 품질연구실
 - 생 산 분 야 : 재배기술, 식물생리, 수확후 기술, 평가기술연구실
 - 육종기술연구실 : 형질전환 및 유전자 조작을 통한 화색조절 연구
 - 유전육종연구실 : 다양한 화훼류의 중간교잡에 의한 고 생산성, 고품질을 위한 육종재료 개발, DNA 마커기술을 이용한 세균저항성 카네이션 육종
 - 화훼생리연구실 : 일부 절화류 개화 저온요구도 및 꽃크기 조절하는 생리적기구의 분석
 - 품질조사연구실 : 향기 발산 조절, 화기 및 절화수명 연구



꽃 향기 테스트



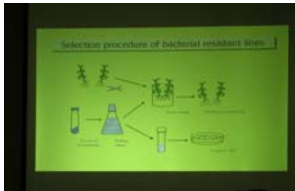
절화수명 테스트



꽃 향기 테스트



화색 조절 관련 설명



형질전환 기술 설명



장미원종 유전자원 포장

4. National Institute of Fruit Tree Science (NIFTS)

- 주 소 : Fujimoto, Tsukuba, Ibaraki, 305-8605
- 인터넷 주소 : <http://fruit.naro.affrc.go.jp/index-e.html>
- 규 모 : 포장 137ha, 건물 47,685m²
- 연구소 역사 : 1902년 국제농업연구센터내 원예부로 1902년 창사, 2003년 국제농업과 생명과학이 중심이 되는 연구기관인 NARO로 재명명 되었음
- 연구분야
 - 온대과수육종 개발(형질전환, 유전자원의 보존 및 이용)
 - 고품질 과수생산(과수 유전자 표현 분석 및 조절, 환경에 대한 생리, 형태적 반응분석, 근권환경 개선)
 - 병, 해충방제(병을 제어하기 위한 식물병원균 기능분석)
 - 국내 과수류 Building Trust를 위한 DNA 추출
 - 리서치 협력과 확대(포장조사를 위한 기술지원, 전정체계)



병해충 방제망 및 방풍림



배 유전자원 포장



배 초생재배 시험 포장



배 초생재배 시험포장

제7장 참고문헌

1. Blackburn, K.B. and T.W.H. 1921. The status of the british rose forms as determined by their cytological behaviour. *Ann. Bot.* 35:159-188.
2. Bradbeer. J.W. 1988. Seed dormancy and germination. Chapman & Hal. New York. p.146.
3. Cap, G.B., P.A. Roberts, I.J. Thomason and T. Murashige. 1991. Embryo culture of *Lycopersicon esculentum* × *L. peruvianum* hybrid genotypes pressessing heat-stable resistance to *Meloidogyne incognita*. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 116:1082-1088.
4. Cap, G.B., P.A. Roberts, I.J. Thomason, and T. Murashige. 1991. Embryo culture of *Lycopersicon esculentum* × *L. peruvianum* hybrid genotypes prssessing heat-stable resistance to *Meloidogyne incognita*. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 116:1082-1088.
5. Coolen, W.A. and G.J. Hendrick. 1972. Investigations on the resistance of roseroot-stocks to *Meloidogyne hapla* and *Pratylenchus penetrans*. *Nematologica* 18:155-158.
6. De Vries, D.P. 1993. The vigour of glasshouse roses. Ph.D. dissertation Wageningen Agricultural University. p.169.
7. Debener, T. and L. Mattiesch. 1998. Effective pairwise combination of long primers for RAPD analyses in roses. *Plant Breeding* 117:147-151.
8. Debener, T. and L. Mattiesch. 1999. Construction of a genetic linkage map for roses using RAPD and AFLP markers. *Theor. Appl. Genet.* 99:891-899.

9. Debener, T., B. Christian, and M. Lore. 1996. RAPD analysis of genetic variation between a group of rose cultivars and selected wild rose species. *Molecular Breeding* 2:321-327.
10. Debener, T., B.V. Malek, L. Mattiesch and H. Kaufmann. 2001. Genetic and molecular analysis of important characters in roses. *Acta Hort.* 547:45-49.
11. Debener, T., C. Battles and W. Spethman. 1997. Parentage Analysis in interspecific crosses between rose species with RAPD markers. *gartenbauwissenschaft.* 62:180-184.
12. Debener, T., M. Linde, and A. Dohm. 2004. The utility of molecular tools for rose breeding and genetics. *Acta Hort.* 630:29-42.
13. Dickinson, H.G. 1994. Self pollination. Simply a social disease? *Nature* 367:517-518.
14. Erlanson, E.W. 1931. Sterility in wild roses and in some species hybrids. *Genetics* 16:75-96.
15. Fernald, M.L. 1950. *Gray's manual of botany.* American Book Company. New York. p.1632.
16. Foster, T.C. and C.J. Wright. 1983. The germination of *Rosa dumetorum* 'Laxa'. *Scientia Horticulturae* 34:116-125.
17. Frank, R.B. and G.B.M. Ana. 2001. RAPD data do not support a second centre of barley domestication in Morocco. *Genet. Res. Crop Evol.* 48:13-19.

