

최 종  
연구보고서

돌산갓 CMS(세포질 웅성불임성) 모본 및  
고수량성 F1 품종육성

Breeding of CMS(cytoplasmic male sterility)  
Female Parent and High Yield F1 Cultivars  
in Dolsan Leaf Mustard

연구기관  
순천대학교

농림부



# 제 출 문

농림부 장관 귀하

본 보고서를 “돌산갓 CMS(세포질 융성불임성) 모본 및 고수량성 F1 품종 육성” 과제의 최종보고서로 제출합니다.

2007년 5월 25일

주관연구기관명 : 순천대학교

총괄연구책임자 : 노 일 섭

세부연구책임자 : 노 일 섭

연 구 원 : 이 인 호

연 구 원 : 서 다 영

연 구 원 : 정 은 희

연 구 원 : 정 호 진

연 구 원 : 김 유 미

연 구 원 : 강 지 호

# 요 약 문

## I. 제 목

돌산갓 CMS(세포질 융성불임성) 모본 및 고수량성 F1 품종육성

## II. 연구개발의 목적 및 필요성

갓(*Brassica juncea*,  $n=19$ )은 배추(*B. rapa*,  $n=10$ )와 흑겨자(*B. nigra*,  $n=9$ )간의 복2배체이며, 자가화합성(self-compatibility) 작물이다. F1을 합성하기 위해서는 세포질융성불임성(CMS)을 이용할 수 있으며, 우리나라의 경우 F1 품종이 없다. 그러나 인도에서는 겨자용 F1 품종이 육성된 사례가 있다. 우리나라의 남부지역에서 재배되고 있는 「돌산갓」은 일본 高菜(タカナ, 다까나) 품종인 ‘만생평경대엽고채’가 1950년대 초에 여수시 돌산지역에 도입되어 재배된 것으로 재래갓(청갓, 적갓)과의 외형적 특성 및 맛의 차이가 뚜렷하고 지역토성에 알맞아 재래시장에 출하됨으로써 「돌산갓」으로 명명되었다. 일본에서는 「돌산갓」류를 大芥, 五月菜 또는 タカナ(다까나)라고 부르고 있으며, 잎이 크고, 넓고, 두꺼운 특징이 있다. 옛 품종으로는 柳河タカナ, 三池タカナ, 石川タカナ, 長崎タカナ, 大葉タカナ, 青葉タカナ, 廣島紫タカナ 등이 있다. 「돌산갓」은 특소는 매운맛이 적고 섬유질이 거의 없어 부드러우며, 잎 이면과 줄기에 가시(잔털)가 없다. 「돌산갓」의 꽃눈 분화 및 추대는 온도보다 일조시간에 크게 영향을 받고 고온장일에서 촉진되며, 가을과 중 채배시 일반채소보다 추대 개화가 늦지만 봄채배는 일찍 추대되고, 저온에 접하지 않고도 추대되는 특성이 있고, 「돌산갓」은 다른 배추과 작물에 비해 산성에 약하고 월동기 토양이 건조하면 내한성이 약해져 동해를 받기 쉽다.

산지에서는 자가채종 및 종자혼입(매개화분의 오염)에 의해 품질저하가 초래되고 있으며, 채종체계가 확립되어 있지 않고, 「돌산갓」김치 가공시에 갓 생엽원료의 불균일화 및 성분의 차이로 균일한 상품의 생산이 불가능하며, 소비자의 향의가 끊이지 않고 있으며, 산지 농민의 일본 수입품종 선호로 종자대가 증가되고 있다. 또한 봄작기용 만추성의 돌산갓 품종 등 작기분화형 F1 품종육성이 시급하며, 용도 적합형 품종(예, 잎의 형태, 매운맛 정도, 음료용, 계절별 김치용 등) 육성이 요망된다.

국내 민간 종묘회사에서는 순계를 분리하여 근교계 채종을 하고 있다. 즉 시판되는 갓 및 「돌산갓」 품종은 일반종으로 F1 품종이 아니며, 소규모 재배농가의 자가채종 및 종자관리의 소홀로 종자퇴화, 순도저하 및 혼종으로 F1 품종의 육성, 채종체계의 확립 및 용도적성용 종자보급이 요구된다. 민간 종묘회사에서 F1 품종을 육성하지 않는 이유는 경제적인 문제로 생각되며 또한, 「돌산갓」 재배산지 및 가공관련 업체가 국한되어 있는 문제로 현지에서 발생되고 있는 F1 품종 육성의 시급함을 인지하지 못하고 있는 실정이다. 국외의 경우 갓의 품종은 주로 거자용 용도로 육성하기 때문에 갓 김치용 F1 품종의 육성이 요구되는 우리나라의 사정과 다르고 일본의 高菜(タカナ, 다까나) 품종을 20여 품종 수집하여 세포질웅성불임성(CMS) 여부를 검토하였으나 모든 품종에서 정상적인 화분이 존재하였다.

「돌산갓」 F1 품종 육성 방법에는 세포질웅성불임(CMS)계 이용법, 자가불화합성 유전자의 형질전환법 및 교배에 의한 자가불화합성(SI) 인자 도입법 등이 있으나, 세포질 웅성불임계 이용법이 가장 효율적이고 적합한 방법이라고 생각된다.

본 연구는 「돌산갓」 관련 산업의 당면과제를 육종측면에서 해결하고자 2004년부터 갓(*B. juncea*)의 1) CMS 유전자원 및 국내외 재래종 계통/품종의 수집, 2) 국내 수집종 및 도입종의 형질 분석, 3) 봄작기용 만추성 품종 선발, 4) 반복친의 광합성 효율 분석, 5) 양·질적 및 RAPD 분석에 의한 유연관계 분석, 6) CMS의 분자적 특징 조사, 7) 우량 CMS 모본 육성, 8) CMS 모본을 이용한 BCF1 육성 및 잡종강세 분석 등을 수행하였다.

### Ⅲ. 연구개발 내용 및 범위

구 분	연구 개발 목표	연구개발 내용 및 범위
1차년도 (2004년)	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 갓의 CMS(A친) 계통 탐색 및 확보</li> <li>○ CMS 모본 육성을 위한여교잡용 용도 적합 계통/ 품종 확보</li> <li>○ B친(2호친, MF)용 고정계통 육성 및 우량 계통 선발</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>B. juncea</i>(CMS) 분양</li> <li>- 고수량성 고채품종 도입</li> <li>- 만추대성 고채품종 도입</li> <li>- 보유 77계통/품종의 자식종자 획득</li> </ul>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ B친의 형질 및 재배특성 분석</li> <li>○ 여교잡에 의한 BC3F1 세대 작성 및 선발</li> <li>○ F1 채종을 위한 조합 작성 및 교배</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 보유 77계통/품종의 용도 적성 평가 및 우량계통 선발</li> <li>- 보유 77계통/품종의 엽형, 추대성, 성분 및 수량성 조사</li> <li>- 보유 BC2F1 종자의 파종 및 선발(A친 2종, B친 17계통)</li> <li>- BC3F1 종자 획득(고수량성 및 만추성 포함)</li> <li>- 보유 B친 중 20조합 작성</li> </ul>
2차년도 (2005년)	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ B친(2호친, MF) 고정 계통 육성 및 우량계통 선발</li> <li>○ B친의 형질 및 재배 특성 분석</li> <li>○ 여교잡에 의한 BC3F1, BC4F1세대 작성 및 선발</li> <li>○ F1 채종을 위한 조합 작성 및 교배</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 보유 77계통/품종의 용도 적성 평가 및 우량계통 선발</li> <li>- 보유 77계통/품종의 엽형, 추대성, 성분 및 수량성 조사</li> <li>- B친의 광합성 효율분석</li> <li>- BC3F1 종자의 파종 및 선발 (봄작기, A친 2종, B친 17계통)</li> <li>- BC4F1 종자의 파종 및 선발 (가을작기, A친 2종, B친 17계통)</li> <li>- 계통선발(고수량성 및 만추성)</li> <li>- 보유 B친 중 38조합 작성</li> </ul>
3차년도 (2006년)	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 여교잡에 의한 BC5F1세대 작성 및 선발</li> <li>○ F1 채종을 위한 조합작성</li> <li>○ F1 채종체계 확립</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- BC5F1 종자획득 및 우량개체 선발(A친 2종, B친 17계통)</li> <li>- 조합작성 및 조합능 검정</li> <li>- CMS채종법 확립</li> <li>- 채종량 및 종자 순도 검정</li> </ul>

#### IV. 연구개발 결과 및 활용에 대한 건의

본 연구는 돌산갓 김치의 표준화를 위하여 세포질웅성불임성을 이용한 F1품종 육성을 목적으로 수행하였다. 그 결과는 다음과 같다.

1. 김치 제조용 갓 24종의 양적 형질을 조사하였으며, 주성분 분석을 통하여 유사성 정도를 분석하였다. 주성분 분석 결과 생체중, 건물중, 엽장, 엽수의 누적 기여도가 높게 나타났으며, 이 4가지 요인만으로도 24종의 유연관계를 분석할 수 있었다. 또한 수량면에서 가장 우수한 종으로 “Goheung Dongil”을 선발하였다. RAPD분석에 의해 24종간의 DNA 다형성 정도와 유전적 유연관계를 검토하였다. DNA 다형성을 나타내는 4종의 primer를 선발하였으며, RAPD 표지 12개를 선발하여 계통/품종 식별의 단서를 마련하였다. UPGMA 분석에 의해 갓24종은 5개의 군으로 분류되었으며, 각 수집종간의 유전적 유사도를 확인 할 수 있었다. 그러나 양적형질 분석에서 유전적 거리가 가깝게 나타난 종들이 반드시 RAPD 분석결과와 일치하지는 않았다. 실험결과 얻어진 양적형질, 형태적 특징 및 RAPD분석에 의한 유사도 결과는 세포질 웅성불임성을 이용한 F1 생산의 기초자료로 이용할 것이다.
2. 봄작기 만추성 계통/품종으로써 “三池高菜”, “적겨자”, “赤大葉高菜”, “三池大葉縮緬高菜”, “장흥군 안양면”, “돌산갓(중앙)” 등을 선발하였다. 또한 가을 작기의 조추성 계통/품종은 “양평 용문”, “평창 진부”, “ 85-39-7(제주갓)”, “85-39-20(진부갓)”, “PI 173857”, “PI 180417”, “Stalingrad”, “S-300”, “KEOTALIA LOCAL”, “BIRGUNJ LOCAL”, “Raya prakash”. “Mustard Karanti”. “Mustard Varuva”. “Leth 22A”, “Domo”, “Rayo”등 임을 알았다.
3. 갓 외국 도입종 및 국내 수집종 총 24계통/품종에 대하여 형태적 특성을 조사하였고, 유연 관계 및 주성분 분석을 실시하였다. 주성분 분석에 있어서 총 생체중(제1), 총 건물중(제2), 지상부 생체중(제3), 엽장(제4)으로 80.5%의 전체 정보를 해석할 수 있었다. Eigen value가 1이상인 주성분을 토대로 24계통/품종은 7개 그룹으로 분류되었으며, 그룹별 종수는 I 군이 1종, II 군이 6종, III 군이 5종, IV 군이 3종, V 군이 3종, VI 군이 4종, VII 군이 2종으로 분류되었다. 또한 12개의 F<sub>1</sub> 조합능 검정용 교배조합 중 Sanchiohbachirimen takana A×Akaohba takana, Goheung namyang×Sanchiohbachirimen takana A 및 Goheung namyang×Akaohba takana 조합에서 잡종강세가 크게 나타났다. 고

수량성 및 김치 품질육성을 위한 친능성이 높은 교배친으로 Sanchiohbachirimentakana A와 Akaohba takana가 선발되었다.

4. 총광합성율의 변이는 순광합성율에 호흡율을 더해서 구한 것으로 계통간 변이는 순광합성율과 대동소이하였으며 rosetteness는 초장, 초고 그리고 SLA와는 고도로 유의한 정의 상관을 보여 초장 및 초고가 클수록 잎의 부착밀도가 낮고 잎이 넓은 것으로 나타났다. 식물의 지상부 성장량은 호흡율에 의해 보다 크게 영향을 받는 것으로 나타났는데 이는 호흡이 잎 뿐 아니라 줄기에서도 일어나는데 기인한 것으로 사료된다. 그리고 엽의 부착밀도가 낮은 계통들이 지상부 생육이 좋았는데, 이것은 광합성율을 높이기 위해서는 SLA가 큰 즉, 잎이 넓은 계통을 선발하는 것이 유리함을 말해 준다.
5. orf138 근방에 존재하는 *orfB*에 의하여는 CMS와 normal간에 차이가 없었다. *atpA*는 4종의 CMS(Jasai, Donshaja, Anand 및 Komatsuna)가 normal보다 큰 size로 증폭되었다. Ogura CMS의 마커인 orf138에 의해 Komatsuna CMS에서 PCR산물이 증폭되었으며, Polima CMS 특이적 마커인 *orf220*, *orf222*, *orf224*에 의하여 Jasai, Donshaja 및 Anand CMS에서 PCR산물이 증폭되었다. 즉 본 실험에서 사용한 CMS 2종은 모두 polima 형인 것을 알 수 있었다. 웅성가임 계통/품종과 Jasai CMS 및 Donshaja CMS간의 세포질 유전자의 차이를 분석하고자 32종의 primer를 이용하여 PCR-RFLP분석을 하였다. 사용한 제한효소는 6염기 인식의 *Hinf* I 과 4염기 인식의 *Hae* III, *Hap* II, *Afa* I 이었다. 그 결과, 웅성가임 개체와 2종의 CMS간에 차이를 나타내는 primer 및 제한효소는 *nad2-HaeIII* 이었으며, 2종 CMS간에 차이를 나타내는 primer 및 제한효소는 *atp1-Hap* II, *atp6-Hae* III, *atp6-Hap* II, *coxII-Hinf* I, *coxII-Hae* III, *ccb203-Afa* I, *rpl2-Hap* II, *rpl2-Afa* I, *rrn26-Hap* II, *rps12-Hap* II 이었다.
6. 여교잡에 의하여 Jasai CMS BCF1 22종(BC3F1 1종, BC4F1 3종, BC5F1 4종, BC6F1 14종) 및 Donshaja CMS의 BCF1 22종(BC3F1 2종, BC4F1 2종, BC5F1 8종, BC6F1 10종)을 육성하였다. 또한 반복친과 CMS BCF1간의 화기 및 꼬투리 구조를 비교하였다. 그 결과, 대부분의 resultant BC3F1 정도에서 초세 및 잎의 형태는 육안으로 구분을 할 수 없을 정도로 반복친과 유사하게 되었다. 그러나, 반복친에 따라 CMS BCF1의 화기구조 및 꼬투리 형태가 상이함을 알았다.

7. F1종의 잡종강세를 조사하기 위하여 Jasai 및 Donshaja CMS를 이용하여 F1 조합능 검정을 실시하였으며, 형질별 잡종강세, 초잡종강세 및 표준잡종강세를 분석하였다. 모든 조합에서 잡종강세가 나타났으며, 생체중, 엽면적 및 초장은 강세율이 높게 나타났다. 또한, 일반적으로 Jasai CMS가 Donshaja CMS보다 강세율이 높았다.

# SUMMARY

## I. Title

Breeding of CMS(cytoplasmic male sterility) Female Parent and High Yield F1 Cultivars in Dolsan Leaf Mustard

## II. Goal and necessity of the study

*Brassica juncea* is a major oilseed crop of the Indian subcontinent covering more than five million hectares during the winter growing season. It is also grown in Australia, China, Canada, Japan and Korea. Due to its ability to grow well under low moisture conditions, *B. juncea* is being developed as a replacement crop for *B. rapa* in the South region of Korea. *B. juncea* is cross-fertilization. Cultivar improvement in *B. juncea* has been mostly done by breeding methodologies for self-fertilized grain crops. There are many Japanese cultivars such as Yanagawaohchirimen takana, Sanchiohbachirimen takana, Unzenketkyu takana, Unzenkobu takana, Nagasaki takana, Akaohba takana, Gaeryangkwangkyong takana, Shinkokuseisai, Hakarasina, Yamakataseisai. It was called "Takana" in Japan. "Takana" was introduced from Japan to Korea in 1950'. And it's leaf and stem were used Kimchi materials from now. Heterosis breeding could be used enhancing crop productivity in *Brassica juncea*, a major oilseed crop of the Indian subcontinent. Divergent gene pools and their possible potential for heterosis breeding has already been shown in *B. juncea*. However, beside the identification of suitable combiners, a pollination control mechanism for the production of hybrid seed on a large scale is also required. Cytoplasmic male sterility (CMS), a phenotypic manifestation of incompatibility between nuclear and cytoplasmic genomes, is a maternally inherited trait that has been successfully exploited as an effective pollination control mechanism for the production of hybrid seed in many crop plants. However, it has not been possible to exploit these alloplasmic CMS systems effectively for heterosis breeding, either due to chlorosis and floral abnormalities in the CMS lines or due to lack lines within *B. juncea* which could restore male fertility of the CMS lines. For many of the alloplasmic CMS systems, which were corrected for floral abnormalities and chlorosis by

somatic hybridization, attempts have also been species which have been the cytoplasm-donors. Most of the attempts to transfer restorer functions from the cytoplasm donor species have been beset with the problem of linkage drag.

In this paper we present the result of three years of experiments on leaf mustard(*B. juncea*) designed to study.

1. collection of genetic resources for F1 using CMS system.
2. analysis of quantitative and qualitative characters.
3. extent of diversity amongst some selected leaf mustard.
4. selection of late-bolting type for spring cultivation type.
5. analysis of Photo.synthesis efficiency in recurrent parent.
6. analysis of genetic relationship among various species.
7. analysis of molecular characteristics in two CMS lines.
8. heterosis for yield with a major emphasis on discerning the contribution of different component characters that are contributing towards yield.
9. performance of some of the selected hybrids at the field level.

### III. Content of research & development and its range

Years	Sub-subject	Content of research & development and its range
2004	o Collection of CMS line	- develope of CMS leaf mustard lines
	o Matainer collection of CMS female parent for backcross	- Itroduction of high-yield cultivars - Itroduction of late-bolting type cultivars
	o Selection of excellent line and breeding of inbreeding line for B line(male fertility)	- Obtaining of selfing seeds in 77 line/cultivars - Selection of excellent line and estimation for purpose adaptation
	o Analyses of some characters and cultivation characteristics	- Investigation of leaf type, chemical component, yielding etc.
	o Breeding of BC3F1 by backcross	- Sowing and selection of BC2F1 - Obtaining of BC3F1 seeds

2005	<ul style="list-style-type: none"> <li>o Selection of excellent line and breeding of inbreeding line in B line</li> <li>o Analyses of some characters and cultivation characteristics in B line</li> <li>o Breeding of BC3F1 and BC4F1 by backcross</li> <li>o Cross and combination test for F1 production</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Selection of excellent line and estimation for purpose adaptation</li> <li>- Investigation of leaf type, chemical component, yielding etc.</li> <li>- Analysis of Photo.synthesis efficiency</li> <li>- Sowing and selection of BC3F1 and BC4F1</li> <li>- Selection of lines(high-yield, late-bolting type)</li> <li>- Cross of 38 combinations among B lines</li> </ul>
2006	<ul style="list-style-type: none"> <li>o Selection and breeding of BC5F1 by backcross</li> <li>o Test of combining ability for F1 seed harvesting</li> <li>o Developing of F1 seed harvesting system</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Obtaining of BC5F1 seeds and selection of excellent plants</li> <li>- Crossing of combinations</li> <li>- Test of combining ability</li> <li>- Developing of F1 seed harvesting system</li> <li>- Test of seed harvest yielding and purity</li> </ul>

#### IV. Results of research & development and suggestions for utilization

Through analysis of some characters and molecular information of the recurrent parent and CMS lines in leaf mustard, we wish to secure F1 hybrids. And, this research performed using the CMS system development for F1 hybrid production. The results were as follows.

1. The characteristics of 24 leaf mustard (*Brassia juncea*) accessions were

analyzed using quantitative characters and principal component analysis. Cumulative contribution of fresh weight, dry weight, leaf length and number of leaf showed high volume by the principal component analysis. The genetic relationship among 24 accessions can be analyzed by these four characters. And the GoheungDongil was selected for best excellent accessions in only yield side. RAPD analysis was used to determine the DNA polymorphism and genetic relationship among 24 accessions. Four random primers were selected by which 12 polymorphic bands showed polymorphism. By using UPGMA cluster analysis 24 accessions were separated into five groups. However, the results that showed very close relationship in quantitative character analysis were not constantly agreed with RAPD analysis. The results of quantitative analysis and application of the 12 RAPD markers are available for the F1 hybrid production by using cytoplasmic male sterility of leaf mustard.

2. Sanchi takana, Aka takana, Akaoba takana, Sanchiohbachirimmen takana, Jangheung Anyang and dolsangat were selected for late-bolting type leaf mustard in spring cultivation season. And, Yangpyong youngmun, Pyongchang jinbu, 85-39-7(Jejugat), 85-39-20(Jinbugat), PI 173857, PI 180417, Stalingrad, S-300, KEOTALIA LOCAL, BIRGUNJ LOCAL, Raya prakash, Mustard Karanti, Mustard Varuva, Leth 22A, Domo and Rayo were selected for early-bolting type line/cultivars in autumn season.
3. To examine taxonomic relationships among 24 leaf mustard allies derived from domestic collections and introduced species, principal component analysis (PCA) and cluster analysis on 16 morphological characters were carried out. Of 16 characters, total fresh weight, total dry weight, shoot fresh weight and leaf length were useful characters for understanding of taxonomic relationships among them. Results of cluster analysis using scores of the principal components indicated that 24 leaf mustards could be grouped into domestic collections and introduced species at 1.0 of average distance in UPGMA. Moreover, in experiment of F1

recombination test, heterosis appeared greatly in Sanchiohbachirimen takana A×Akaohba takana, Goheung namyang×Sanchiohbachirimen takana B, and Goheung namyang×Akaohba takana cross combinations. Sanchiohbachirimen takana A and Akaohba takana have a high parent combining ability for breeding of cultivar using cytoplasmic male sterility.

4. The variation of gross Photo.synthetic ratio that net Photo.synthetic ratio plus respiratory quotient, was all much the same net Photo.synthetic ratio, rosette was exposed sparsely and thinly go on increasing in leaf length, plant height. The growth increment of aerial part was affected on respiratory quotient caused by leaf respiration, stem respiration. The growth of aerial part was good on strains of leaf sparsely, this means selection of thinly leaf was advantageous caused by SLA.
5. CMS research and hybrid breeding have not been so much done in *Brassica juncea*. We have developed stable CMS lines in leaf mustard, and studied on CMS characterization. As the results, the CMS stability and the applicability were hopeful for our new materials for F1 hybrid production. In this study, we focused on the molecular characterization and application to hybrid breeding using the new line with maintainer. *AtpA* and *orf220*, *orf222*, *orf224* were specific for CMS line, not for maintainer and fertile cultivars markers are found as convenient and sure molecular markers with morphological characteristics, especially petaloid type of CMS flower organ even in the F1 hybrid with leafy mustard. Furthermore, to know more precise polima type, PCR amplification and the sequencing were conducted in MF and CMS. The indicator *orf220* is lost of 6 bases (2 amino acids) from *orf222*. And normal fertile and leafy mustard have about 300bp deficient showing the high homology in each other with other species. From this part we are extending the sequences to make clear the full genome analysis. At the same time, introduction the stable and complete CMS character to leafy mustard and/or hybrid vigor expression has been studied for the

application.

6. Twenty two BCF1 resultants were developed in each Jasai CMS and Donshaja CMS. And, the flowers and pods were compared between recurrent parent and CMS BCF1. As a results, the plant type and leaf morphology were similar to recurrent parent and CMS resultants in BC3F1. However, the morphology of flowers and pods in CMS BCF1 resultants was different from following recurrent parents.
7. To select and evaluate F1 hybrids utilizing inbred lines of Jasai CMS and Donshaja CMS. F1 hybrids between CMS lines and normal inbred of paternal plant showed uniform growth and characteristics. There were significant correlations between fresh weight per plant and fresh weight, dry weght, leaf area, leaf height, leaf diameter, nember of leaves of parents plants. Both Jasai CMS and Donshaja CMS was superiority leaf diameter of hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing CMS and standsard cultivars. There were significant differences in plant F1 hybrid Jasai CMS and Donshaja. Generally Jasai CMS was superiority more than Donshaja CMS of F1 hybrid. These F1 hybrid could be recommended for saving labor in producing seed having uniform growth and characteristics.

# CONTENTS

<b>Chapter 1. General Introduction</b> .....	<b>21</b>
Section 1. Purpose and category of study .....	21
Section 2. Necessity of study .....	22
<b>Chapter 2. Trend of Research</b> .....	<b>25</b>
Section 1. Processing extent of research in the inside and outside of country .....	25
Section 2. View of future research .....	27
<b>Chapter 3. Contents and Results of the Study</b> .....	<b>29</b>
Section 1. Selection of excellent line/cultivars and analysis of genetic similarity of Dolsan leaf mustard based on some characters and RAPD analysis .....	29
1. Introduction .....	29
2. Materials and methods .....	30
3. Results and discussion of the study .....	34
A. Analyses of genetic relationship by quantitative and qualitative characters	
B. Analyses of genetic relationship by RAPD methods	
Section 2. Analyses of bolting habits in leaf mustard .....	41
1. Introduction .....	41
2. Materials and methods .....	43
3. Results and discussion of the study .....	43
A. Selection of late-bolting type lines/cultivars in spring cultivation season	
B. Selection of late-bolting type lines/cultivars in autumn cultivation season	
Section 3. Analysis of characteristics and test of combining ability in leaf mustard allies .....	55
1. Introduction .....	55

2. Materials and methods .....	56
3. Results and discussion of the study .....	58
A. Analyses of principal componenet and quantitative characters	
B. Test of F1 combing ability	
Section 4. Correlation between Photo.synthesis efficiency and variation of growing characters .....	65
1. Introduction .....	65
2. Materials and methods .....	65
3. Results and discussion of the study .....	67
A. Variation among characters	
B. Correlation relationship among characters	
C. Relationship among growing yield, Photo.synthesis ratio of canopy and respiration ratio	
Section 5. Analysis of molecular characteristics in recurrent parent and CMS lines .....	75
1. Introduction .....	75
2. Materials and methods .....	78
3. Results and discussion of the study .....	78
A. Detection of CMS specific bands	
B. Analysis of cytoplasmic genes in MF and CMS	
Section 6. F1 heterosis using cytoplasmic male sterility in leaf mustard ..	129
1. Introduction .....	129
2. Materials and methods .....	129
3. Results and discussion of the study .....	129
A. Comparison of morphology between Jasai CMS and Donshaja CMS	
B. Analyses of flowers and pods	
Section 7. F1 heterosis using cytoplasmic male sterility in leaf mustard ..	151
1. Introduction .....	151
2. Materials and methods .....	152
3. Results and discussion of the study .....	153

<b>Chapter 4. Achievement Degree and Contribution to Related Fields</b> .....	<b>167</b>
Section 1. Achievement degree of research and development toward goals	
Section 2. Contribution to related fields	
<b>Chapter 5. Utilization Plans from Results of Research and Development</b> ..	<b>171</b>
<b>Chapter 6. Science &amp; Technology Information of Foreign Countries</b> ....	<b>173</b>
<b>Chapter 7. References</b> .....	<b>175</b>



# 목 차

제 1 장	연구개발과제의 개요 .....	21
제 1 절	연구의 목적 및 중요성 .....	21
제 2 절	연구개발의 필요성 .....	22
제 2 장	국내·외의 연구동향 .....	25
제 1 절	국내·외의 관련연구의 기술현황 .....	25
제 2 절	연구의 전망 .....	27
제 3 장	연구개발수행 내용 및 결과 .....	29
제 1 절	형질 및 RAPD 분석에 의한 돌산갓의 유연관계 검토 및 우량계통/품 종 선발 .....	29
1.	서론 .....	29
2.	재료 및 방법 .....	30
3.	결과 및 고찰 .....	34
가.	양·질적 형질조사 및 유연관계 분석	
나.	RAPD 분석 및 유연관계 분석	
제 2 절	갓의 국내 수집종, 외국도입종의 및 CMS 교배종의 추대성 .....	41
1.	서론 .....	41
2.	재료 및 방법 .....	43
3.	결과 및 고찰 .....	43
가.	봄작기 만추성 갓 계통/품종 선발	
나.	가을작기 만추성 갓 계통/품종 선발	
다.	CMS 교배종 및 유지친의 추대성	
제 3 절	갓의 국내 수집종 및 도입종의 주성분 분석 및 F1 조합능 검정 .....	55
1.	서론 .....	55
2.	재료 및 방법 .....	56
3.	결과 및 고찰 .....	58
가.	양적 형질조사 및 주성분 분석	
나.	F1 조합능 검정	

제 4 절	갯 품종의 광합성 효율과 생육형질 변이간의 상관	65
1. 서론		65
2. 재료 및 방법		65
3. 결과 및 고찰		67
가.	생육형질들의 변이	
나.	조사형질들 간의 상관관계	
다.	갯의 성장량, canopy 광합성을 그리고 호흡율과의 관계	
제 5 절	반복친 및 CMS(Jasai 및 Donshaja) 모본의 분자적 특성 분석	75
1. 서론		75
2. 재료 및 방법		78
3. 결과 및 고찰		78
가.	CMS 특이적 밴드	
나.	웅성가임 계통/품종과 Jasai CMS 및 Donshaja CMS간의 세포질 유전자 차이 분석	
제 6 절	반복친과 CMS(Jasai 및 Donshaja) 모본간의 형태적 특성 비교	129
1. 서론		129
2. 재료 및 방법		129
3. 결과 및 고찰		129
가.	Jasai 및 Donshaja CMS의 형태적 특성 비교	
나.	BCF1의 화기구조 및 꼬투리 분석	
제 7 절	세포질웅성불임성을 이용한 돌산갯의 F1 잡종강세	151
1. 서론		151
2. 재료 및 방법		152
3. 결과 및 고찰		153
<b>제 4 장</b>	<b>목표달성도 및 관련분야에의 기여도</b>	<b>167</b>
제 1 절	연구개발목표의 달성도	167
제 2 절	관련분야의 기여도	168
<b>제 5 장</b>	<b>연구개발결과의 활용계획</b>	<b>171</b>
<b>제 6 장</b>	<b>연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보</b>	<b>173</b>
<b>제 7 장</b>	<b>참고문헌</b>	<b>175</b>

# 제 1 장 연구개발과제의 개요

## 제 1 절 연구의 목적 및 중요성

### 1. 연구개발의 목적 및 중요성

갯(*Brassica juncea*,  $n=19$ )은 배추(*B. rapa*,  $n=10$ )와 흑겨자(*B. nigra*,  $n=9$ )간의 복2배체 작물이며 자가화합성(self-compatibility) 작물이다. 자가화합성 작물이기 때문에 세포질 응성불임성(CMS)을 이용하여 F1 품종을 육성할 수 있으며, 우리나라와 일본의 경우 갯의 F1 품종이 없으나, 인도의 경우 겨자용 F1 품종이 육성된 사례가 있다고 전해지고 있다. 「돌산갯」은 일본 高菜(タカナ, 다까나) 품종인 ‘만생평경대엽고채’가 1950년대초에 여수시 돌산지역에 도입되어 재배된 것으로 재래갯(청갯, 적갯)과의 외형적 특성 및 맛의 차이가 뚜렷하고 지역토성에 알맞아 재래시장에 출하됨으로써 「돌산갯」으로 명명되었다. 일본에서는 「돌산갯」류를 大芥, 五月菜 또는 タカナ(다까나)로 부르고 있으며, 잎이 크고, 넓고, 두꺼운 특징이 있음. 옛 품종으로는 柳河タカナ, 三池タカナ, 石川タカナ, 長崎タカナ, 大葉タカナ, 青葉タカナ, 廣島紫タカナ 등이 있다.

한편, 일반갯은 줄기와 잎이 자색 또는 녹색을 띠고 잎 이면에 가시가 많고 거친 모양이나, 「돌산갯」은 줄기와 잎색이 녹색이며 잎살이 많고 잎줄기는 넓고 두꺼우면서 잎면에 약간의 주름이 있다. 이와는 달리 「돌산갯」은 특소한 매운맛(sinigrin-glucosinolate)이 적고 섬유질이 거의 없어 부드럽고 잎 이면과 줄기에 가시(잔털)가 없으며, 꽃눈 분화 및 추대는 온도보다 일조시간에 크게 영향을 받고 고온장일에서 촉진된다. 가을과종 재배시 일반채소보다 추대 개화가 늦지만 봄재배는 일찍 추대되고, 저온에 접하지 않고도 추대되는 특성이 있다.

최근 돌산갯」의 재배면적 확대 및 생산량의 증가와 더불어 농협, 영농조합법인의 생산자조합 단체와 일반 제조업체의 돌산갯김치 가공업 참여로 부가가치가 향상되고 있다.

따라서 본 연구에서는 「돌산갯」 관련 산업의 당면과제를 육종측면에서 해결하고자 1) CMS 유전자원 및 국내외 재래종 계통/품종의 수집, 2) 국내 수집종 및 도입종의 형질 분석, 3) 봄작기용 만추성 품종 선발, 4) 반복친의 광합성 효율 분석,

5) 양·질적 및 RAPD 분석에 의한 유연관계 분석, 6) CMS의 분자적 특징 조사, 7) 우량 CMS 모본 육성, 8) CMS 모본을 이용한 BCF1 육성 및 잡종강세 분석 등을 수행하여 갯의 F1 체종체계를 확립하고자 하였다.

## 제 2 절 연구개발의 필요성

### 1. 기술적 측면의 필요성

1) CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 자가채종 및 종자혼입(매개화분의 오염)에 의해 야기되는 품질저하를 방지할 수 있고, 체종체계가 확립되면 재배농민은 값싼 종자를 이용할 수 있다.

2) CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 돌산갯 김치 가공시에 갯 생엽원료의 불균일화 및 성분의 차이로 발생하는 불균일한 상품의 생산이 해소될 것이다.

3) 현재는 산지 농민들이 일본 수입품종을 선호하여 종자대가 차지하는 생산비가 높으나, CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 저렴하게 국내종자를 이용할 것이다.

4) 봄작기에는 대부분의 돌산갯 품종들이 추대가 되어 상품의 질을 저하시키고 있으나, 만추성의 돌산갯 F1 품종이 육성되면 작기별로 품종을 선택할 수 있게 될 것이다.

5) 작기적합형 품종, 매운맛 정도가 다른 품종 및 sinigrin 추출용 품종 등의 용도 적합형 F1품종이 육성되면 갯 관련 산업의 활성화가 촉진될 것이다.

본 실험은 갯의 CMS(세포질 웅성불임성) 모본을 육성하여 돌산갯의 F1 품종 육성 및 만추성·고수량성 등의 용도 적합형 품종 육성의 소재로 활용할 수 있으며, 미토콘드리아 및 엽록체로부터 아직 미비한 갯의 세포질웅성불임성 연구를 진척시키고자 한다.

### 2. 경제·산업적 측면의 필요성

1) CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 외래종자 수입비의 감소로 농가의 소득증대가 예상된다. 현재는 대부분의 농민이 비싼 외래종자를 구입하여 2-3세대 자식

종자까지 농사를 짓고 있다.

2) CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 돌산갓 김치의 브랜드화가 촉진됨. 즉 CMS F1 품종은 자가채종 종자와 차별화되어 용도별 부가가치가 상승할 것이다.

3) 다양한 용도의 세포질 융성불임성 모본이 육성되면 돌산갓 김치 관련 산업의 발달이 촉진되고, 지방 특산품의 브랜드화가 촉진될 것이다.

4) CMS를 이용한 F1품종은 heterosis가 일어날 것이 예상되며 이는 생엽수량의 증대와 더불어 생산성이 향상될 것이다.

5) 연 3기작 이상의 포장에서 연작장해가 나타나 생체의 품질 및 수량성이 저하되고 있으므로 작기별로 적용 F1 품종을 변경하여 재배할 수 있다.

6) CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 수확(현재 습음수확)에 소요되는 인건비를 경감시킬 수 있다.

7) CMS를 이용한 다양한 F1품종이 육성되면 소비자 구미에 적합한 갓김치를 구매할 수 있게 될 것이다.

8) CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 수출용 갓김치의 다양한 상품이 개발되어 김치산업의 활성화에 일익할 것이다.



## 제 2 장 국내·외의 연구동향

### 제 1 절 국내·외의 관련연구의 기술현황

재배되고 있는 기본종으로서 배추(*Brassica rapa* n=10), 양배추(*B. oleracea* n=9), 흑겨자(*B. nigra* n=8), 황겨자(*B. carinata*, n=17)가 있다. 이들 중 많이 재배되는 것은 1차종의 배추와 양배추 및 2차종의 유채와 갓 종류이다. 배추와 양배추는 일부 비결구성 배추가 식용유용으로 종실 생산에 이용되고 있지만 주로 영양기관인 잎을 채소로 이용한다. 이들은 개화기에 자가수정이 안 되는 자가불화합성이 있기 때문에 이 성질을 이용한 1대잡종 종자 생산체계가 1900년대 중반부터 확립되어 있다. 2차종인 유채와 갓은 각각 배추와 양배추 및 배추와 흑겨자의 염색체를 그대로 가진 이질 4배체로서 특이한 경우가 아니면 자가불화합성이 발현되지 않는다. 따라서 이들 2차종의 1대잡종 종자생산체계가 확립되지 않았으며 1900년대의 아주 후반기에 들어 웅성불임성을 이용한 1대잡종 종자 생산 체계 연구가 활발하게 진행되고 있다. 그런데 이들 2차종은 주로 식용유 생산 또는 겨자 생산용으로 종실을 수확목적으로 하고 있다(우리나라 갓은 잎 생산이 목적임). 따라서 임성회복유전자가 잘 알려진 세포질 웅성불임성이 아니면, 즉 임성 회복유전자가 없는 세포질 웅성불임성이나 핵내 유전자 웅성불임성은 1대잡종 종자생산에 이용할 수 없거나 이용하기가 어렵다.

이러한 배경 때문에 최근에 발표되고 있는 배추과 식물의 웅성불임성 연구는 특히 2차종의 웅성불임성 이용을 위한 임성 회복유전자의 발현, 종류구명, 전이, 연관마커 개발 등에 집중되고 있다.

1차종인 배추의 경우 1979년 Williams가 Ogura CMS 를 발표한 바 있다. 무의 Ogura CMS 를 여러 경로를 통해 배추에 옮겨온 것인데, 한국에 도입하여 시험한 결과 속잎이 황화현상을 보이고 꿀샘 기능이 없으며 잡종강세 현상이 나타나지 않아 이용하지 못하였다(윤 등 1981).

그 후 Ohkawa(1984, 1985)가 뉴질랜드의 야생순무(*B. campestris* ssp. *rapifera*)와 일본배추(*B. campestris*)를 교잡한 후대에서 배추의 세포질 웅성불임성을 획득하였다. 그 후 계속된 연구에서 배추에는 이 세포질 웅성불임성을 회복

시켜주는 핵 내 인자가 있음을 밝혔고 유체의 CMS와 비교하여 서로 다른 세포질 융성불임성 인자임을 밝혔다. 그러나 이 융성불임성이 어떻게 이용되고 있는지는 그 후의 보고가 없어 알 수가 없다.

미국 코넬대학의 Earl 등은 세포융합으로 저온에서도 황화현상이 나타나지 않는 브로콜리의 Ogura CMS 계통을 육성하고(1997) 이를 배추와 다시 세포융합하여 저온에서도 역시 황화현상이 나타나지 않는 배추의 Ogura CMS 계통을 육성하였다(1998). 이 CMS 계통은 연구용으로 우리나라에도 도입된 바 있다.

Vetmy(2000)은 유체의 polima CMS에 배추의 5개 품종을 여교잡하여 배추의 polima CMS 계통(품종)을 육성하였다. 그 결과 3품종은 완전한 CMS였는데 2 품종은 불임성을 회복시켜주는 회복인자를 가지고 있었고, 그 회복 유전자는 단인자 우성임을 밝혔다. 그 후 이 세포질 융성불임성을 어떻게 이용하고 있는지는 보고를 찾지 못해 알 수가 없다.

일본의 Hirata(2001)은 배추류의 소송채에 양배추의 루비볼을 기내에서 접목하고 키메라 식물을 얻었는데 이 식물에 소송채를 교잡한 후대에서 세포질 융성불임성을 발견하였다. 이 융성불임성 세포질은 양배추류인 루비볼의 것과 동일하였으나 융성불임성을 지배할 미토콘드리아의 유전자는 뜻밖에도 무의 Ogura CMS와 동일한 orf138이었다. 이 융성불임성을 일본에서는 어떻게 이용하고 있는지 알 수 없으나 우리나라에서 도입하여 현재 배추의 CMS 계통을 육성중이다.

최근 Ying등(2003)은 팍초이의 단인자 열성 융성불임성(Cao&Li, 1981)인자에 연관된 AFLP marker를 iso-line의 327개체를 이용하여 탐색하였다. 그 결과 1cM 이내의 marker 4개를 확인하고 이들을 STS marker로 전환하였다고 하였다.

이외에도 중국에서는 배추의 융성불임성에 관한 연구가 상당히 많이 진행되고 있는 것으로 생각된다. 그 한 예가 심양농업대학에서 2인자가 관여하는 유전자 융성불임성을 이용한 품종이 개발되어 시판되고 있다고 한다. 그러나 중국어로 발간된 문헌을 얻기가 어려워 구체적인 연구 내용과 결과를 알기가 어렵다. Williams의 Ogura CMS 배추를 1988년에 도입하여 국내 희망하는 모든 종자회사에 분양한 바 있다(윤 등 1981). 이것이 배추 CMS 연구의 최초이다. 그러나 저온기의 황화현상과 꿀샘기능이 없는 결점 및 잡종강세 현상이 나타나지 않는 등으로 이 CMS는 이용하지 못하고 폐기하였다. 1999년경 코넬대학의 Ogura CMS 배추를 우리 종자 회사들이 연구목적으로 도입하였다고 한다. 그러나 이 역시 저온기에 황화

현상은 나타나지 않으나 잡종강세 현상은 나타나지 않아 아직 이용하지 못하고 있다고 한다. 한편 (주)농우에서는 최근 세포질 응성불임성 무 계통을 육성하였으며, 이를 이용하여 대형 봄무의 1대잡종을 생산, 시판하고 있다. 또한 이 응성불임성 인자는 지금까지 밝혀진 인자와는 상이하다는 것을 TAG(2005)에 보고하였다.

## 제 2 절 연구의 전망

앞에서도 잠깐 언급한 바와 같이, 일본에서 접목으로 육성한 소송채(배추류)의 CMS 계통을 도입하여 현재 배추에 도입코자 여교잡을 실시하고 있다. 그러나 Ogura CMS와 비슷하게 저온기 황화현상이 심하게 나타내고 있어 잡종강세 육종에 이용하기는 어려울지도 모르는 상황이다.