18. Frankel, R. and E. Galun. 1977. Pollination mechanisms, reproduction and plant breeding. Springer-Verlag. Berlin. p.281.
19. Gudin, S., L. Arene, A. Chavagnat and C. Bulard, 1990. Influence of endocarp thickness on rose achene germination: Genetic and environmental factors. HortScience 25(7):786-788.
20. Heo, S.J., S.B. Kwon, H.S. Byeon, S.S. Jeong, and K.O. Yoo. 2004. Intraspecific genetic relation of *Wasabia Japonica* Matsum. base on RAPD analysis. Kor. J. Medicinal Crop Sci. 12:31-35.
21. Hong, S.M. and J.C. Koh. 2004. Morphological characteristics and genetic relationship by RAPD marker in *Iris* spp. Kor. J. Plant Biotechnol. 31:19-23.
22. Hubbard, M., J. Delly, S. Rajapakse, A. Abbott, and R. Ballard. 1992. Restriction fragment length polymorphisms in rose and their use for cultivar identification. HortScience 27:172-173.
23. Hurst, C.C. 1925. Chromosomes and characters in *Rosa* and their significance in the origin of species. Experiments in Genetics. 534-550.
24. Jackson, G.A.D. and J.B. Blundell. 1963. Germination in *Rosa*. J.Hort. Sci. 38:310-320.
25. Jan C.H., D.H. Byrne, J. Manhart and H. Wilson. 1999. Rose germplasm analysis with RAPD markers. Hort. Sci. 34:341-345.
26. Kho, Y.O. and J. Bear. 1968. Observation pollen tube by means of fluorescence. Euphytica 17:298-302.

27. Kim, S.Y., Y.G. Sim, S.T. Kwon, and S.M. Oh. 2005. Genetic relationship among *Ostericum Koreaum Kitakawa* collections by RAPD analysis. *Kor. J. Medicinal Crop Sci.* 13:109–113.
28. Krussmann, G. 1974. *rosen*, Parey Verl. Berlin–Hamburg.
29. Krussmann, G. 1982. *Roses*. BT Batsford LTD. London.
30. Laurie, A. and D.C. Kiplinger. 1943. *Culture of greenhouse roses*. Jackson & Perkins Company. Ohio. p.654.
31. Ma, Y., D.H. Byrne, and J. Chen, 1997. Amphidiploid induction from diploid rose interspecific hybrids. *Hort. Sci.* 32:292–295.
32. Ma, Y., M.N. Islam–Faridi, C.F. Crane, D.M Stelly, M.J. Price and D.H. Byrne. 1996. A new procedure to prepare slides of metaphase chromosomes of roses. *Hort. Sci.* 32:292–295.
33. Maney, T.J. 1938. Rose understock breeding for 1938. *Amer. Rose Annual* 24:92–95.
34. Matsumoto, S. and H. Fukui. 1996. Identification of rose cultivars and clonal plants by random amplified polymorphic DNA. *Sci. Hort.* 67:49–54.
35. McCann, S. 1994. *Roses of abroads*. 32–33. *American rose magazine*.
36. Millan, T., F. Osuna, S. Cobos, A.M. Torres, and J.I. Cubero. 1995. Using RAPDs to study phylogenetic relationships in *Rosa*. *Springer–Verlag* 92:273–277.
37. Mohapatra, A. and G.R. Rout. 2005. Identification and analysis of genetic

- variation among rose cultivars using random amplified polymorphic DNA. J. Phys. Sci. 60:611-617.
38. Morey, D. 1956. The use of chemicals in breaking seed dormancy in hybrid roses. American Rose Annual 42:64-68.
39. Morey, D. 1956. The use of chemicals in breaking seed dormancy in hybrid roses. American Rose Annual. 42:64-68.
40. North, C. 1979. Plant breeding and genetics in horticulture. Macmillan press, Ltd. London. p.150.
41. Park, Y.C., M.S. Seong, S.R. Kim, and S.W. Song. 2005. RAPD-mediated genetic relationship analysis of Cymbidium. J. Kor. Flower Res. Soc. 13:25-30.
42. Raghunathachari, P., V.K. Khanna, U.S. Singh, and N.K. Singh. 2000. RAPD analysis of genetic variability in Indian scented rice germplasm (*Oryza sativa* L.). Current Sci. 79:994-998.
43. Ratsek, J.C., W.S. Flory Jr., and S.H. Yarnell. 1940. Crossing relations of some diploid and polyploid species of roses. Proc. Amer. Soc. Hort. Sci. 38:637-638.
44. Rajapaksse, S., D.H. Byrne, L. Zhang, N. Anderson, K. Arumuganathan, and R.E. Ballard. 2001. Two genetic linkage maps of tetraploid roses. Theor. Appl. Genet. 103:575-583
45. Richards, A.J. 1997. Plant breeding systems. 2nd ed. Chapman & Hall. London. p.529.