우리나라의 (주)바이오브리딩에서는 Canada에 있는 한 교민으로부터 배추의 응성불임성 계통을 분양받아(2006) 연구 중인데 후대에서 불임주와 가임주가 분리하고 있어(개체수가 적어 분리비는 분명치 않음) 세포질 응성불임성은 아닌 것으로 생각된다. 그러나 이미 완전한 배추이고 잡종강세 발현도 정상적이므로 정확한 유전기작을 밝힐 필요가 있다고 생각된다. 뿐만 아니라 혹시 유전자 응성불임성(GMS)으로 밝혀지더라도 식물이 어릴 때에 정착하며 불임 개체와 가임개체를 구분해 낼 수 있는 표지인자가 개발되면 1대잡종 채종에 충분히 이용할 수 있을 것으로 기대된다.

한편 팍초이의 자식 후대에서 발견된 응성불임성 계통이 있고, 팍초이로 믿어지는 도입종 중에 모든 개체가 응성불임성으로 나타나는 품종이 있다. 이러한 재료의 응성불임성에 대한 정확한 유전기작을 밝히고 나아가 1대잡종 채종에 이용 가능한 분자표지 인자가 개발되면 이를 이용한 1대잡종 생산이 가능하다고 전망된다.



## 제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

### 제 1 절 형질 및 RAPD 분석에 의한 돌산갓의 유연관계 검토 및 우량계통/품종 선발

#### 1. 서론

갓(*Brassia juncea*,  $2n=36$ , AABB)은 배추과 작물이며, *B. campestris* ( $2n=20$ , AA)와 *B. nigra* ( $2n=16$ , BB)의 자연교잡 및 염색체배가로 생성된 복이배체종이다. 특히 다른 채소작물에 비해 특유한 맛과 향 그리고 색채를 가지고 있으며, 계통 또는 품종에 따라 내서성, 내습성 및 내한성이 강한 것으로 알려졌다 (Nishi, 1980; Labana와 Banga, 1989; Rao, 1994).

갓의 원산지는 중국이지만 현재는 한국, 일본 등 아시아 전역에 분포되어 있다. 옛부터 국내에서 재배되고 있는 재래갓은 대부분 농가에서 자가채종을 하여 이용하여 왔다. 근래 일부 민간 종묘사에서 재래종 및 김치용 도입종을 보급하고 있지만 이들 시판 품종들의 특성이 거의 비슷한 것으로 알려졌다. 그러나 전라남도 여수시 돌산 및 화양지역에서 김치 제조용으로 재배되고 있는 갓은 형태적으로 재래갓과는 크게 다르며, 특히 잎이 크고 넓으며, 수량이 많다. 여수시에서는 이를 이용한 돌산갓 김치를 브랜드화 하였으며, 지역특산품으로 개발하였다. 돌산갓 김치용 품종은 아마도 일본의 교토지방에서 재배되고 있는 고채(일본명: 다까나)가 도입되어 우수 지방종으로 개발되었다고 추측된다. 그러나 갓 김치용 품종들은 자가채종에 의한 약세현상, 기계적 혼입 및 방임수분에 의한 순도저하, 상품의 불균일 등의 문제점이 발생하고 있다. 수 십년간 재배되어 오는 동안에 소비자가 선호하는 김치용 갓의 특성은 재배가 용이하고, 잎과 줄기가 넓고, 크며, 가공시 항상성이 유지되는 것으로 고착되었다. 전남 일대에서 재배되고 있는 김치용 갓은 종류가 다양하며, 이를 이용하여 김치를 만들었을 때 제품의 표준화가 되지않아 소비자의 불만이 고조되고 있다.

작물의 유전적 유연관계를 평가하는 방법으로 과거에는 주로 작물의 육종기록

과 식물의 형태적 특성 및 생화학적 인자인 동위원소 다형화 분석에 근거를 두어 왔으나, 최근 분자생물학의 발달로 작물내의 유전적 다양성을 분자유전학적 수준에서 유전적 관계등을 분석하는 것이 가능하게 되었다 (Jo 등, 2001; Lee와 Kim, 2005). 다양한 분자생물학적 방법을 이용한 분석이 다양한 품종의 육성과정에 활용되고 있는데, Willams 등 (1990)에 의하여 개발된 RAPD(randomly amplified polymorphic DNA) 분석방법이 많이 활용되어지고 있다 (Delourme 1994; Kim과 Ahn, 2002; Lee와 Kim, 2003). RAPD법은 소량의 DNA만으로도 실험이 가능한 장점을 가지며, 빠른 시간 내에 대규모 집단의 screening에 효과적인 방법으로 유전적 변이의 감별, 유전자 지도의 작성 및 모본의 확인 등 그 이용성이 다양하다.

본 연구에서는 김치용 갓 24 계통/품종에 대한 형질조사와 RAPD분석에 의한 유전적 근연관계를 비교함으로써 현재 재배되고 있는 계통/품종들의 특성을 정리하고 다양성 정도를 분석하여 세포질웅성불임성을 이용한 교배 조합의 작성 및 우량 계통/품종 선발의 기초자료로 이용하기 위해 수행하였다.

## 2. 재료 및 방법

### 가. 형질조사

본 실험에서 사용한 재료는 갓 김치용 국내의 지방재래종, 민간 종묘회사에서 시판하고 있는 품종 및 일본에서 도입한 품종 등 총 24종을 사용하였다(표 1). 계통/품종들은 원예용 육묘상토 1호를 50공 육묘 트레이에 충전하여 종계통/품종 당 20공, 구멍 당 2알씩 점파하였다. 이후 관수는 2일 간격으로 살수하였고, 발아 즉시 솟아서 1공당 1주씩만 남겼다. 본 포장은 20×20cm 간격으로 정식하였다. 형질조사는 농사시험연구 조사기준(농촌진흥청, 1995)에 따라 실시하였으며, 각 종 당 생육상태가 균일한 3주를 표본으로 하여 주별로 생체중, 건물중, 엽장, 엽수, 시니그린 함량, 엽록소 함량, 자세, 엽색, 엽형 등을 조사하였다. 또한 양적형질 이외의 특성은 농림부 종자관리소의 신품종심사를 위한 작물별 특성조사 요령 (<http://www.seed.go.kr>)에 따라 조사하였다.

Table 1. The list of leaf mustard genetic resources used in this study.

Acc. No.	Name	Origin
1	Goheung Nokdong	Korea
2	Goheung Dodeok	Korea
3	Goheung Fungyang	Korea
4	Goheung Namyang	Korea
5	Goheung Dongkang	Korea
6	Goheung Dongil	Korea
7	Goheung Dongkang Cheongsongri	Korea
8	Goheung Bonglae	Korea
9	Nongwoo Red Leaf Mustard	Korea
10	Yeosu Hwayang	Korea
11	Jeonnam Agricultural Research & Extension Services	Korea
12	Jeonnam Jindo	Korea
13	Nongwoo Dolsan Leaf Mustard	Korea
14	Yanagawaohchirimen takana	Japan
15	Sanchiohbachirimen takana A	Japan
16	Unzenketkyu takana	Japan
17	Unzenkobu takana	Japan
18	Nagasaki takana	Japan
19	Sanchiohbachirimen takana	Japan
20	Akaohba takana	Japan
21	Gaeryangkwangkyong takana	Japan
22	Shinkokuseisai	Japan
23	Hakarasina	Japan
24	Yamatataseisai	Japan

#### 나. Total DNA추출 및 정제

DNA추출은 cetyltrimethyl ammonium bromide (CTAB) 방법 (Murray와 Thompson, 1980)을 응용하여 추출하였다. 신편 0.2g을 액체질소에 넣고 마쇄하여, extraction buffer 15ml [2%(w/v) CTAB, 100 mM Tris (pH 8.0), 500 mM NaCl, 50 mM EDTA]와 2-mercaptoethanol 750 $\mu$ l, 20% SDS 1ml를 첨가한 후 65 $^{\circ}$ C에서 10분간 반응시켰다. 5M potassium acetate 5ml를 첨가한 후 얼음에 20분간 방치한 후 4 $^{\circ}$ C에서 15,000rpm으로 10분간 원심분리하였다. 상청액을 새로운 튜브에 옮긴 후 isopropanol을 10ml첨가하고 -20 $^{\circ}$ C에 20분간 방치하였다. 튜브를 꺼내 다

시 원심시킨 다음 상등액을 버리고 건조시킨 후 1×TE buffer 500 $\mu$ l로 녹였다. 동량의 phenol과 chloroform을 첨가하여 DNA를 정제하였고 isopropanol 500 $\mu$ l와 3M sodium-acetate 75 $\mu$ l를 넣고 원심시켜 DNA를 침전시켰다. 70% EtOH 500 $\mu$ l로 pellet을 세척한 다음 진공상태에서 건조시켰다. 100 $\mu$ l의 1×TE Buffer로 DNA를 용해시켰으며, spectroPhoto.meter를 이용하여 DNA를 정량하였다. 이 DNA를 PCR 분석의 template로 사용하였다.

#### 다. RAPD 분석 및 유연관계 분석

RAPD 분석을 위해 Perkin-elmer사의 PE-9700를 이용하여 PCR 반응을 수행하였으며, PCR 반응액은 template DNA 10ng, 50pmol random primer, 10× Ex buffer, 25mM dNTP, 1U Ex *Taq* (TaKaRa, Japan)를 혼합하여 최종량을 25 $\mu$ l로 하였다. Random primer로는 21 mer의 URP primer (Seoulin, Korea) 11종과 10~20 mer의 UBC primer (University of British Columbia, Canada) 66종을 사용하였다(표 2). PCR 증폭반응은 94℃에서 5분간 pre-denaturation한 다음 94℃에서 30초간 denaturation, 50℃에서 1분간 annealing, 72℃에서 1분간 extension을 45회 반복한 후 72℃에서 10분간 post-extension을 하였다. 증폭된 PCR 산물은 1.5% agarose gel에 전기영동하여 분리하였으며, UV transilluminator를 이용하여 증폭된 DNA 단편을 확인하고 polaroid film으로 촬영하였다. 실험 결과에 대한 재현성을 위해 2회 반복 실험하여 증폭된 DNA 단편을 확인하였다. RAPD 분석결과 다형성을 나타내는 DNA 단편의 유무에 의해 유는 1, 무는 0으로 수치를 전환시킨 후 기초자료 행렬을 작성하였다. 유연관계 분석은 Nei and Li의 방법(Nei and Li 1979)에 준하여 유사도 지수를 계산한 후 NYSYS Complete Program을 이용하여 유사도 값을 구했으며, UPGMA clusterring방법으로 갖 24종 간의 유연관계를 분석하였다.

Table 2. 77 primers used for RAPD analysis in this study.

Primers	Suquences(5'-3')	Primers	Suquences(5'-3')
URP1	ATC CAA GGT CCG AGA CAA CC	UBC873	GAC AGA CAG ACA GAC A
URP2	GTG TGC GAT CAG TTG CTG GG	UBC880	GGA GAG GAG AGG AGA
URP3	CCC AGC AAC TGA TCG CAC AC	UBC881	GGG TGG GGT GGG GTG
URP4	AGG ACT CGA TAA CAG GCT CC	UBC885	BHB GAG AGA GAG AGA GA
URP5	GCT AGG TTG CCG AAA CAC GG	UBC886	VDV CTC TCT CTC TCT CT
URP6	ATG TGT GCG ATC AGT TGC TG	UBC887	DVD TCT CTC TCT CTC TC
URP7	TAC ATC GCA AGT GAC ACA GG	UBC888	BDB CAC ACA CAC ACA CA
URP8	AAT GTG GGC AAG CTG GTG GT	UBC889	DBD ACA CAC ACA CAC AC
URP9	GAT GTG TTC TTG GAG CCT GT	UBC890	VHV GTG TGT GTG TGT GT
URP10	CGA CAA GAA GAG GAT GTG GA	UBC891	HVH TGT GTG TGT GTG TG
URP11	TAC ACG TCT CGA TCT ACA GG	UBC895	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC
UBC807	AGA GAG AGA GAG AGA GT	UBC702	GGG AGA AGG G
UBC808	AGA GAG AGA GAG AGA GC	UBC703	CCA ACC ACC C
UBC809	AGA GAG AGA GAG AGA GG	UBC704	GGA AGG AGG G
UBC810	GAG AGA GAG AGA GAG AT	UBC705	GGA GGA AGG G
UBC811	GAG AGA GAG AGA GAG AC	UBC706	GGT GGT TGG G
UBC812	GAG AGA GAG AGA GAG AA	UBC707	CCC AAC ACC C
UBC813	CTC TCT CTC TCT CTC TT	UBC708	GGG TTG TGG G
UBC815	CTC TCT CTC TCT CTC TG	UBC709	CCT CCT CCC T
UBC822	TCT CTC TCT CTC TCT CA	UBC717	CCC ACA CCC A
UBC823	TCT CTC TCT CTC TCT CC	UBC718	GGG AGA GGG A
UBC824	TCT CTC TCT CTC TCT CG	UBC719	CCC ACC CAC A
UBC825	ACA CAC ACA CAC ACA CT	UBC720	GGG AGG GAG A
UBC826	ACA CAC ACA CAC ACA CC	UBC725	GGG TTG GGT G
UBC827	ACA CAC ACA CAC ACA CG	UBC727	GGG TGT GGT G
UBC834	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	UBC728	GTG GGT GGT G
UBC835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	UBC730	CCA CAC CCA C
UBC836	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	UBC732	CAC CCA CCA C
UBC840	GAG AGA GAG AGA GAG AYT	UBC734	GGA GAG GGA G
UBC842	GAG AGA GAG AGA GAG AYG	UBC737	GGT GGG TGT G
UBC843	CTC TCT CTC TCT CTC TRA	UBC740	GGA GGG AGG A
UBC844	CTC TCT CTC TCT CTC TRC	UBC743	CCA CCC ACA C
UBC845	CTC TCT CTC TCT CTC TRG	UBC744	CCA CCC ACC A
UBC852	TCT CTC TCT CTC TCT CRA	UBC765	AGG GAG GAG G
UBC853	TCT CTC TCT CTC TCT CRT	UBC767	ACC CAC CAC C
UBC854	TCT CTC TCT CTC TCT CRG	UBC775	GGT TTG GTG G
UBC855	ACA CAC ACA CAC ACA CYT	UBC778	CCA CAC CAC A
UBC856	ACA CAC ACA CAC ACA CYA	UBC784	GTG GGT GTT G
UBC864	ATG ATG ATG ATG ATG ATG		

### 3. 결과 및 고찰

#### 가. 양·질적 형질조사 및 유연관계 분석

김치 제조용 갓 24종들의 10개 형질값을 표 3에 나타내었다. 24종 간에는 각 형질에서 다양한 변이를 보였다. 특히 생체중에서는 Goheung dongil 이 한 주당 평균 256g으로 가장 무거웠으며, Goheung dongkang 및 Goheung bonglae 가 각각 98g으로 가장 적게 나갔다. 생체중은 수량에 가장 크게 영향을 미침에도 불구하고 지방에 따라 김치 제조용으로 특색있는 계통/품종을 고수하고 있었다. 건물중은 Gheung dongil이 최고로 주당 평균 46.5g, Goheung dongkang이 최소로 16.6g을 나타내었다. 그리고 엽장은 생체중과 건물중에서 최대 차이를 보였던 Goheung dongkang과 Goheung dongil이 각각 34.3cm 및 35.3cm로 생체중이나 건물중과 상관하지 않는 것으로 나타났다. 결론적으로 수량면에서는 Goheung dongil이 가장우수한 종으로 판단되었다. Goheung dongil은 형태적으로 일본의 Akaohba takana와 유사하였으며 방임수분에 의해 잡종강세가 나타난 것이 아닌가 생각되었다.

Table 3. Analysis of quantitative characters in 24 leaf mustard accessions.

Character	Acc. No. <sup>z</sup>											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Total fresh weight (g)	133	189	172	110	98	256	225	98	188	145	179	133
Total dry weight (g)	27.5	40.5	30.7	18.6	16.6	46.5	39.6	17.8	38.6	28.0	34.1	25.3
Shoot fresh weight (g)	115	174	160	103	91	238	214	86	172	136	166	122
Leaf length (cm)	35.3	35.7	28.1	34.5	34.3	35.3	37.3	37.9	35.2	39.9	31.6	33.7
Leaf diameter (cm)	15.2	14.0	10.1	15.5	13.0	14.4	17.4	17.1	14.7	14.8	13.3	13.3
Number of leaf (ea)	48.7	31.3	33.3	13.7	13.7	11.0	22.3	15.0	22.3	26.7	38.7	25.7
leafstalk diameter (mm)	7	7	8	20	18	16	18	18	15	16	12	12
leafstalk thickness (mm)	5	5	2	3	2	3	2	3	3	4	5	6
Sinigrin content (mg/g)	2.69	3.48	4.14	3.14	3.81	3.67	3.86	4.38	3.86	4.00	3.73	3.42
Chlorophyll content (SPAD)	40.8	37.0	45.4	29.8	31.3	33.3	37.8	35.2	37.3	34.8	34.1	38.7

Charater	Acc. No. <sup>z</sup>											
	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
Total fresh weight (g)	134	113	101	130	127	102	123	137	150	126	117	102
Total dry weight(g)	24.1	19.4	17.1	19.8	22.4	19.1	19.3	19.8	27.2	17.5	$\frac{22.3}{9}$	$\frac{19.5}{5}$
Shoot fresh weight (g)	127	105	91	121	117	91	115	127	141	121	107	93
Leaf length (cm)	39.5	36.3	31.0	27.9	31.5	45.2	33.4	38.6	39.0	37.7	34.4	36.0
Leaf diameter (cm)	28.3	22.3	19.5	18.0	16.7	21.2	18.8	18.2	25.3	19.6	14.0	22.0
Number of leaf (ea)	7.7	7.7	10.7	12.7	13.0	14.3	11.0	10.7	14.3	14.0	30.3	12.7
leafstalk diameter (mm)	25	21	27	24	17	22	28	22	45	13	15	24
leafstalk thickness (mm)	6	5	4	6	5	6	5	4	11	5	2	3
Sinigrin content(mg/g)	2.64	2.07	3.83	2.85	2.68	3.19	2.82	3.39	3.14	3.53	3.30	3.63
Chlorophyll content (SPAD)	29.2	27.8	33.2	27.0	33.4	35.7	33.5	33.6	30.6	29.7	35.5	32.5

<sup>z</sup>) See Table 1.

Table 4. Cumulative contribution between characters and principal components by correlation analysis.

Character	Principal component							C. C.
	Z1	Z2	Z3	Z4	Z5	Z6	Z7	
Total fresh weight	0.51700	0.50213	0.67373	-0.11230	-0.00100	-0.05800	0.03504	1.51652
Total dry weight	0.51800	0.57574	0.60720	0.01343	0.04672	-0.01750	0.02368	1.90552
Shoot fresh weight	0.51400	0.47204	0.69003	-0.13970	-0.01390	-0.07080	0.01499	1.42082
Leaf length	0.05600	-0.56490	0.33148	0.49639	0.45346	-0.18270	0.02590	0.92024
Leaf diameter	-0.62300	-0.52310	0.42799	0.10729	0.13338	0.00031	-0.09112	-0.53848
Number of leaf	0.34794	0.66181	-0.23190	0.51465	-0.06670	0.19455	0.03258	1.42249
leafstalk diameter	-0.56650	-0.49110	0.38735	-0.20598	0.11058	0.38215	-0.07708	-0.17545
leafstalk thickness	-0.45940	-0.23460	0.46975	0.41026	-0.31930	0.42625	0.08309	0.01957
Sinigrin content	0.71222	-0.04570	-0.15850	-0.29491	0.33014	0.37523	-0.23324	0.78361
Chlorophyll content	0.52292	0.52543	-0.22110	0.37465	0.23121	0.18451	-0.27136	1.34000

<sup>z</sup>Z1~Z7: Significance order, <sup>y</sup>C.C: Cumulative contribution

24종의 각 형질과 주성분과의 상관계수를 표 4에 나타내었다. 누적기여도 (Cumulative contribution)는 인자분석에서 공통도 (Commonality)와 같다. 개별 특성 중에서는 엽폭의 누적기여도가 -0.538으로 가장 낮았고 다음이 중륵폭이었다. 성분함량에서는 엽록소의 누적기여도가 1.34로 높게 나타났다.

또한, 제 1주성분과의 상관관계에서는 생체중과 건물중, 엽수가 정의 방향으로 크게 기여하고 있었으며 다음으로 엽장이었다. 엽폭과 중륵폭, 중륵두께는 부의 방향으로 0.5 정도의 비슷한 크기로 기여하고 있었다. 제 2주성분에서는 엽장과 엽폭, 중륵폭이 부의 방향으로 0.5 정도의 비슷한 크기로 기여하고 있었으며, 제 3주성분에서는 엽수만 부의 방향으로 0.2 정도의 크기로 기여하고 다른 형질들은 크게 기여하지 않고 있음을 알 수 있었다. 제 4주성분에서는 엽장과 엽수만이 정의 방향으로 기여하고, 나머지는 미미하거나 부의 방향으로 0.1~0.2정도의 크기로 기여하고 있었다.

이러한 양적형질 분석과 주성분 분석 결과를 기초로하여 24종간의 상관관계를 dendrogram으로 나타내었다 (그림 1). 갓 24종 중 Goheung dongkang 과Goheung bonglae, Unzenkobu takana와 Sanchiohbachirimen takana 간에 유전적 거리가 아주 가깝게 나타났고, 다섯개의 그룹으로 분류되었다. 특히 Goheung nokdong 은 독립적으로 분포하였다.

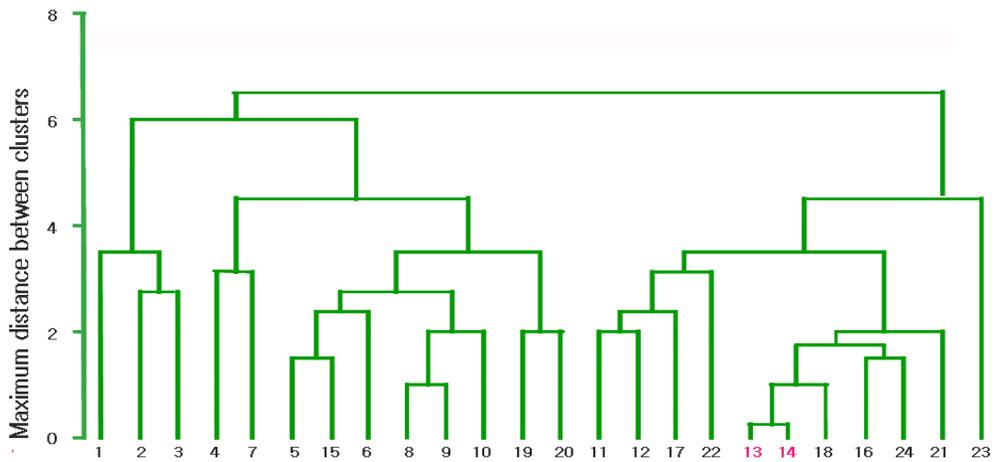


Fig. 1. Genetic similarity dendrogram among 24 leaf mustard accessions based on 10 quantitative character and principal component analysis. Number see Table 1.

형태적 특성을 국립종자관리소의 갖 index항목의 기준에 맞추어 나타내었다(표 4).

Table 4. List of 13 morphological status and values in 24 leaf mustard accessions.

Character <sup>y</sup>	Acc. No <sup>z</sup>											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Plant posture	3	2	3	2	2	2	2	1	1	1	1	1
Leaf type	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Leaf lobe	2	4	3	5	5	5	4	5	4	4	3	3
Leaf saw tooth	1	1	1	1	1	3	1	2	2	2	3	2
Leaf serrates	2	2	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3
Phylloplane hair	1	3	3	1	3	3	1	3	3	3	3	3
Midrib transection	2	2	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3
Leaf stalksheath	7	7	5	5	3	3	3	3	3	3	5	5
Leaf stalk color	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Leaf stalk length	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Root portliness	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
waxy substance	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	1
Character <sup>y</sup>	Acc. No <sup>z</sup>											
	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
Plant posture	1	1	2	1	1	1	1	1	2	1	2	1
Leaf type	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3
Leaf lobe	2	2	4	2	3	2	4	5	2	1	3	1
Leaf saw tooth	2	2	2	2	3	2	2	1	2	2	5	2
Leaf serrates	2	2	2	2	2	2	1	1	2	3	3	2
Phylloplane hair	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Midrib transection	2	2	2	2	2	2	1	1	2	3	3	2
Leaf stalk sheath	3	3	3	3	5	3	3	3	3	5	3	3
Leaf stalk color	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1
Leaf stalk length	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Root portliness	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
waxy substance	2	2	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1

<sup>y)</sup> Plant posture: 1; straight; 2; middle; 3; open. Leaf type: 1; lanceolate; 2; oblanceolate; 3; obovate; 4; ovate; 5; obovate; 6; long elliptic; 7; broad elliptic; 8; circular; 9; broad circular. Leaf lobe: 1; entire; 2; lobed; 3; cleft; 4; parted; 5; sect. Leaf saw tooth: 3; small; 5; middle; 7; large. Leaf serrates: 1; lost; 3; weak; 5; middle; 7; strong; 9; very strong. Phylloplane hair: 1; lost; 3; weak; 5; middle; 7; many; 9; severe. Midrib transection: 3; horizontal; 5; middle; 7; semicircle. Leaf stalk sheath: 1; lost; 2; exist. Leaf stalk color: 3; pale; 5; middle; 7; dark. Leaf stalk length: 1; very short; 3; short; 5; middle; 7; long. Root portliness: 1; lost; 9; exist. waxy substance: 1; weak; 2; middle; 3; dark. <sup>z)</sup> See Table 1.

이러한 index항목의 분석결과를 이용하여 dendrogram을 작성하였다(data 미제시). 그 결과, 양적형질의 분류 결과와 달리 Dolsan leaf mustard 와 Yanagawaohchirimen takana 의 유전적 거리값이 가장 가까운 것을 알 수 있었다.

나. RAPD 분석 및 유연관계 분석

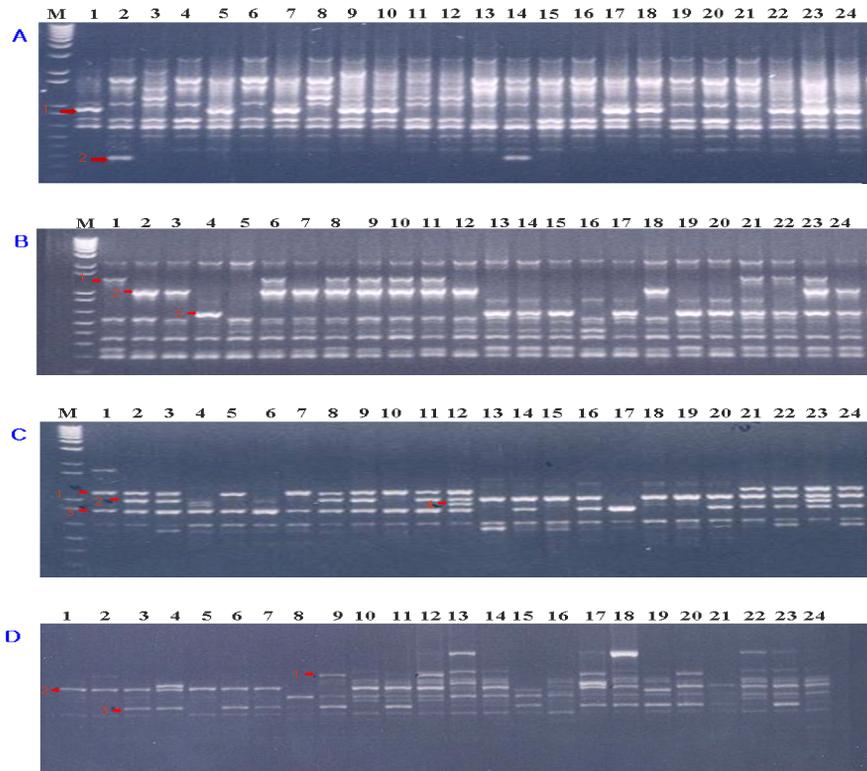


Fig. 2. RAPD patterns of 24 accessions using URP2 (A), URP10 (B), UBC843 (C), UBC881 (D) primers. Specific DNA markers are indicated by arrows. M: 1kbp DNA Ladder. Number see Table 1.

양적형질 및 형태적인 특성을 이용한 분류적 자료의 상관성을 제고하기 위하여 갖 24종으로부터 total DNA를 추출, 정제하여 RAPD분석을 실시하였다. 77종의 random primer를 이용하여 PCR을 수행한 결과, PCR 증폭 단편의 다형성과 재현성이 확실하면서 단편의 구분이 뚜렷한 4종의 primer(URP2: GTG TGC GAT CAG TTG CTG GG, URP10: GGA CAA GAA GAG GAT GTG GA, UBC834: AGA GAG AGA GAG AGA GYT, UBC881: GGG TGG GGT GGG

GTG)를 선발하였다. 4종의 primer에 의한 전기영동한 밴드의 양상을 그림 2에 나타냈으며, 이들에게서 12개의 다형성 단편을 검출할 수 있었다. 또한 RAPD 분석결과를 이용하여 갖 24종간의 유연관계를 조사하기 위하여 다형성을 나타낸 단편을 이용하여 유사도 값을 구하고 이를 근거하여 UPGMA clustering법으로 dendrogram을 작성하였다(그림 3).

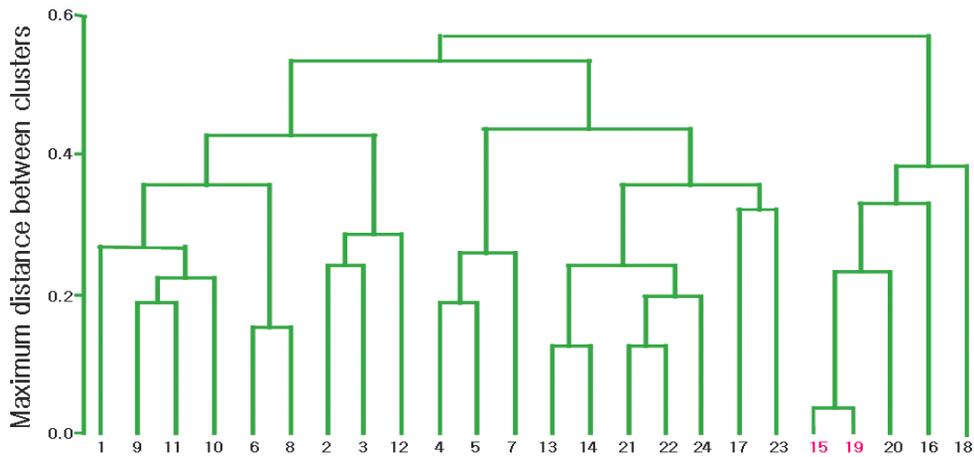


Fig. 3. UPGMA dendrogram of genetic relationships among 24 leaf mustard accessions based on RAPD analysis. Number see Table 1.

그 결과, 갖 24종은 크게 5개의 군으로 구분되었다. Sanchiohbachirimen takanaA와 Sanchiohbachirimen takana간에 유전적 거리값이 가장 가까운 것으로 나타났다. 이 두 품종은 국내에서 동일한 품종명으로 판매되고 있으나 엽형 및 엽색이 미미한 차이를 보여A 와 B로 표기하였다. 이는 아마도 순도가 낮은 종자를 각기 수입하였거나, 도입 후 자가채종 과정에서 혼입이 되었다고 생각되었다. 양적형질 분석에서 유전적 거리가 가깝게 나타난 Dolsan leaf mustard와 Yanagawaohchirimen takana는 RAPD 분석결과 역시 유전적 거리값이 가깝게 나타났다. 그러나 양적형질에서 유사성이 높았던 Goheung dongkang과 Goheung bonglae 는 전혀 다른 군으로 분류된 것을 알 수 있었다. 이러한 결과만으로 몇 개의 양적 형질의 유사도가 RAPD분석 결과와 일치하는 것을 기대할 수는 없었지만 외부의 환경요인과 관계없이 유전적인 특성을 정확하게 분류할 수 있는 방법

은 역시 RAPD분석이 유용하다는 것을 알았다.

이상의 결과를 통하여, 갯 24종의 양적형질의 기초자료를 획득하였으며, 4종의 primer를 사용하여 다형성 DNA 표지를 12개 확보하였다. 금후, 24종의 형질 및 근연관계 분석 결과는 세포질웅성불임성을 이용한 F1 조합 작성의 자료로 사용할 것이다.

## 제 2 절 갓의 국내 수집종, 외국도입종의 및 CMS 교배종의 추대성

### 1. 서론

갓(*Brassica juncea*)은 배추과에 속하는 일년생 초본으로 우리나라 각지에서 재배되며 잎 또는 지상부 전체를 채소로 식용하며, 씨는 우리나라에서 식용되는 주요 향신료 중의 하나이다. 한편으로는 기관지염, 폐렴, 신경통 등에 약용되기도 한다(신 등, 2001). 우리나라에서 주로 대량 재배되는 갓에는 홍갓, 청갓, 반청갓, 돌산갓과, 그 외 겨자채 등 다수재배품종이 있으며, 품종에 따라 엽형, 엽색, 추대성 뿐만 아니라 향과 맛에 있어서도 현저한 차이를 나타낸다. 식물의 추대는 온도, 일장 등의 환경요인과 식물체의 영양상태, C-N율(carbon-nitrogen ratio), 식물호르몬의 체내수준 등의 생리적 요인 등이 작용한다 (이 등, 1993). 갓의 꽃눈 분화 및 추대는 온도보다 일조시간에 크게 영향을 받고 고온장일에서 촉진된다. 가을과 종 재배시 일반채소보다 추대 개화가 늦지만 봄재배는 일찍 추대되고, 저온에 접하지 않고도 추대되는 특성이 있다.

본 연구에서는 형질분석용으로 국내수집종 및 외국도입종 77품종/계통을 봄작기와 가을작기에 재배하여 추대성을 판정하였으며, 반복친(B line)으로 선발된 25종 및 CMS 교배종의 추대성을 분석하여 세포질웅성불임성을 이용한 교배 조합의 작성 및 우량 계통/품종 선발의 기초자료로 이용하기 위해 수행하였다.

### 2. 재료 및 방법

#### 가. 형질분석용으로 수집된 77 계통/품종의 봄 및 가을작기 추대성 검정

공시재료는 국내 종묘회사에서 판매하는 6개 품종, 여천과 장흥에서 수집한 16개 계통, 일본 종묘회사에서 판매하는 21개 품종, 그리고 농촌진흥청 농업생명공학연구원 유전자원과 종자은행에서 분양받은 34개 계통으로 총 77 계통/품종이다(표 1). 봄작기 추대성 검정은 원예용 육묘상토 1호를 50공 육묘 트레이에 충진하여 2005년 2월 15일 파종하였고, 이후 2일 간격으로 관수하였다. 2005년 3월 30일 순천대학교 서면농장에 1.2×3m, 높이 20cm의 이랑을 만들어 주간 30×30cm, 구당 25주씩 2반복으로 배치하여 정식하였다. 정식 후 2005년 6월 1일 추대성을 조사하였

다. 가을작기 추대성 검정은 2005년 7월 23일 직경 14cm, 높이 14cm의 원형포트에 상토를 채운 다음(홍농종묘, 바이오상토 1호) 각 계통/품종 당 5개의 포트에 5립씩 파종한 후 순천대학교 유리온실에서 생장시켰고, 발아 10일 후 에 건전한 하나의 개체만 남기고 모두 솟아내었다. 2005년 10월 9일 발아에 추대성을 조사하였다.

Table 1. Seventy seven lines/cultivars used for bolting test in spring and autumn cultivation period.

Acc. No.	Line/Cultivar	Acc. No.	Line/Cultivar	Acc. No.	Line/Cultivar
1	廣莖多肉のおいしい高菜	28	장흥군 장홍읍 B	55	제주 이호
2	ニチノウ大葉高菜	29	장흥군 유치면	56	2465
3	山形青菜	30	장흥군 안양면	57	추갓
4	しんこく青菜	31	장흥군 병영면	58	PI 173857
5	まきどき黄からしな	32	홍갓	59	PI 180417
6	作りやすい黄だねの高菜	33	장흥 천변	60	PI 208734
7	ばしょう菜 05437	34	적갓(농우)	61	Stalingrad
8	ばしょう菜 2050	35	돌산갓(농우)	62	S-300
9	三池高菜	36	참맛갓(서울)	63	KEOTALIA LOCAL
10	清國青菜	37	돌산갓(경신)	64	BIRGUNJ LOCAL
11	改良廣莖青菜 A	38	돌산갓(중앙)	65	Yuanchia
12	ちりめん葉からし菜	39	개량 자색 갓	66	Raya prakash
13	노화갓	40	柳川大葉縮緬高菜	67	Mustard Karanti
14	안갓(경신)	41	長崎高菜	68	Mustard Varuva
15	적겨자	42	雲仙結球高菜	69	李獅頭食品 유래종
16	改良廣莖青菜 B	43	雲仙こぶ高菜	70	Leth 22A
17	葉からし菜	44	양평 용문	71	Domo
18	赤大葉高菜	45	평창 진부	72	(Rayo)
19	三池大葉縮緬高菜	46	84-39-10-M	73	산청갓
20	여천군 돌산면 A	47	85-39-7(제주갓)	74	고창 아산
21	여천군 돌산면 B	48	85-39-9(제주갓)	75	돌갓
22	여천군 돌산면 C	49	85-39-17	76	Thanh Mai
23	여천군 돌산면 도실 A	50	85-39-18(제주갓)	77	배추갓
24	여천군 돌산면 도실 B	51	85-39-19(제주갓)		
25	여천군 돌산면 모장	52	85-39-20(진부갓)		
26	여천군 돌산면 화양	53	85-39-21		
27	장흥군 장홍읍 A	54	적갓		

#### 나. CMS 교배종 및 유지친의 추대성

공시재료는 Jasai 및 Donshaja와 교배종과 그 유지친을 원예용 육묘상토 1호를 충진한 50공 육묘 트레이에 2005년 11월 11일 파종하였고, 2006년 1월 9일 순천대학교 유리온실에 정식하였다. 정식 후 3월 20일, 3월 30일, 4월 10일 각각 추대성을 조사하였다.

### 3. 결과 및 고찰

#### 가. 봄작기 만추성 갓 계통/품종 선발

봄작기에는 대다수의 계통/품종들이 추대가 되어 생산량이 감소하고 생엽의 품질이 저하된다. 만추성 품종을 선발하기 위하여 77계통/품종을 3월 30일 파종하여 6월 1일의 추대상황을 조사하였다. 그 결과 “三池高菜”, “적겨자”, “赤大葉高菜”, “三池大葉縮緬高菜”, “장흥군 안양면”, “돌산갓(중앙)” 등의 품종을 추대가 늦은 만추성 계통/품종으로 선발하였다(사진 1).



廣莖多肉のおいしい高菜



ニチノウ大葉高菜



山形青菜



しんこく青菜



まきどき黄からしな



作りやすい だねの



ばしょう菜 05437



ばしょう菜 2050



三池高菜



清國青菜



改良廣莖青菜 A



ちりめん葉がらし菜



노화갓



안갓(경신)



직겨자



改良廣莖青菜 B



葉からし菜



赤大葉高菜



三池大葉縮緬高菜



여천군 돌산면 A



여천군 돌산면 C



여천군 돌산면 도실 A



여천군 돌산면 도실 B



여천군 돌산면 모장



여천군 돌산면 화양



장흥군 장흥읍 A



장흥군 장흥읍 B



장흥군 유치면



장흥군 안양면



장진군 병영면



장흥군 장흥읍



장흥 천변



적갓(농우)



돌산갓(농우)



참맛갓(서울)



돌산갓(경신)



돌산갓(중앙)



개량 자색갓



柳川大葉縮綿高菜



長崎高菜



雲仙結球高菜



雲仙こぶ高菜

Photo. 1. Bolting status of seventy seven lines/cultivars. Sowing: 30, March.  
Photo.graphing: 1, June.

나. 가을작기 만추성 갓 계통/품종 선발

77 계통/품종을 7월 23일 파종하여 10월 9일 추대상황을 조사한 결과, “양평 용문”, “평창 진부”, “ 85-39-7(제주갓)”, “85-39-20(진부갓)”, “PI 173857”, “PI 180417”, “Stalingrad”, “S-300”, “KEOTALIA LOCAL”, “BIRGUNJ LOCAL”, “Raya prakash”. “Mustard Karanti”. “Mustard Varuva”. “Leth 22A”, “Domo”, “Rayo”등의 품종이 조추성 품종으로 선발되었다(사진 2).



廣莖多肉のおいしい高菜

ニチノウ大葉高菜

山形青菜

しんこく青菜



まきどき黄からしな

作りやすい黄だねの高菜

ばしょう菜 05437

ばしょう菜 2050



三池高菜

清國青菜

改良廣莖青菜 A

ちりめん葉がらし菜



노화샛



안갓(경신)



직겨자



改良廣莖青菜 B



葉からし菜



赤大葉高菜



三池大葉縮緬高菜



여천군 들산면 A



여천군 들산면 B



여천군 들산면 C



여천군 들산면 도실 A



여천군 들산면 도실 B



여천군 들산면 모강



여천군 들산면 화양



장흥군 장홍읍 A



장흥군 장홍읍 B



장흥군 유치면



장흥군 안양면



장흥군 병영면



홍갓



장흥 천변



적갓(농우)



들산갓(농우)



참맛갓(서울)



들산갓(경신)



들산갓(중앙)



개량 자색 갓



柳川大葉縮綿高菜



長崎高菜



雲仙結球高菜



雲仙こぶ高菜



양평 용문



평창 진부



84-39-10-m



85-39-7(제주갓)



85-39-9(제주갓)



85-39-17



85-39-18(제주갓)



85-39-19(제주갓)



85-39-20(진부갓)



85-39-21



적갓



제주 이호



2465



추갓



PI 173857



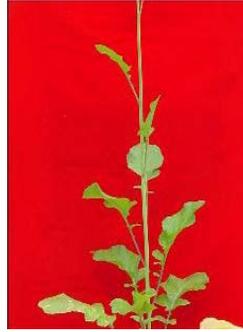
PI 180417



PI 208734



Stalingrad



S-300



KEOTALIA LOCAL



BIRGUNJ LOCAL



Yuanchia



Raya prakash



Mustard Karanti



Mustard Varuva



李獅頭食品 유래종



Leth 22A



Domo



Rayo



산청갓



고창 아산



돌갓



Thanh Mai



배추갓

Photo. 2. Bolting status of seventy seven lines/cultivars. Sowing: 23, July.  
Photo.graphing: 9, October.

#### 다. CMS 교배종 및 유지친의 추대성

갓의 CMS F1 품종 육성을 위해서는 화아분화 및 추대시기 비슷하여 하며, F1 품종의 만추성 품종을 육성을 기초 자료 활용할 목적으로 CMS 교배종 및 유지친의 추대성을 조사한 결과, 유지친의 “고흥남양”, “三池大葉縮綿高菜 A”, “三池大葉縮綿高菜 B”, “しんこく青菜”, “赤大葉高菜”, “노랑갓”이 4월 10일로 극만추성 품종/계통이었다(표 2).