46. Roverts, V.A. 2003. Encyclopedia of rose science 1. Elsevier Academic Press. Oxford.
47. Torres, A.M., T. Millan, and J.I. Cubero. 1993. Identifying rose cultivars using random amplified polymorphic DNA markers. HortScience 28:333-334.
48. UPOV. 1990. Guidelines for the conduct of tests for distinctness, homogeneity and stability. Rose(*Rosa* L.). UPOV/TG/11/7. International union for the protection of new varieties of plants. geneva. switzerland. p. 32.
49. Wylie, A.P. 1954. Chromosomes of garden roses. Amer. Rose Annual p. 36-66.
50. Wylie, A.P. 1976. Why the Caninae roses different. New Zealand Roses Annual. p. 67-79.
51. Yan, Z.F., C. Denneboom, A. Hattendorf, O. Dolstra, T. Debener, P. Stam, and P.B. Visser. 2005. Construction of an integrated map of rose with AFLP, SSR, PK, RGA, RFLP, SCAR and morphological markers. Theor. Appl. Genet. 110:766-777.
52. 한국원예학회. 1993. 원예학용어집.
53. 순천대학교 농업과학연구소. 2001. 21세기 종자산업의 전망.
54. 국립종자관리소. 2001. 국제식물신품종보호동맹 가입에 따른 종자산업 발전방향 워크샵.
55. 농촌진흥청 원예연구소. 2001. 화훼육종기술.

56. 2003년도 농작물 직무육성 신품종선정 심의자료. 농촌진흥청
57. 金鍾和, 咸鳳柱, 林學奉, 李基哲. 1996a. 無窮花 2倍體 및 4倍體와의 正逆交雜 時未成熟胚 및 異常胚乳發達. 韓國園藝學會誌 37(3):462-467.
58. 김중화, 박훈. 1999. 화색과 향기. 한국 화색 및 향기연구회. Vol. No 1. p. 11-68.
59. 羅容後, 鄭厚燮, 趙鏞涉. 1985. 植物病學. 韓國放送通信大學出版部. p.284.
60. 농림기술개발과제, 2003. 절화용장미 교잡 및 인위돌연변이에 의한 신품종 육성. 전라남도농업 기술원.
61. 농촌진흥청. 1995. 농사시험연구조사기준 P. 398-406
62. 鈴木 省三, 平林 浩. 1982.バラ. 13-33. In: 最新園藝大辭典編集委員會. 最新園藝大辭典 第2卷 B. 誠文堂新光社. 東京. p. 227.
63. 上田 善弘. 1996. 原産と栽培史. 257-265. In: 坂本 尙. 1996. 農業技術大系 花卉編 7. カーネーション/バラ. 農産漁村文化協會. p. 623.
64. 新津 恒良, 沖垣 達. 1984. 細胞生物學. 丸善株式會社. 東京. p. 322.
65. 오용남. 1998. 장미속 식물의 중간교잡을 통한 몇가지 형질의 유전분석. 서울대학교 박사학위 논문
66. 李洙聖. 1982. 十字花科 菜蔬의 自家不和合性과 그의 育種的 利用. 農試總說. p. 460-471.
67. 李昌福, 金潤植, 金鼎 錫. 李偵錫. 1995. 植物分類學, 7판. 鄉文社. 서울. p. 395.

68. 林 勇. 1991.バラ 栽培の新技術(下卷). 誠文堂新光社. 東京. p. 228.
69. 작물별 신품종의 출원 및 심사를 위한 특성조사기준. 국립종자관리소
70. 鄭舜京, 崔柱堅, 韓潤烈, 洪柱完. 1991. 절레'園藝1號'의 種子 休眠期間과 播種 時機別 苗生育特 性에 關한 研究. 農振廳 農試論文集(園藝篇). 33(3):131-135.
71. 정순경. 1996. 장미 품종과 재배현황. 수출용 절화장미 생산기술. 한국화훼연구회. 2-15.
72. 曹章煥, 河龍雄, 柱鳳明. 1993. 遺傳育種學辭典. 光一文化社. 水原. p. 551.
73. 平林 浩. 1996. 育種, 品種開發の動向と展望. p.279-284. In:坂本 尚. 1996. 農業技術大系 花卉編 7 カーネーション/バラ. 農山漁村文化協會. p. 623.
74. 한경철, 김원희, 신영철. 1999. 장미중간 잡종육성 및 육종효율증진 기술개발. 농업특정연구사업 연구보고서. 농촌진흥청.
75. 한윤열, 2002. 장미속식물의 교잡친화성과 교잡후대 유전분석 및 품종육성. 대구카톨릭대학교 박사학위 논문.
76. 許文會, 朴淳直. 1994. 栽培植物育種學. 韓國放送通信大學出版部. p. 439.
77. 홍기영, 장권열, 허문희. 1977. 제9장 교잡육종법. 육종학범론. p. 186-201.
78. 황주광, 백기엽. 1996. 제1회 충북원예산업을 위한 심포지움. 충북대학교. p. 57-90.