또한 갓의 Jasai CMS 교배종의 극만추성 품종은 “뿌리갓(BC1)”, “柳川大葉縮綿高菜(BC4)”, “三池大葉縮綿高菜 A(BC4)”, “三池大葉縮綿高菜 B(BC4)”, “赤大葉縮綿高菜(BC4)”, “改良廣莖青菜(BC3)”, “しんこく青菜(BC3)로 7종을 선발하였다(표 3).

Table 2. Bolting date of twenty five lines/cultivars used for male fertile parents.

Acc. No	계통/품종명	추대일(월/일)	만추성 판단
1	J1(고흥군 녹동)	3/20	
2	J2(고흥군 도덕)	3/20	
3	J3(고흥군 풍양)	3/20	
4	J4(고흥군 남양)	4/10	극만추
5	J6(고흥군 동일)	3/20	
6	J7(고흥군 동강면 청송리)	3/20	
7	J13(농우 적갓)	3/20	
8	J14(여수시 화양)	3/20	
9	J15(전남 농기원)	3/20	
10	J16(전남 진도)	3/20	
11	J17(농우 돌산갓)	3/30	만추
12	J18(柳川大葉縮綿高菜)	3/30	만추
13	J19(三池大葉縮綿高菜 A)	4/10	극만추
14	J21(雲仙結球高菜)	3/20	
15	J22(雲仙こぶ高菜)	3/20	
16	J23(長崎高菜)	3/20	
17	J24(三池大葉縮綿高菜 B)	4/10	극만추
18	J25(赤大葉縮綿高菜)	4/10	극만추
19	J29(改良廣莖青菜)	3/30	만추
20	J30(しんこく青菜)	4/10	극만추
21	J31(葉からし菜)	3/20	
22	J32(山形青菜)	3/30	만추
23	J33(뿌리갓)	3/30	만추
24	J34(赤大葉高菜)	4/10	극만추
25	J35(노랑갓)	4/10	극만추

Table 3. Bolting date of twenty two BCF1 resultants introduced Jasai CMS.

교배조합		추대일(월/일) 만추성 판단	
female	male		
J 26 ( <i>B. juncea</i> Jasai CMS)	× J 1(고흥 녹동, BC4)	3/20	
	× J 2(고흥 도덕, BC4)	3/20	
	× J 3(고흥 중앙, BC4)	3/20	
	× J 4(고흥 남양, BC4)	3/20	
	× J 4 × J 33(뿌리갓, BC1)	4/10	극만추
	× J 7(고흥 동강 청송리, BC4)	3/20	
	× J 13(농우 적갓, BC4)	3/20	
	× J 14(여수 화양, BC3)	3/20	
	× J 15(전남 농기원, BC2)	3/20	
	× J 16(전남 진도, BC4)	3/20	
	× J 17(농우 돌산갓, BC4)	3/30	
	× J 18(柳川大葉縮綿高菜, BC4)	4/10	극만추
	× J 19(三池大葉縮綿高菜 A, BC4)	4/10	극만추
	× J 21(雲仙結球高菜, BC3)	3/20	
	× J 22(雲仙こぶ高菜, BC4)	3/30	만추
	× J 23(長崎高菜, BC4)	3/30	만추
	× J 24(三池大葉縮綿高菜 B, BC4)	4/10	극만추
	× J 25(赤大葉縮綿高菜, BC4)	4/10	극만추
	× J 29(改良廣莖青菜, BC3)	4/10	극만추
	× J 30(しんこく青菜, BC3)	4/10	극만추
	× J 31(葉からし菜, BC3)	3/20	
	× J 32(山形青菜, BC3)	3/30	만추

갓의 Donshaja CMS 교배종의 극만추성 품종으로 "三池大葉縮綿高菜 A(BC3)", "赤大葉縮綿高菜(BC4)", "赤大葉高菜, BC1" 을 선발하였다(표 4).

Table 4. Bolting date of twenty two BCF1 resultants introduced Donshaja CMS.

교배조합		추대일(월/일)	추대성판단	
female	male			
J 27 ( <i>B. juncea</i> Donshaja CMS)	× J 1(고흥 녹동, BC4)	3/20	극만추	
	× J 6(고흥 동일, BC4)	3/20		
	× J 7((고흥 동강 청송리, BC4)	3/20		
	× J 13(농우 적갓, BC4)	3/20		
	× J 14(여수 화양, BC3)	3/20		
	× J 15(전남 농기원, BC2)	3/20		
	× J 16(전남 진도, BC4)	3/20		
	× J 17(농우 돌산갓, BC4)	3/20		
	× J 18(柳川大葉縮綿高菜, BC4)	3/20		
	× J 19(三池大葉縮綿高菜 A, BC3)	4/10		
	× J 19 × J 35(노랑갓, BC1)	3/20		
	× J 21(雲仙結球高菜, BC3)	3/20		
	× J 22(雲仙こぶ高菜, BC3)	3/20		
	× J 23(長崎高菜, BC4)	3/20		
	× J 24(三池大葉縮綿高菜 B, BC4)	3/20		
	× J 25(赤大葉縮綿高菜, BC4)	4/10		극만추
	× J 25× J 34(赤大葉高菜, BC1)	4/10		극만추
	× J 29(改良廣莖青菜, BC3)	3/20		
	× J 31(葉からし菜, BC3)	3/20		
	× J 32(山形青菜, BC3)	3/20		

### 제 3 절 갓의 국내 수집종 및 도입종의 주성분 분석 및 F1 조합능 검정

#### 1. 서론

갓(leaf mustard, *Brassica juncea*)은 배추과에 속하는 엽경채소류이며 김치의 주재료 또는 부재료로써 사용되고 있으며, 종자는 향신료로서 사용되고 있다. 원산지는 중국이며, 현재는 한국과 일본에서 널리 재배되고 있다 (石井林肇, 1968), 특히 우리나라에서는 전라남도 여수시 돌산지역에서 매운맛이 적으며 특유한 향 등이 우수한 돌산갓을 김치 제조용으로 재배하고 있다 (이, 1986; 이 등, 1987).

갓은 생리활성 성분으로서 매운맛을 내는 sinigrin 성분을 다량 함유하고 있어 조직을 잘게 자르거나 또는 상처를 주면 조직 중에 존재하는 myrosinase 효소가 작용하여 glucose, 함황성분과 그 관련물질, allylisothiocyanate(AIT)를 생성하게 되고 이 중 AIT가 독특한 매운맛을 내는 주 성분으로 알려져 있다 (Ohta 등, 1990; Kanemaru 등, 1990; Kanemaru 등, 1991). 이들 성분 중 일부가 갓김치의 젖산균 등의 미생물 군에 항균작용을 갖게 되어 김치발효를 지연시키며, 김치의 초기 산패를 방지하여 저장성을 향상시켜 주는 것으로 알려져 있다 (Lim 등, 2000). 또한, 철, 인, 칼슘, 칼륨 등의 함량이 높아 무기질의 공급원이 되고 (Park 등, 1993), 특히 항산화성이 있는 것으로 알려진 chlorophyll,  $\beta$ -carotene, ascorbic acid 등을 다량 함유하고 있다 (Gupta 등, 1988). 갓은 전국 총 생산량의 98%를 전남의 14개 시군지역에서 생산되고 있으며, 특히 여천지역을 중심으로 전남의 동남부 해안지대에서 특화되어 재배되고 있다. 이 지역에서의 갓은 2-3기작이 가능하고 연간 2,000ha 정도 재배되며, 갓김치의 국내 소비 및 수출이 증가하는 추세이다.

그러나 김치제조용 갓 재배의 문제점으로써 1) 일본도입종 선호에 따른 종자구입비 증가, 2) 자가채종 종자 사용에 의한 약세현상 및 균일성 저하, 3) 고경되지 않은 채래종 사용에 의한 갓김치의 표준화 불능, 4) 연작장애에 의한 무사마귀병 만연 등이 지적되고 있다. 이러한 문제점을 해결하기 위하여는 F1 품종 육성체제를 갖추어야 한다. 특히 신품종 육성을 위해서는 유전자원의 수집과 보존 및 평가

가 필수적으로 이루어져야 한다. 이러한 이유로 세계 여러 나라에서는 유전자원을 확보하는데 많은 노력을 기울이고 있다 (Demir, 1983; Moriguchi 등, 1994). 우리나라도 유전자원의 중요성을 인식하고 종자산업법에 농림부령으로 농업유전자원의 관리규칙을 제정·시행하고 있으며 관련기관에서는 식량작물 등 주요 작물인 벼, 보리, 콩, 배, 사과, 고추, 배추, 무 등 많은 자원을 수집, 보존하여 이들의 특성을 평가하고 있다. 그러나 주요작물에 편중되어 있으며, 갓과 같은 소면적 작물의 경우 유전자원 수집과 평가가 소홀한 편으로 연구나 신품종 육성 등은 매우 미진하다. 현재 국내에서 재배중인 갓 품종은 분류가 제대로 되어 있지 못하고 적갓, 청갓, 자색갓, 밀갓 등 4계통이 구분되어 있다. 또한, 갓은 자식성 작물로서 일부 도입종을 농가에서 자가채종하여 재배되고 있어 품종유성을 위한 기초연구가 전혀 이루어지고 있지 않다. 따라서, 본 연구는 세포질웅성불임성을 이용한 F1품종 육성을 위한 유지친의 특성검정을 위하여 1) 국내 수집종 및 외국 도입종의 형태적 특성과 주성분 분석에 의하여 품종군을 분류하고자 하였고, 2) 우량계통간의 잡종강세 발현 유무 확인 및 F1 조합능 검정을 수행하였다.

## 2. 재료 및 방법

### 가. 식물재료 및 재배관리

시험재료는 우리나라 수집종 13계통과 외국 도입종 11품종으로 총 24계통/품종을 공시하였다 (Acc. no. 1: Goheung nokdong, 2: Goheung dodeok, 3: Goheung fungyang, 4: Goheung namyang, 5: Goheung dongkang, 6: Goheung dongil, 7: Goheung dongkang, 8: Goheung bonglae, 9: Red leaf mustard, 10: Yeosu hwayang, 11: Jeonnam ARES, 12: Jeonnam jindo, 13: Dolsan leaf mustard, 14: Yanagawaohchirimen takana, 15: Sanchiohbachirimen takana A, 16: Unzenketkyu takana, 17: Unzenkoku takana, 18: Nagasaki takana, 19: Sanchiohbachirimen takanaB, 20: Akaohba takana, 21: Gaeryangkwangkyong takana, 22: Shinkokuseisai, 23: Hakarasina, 24: Yamakataseisai). 또한 수집종 및 도입종을 교배한 F1 조합능 검정용 12종을 공시하였다 (Acc. no. 25: Goheung namyang×Unzenkoku takana, 26: Goheung namyang×Sanchiohbachirimen takana A, 27: Goheung namyang×Nagasaki takana, 28: Goheung namyang×Sanchiohbachirimen takana B, 29: Goheung namyang×Akaohba takana, 30:

Goheung namyang×Gaeryangkwangkyong takana, 31: Goheung namyang×Yamakataiseisai, 32: Sanchiohbachirimen takana A×Akaohba takana, 33: Sanchiohbachirimen takana A×Gaeryangkwangkyong takana, 34: Unzenkobu takana×Hakarasina, 35: Nagasaki takana×Dolsan leaf mustard, 36: Sanchiohbachirimen takana B×Akaohba takana).

총 36계통/품종을 시중에 판매되고 있는 육묘상토 1호를 50공 육묘 트레이에 충진하여 계통 당 20공, 구멍 당 2알씩 점파하였다. 이후 관수는 2일 간격으로 살수 관수하였고, 발아 즉시 슈아서 1공당 1주씩만 남겼다. 본 포장에는 20×20cm간격으로 정식하였다. 시비량은 성분량으로 10a당 질소 17kg, 인산 8kg, 칼리 12kg을 기준으로 하여, 실량으로는 요소 38kg, 용과린 40kg, 염화가리 20kg, 고토석회 120kg, 봉사 1kg을 사용하고 퇴비는 약 2,000kg정도를 전량 기비로 사용하였다.

#### 나. 생육조사 및 성분분석

각 계통/품종 당 생육상태가 균일한 3주 조사치의 평균값을 이용하여 총 29종류의 양적·질적형질을 조사하였다. 양적형질에 대한 자료는 농촌진흥청 농사시험 연구조사기준 (농촌진흥청, 1995)의 분류기준에 따라 형질별로 기준에 맞추어 등급화한 값을 사용하였다. 코드화된 각 조사치들은 주성분 분석 (Principal component analysis)을 통해 주성분들과 관련된 형질들을 파악하였으며 이러한 자료를 변환하여 제1, 제2주성분 축상에 나타내어 24개 집단의 분류적 관계를 파악하였다.

Sinigrin함량 분석은 계통/품종별로 잎의 무게를 측정된 후 분쇄하였다. 그 후, Methanol을 엽 무게의 3배 가량을 더하여 3시간 동안 교반하여 Watman No.4 및 0.2 $\mu$ m Nylon 필터로 여과시킨 후, 20 mM sodium phosphate buffer, pH7.0에 1 mg/mL의 농도로 용해하였다. 다시 용해액을 동일한 buffer에 30배 희석하여 Molecular/Pore Ultrafiltration Membrane (Cellulose, MWCO 1kD, Spectrum Co., USA)으로 여과한 후 HPLC에 적용하였다. HPLC는 CLASS-LC10 MODEL (Shimadzu, Japan)에 CLC-ODS(M)column (4.6×250 mm, Shimadzu, Japan)을 사용하였다. Mobile phase는 80%의 0.2mM TBA, pH7.0 (Tetrabutylammonium dihydrogen phosphate, Sigma Co., USA), 20% acetonitrile의 조건으로 하였고, flow rate은 0.8mL/min, injection volume은 10 $\mu$ L, oven temperature는 80 $^{\circ}$ C의 조건으로 하여 SPD-10AV UV/VIS detector (Shimadzu, Japan)를 사용하여 227nm

에서 측정하였다. Standard에 사용된 sinigrin은 Sigma사의 제품을 사용하였다 (임, 2002). Anthocyan 색소분석은 Color and color difference meter (Super color sp-80, Tokyo Denshoku)로 엽의 이면과 표면을 측정하였다.

### 3. 결과 및 고찰

#### 가. 양적 형질조사 및 주성분 분석

농촌진흥청 농사시험연구조사 기준의 갓 생육조사 항목을 참조하여 공시된 24개 계통/품종으로부터 16개 형질을 조사하였다. 공시 종들은 각 형질에서 다양한 변이를 나타내었다. 총생체중에서 최고 256g/주, 최소 97g/주 으로 약 159g의 차이 ( $\times 1.61$ )를 나타내었고, 총건물중에서는 최고 46.5g/주, 최소 16.6g/주 나타내어 ( $\times 2.8$ ) 지상부생체중에서 보다 더 큰 변이폭을 보여 각종 무기물의 집적이 비례적으로 많았음을 나타내었다 (표 1). 또한, 변이계수는 엽 표면의 안토시안-a에서 -256.08%로 가장 낮고, 엽 이면의 안토시안-b는 60.54%로 가장 높았다. 총 생체중, 엽장, 엽폭, 엽록소 함량, 엽 표면의 안토시안-L, 이면의 안토시안-L은 10~30%의 변이계수를 나타내었으며 총건물중, 지상부생체중, 시니그린 함량은 30~40%의 변이계수를 나타내었다. 또한, 엽수, 중륵폭, 중륵두께, 표면의 안토시안-b, 이면의 안토시안-b은 40~80%의 변이계수를 나타내었다 (표 1).

Table 1. Variation of the 16 characters in 24 leaf mustard allies.

	X1 <sup>z</sup>	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8
Mean	140.94	25.52	130.50	35.37	17.36	19.22	18.75	4.37
Standard Deviation	41.39	8.62	39.21	3.87	4.24	10.75	8.15	1.97
Minimum	97.33	16.64	86.00	27.73	10.10	7.67	7.00	2.00
Maximum	256.00	46.56	238.00	45.17	28.27	48.67	45.00	11.00
Range	158.67	29.92	152.00	17.44	18.17	41.00	38.00	9.00
Coefficient of Variation(%)	29.37	33.80	30.05	10.96	24.47	55.93	43.48	45.12
	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16
Mean	3.25	34.04	27.61	-1.72	8.68	34.36	-5.05	17.84
Standard Deviation	1.03	4.21	6.18	4.40	6.90	5.66	3.97	10.80
Minimum	1.00	27.00	16.58	-3.78	-0.49	17.73	-9.07	-0.14
Maximu	5.00	45.37	47.94	5.70	24.08	47.34	5.55	57.88
Range	4.00	18.37	31.36	13.08	24.57	29.61	14.62	58.02
Coefficient of Variation(%)	31.76	12.37	22.41	-256.08	79.72	16.48	-78.62	60.54

<sup>z</sup>) X1, Total fresh weight; X2, Total dry weight; X3, Shoot fresh weight; X4, Leaf length; X5, Leaf diameter; X6, Number of leaf; X7, leafstalk diameter; X8, leafstalk thickness; X9, Sinigrin content; X10, Chlorophyll content; X11, Face-anthocyan-L; X12, Face-anthocyan-a; X13, Face-anthocyan-b; X14, Back-anthocyan-L; X15, Back-anthocyan-a; X16, Back-anthocyan-b.

24개 계통/품종에 대한 16개 형질 값을 기초로 하여 cluster 분석을 하였다. 24개 계통/품종은 7개 그룹으로 분류되었으며 그룹별 계통/품종 수는 I군이 1개 계통 (Acc. no. 1), II군이 6개 계통/품종 (Acc. no. 4, 5, 8, 15, 18, 24), III군이 5개 품종 (Acc. no. 14, 17, 19, 23, 16), IV군이 3개 계통/품종 (Acc. no. 10, 12, 22), V군이 3개 품종 (Acc. no. 13, 20, 21), VI군이 4개 계통/품종 (Acc. no. 2, 11, 3, 9), VII군이 2개 계통 (Acc. no. 6, 7)으로 분류되었다(그림1). 그 중 3개의 그룹은 국내 수집종만으로 품종군을 이루었고, 나머지 그룹은 국내 수집종과 외국 도입종이 혼재하여 품종군을 이루었다.

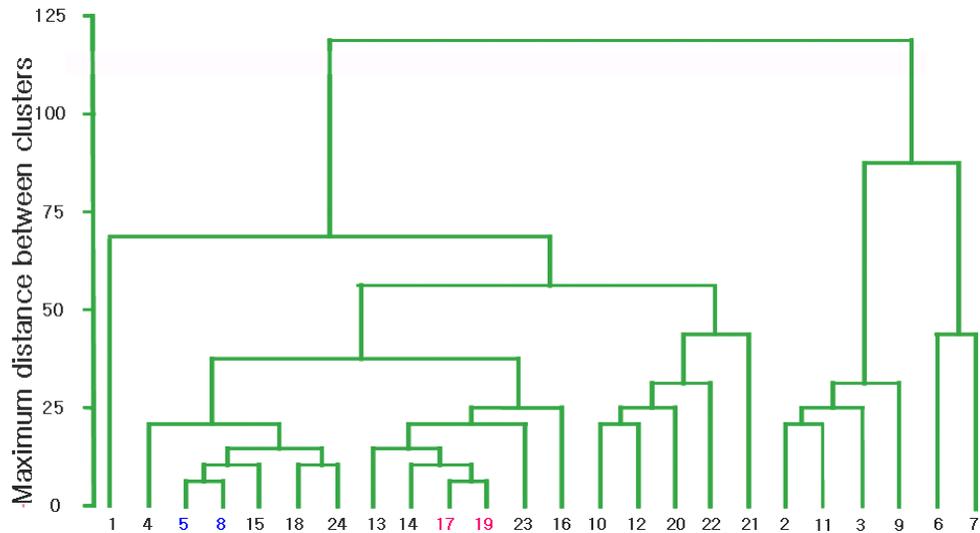


Fig. 1. By complete Linkage Cluster Analysis. The number was indicated accession no. of tested leaf mustard allies as shown material and methods.

24개 계통/품종의 형태형질의 변이에 기초하여 16개 형질 평균간의 상관계수를 조사하였다. 총생체중은 총건물중과 지상부생체중 간에서 정의 상관을 나타내었고, 엽폭은 엽수 및 클로로필 함량과 부의 상관을 나타내었고, 중록폭, 중록두께와는 정의 상관을 나타내었다. 또한, 엽수는 중록폭과 부의 상관을 클로로필 함량과는 정의 상관을 나타내었다 (표 2).

Table 2. Phenotypic correlation coefficient between of each character.

	X1 <sup>z</sup>	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8
X1 <sup>z</sup>	1.000	0.952**	0.997**	-0.087	-0.312	0.279	-0.273	-0.109
X2		1.000	0.939**	-0.048	-0.356	0.428*	-0.354	-0.104
X3			1.000	-0.085	-0.286	0.245	-0.248	-0.109
X4				1.000	0.493*	-0.209	0.236	0.240
X5					1.000	-0.607**	0.737**	0.569**
X6						1.000	-0.651**	-0.126
X7							1.000	0.557**
X8								1.000
X9								
X10								
X11								
X12								
X13								
X14								
X15								
X16								
	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16
X1	0.242	0.330	-0.051	0.185	-0.170	-0.070	0.163	-0.158
X2	0.243	0.437	-0.016	0.140	-0.156	-0.015	0.151	-0.102
X3	0.243	0.295	-0.061	0.189	-0.170	-0.088	0.170	-0.194
X4	-0.032	-0.132	-0.053	0.139	-0.232	-0.397	0.116	-0.162
X5	-0.421*	-0.603**	0.096	-0.400	0.309	0.045	-0.287	0.121
X6	0.176	0.713**	0.095	0.030	0.022	0.041	0.155	0.304
X7	-0.229	-0.573**	0.127	-0.294	0.182	0.177	-0.298	0.011
X8	-0.474*	-0.329	0.150	-0.319	0.279	0.013	-0.101	0.178
X9	1.000	0.413*	-0.418*	0.590	-0.659**	-0.287	0.411*	-0.499*
X10		1.000	-0.160	0.122	-0.189	-0.110	0.179	0.079
X11			1.000	-0.709**	0.791**	0.834**	-0.561**	0.598**
X12				1.000	-0.932**	-0.587**	0.722**	-0.572**
X13					1.000	0.579**	-0.641**	0.587**
X14						1.000	-0.787**	0.644**
X15							1.000	-0.644**
X16								1.000

<sup>z</sup>X1, Fresh weight; X2, Dry weight; X3, Total fresh weight; X4, Leaf length; X5, Leaf diameter; X6, Number of leaf; X7, leafstalk diameter; X8, leafstalk thickness; X9, Sinigrin content; X10, Chlorophyll content; X11, Anthocyan-face-L; X12, Anthocyan-face-a; X13, Anthocyan-face-b; X14, Anthocyan-back-L; X15, Anthocyan-back-a; X16, Anthocyan-back-b.

각 고유치는 제 2주성분까지는 59.1%, 제 4주성분까지는 80.5%, 제 7주성분까지는 93.5%의 전체정보를 설명할 수 있었다 (표 3).

Table 3. Eigen value and its contribution to total variation obtained from principal component analysis.

Principal component	X1 <sup>z</sup>	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8
Eigen value	5.688	3.772	2.130	1.291	0.874	0.674	0.538	0.326
Difference	1.915	1.642	0.838	0.416	0.200	0.135	0.212	0.084
Proportion	0.355	0.235	0.133	0.080	0.054	0.042	0.033	0.020
Cumulative contribution(%)	35.5	59.1	72.4	80.5	85.9	90.2	93.5	95.6
Principal component	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16
Eigen value	0.241	0.171	0.136	0.081	0.043	0.018	0.009	0.000
Difference	0.070	0.035	0.054	0.037	0.024	0.008	0.008	-
Proportion	0.015	0.010	0.008	0.005	0.002	0.001	0.000	0.000
Cumulative contribution(%)	97.1	98.1	99.0	99.5	99.8	99.9	100.0	100.0

<sup>z</sup>X1, Fresh weight; X2, Dry weight; X3, Total fresh weight; X4, Leaf length; X5, Leaf diameter; X6, Number of leaf; X7, leafstalk diameter; X8, leafstalk thickness; X9, Sinigrin content; X10, Chlorophyll content; X11, Anthocyan-face-L; X12, Anthocyan-face-a; X13, Anthocyan-face-b; X14, Anthocyan-back-L; X15, Anthocyan-back-a; X16, Anthocyan-back-b.

고유치의 누적기여율이 93.5%인 제 7주성분까지의 각 주성분 선형식의 계수인 고유벡터를 표준화하여 각 형질과 주성분과의 상관계수를 표 4에 나타내었다. 누적기여도(Cumulative Contribution)는 인자분석에서 공통도 (Commonality)와 같으며 이것은 각 형질이 7주성분까지 만으로 설명될 수 있는 정도를 나타내는 것으로 개별특성 중에서는 엽폭, 중륵폭, 엽 표면의 안토시안-L, 엽 이면의 b가 -0.53848~-0.00584로 부의 방향으로, 나머지 형질들은 0.01957~1.90552로 정의 방향으로 기여하였다.

Table 4. Correlation coefficient between character and principal component and cumulative contribution of each character to the 16 principal component.

Character	Principal component							C.C. <sup>x</sup>
	Z1 <sup>y</sup>	Z2	Z3	Z4	Z5	Z6	Z7	
X1 <sup>z</sup>	0.51700	0.50213	0.67373	-0.11230	-0.00100	-0.05800	0.03504	1.51652
X2	0.51800	0.57574	0.60720	0.01343	0.04672	-0.01750	0.02368	1.90552
X3	0.51400	0.47204	0.69003	-0.13970	-0.01390	-0.07080	0.01499	1.42082
X4	0.05600	-0.56490	0.33148	0.49639	0.45346	-0.18270	0.02590	0.92024
X5	-0.62300	-0.52310	0.42799	0.10729	0.13338	0.00031	-0.09112	-0.53848
X6	0.34794	0.66181	-0.23190	0.51465	-0.06670	0.19455	0.03258	1.42249
X7	-0.56650	-0.49110	0.38735	-0.20598	0.11058	0.38215	-0.07708	-0.17545
X8	-0.45940	-0.23460	0.46975	0.41026	-0.31930	0.42625	0.08309	0.01957
X9	0.71222	-0.04570	-0.15850	-0.29491	0.33014	0.37523	-0.23324	0.78361
X10	0.52292	0.52543	-0.22110	0.37465	0.23121	0.18451	-0.27136	1.34000
X11	-0.67400	0.59521	-0.01580	-0.22720	-0.19439	0.11263	-0.02970	-0.00584
X12	0.81200	-0.36620	-0.11110	-0.13186	-0.02851	0.09345	0.38200	0.89077
X13	-0.79810	0.41972	0.05768	0.10634	-0.15600	-0.19000	-0.28750	-0.56268
X14	-0.63290	0.56355	-0.06390	-0.31450	0.23990	0.16005	0.18793	0.09889
X15	0.73765	-0.34540	-0.03340	0.13616	-0.45610	0.07062	-0.05150	0.56612
X16	-0.60530	0.50995	-0.13860	0.31742	0.19838	0.05853	0.34370	0.99101

<sup>z</sup>X1, Total fresh weight; X2, Total dry weight; X3, Shoot fresh weight; X4, Leaf length; X5, Leaf diameter; X6, Number of leaf; X7, leafstalk diameter; X8, leafstalk thickness; X9, Sinigrin content; X10, Chlorophyll content; X11, Face - anthocyan-L; X12, Face-anthocyan-a; X13, Face-anthocyan-b; X14, Back-anthocyan-L; X15, Back-anthocyan-a; X16, Back-anthocyan-b. <sup>y</sup>Z, Order of importance degree. <sup>x</sup>C.C., Cumulative contribution.

#### 나. F1 조합능 검정

공시된 12개의 F<sub>1</sub> 조합능 검정용 교배조합에서 잡종강세 경향을 보였다 (표 5). 각 항목별로 다양한 변이를 보였는데, Sanchiohbachirimen takana A×Akaohba takana조합의 경우 양친평균 생체중보다 45% 이상 높았으며, Goheung namyang×Sanchiohbachirimen takana A 조합과 Goheung namyang×Akaohba takana조합이 양친 평균 지상부 생체중보다 높은 경향을 보였다. 엽장과 엽폭에서도 이와 유사한 경향을 보였으나 엽수는 잡종강세와는 관련성이 적었다. 이상의 결과로부터 Sanchiohbachirimen takana A와 Akaohba takana가 고수량성 갖 품종

육성을 위한 친능성이 높은 교배친으로 선발되었다. 하지만 보다 많은 계통/품종을 포함한 세분화된 형태적 형질 조사와 맛에 대한 광범위한 분류체계는 맛 품종 육성에 더욱 유용한 자료로 이용될 수 있을 것으로 판단되며 형태적 특성에 따른 분류의 신뢰성을 제고하기 위한 RAPD, RFLP, AFLP 등의 분자생물학적 분석방법을 통한 계통분류 연구가 필요하다고 생각된다.

Table 5. Eigen value and its contribution to total variation obtained from principal component analysis.

Character	Acc. No <sup>2</sup>	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
		Total fresh weight(g)		134	121	103	153	153	175	123	173	130	129
Dry weight(g)		24.11	18.41	16.26	20.64	22.66	26.56	24.55	29.30	24.5	23.9	22.4	17.26
Shoot fresh weight (g)		126	112	95	145	143	163	115	165	120	130	125	99
Leaf length(cm)		39.2	38.6	47.5	39.9	41.6	38.7	43.4	42.1	41.5	46.6	45.5	35.9
Leaf diameter(cm)		21.1	18.6	21.8	20.8	20.6	21.0	22.0	26.9	24.2	20.6	23.4	21.7
Number of leaf (ea)		10.0	10.7	13.7	11.3	10.7	11.7	14.3	10.0	10.0	20.0	12.7	10.7
Leafstalk diameter (mm)		25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
Leafstalk thickness(mm)		22	21	22	25	24	25	26	28	24	22	25	22
Sinigrin content (mg/g)		2	2	2	2	3	3	3	3	3	3	3	3
Chlorophyll content (SPAD)		39.3	39.9	31.5	35.5	36.4	41.1	27.3	29.4	28.9	38.2	33.2	30.9
Face Anthocyan	L	32.1	36.7	33.9	31.8	38.0	35.3	36.8	28.9	29.9	37.9	40.1	26.6
	a	35.3	32.3	39.0	29.4	32.5	34.5	29.3	33.8	35.0	38.0	35.8	27.2
	b	35.6	36.3	34.8	32.2	35.6	37.0	31.1	30.7	31.3	38.0	36.4	28.2
Back Anthocyan	L	26.84	22.79	21.78	24.96	20.51	21.02	27.01	33.66	30.76	32.94	27.46	26.68
	a	-2.05	-3.85	-2.74	0.20	1.70	1.63	-3.54	-6.12	-4.20	-4.20	-3.32	-5.92
	b	12.00	10.21	9.68	6.33	4.12	4.49	9.80	16.83	16.82	16.82	10.54	14.76

<sup>2)</sup> See Table 1.



## 제 4 절 갖 품종의 광합성 효율과 생육형질 변이간의 상관

### 1. 서론

식물의 생장은 광합성량과 호흡량의 차이에 의해서 이루어진다. 물질보존의 법칙에 의하면 광합성작용을 통해서 대기의  $\text{CO}_2$ 를 동화하여  $\text{CH}_2\text{O}$ 를 생산하고 동화된  $\text{CH}_2\text{O}$  중 일부분은 호흡과정을 통해 식물의 생명을 유지하는 에너지로 이용하고 여분의  $\text{CH}_2\text{O}$ 는 식물의 성장량으로 식물체에 축적된다. 따라서 특정작물의 수량성이 높은 품종의 육성을 위해서는 그 작물의 여러 품종이나 계통들의 단위엽면적당 광합성율과 호흡율을 조사하여 광합성율이 높은 개체와 호흡율이 낮은 개체의 선발근거를 마련하는 것은 매우 중요한 일이다. 식물의 광합성량은 단위엽면적당 광합성율과 엽면적의 곱으로 계산되는 만큼 엽면적의 대소에 따른 광합성율의 변이를 밝히는 것도 중요하다. 또한 단위엽면적당 광합성율은 엽의 형태적 특성(상대 엽면적)에 따라 달라지고 총광합성량은 엽의 배치각도나 수광자세에 따라 달라진다. 식물지상부의 호흡율은 유지호흡율과 성장호흡율로 나눌 수 있다. 유지호흡율은 식물체내에 이온의 이동이나 기본생활을 유지하는데 필요한 물질대사에 소모되는 에너지량이고 성장호흡율은 세포분열을 통한 식물의 성장에 소모되는 에너지량이다. 성장호흡율은 광합성율과 밀접한 관계가 있으며 유지호흡율은 식물체 건물중에 의해 결정된다. 본 연구는 78계통의 갖을 수집하여 이들의 광합성율과 호흡율을 측정하여 그 변이를 밝히고 또한 여러 형태적 특성을 조사하여 이들 간의 상호관계를 알아보고자 수행하였다.

### 2. 재료 및 방법

본 실험에 이용된 갖 품종 및 계통은 국내 종묘회사에서 판매하는 6개 품종, 여천과 장흥에서 수집한 16개 계통, 일본 종묘회사에서 판매하는 21개 품종, 그리고 농촌진흥청 종자은행에서 분양받은 34개 계통으로 총 77개 계통이다(표 1). 2002년 7월 23일에 직경 14cm, 높이 14cm의 원형포트에 상토를 채운 다음(홍농종묘회사에서 판매하는 바이오상토 1호) 각 계통 당 5개의 포트에 5립씩 파종한 후 순천대학교 유리온실에서 성장시켰고, 발아 10일 후에 건전한 하나의 개체만 남기고 모두 솟아내었다. 발아 후 25일 경에 초장과 초고를 조사하였으며 8월 25일부터 9월 16일까지 각 계통당 세 개체를 선택하여 광합성율 및 호흡율을 측정하였다. 광합성율의 측정에 이용된 개체는 잎과 줄기로 분리한 다음 엽수와 엽면적을

측정하였고 70℃ 건조기에서 5일 간 건조 후 잎과 줄기의 건물중을 측정하였다.

Table 1. At this experimentation using name of variety · genealogy.

NO	Name of Variety · Genealogy	NO	Name of Variety · Genealogy
1	廣莖多肉のおいしい高菜	40	柳川大葉縮綿高菜
2	ニチノウ大葉高菜	41	長崎高菜
3	山形青菜	42	雲仙結球高菜
4	しんこく青菜	43	雲仙こぶ高菜
5	まきどき黄からしな	44	Yangpyeong Yongmun collection
6	作りやすい だねの高菜	45	Pyeongchang Jinbu collection
7	はしょう菜 05437	46	84-39-10-m
8	はしょう菜 2050	47	85-39-7(Jeju leaf mustard)
9	三池高菜	48	85-39-9(Jeju leaf mustard)
10	清國廣莖青菜	49	85-39-17
11	改良廣莖青菜	50	85-39-18(Jeju leaf mustard)
12	らりめん 葉から菜	51	85-39-19(Jeju leaf mustard)
13	Nohoa leaf mustard	52	85-39-20(Jeju leaf mustard)
14	An leaf mustard	53	85-39-21
15	Red mustard	54	Red leaf mustard
16	改良廣莖青菜	55	Jeju iho collection
17	葉からに菜	56	2465
18	赤大葉高菜	57	Fall leaf mustard
19	三池大葉統系高菜	58	PI 173857
20	Dolsan(A)	59	PI 180417
21	Dolsan(B)	60	PI 208734
22	Dolsan(C)	61	Stalingrad
23	Dolsan(Dosil A)	62	S-300
24	Dolsan(Dosil B)	63	Keotalla Local
25	Dolsan(Mojang)	64	Birgunj Local
26	Dolsan(Hoayang)	65	Yuanchia
27	Jangheung-eup(A)	66	Raya prakash
28	Jangheung-eup(B)	67	Mustard Karanti
29	Yuchi	68	Mustard Varuva
30	Anyang	69	二獅頭-食川
31	Byeongyeong	70	Leth 22A
32	Red leaf mustard	71	Domo
33	Tamjin-river side(wild)	72	Rayo
34	Red leaf mustard(Nongu)	73	Sancheong leaf mustard
35	Dolsan leaf mustard(Nongu)	74	Gochang Asan collection
36	Cham leaf mustard (Seoul)	75	Dol leaf mustard
37	Dolsan leaf mustard(Gyeong)	76	Thanh Mai
38	Dolsan leaf mustard(Jungang)	77	Chinese cabbage leaf mustard
39	Improve purple leaf mustard		

순광합성의 측정에 사용한 기기는 독일 Walz사에서 제작한 Gas Exchange measuring station이었으며 측정시 환경조건으로는 광량은  $400\sim 500\mu\text{mol Photo. ns m}^{-2}\text{ s}^{-1}$ 이었고 기온은  $25^{\circ}\text{C}$ 였으며 상대습도는 80%였고 대기중  $\text{CO}_2$ 농도는 400ppm 정도였다. 호흡율의 측정도 광합성 측정기를 이용하였는데 암막을 이용하여 광을 차단한 후 동일 환경조건에서 측정하였다. 총광합성율(gross Photo.synthetic rate)은 순광합성율에 호흡율을 더해서 계산하였으며 잎의 부착 밀도를 측정하는 rosetteness는 초고(standing height)를 엽수로 나누어서 계산하였다. 생장해석으로는 specific leaf area(SLA, 상대엽면적) leaf weight ratio(LWR, 엽중비율)를 계산하였는데 그 계산식은  $SLA = LA/LW$ ,  $LWR = LW/W$ 인데 이 때 LA는 엽면적이고 LW는 엽 건물중이며 W는 지상부 건물중이다.

### 3. 결과 및 고찰

#### 가. 생육형질들의 변이

조사한 생육형질들의 평균표준편차, 최대값, 최소값 및 각 계통들의 평균은 표 2에 나타냈다. 초장은 최소값이 12.5cm이고 최대값이 37cm로 큰 변이를 보였으며 초고도 최소값이 6.3cm이고 최대값이 33.5cm로 계통간 많은 차이를 보였다. 초장이 가장 큰 계통은 61번 계통이었고 가장 작은 계통은 농우종묘에서 판매하는 적갓이었다. 초고가 가장 큰 계통은 72번(Rayo)이었고 가장 작은 계통은 28번으로 장흥에서 수집한 계통이었는데 초고가 높은 품종은 직립형이고 낮은 계통은 포복형이라 할 수 있다. 엽수에서도 4개에서 13개의 많은 변이를 보였는데 59번 계통(PI180417)이 평균 12.7개의 가장 많은 엽수를 보였고 서울종묘에서 판매하는 36번 계통(참맛갓)은 평균 5개로 가장 적은 엽수를 보였다. 엽의 부착밀도를 나타내는 rosetteness는 초고를 엽수로 나누어 계산하였는데 최소 0.57에서 최대 5.17cm의 변이를 보여 줄기의 신장성이 좋은 것과 잎들이 조밀하게 붙어 있는 것 등의 다양한 형태를 보였는데 초고가 큰 품종일수록 이 값이 높았다.

Table 2. Mean, Standard deviation, minimum value and maximum value in investigated characters.

Variable	Mean	Std	Min	Max
Plant height (cm)	23.505	4.868	12.500	37.000
Standing height (cm)	16.737	4.652	6.300	33.500
Number of leave	8.779	1.964	4.000	13.000
Rosetteness (cm)	2.002	0.713	0.573	5.167
Dry weight of leave (g)	1.967	1.005	0.422	5.277
Leaf area (cm <sup>2</sup> )	573.346	161.559	214.000	1060.000
Dry weight of shoot (g)	2.124	1.050	0.599	5.727
Average area of individual leaf (cm <sup>2</sup> )	66.493	16.693	32.540	112.730
Specific leaf area (cm <sup>2</sup> · g/10)	342.208	133.288	156.600	793.000
Leaf weight ratio (g · g/10)	0.919	0.077	0.598	0.968
Net Photo.synthetic rate (μmol CO <sub>2</sub> · mm · s/10)	10.543	2.723	3.085	19.469
Respiration rate (μmol CO <sub>2</sub> · mm · s/10)	0.033	0.015	0.005	0.102
Gross Photo.synthetic rate (μmol CO <sub>2</sub> · mm · s/10)	11.700	2.908	3.866	20.589
Respiration rate / Photo.synthetic rate (%)	10.110	3.106	3.211	22.713

엽 건물중에서도 0.42g에서 5.28g사이의 변이를 보여 계통간 성장량에서도 큰 차이를 보였다. 엽 건물중이 가장 큰 계통은 53번(85-39-21)으로 평균 4.2g을 보인 반면 가장 적은 계통은 64번(Birgunj Local)으로 평균 0.56g이었다. 갖의 경 건물중은 아주 적어서 지상부 건물중의 변이는 엽 건물중의 변이와 큰 차이를 보이지 않았지만 지상부 건물중에서 최소값을 보인 계통은 양평 용문에서 수집한 44번 계통이었다. 또한 엽 건물중과 엽면적은 고도로 유의한 정의 상관관계가 있는 만큼 (r=0.721, 표 3) 계통별 엽면적의 변이도 엽 건물중과 같은 경향이었는데 53번 계통에서 평균 876cm<sup>2</sup>의 가장 큰 엽면적을 보였고 64번 계통은 평균 270cm<sup>2</sup>로 가장 적은 엽면적을 보였다. 잎의 크기를 나타내는 1엽 평균면적은 32.54~112.74cm<sup>2</sup>에 분포하여 계통간 많은 차이를 보였는데 12번 계통(らりめん 葉から菜)은 1엽 평균 102.14cm<sup>2</sup>로 가장 넓은 잎을 가졌고 63번 계통(Keotalia Local)은 35.8cm<sup>2</sup>로 가장 작은 잎을 가진 것으로 나타났다. 상대엽면적은 156.6~793.0cm<sup>2</sup> · g/10의 변이를 보여 두꺼운 잎에서 얇은 잎을 보이는 계통간 많은 차이를 보였다.

Table 3. Mean value for investigated characters in tested lines/cultivars.

No	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14
1	21.1	14.1	6.0	2.3	1.05	512.6	1.08	84.1	490.1	0.96	9.64	.048	10.70	10.3
2	19.6	14.4	7.0	2.1	2.16	648.6	2.26	92.4	309.0	0.95	8.14	.037	9.44	13.7
3	22.5	14.5	6.7	2.2	1.25	613.5	1.28	91.5	487.4	0.98	8.81	.042	9.74	9.6
4	25.2	16.3	7.7	2.1	1.26	581.8	1.30	75.6	462.1	0.97	11.13	.050	12.29	9.6
5	25.1	21.1	11.0	1.9	3.34	745.6	3.66	68.3	224.2	0.91	9.09	.015	9.89	8.1
6	22.4	15.6	11.3	1.4	2.97	675.8	3.23	59.5	227.5	0.92	6.84	.026	8.14	16.3
7	22.6	15.6	8.0	2.0	1.92	689.3	1.99	86.6	359.4	0.96	9.01	.032	9.98	9.7
8	25.1	17.8	9.3	1.9	1.29	643.9	1.34	68.9	502.2	0.97	10.48	.046	11.45	8.6
9	21.7	14.4	8.7	1.7	2.28	610.4	2.39	70.3	272.0	0.95	11.95	.029	13.23	9.6
10	25.7	17.7	8.0	2.2	0.90	495.3	0.93	61.5	548.3	0.96	10.06	.052	11.08	9.3
11	25.1	18.6	7.0	2.7	0.81	507.3	0.84	72.3	628.5	0.96	12.21	.058	13.18	7.5
12	22.0	17.6	6.7	2.7	2.56	683.6	2.74	102.1	276.5	0.93	7.68	.026	9.11	15.9
13	24.3	16.7	8.0	2.1	1.88	648.1	1.93	81.5	359.2	0.97	9.32	.034	10.36	10.1
14	26.2	17.6	8.3	2.1	0.96	607.1	0.99	72.8	634.8	0.97	11.13	.048	11.92	6.6
15	21.9	16.4	10.3	1.6	2.85	580.6	3.01	56.2	206.0	0.95	7.66	.006	8.02	4.5
16	22.4	16.3	8.7	1.9	2.90	772.9	3.03	89.5	269.5	0.96	6.71	.019	7.47	10.0
17	23.1	17.3	9.0	1.9	2.82	605.3	3.05	67.3	215.1	0.93	8.03	.019	9.10	11.7
18	23.1	17.0	7.5	2.3	2.66	664.6	2.84	88.6	249.6	0.94	11.92	.031	13.50	11.7
19	20.5	15.1	7.7	2.0	2.08	474.8	2.53	61.8	228.0	0.86	10.21	.017	11.22	9.0
20	23.4	17.6	8.0	2.2	1.61	644.2	1.66	80.7	405.4	0.97	9.38	.033	10.31	9.1
21	26.5	19.7	9.0	2.2	1.32	586.7	1.37	65.0	442.4	0.96	12.15	.048	13.36	9.0
22	24.7	17.7	7.3	2.4	1.36	603.9	1.40	82.5	445.4	0.97	14.45	.040	15.41	6.3
23	24.4	16.4	9.0	1.8	2.25	784.6	2.35	87.3	350.8	0.96	9.50	.030	10.46	9.2
24	21.5	15.3	9.3	1.7	2.61	510.8	2.73	53.2	199.2	0.96	4.83	.015	5.66	15.6
25	24.4	17.3	7.3	2.4	2.59	448.9	2.80	60.5	174.3	0.92	7.15	.019	8.33	14.4
26	16.8	11.8	10.3	1.1	2.20	471.9	2.31	45.1	224.1	0.95	12.68	.034	14.31	11.6
27	17.5	10.7	10.3	1.0	2.60	542.5	2.74	50.5	221.1	0.95	11.15	.029	12.62	11.7
28	16.1	8.6	11.3	0.8	2.28	551.0	2.41	48.4	242.1	0.94	10.16	.033	11.69	13.4
29	20.3	12.8	10.3	1.3	3.40	616.7	3.65	59.9	183.1	0.93	13.45	.029	15.31	12.2
30	20.8	13.4	9.0	1.5	2.41	660.0	2.47	72.4	281.5	0.98	7.47	.021	8.24	9.6
31	17.2	9.8	11.3	0.9	2.29	588.7	2.38	51.9	257.0	0.96	13.48	.033	14.94	9.9
32	23.5	16.0	7.0	2.3	1.24	495.0	1.29	69.2	397.9	0.96	9.47	.033	10.36	8.6
33	17.8	12.2	10.0	1.2	2.51	586.8	2.63	58.7	253.4	0.95	11.91	.035	13.37	11.0
34	14.9	9.6	8.3	1.2	1.42	388.7	1.50	46.7	275.9	0.95	13.76	.032	15.00	8.2
35	20.4	14.1	5.3	2.7	1.88	377.6	1.98	71.6	202.2	0.95	6.41	.019	7.46	14.2
36	19.1	14.5	5.0	3.0	1.98	480.8	2.19	95.4	284.4	0.87	9.96	.023	10.93	8.4
37	16.7	11.9	6.3	1.9	1.50	480.0	1.58	75.9	321.9	0.95	12.57	.038	13.84	9.3
38	18.5	13.6	6.3	2.1	2.32	519.1	2.41	83.3	227.7	0.96	12.33	.027	13.63	9.6
39	14.9	9.8	8.7	1.1	1.99	499.0	2.07	57.8	252.0	0.96	14.46	.037	16.21	10.7
40	19.9	15.7	6.7	2.3	1.53	531.9	1.59	78.4	348.5	0.96	8.48	.027	9.30	8.9

Table 3. Continue

No	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14
41	24.8	19.1	5.7	3.4	1.99	502.6	2.46	88.6	252.3	0.83	12.78	.031	14.41	11.4
42	18.5	14.7	7.7	1.9	1.81	605.0	2.00	48.8	336.0	0.90	7.69	.035	8.89	13.6
43	18.0	14.3	8.7	1.7	1.38	539.7	1.42	60.8	383.7	0.97	6.19	.040	7.32	15.3
44	23.1	17.2	8.7	2.0	0.73	376.2	0.83	43.3	515.9	0.88	9.73	.038	10.65	8.7
45	24.3	19.9	9.0	2.2	1.39	497.2	1.79	55.0	355.3	0.78	8.94	.034	10.30	13.5
46	19.4	13.2	11.7	1.1	3.32	787.0	3.48	67.0	239.3	0.95	11.70	.031	13.22	11.6
47	20.5	14.9	9.0	1.6	1.13	521.9	1.25	58.0	462.5	0.91	8.83	.030	9.63	8.2
48	18.6	10.6	10.3	1.0	3.22	662.7	3.53	64.1	205.9	0.91	12.29	.024	13.77	10.8
49	18.4	9.2	10.0	0.9	3.25	852.6	3.44	84.7	262.7	0.94	10.16	.036	11.76	13.6
50	21.2	14.2	11.0	1.3	3.42	746.5	3.74	67.9	219.6	0.92	13.40	.031	15.18	11.6
51	24.8	17.2	8.3	2.1	1.80	682.7	1.91	79.7	369.0	0.94	10.27	.031	11.22	8.4
52	26.3	18.7	8.3	2.3	1.06	508.6	1.20	61.0	479.5	0.88	9.69	.046	10.85	10.9
53	22.5	15.3	11.0	1.4	4.19	876.2	4.47	79.3	209.5	0.94	10.79	.022	12.08	10.3
54	22.4	14.4	8.5	1.7	1.53	546.7	1.56	64.3	357.0	0.98	12.58	.030	13.47	6.7
55	23.8	18.0	11.5	1.6	3.57	761.9	3.77	66.7	213.4	0.95	7.73	.015	8.56	9.7
56	24.7	21.0	10.7	2.0	3.59	765.6	3.78	71.5	213.4	0.95	12.32	.026	13.80	10.8
57	24.1	18.7	10.7	1.8	3.74	860.1	3.98	80.3	239.6	0.94	10.88	.037	12.70	14.4
58	29.9	20.7	10.7	2.0	1.38	476.3	1.74	44.1	341.7	0.79	11.79	.031	13.15	10.4
59	27.3	20.7	12.7	1.6	1.45	618.4	1.57	48.8	429.9	0.92	10.29	.018	10.77	4.5
60	28.8	21.4	11.0	1.9	3.31	627.5	3.45	56.3	194.7	0.95	7.68	.014	8.51	9.7
61	30.3	22.0	9.3	2.4	1.28	514.1	1.35	55.1	404.0	0.95	12.22	.030	13.12	6.8
62	32.4	25.4	9.3	2.8	1.18	505.5	1.39	54.1	428.8	0.85	13.52	.044	14.94	9.6
63	25.6	15.8	10.0	1.6	0.84	357.7	1.08	35.8	435.0	0.78	14.84	.048	16.47	9.9
64	21.7	15.5	6.0	2.6	0.56	269.8	0.89	45.0	480.2	0.63	10.93	.024	11.80	7.5
65	29.1	13.4	5.7	2.4	1.35	444.2	1.43	77.9	327.8	0.94	11.38	.033	12.59	9.7
66	29.9	23.5	9.3	2.5	1.27	436.1	1.56	46.1	340.9	0.81	9.81	.021	10.64	7.7
67	28.8	20.6	6.3	3.3	0.90	347.5	1.12	54.7	390.6	0.80	10.33	.018	10.95	5.9
68	33.6	25.4	11.0	2.3	0.92	454.8	1.10	41.6	498.4	0.83	14.18	.038	15.21	6.8
69	28.1	20.8	10.0	2.1	1.69	364.0	2.14	36.2	219.5	0.80	6.79	.016	7.78	12.6
70	32.8	25.2	8.7	3.1	1.61	512.1	1.85	58.3	318.7	0.86	12.13	.027	13.17	7.7
71	29.5	23.2	10.3	2.2	0.87	429.6	0.99	41.4	509.3	0.88	14.04	.057	15.45	9.3
72	32.0	31.3	6.3	4.9	0.64	356.1	0.93	56.3	552.8	0.69	16.76	.045	18.17	7.9
73	24.9	18.7	11.3	1.6	4.06	688.4	4.23	60.8	170.3	0.96	8.02	.013	8.83	9.2
74	30.1	18.3	9.0	2.0	0.98	627.9	1.00	69.8	678.2	0.98	11.54	.084	12.86	10.4
75	30.5	18.4	9.0	2.0	1.01	608.7	1.06	67.6	644.8	0.95	11.93	.065	13.01	8.3
76	29.5	18.5	8.5	2.2	1.11	623.6	1.20	70.7	571.2	0.93	13.80	.042	14.60	5.5
77	26.1	17.7	9.0	2.0	2.49	742.5	2.59	82.1	295.9	0.96	9.80	.036	11.27	13.2

X1 : plant height, X2 : standing height, X3 : number of leave, X4 : rosetteness, X5 : dry weight, X6 : leaf area, X7 : dry weight of shoot, X8 : average area of individual leaf, X9 : specific leaf area, X10 : leaf weight ratio, X11 : net Photo.synthetic rate, X12 : respiration rate, X13 : gross Photo.synthetic rate, X14 : respiration rate/Photo.synthetic rate(%)

상대엽면적이 가장 큰 계통은 74번으로 고창 아산에서 수집한 계통인데 평균  $678.2\text{cm} \cdot \text{g}/10$ 으로 가장 엷은 잎을 가진 반면 73번 계통(산청갯)은 평균  $170.3\text{cm} \cdot \text{g}/10$ 으로 가장 두꺼운 잎을 가진 것으로 나타났다. 엽중비율은  $0.598 \sim 0.986\text{g} \cdot \text{g}/10$  사이의 분포를 보여 지상부 중 잎이 차지하는 비율에서도 계통간 큰 차이를 보였다. 엽중비율이 가장 큰 계통은 54번(적갯)으로 평균 0.98을 보인 반면 64번 계통은 평균 0.63으로 가장 낮은 엽중비율을 보였다.

순광합성율은  $3.085 \sim 19.469\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{mm} \cdot \text{s}/10$  사이에 분포하여 계통간 큰 차이를 보였다. 순광합성율이 가장 높은 계통은 72번(Rayo)으로 평균  $16.76\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{mm} \cdot \text{s}/10$ 을 보인 반면 여천군 돌산면에서 수집한 24번 계통은  $4.83\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{mm} \cdot \text{s}/10$ 으로 가장 낮은 값을 보였다. 호흡율은  $0.005 \sim 0.102\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{mm} \cdot \text{s}/10$  사이에 분포하였는데 고창 아산에서 수집한 74번 계통은 평균  $0.0842\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{mm} \cdot \text{s}/10$ 로 가장 높은 호흡율을 보인 반면 15번 계통(적겨자)은  $0.00643\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{mm} \cdot \text{s}/10$ 으로 가장 낮은 호흡율을 보였다. 총광합성율의 변이는 순광합성율에 호흡율을 더해서 구한 만큼 계통간 변이는 순광합성율과 대동소이하었다.

총광합성율에 대한 호흡율의 비율은 3.21~22.71% 사이에 분포하였는데 6번 계통에서 평균 16.26%로 가장 높은 비율을 보인 반면 59번 계통에서는 평균 4.48%로 가장 낮은 비율을 보였다.

#### 나. 조사형질들 간의 상관관계

조사형질들 간의 상관관계는 표 4에 제시되어 있다. rosetteness(X4)는 초장(X1), 초고(X2) 그리고 SLA(X9)와는 고도로 유의한 정의 상관을 보여 초장 및 초고가 클수록 잎의 부착밀도가 낮고 잎이 엷은 것으로 나타났다. 또한 rosetteness는 엽수(X3), 엽중(X5), 엽면적(X6), 지상부중(X7) 그리고 LWR(X10)과 고도로 유의한 부의 상관을 보여 잎의 부착밀도가 클수록 지상부 생육에 관한 형질들이 낮아지는 것으로 나타났다. SLA는 엽중이나 지상부중과는 고도로 유의한 부의 상관을 보여 엽중 또는 지상부중이 높을수록 엷은 두꺼운 것으로 나타났다. 한편 단위 엽면적당 광합성율(X11)은 엽중, 엽면적, 지상부중 그리고 1엽 엽면적(X8)과 고도로 유의한 부의 상관을 보인 반면 SLA와는 고도로 유의한 정의 상관을 보였다. 이는 광합성율이 엽이 클수록 낮아지는 관계를 말하며 엽이 넓을수록 광합성율은 높아지는 것을 의미한다. 단위건물중당 호흡율(X12)은 SLA와 단위엽면적당 광합

성율과는 고도로 유의한 정의 상관을 보여 이들이 높을수록 호흡율은 증가하는 것으로 나타났으며 엽중과 지상부중과는 고도로 유의한 부의 상관을 보여 이들이 낮을수록 증가하는 것으로 나타났다. 광합성율에 대한 호흡율의 비율(X14)은 엽중과 지상부중과는 고도로 유의한 정의 상관관계를, SLA와 단위엽면적당 광합성율은 부의 상관을 보여 광합성율이 높을수록 호흡율의 소모비율은 낮은 것으로 나타났다. 이들 관계를 요약해 보면 엽의 부착밀도가 낮은 계통들이 지상부 생육이 좋았으며 광합성율을 높이기 위해서는 SLA가 큰 즉, 잎이 얇은 계통을 선발해야 된다는 것을 말해 준다.

Table 4. Correlation relationship among characters.

	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14
X1	.819	.116	.529	-.237	.012	-.208	-.090	.440	-.301	.107	.167	.069	-.284
X2		.083	.709	-.172	-.028	-.134	-.103	.311	-.391	.076	.027	.040	-.251
X3			-.603	.518	.534	.520	-.319	-.226	.101	.001	-.125	.015	.068
X4				-.434	-.374	-.400	.143	.349	-.416	.085	.066	.050	-.229
X5					.721	.991	.320	-.748	.294	-.243	-.507	-.206	.307
X6						.690	.609	-.202	.423	-.181	-.060	-.160	.167
X7							.285	-.757	.178	-.232	-.533	-.194	.309
X8								-.036	.398	-.208	.040	-.196	.126
X9									-.130	.260	.742	.219	-.358
X10										-.176	.110	-.168	.099
X11											.404	.993	-.391
X12												.431	.068
X13													-.288

+ r is significant at the significant level of 0.05 if  $r > 0.138$  and highly significant at the of 0.01 if  $r > 0.181$ .

다. 갯의 성장량, canopy 광합성율 그리고 호흡율과의 관계

한 개체의 지상부 건물중, canopy 순광합성율, canopy 호흡율, canopy 총광합성율 그리고 총광합성율에 대한 호흡율의 비율의 77개 계통의 평균, 표준편차, 최

소값 그리고 최대값은 표 5에 나타냈다. canopy 순광합성율은 43.08-370.18 사이의 분포를 보였고 평균 160.57의 값을 보여 계통간 많은 차이가 있었다. canopy 호흡율에서도 2.63-46.24의 분포를 보였으며 평균 17.88을 보였다. 총광합성율에 대한 호흡율의 비율은 0.03-0.23 사이에 분포하였으며 평균 17.88을 보였다. canopy 총광합성율은 순광합성율과 호흡율의 합으로 계산된 만큼 계통간 많은 차이가 있음은 당연하다. 총광합성율에 대한 호흡율의 비율은 0.03-0.023사이에 분포하였으며 평균 0.10의 값을 보여 총광합성량의 약 10%가 호흡으로 소모됨을 알 수 있었다. 지상부 건물중의 생장은 광합성율과 호흡의 합으로 계산되는 만큼 이들 간의 관계는  $W = 0.00278 * C_{gps} + 0.08498 * C_{resp}$  ( $R^2 = 0.8403$ )의 고도로 유의한 직선관계가 있었다. 이 식에 의하면 식물의 지상부 성장량은 호흡율에 의해 보다 크게 영향받는 것으로 나타났는데 이는 호흡이 잎 뿐 아니라 줄기에서도 일어나는데 기인한 것으로 사료된다. 호흡과 식물체 건물중과의 밀접한 관계는 McCree(1969)에 의해 보고되었는데 이에 의하면  $C_{resp} = \alpha * C_{gps} + \beta * W$  로 호흡은 건물중과 직선관계가 있음을 보고하였다. 본 연구에 의하면  $C_{resp} = 0.07702 * C_{gps} + 2.04027 * W$  ( $R^2 = 0.9436$ )의 고도로 유의한 직선관계가 있었다.

한 개체의 지상부 건물중, canopy 순광합성율, canopy 호흡율, canopy 총광합성율 그리고 총광합성율에 대한 호흡율의 비율의 77개 계통의 평균, 표준편차, 최소값 그리고 최대값은 표 12에 제시되어 있다. canopy 순광합성율은 43.08-370.18 사이의 분포를 보였고 평균 160.57의 값을 보여 계통간 많은 차이가 있었다. canopy 호흡율에서도 2.63-46.24의 분포를 보였으며 평균 17.88을 보였다. 총광합성율에 대한 호흡율의 비율은 0.03-0.23 사이에 분포하였으며 평균 17.88을 보였다. canopy 총광합성율은 순광합성율과 호흡율의 합으로 계산된 만큼 계통간 많은 차이가 있음은 당연하다. 총광합성율에 대한 호흡율의 비율은 0.03-0.023사이에 분포하였으며 평균 0.10의 값을 보여 총광합성량의 약 10%가 호흡으로 소모됨을 알 수 있었다. 지상부 건물중의 생장은 광합성율과 호흡의 합으로 계산되는 만큼 이들 간의 관계는  $W = 0.00278 * C_{gps} + 0.08498 * C_{resp}$  ( $R^2 = 0.8403$ )의 고도로 유의한 직선관계가 있었다. 이 식에 의하면 식물의 지상부 성장량은 호흡율에 의해 보다 크게 영향받는 것으로 나타났는데 이는 호흡이 잎 뿐 아니라 줄기에서도 일어나는데 기인한 것으로 사료된다. 호흡과 식물체 건물중과의 밀접한 관계는 McCree(1969)에 의해 보고되었는데 이에 의하면  $C_{resp} = \alpha * C_{gps} + \beta * W$  로 호

흡은 건물중과 직선관계가 있음을 보고하였다. 본 연구에 의하면  $C_{resp} = 0.07702 \cdot C_{gps} + 2.04027 \cdot W$  ( $R^2 = 0.9436$ )의 고도로 유의한 직선관계가 있었다.

Table 5. Minimum value, maximum value, mean value and standard deviation of seventy seven lines/cultivars for net Photo.synthetic rate, respiration ratio, gross Photo.synthetic rate.

Variable	Mean	Std.	Min.	Max.
Dry weight of shoot (g)	2.12	1.05	0.60	5.73
Canopy net Photo.synthetic rate ( $\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{plant} \cdot 1/10\text{s}$ )	160.57	53.46	43.08	370.18
Canopy respiration rate (A) ( $\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{plant} \cdot 1/10\text{s}$ )	17.88	7.74	2.63	46.24
Canopy gross Photo.synthetic rate (B) ( $\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{plant} \cdot 1/10\text{s}$ )	178.45	59.04	50.90	395.46
A/B	0.10	0.03	0.03	0.23

Thornley(1970)에 의하면  $C_{resp} = Gr \cdot dw/dt + m \cdot W$ 의 관계가 있으며 McCree의 모형과 비교해 볼 때  $Gr = a/(1-a)$ 의 관계가 있음을 밝히고 Gr을 성장 호흡율 그리고 m을 유지호흡율이라 정의하였다. 본 연구의 결과  $Gr = 0.07702/(1-0.07702) = 0.08345$  ( $\mu\text{mol CO}_2 \cdot 1/10\text{plant} \cdot 1/10\text{s}$ )의 값을 얻었다.

## 제 5 절 반복친 및 CMS(Jasai 및 Donshaja) 모본의 분자적 특성 분석

### 1. 서론

활력 있는 화분생성을 못하며, 모성유전의 특징을 갖고 있는 세포질 융성불임(CMS)은 많은 고등식물에서 유용하며, 잡종강세를 이용하는 이상적인 유전적 시스템이다. CMS는 미토콘드리아 유전자의 재배열을 일으키는 키메라적 *orf*와 긴밀한 관계가 있다. 더욱이 호흡관련 미토콘드리아의 기능상실이 CMS와 관련이 있다고 믿고 있다. 즉, *orf*의 발현산물과 호흡관련 콤플렉스간의 상호작용에 의해 불임이 된다고 생각된다.

갯은 주로 절임채소로 이용되는 중국채소이다. 갯의 절임상품은 중국 및 동남아시아국에서 많이 이용되며, 경제적으로도 매우 비중이 높다. 그러나 갯은 자식성 작물로써 타식율이 30%까지 나타난다. 최근 모든 갯 품종들을 수집하여 보았으나 F1 잡종은 거의 발견되지 않았다. 의심할 바 없이, 세포질융성불임성을 이용하여 갯의 잡종생산이 가능하다는 것을 알았다. 배추과 작물의 CMS 유형에는 *nap*, *ogu*, *mur*, *oxy*, *tour* 등이 있다.

지금까지 알려진 CMS라인의 세포질 background는 1) *B. tournefortii*, 2) *B. oxyrrhina*, 3) *D. siifolia*, 4) *Raphanus sativus*, 5) *Trachystoma ballii* 등이 있다. 이들 중 *Trachystoma ballii* 은 체세포융합에 의해 유기된 것이고 나머지는 교배에 의해 유기된 것이다.

본 연구에서는 F1잡종 생산의 종자친으로 사용한 Jasai 및 Donshaja CMS의 분자적 특징을 조사하였다.

### 2. 재료 및 방법

#### 가. 갯 CMS 계통의 임성

본 실험에서 이용한 Jasai 및 Donshaja CMS는 일본 동경농공대학 식물육종학 연구실에서 분양받았다. Recurrent parents는 우리나라 남부지역에서 수집한 지방채래종과 일본의 고채품종을 사용하였다. 2종의 CMS 계통은 온도변화에도 100% 불임을 나타냈다. 또한 봉지를 씌워 결실율을 조사하였으나 완전히 0%이었다. 그러나 임성의 recurrent parents을 화분친으로 이용하면 결실이 되었다.

#### 나. PCR-RFLP에 의한 mtDNA의 분석

실험에 공시한 재료는 고흥 녹동, 고흥 도덕, 고흥 풍양, 고흥 남양, 고흥 동강, 고흥 동일, 고흥 동강 청송리, 고흥 봉래, 농우적갓, 여수 화양, 전남 농기원, 전남 진도, 농우돌산갓, 柳川大葉縮綿高菜, 三池大葉縮綿高菜 A, 雲仙結球高菜, 雲仙こぶ高菜, 長崎高菜, 赤大葉縮綿高菜, 改良廣莖青菜, しんこく青菜, 葉からし菜, 山形青菜, 뿌리갓, 赤大葉高菜, 노랑갓, Jasai CMS, Donshaja CMS 이었다. 반복친 및 CMS계통(Jasai 및 Donshaja)의 엽조직으로부터 CTAB법에 의하여 total DNA를 추출하였으며, 미토콘드리아 특이적 primer는 orf220, orf222, orf224 및 atpA 유전자로부터 합성하였다(표 1). PCR 증폭은 Perkin-elmer사의 PE-9700을 이용하였고, 2분간 94℃에서 pre-denaturation 시킨 후, denaturation을 94℃에서 1분, annealing은 50℃에서 1분, extension은 72℃에서 2분간 35회 반응시켰다. Post-extension은 72℃에서 2분간 수행하였다. PCR 증폭 반응용액은 10 x reaction buffer(500mM KCl, 100mM Tris-HCl, PH 8.3, 15mM MgCl<sub>2</sub>) 2.5μl, 2.5mM dNTP 2μl, Genomic DNA 50ng, 100pM Primer 0.1μl, 0.5unit *Taq* polymerase 0.25μl(TaKaRa, Japan) 및 멸균수를 이용하여 Total Vol. 25μl로 조성되었다. 반응액은 1.0% agarose gel 전기영동으로 분리 후 UV transilluminator 상에서 확인하였다. 증폭된 PCR산물을 제한효소인 *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II, *Afa* I의 제한 효소로 소화하였다. 그 반응조건으로 2μl의 10×buffer(750mM KCl, 150mM tris-HCl, pH 7.5, 92.5mM MgCl<sub>2</sub>, 10mM dithiothreitol)를 첨가하고 PCR 산물 4μl, restriction endonuclease 8units, 을 더한 다음 최종 volume을 20μl로 하였다. 반응액은 37℃에서 10시간 incubation시킨 후 1X TBE buffer를 함유하고 있는 1.5% agarose gel에서 100V에서 30분간 전기영동으로 분리한 후 UV transilluminator상에서 확인하였다.

Table 1. Mitochondrial genes, primers and product size for PCR analysis.

Gene	Gene product	PCR primer sequence(5' → 3')		Size (bp)
<i>atp1</i>	ATP synthase subunit alpha	F: gaaagcatctggttcatt	R: agagctcgggaactaacgaa	1,479
<i>atp6</i>	ATP synthase subunit 6	F: actaaaaagggaggaggaaa	R: atctcattcatatagcatagt	485
<i>apt9</i>	ATP synthase subunit 9	F: ccgagatgttagaaggtgcaa	R: atcaaaaaggccatcattgg	214
<i>atpA</i>	ATPase alpha subunit	F: gctgcttacaggagttagcc	R: gtccaatcgctacatagaca	
<i>cox1</i>	Cytochrome c oxidase sub 1	F: ttctctccttgatagctgga	R: atctggttcgatggctgttc	1,561
<i>cox2</i>	Cytochrome c oxidase sub 2	F: cgtaaaggcatgattagtcca	R: tcacaatttctctgtgatgc	674
<i>cox3</i>	Cytochrome c oxidase sub 3	F: caagtcctaggcctattcg	R: tcataactceccaacat	758
<i>ccb203</i>	Cytochrome c biogenesis orf203	F: gagccgagtgacgtagatgc	R: cgtgtcgttcgaatggaaa	547
<i>ccb206</i>	Cytochrome c biogenesis orf206	F: tgatcttctctccacacca	R: cgagaccgaaattggaaaa	569
<i>ccb256</i>	Cytochrome c biogenesis orf256	F: gttggcgctttaaccatt	R: agctacgcgcaaatctcat	719
<i>ccb382</i>	Cytochrome c biogenesis orf382	F: ctgccagaacgaagagaag	R: ttcgtatttccgggtcttt	1,149
<i>ccb452</i>	Cytochrome c biogenesis orf452	F: cgacagaagaacaccaaca	R: ttttatggctgctctgtg	745
<i>cob</i>	Apocytochrome B	F: aaggaaccaacgattctcttc	R: tgtgatcagctcatccgtgt	1,169
<i>nad1</i>	NADH dehydrogenase sub 1	F: ccgaccctataataatcc	R: tgtccagctgaaacttgga	367
<i>nad2</i>	NADH dehydrogenase sub 2	F: ccgaaaccaaggggatacta	R: ggaaggtgcccagaaatag	1,626
<i>nad3</i>	NADH dehydrogenase sub 3	F: gcaccctttccattcata	R: gatgtcagaattgccaaca	342
<i>nad4</i>	NADH dehydrogenase sub 4	F: acaggggaattggagtagca	R: tgcatttgaatcggagaat	380
<i>nad4L</i>	NADH dehydrogenase sub 4L	F: tacctcggactcggaggtt	R: ttcggggaatcctcctaat	213
<i>nad5</i>	NADH dehydrogenase sub 5	F: caatcgtcggaatgtgtacg	R: ccaattttgggccaatc	359
<i>nad6</i>	NADH dehydrogenase sub 6	F: gtgagtggtcagctctct	R: cctgcttggctctctggtt	584
<i>nad7</i>	NADH dehydrogenase sub 7	F: tctatgatggccaagaaca	R: acaccactgaatcccaatc	446
<i>nad9</i>	NADH dehydrogenase sub 9	F: ttatccgtcgtactgctgtt	R: cccaagaatgggtcaaaaa	531
<i>matR</i>	Maturase	F: gcttcccaagctctatgctgt	R: actgcttccaccctacgc	751
<i>orfB</i>	ATP synthase subunit 8	F: tgctcaactggataaattcac	R: ttcttggccatgtacaaca	465
<i>orf138</i>	ATPase alpha subunit	F: cgaaacgggaagtacaata	R: cgtcacttcatcgttaggta	304
<i>orf224</i>	Unknown protein	F: gaaccaactgctttcacacc	R: ctggctctctcgaatctc	514
<i>orf240</i>	Unknown protein	F: ctctgacctcccagtcag	R: tgaggggaaggttggtcata	570
<i>orf220</i>	Membrane associated protein	F: atgcctcaactggataaattc	R: tcatcgaaatagatcgaggat	660
<i>orf222</i>	Cytoplasmic male sterility protein	F: atgcctcaactggataaattc	R: tcatcgaaatagatcragkatytcg	666
<i>rpl2</i>	Ribosomal protein L2	F: tgctcgaagaattgatctg	R: acattgcttaggaccaacgg	827
<i>rpl5</i>	Ribosomal protein L5	F: atgttccactcaattttca	R: ctgatttccccctcatctt	558
<i>rpl16</i>	Ribosomal protein L16	F: tgacataagattctcggccc	R: gggagacgtgctatataccga	486
<i>rps3</i>	Ribosomal protein S3	F: tcggatatagcacgtctccc	R: tacggaactcacttcggct	1,593
<i>rps4</i>	Ribosomal protein S4	F: ccgaagaggaaggtttggat	R: ccgaagattgaggaacagga	934
<i>rps7</i>	Ribosomal protein S7	F: ttaccaccatctgaaatcgcg	R: atgggggcttggatgggtgag	447
<i>rps12</i>	Ribosomal protein S12	F: atgcctacgtttaatcaatt	R: tcatacgtattgggttttc	378
<i>rrn5</i>	5S ribosomal RNA protein	F: ttatttcttaccgggcttg	R: gagacgtgaaaacaccgat	108
<i>rrn18</i>	18S ribosomal RNA protein	F: gattcaatccagccacaggt	R: catgcaagtcgaactgtgt	1,795
<i>rrn26</i>	26S ribosomal RNA protein	F: tctcccttaacaccaacgg	R: atgactgtggtcagggtg	1,890

#### 다. PCR 산물의 클로닝과 염기서열 분석

각 유전자의 PCR 산물은 정제한 후, pGEM-T Easy 벡터(Promega, USA)를 사용하여 ligation시켰다. Ligation 산물은 *E. coli* DH 5a에 형질전환시켰으며, IPTG와 X-gal을 포함한 LB agar 배지에 배양하였다. Plasmid 추출은 Plasmid Miniprep Kit(TaKaRa, Japan)를 사용하였으며, 염기서열 결정은 PRISM™ 377(Perkin-Elmer, USA)을 사용하여 수행하였다. PCR 산물의 염기서열은 MacDNAsis (Hitachi software, Calif, USA)와 BLASTN 프로그램(NCBI)을 이용하여 결정 및 분석하였다.

### 3. 결과 및 고찰

#### 가. CMS 특이적 밴드

orf138 근방에 존재하는 orfB에 의하여는 CMS와 normal간에 차이가 없었다. atpA는 4종의 CMS(Jasai, Donshaja, Anand 및 Komatsuna)가 normal보다 큰 size로 증폭되었다. Ogura CMS의 마커인 orf138에 의해 Komatsuna CMS에서 PCR산물이 증폭되었으며, Polima CMS 특이적 마커인 orf220, orf222, orf224 에 의하여 Jasai, Donshaja 및 Anand CMS에서 PCR산물이 증폭되었다(사진 1). 즉 본 실험에서 사용한 CMS 2종은 모두 polima 형인 것을 알 수 있었다.

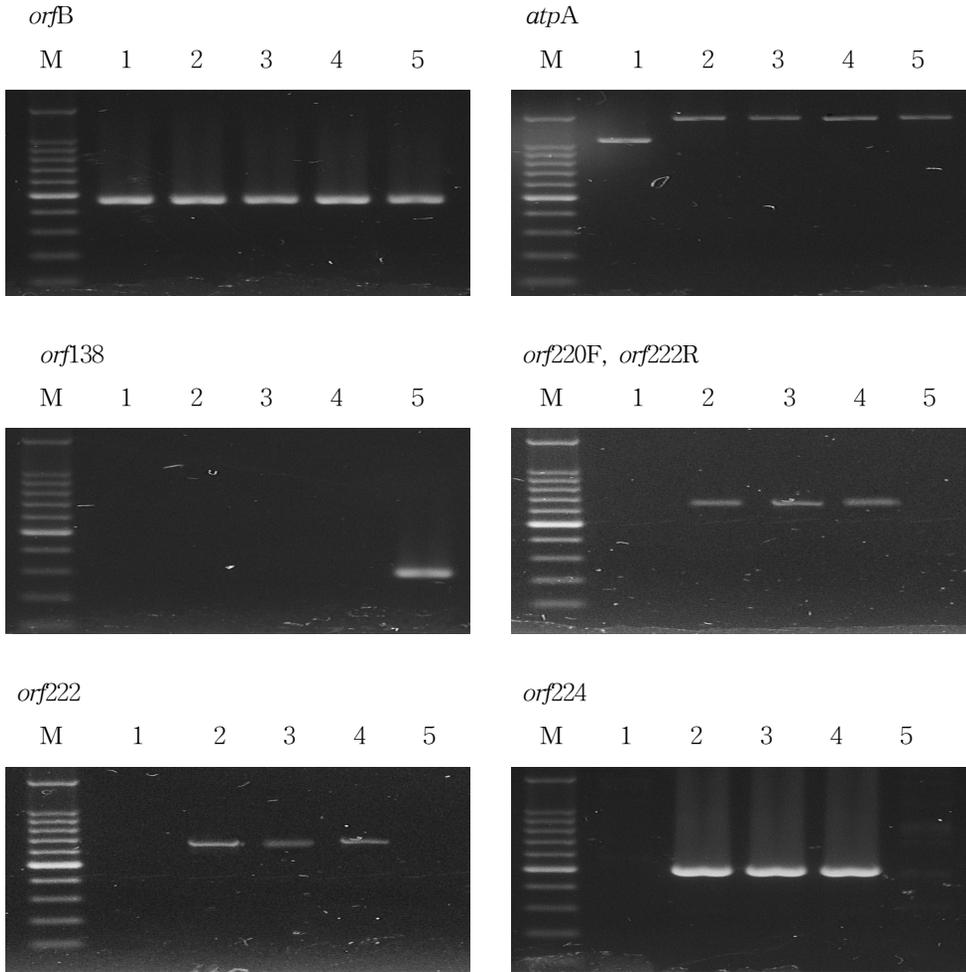


Photo. 1. Amplified CMS specific bands in mitochondria region. M: 100bp marker, Lane 1: normal, 2: Jasai CMS, 3: Donshaja CMS, 4: Anand CMS, 5: Komatsuna CMS

atpA에 의해 증폭한 PCR산물을 cloning하여 염기서열을 분석 후, normal(웅성가임 개체)과 CMS간의 아미노산을 비교하였다. 그 결과 orf영역은 차이가 없었으나, 5'-UTR에 차이가 있었다.

■ Normal atpA의 염기 및 아미노산 서열

**gctgcttacaggagttagcc**agctcacttcctcgttcgaatggggagatagataaaaagacacgaaactctatca  
 aatatcattaagagaagaagattctcattccagctcagcaaggtagttgtaggaatctcttttgggaagtgaatt  
 cctactctcatctctttttactaaataaaggcacaacacccttatgatgacattccgctctctaacgggtataaa  
 tatacctaaagtttgaatcttttttttattattgttgatactcctgcagagaatctcttaggagcgaacggtt

ctatntagacctgatctatcagggcacgaatagtcgctactttgccaagctctggagttagtgctttcgttcag  
ttcataaggtgacttttttttctaaagcggattcctcctgcctctgaattcaaaaatggaatta**tg**gaatt  
atctcccagagctgcggaactaacgaatctattcgaaagtcgaattaggaacttttacgcgaatttcaagtgga  
tgagatcggtcgagtggtctcagttggagatgggattgcacaagtttatggattgaacgagattcaagctgggga  
aatggttcttttgccaacggtgtgaaaggatggccttgaatcttgagaatgagaatgctgggattggtgtctt  
tgggtgataaccgctataaaagaaggagatcttgtcaagcgcactggatctatttggtgatgttcccgcgggaaa  
ggctatgctagggcgtggtgcgacgcgatgggagtacctattgatggaagaggggcttaagcgatcacgagca  
aagacgtgctgaagtgaagcccctgggattcttgaacgtaaatacagtcacgagcctatgcaaacagggttaa  
agcggtagatagcctggttctatagccgtggtcaacgagaacttctaatacggggaccgacaaactggaaaaac  
gactattgctatcgataccatattaaacaaaagcaaaataaactcaagggccacctctgagagtgagacaaatgta  
tt**gtctatgtagcgattggac**agaaacgctcgcactgtgggacaattaattcaactcttgaagaagcgaatgc  
tttggaaatattccattctttagcagccaccgcttcggatcctgctcctctgcaattttggcccaatattccgg  
gtgtgccatgggggaatattccgcgataatggaatgcacgcattaataatctatgatgatcttagtaaacaggc  
ggtggcatacgcacaaatgtcattattgttacgcccaccaccaggcogtgaggcttcccagggtgatgtttctta  
ttacattcccgtctcttagaaagagcggctaaacgatcggaccagacaggtgcaggtagcttgaccgccttacc  
cgttattgaaacacaagctggagacgtatcggcctataattcccacaaatgtgatctccattactgatggacaaat  
ctgtttgaaacagagctcttttatcgggaattagacctgctattaacgtcggcttatctgtcagtcgcgctcgg  
gtctgccgctcagttgaaagctatgaaacaagatgcggttagttcaaaactggaattggcacaatatcgcgaagt  
ggccgcctttgctcaatttgctcagaccttgatgctgcgactcaggcattactcaatagaggtgcaaggctgac  
agaagtaccgaaacaaccacaatatgcaccactccaattgaaaaacaaatactagtcatttatgcagctgtcaa  
tggattctgtgatcgaatgccactagacagaaatctctcaatatgagaagccattccaaatagtgctcaaacctga  
attactacaagccctaaaggtggatctaactaacgaaagaaaaatggaaccagatgcttctttaaagaaagagc  
tttagctttaatt**tag**

**at**ggaattatctcccagagctgcggaactaacgaatctattcgaaagtcgaattaggaac 60  
M E L S P R A A E L T N L F E S R I R N  
ttttacgcgaatttcaagtggatgagatcggtcgagtggtctcagttggagatgggatt 120  
F Y A N F Q V D E I G R V V S V G D G I  
gcacaagtttatggattgaacgagattcaagctggggaatggttctttttgccaacggt 180  
A Q V Y G L N E I Q A G E M V L F A N G  
gtgaaaggaatggccttgaatcttgagaatgagaatgctcgggattggtgtctttggtggt 240  
V K G M A L N L E N E N V G I V V F G G  
gataccgctataaaagaaggagatcttgtcaagcgcactggatctatttggtgatgtccc 300  
D T A I K E G D L V K R T G S I V D V P  
ggggaaaggctatgctagggcgtggtgcgacgcgatgggagtagctattgatggaaga 360  
A G K A M L G R V V D A M G V P I D G R  
ggggcttaagcgatcacgagcaaacgctgctgaagtgaagcccctgggattctttaa 420  
G A L S D H E Q R R V E V K A P G I L E

cgtaaatacagtgacagcctatgcaaacagggttaaagcggtagatagcctggttct 480  
 R K S V H E P M Q T G L K A V D S L V P  
 ataggccgtgggtcaacgagaacttctaatacggggaccgacaaactggaaaaacgactatt 540  
 I G R G Q R E L L I G D R Q T G K T T I  
 gctatcgataccatattaaaccaaagcaataaaactcaagggccacctctgagagtggag 600  
 A I D T I L N Q K Q I N S R A T S E S E  
 acaatgtattgtgtctatgtagcgattggacagaaacgctcgactgtgggacaattaatt 660  
 T M Y C V Y V A I G Q K R S T V G Q L I  
 caaactcttgaagaagcgaatgctttggaatattccattctttagcagccaccgcttcg 720  
 Q T L E E A N A L E Y S I L V A A T A S  
 gatcctgctcctctgcaattttggccccatattccgggtgtgccatgggggaatatttc 780  
 D P A P L Q F L A P Y S G C A M G E Y F  
 cgcgataatggaatgcacgcattaataatctatgatgatcttagtaaacaggcggtggca 840  
 R D N G M H A L I I Y D D L S K Q A V A  
 tatcgacaaatgtcattattgttacgccgaccaccaggccggtgaggcttccccagggtgat 900  
 Y R Q M S L L L R R P P G R E A S P G D  
 gttttctatttacattcccgtctcttagaaaagagcggctaaacgatcggaccagacaggt 960  
 V F Y L H S R L L E R A A K R S D Q T G  
 gcaggtagcttgaccgccttaccgcttattgaaacacaagctggagacgtatcggcctat 1020  
 A G S L T A L P V I E T Q A G D V S A Y  
 attcccaccaatgtgatctccattactgatggacaaatctgtttgaaacagagctcttt 1080  
 I P T N V I S I T D G Q I C L E T E L F  
 tatcgcggaattagacctgctattaacgtcggcttatctgtcagtcgcgctcgggtctgcc 1140  
 Y R G I R P A I N V G L S V S R V G S A  
 gctcagttgaaagctatgaaacaagtatgcggtagttcaaaactggaattggcacaatat 1200  
 A Q L K A M K Q V C G S S K L E L A Q Y  
 cgcgaagtggccgcctttgctcaatttggtcagaccttgatgctgcgactcaggcatta 1260  
 R E V A A F A Q F G S D L D A A T Q A L  
 ctcaatagaggtgcaaggctgacagaagtaccgaaacaaccacaatatgcaccacttcca 1320  
 L N R G A R L T E V P K Q P Q Y A P L P  
 attgaaaaacaaataactagtcatttatgcagctgtcaatggattctgtgatcgaatgcc 1380  
 I E K Q I L V I Y A A V N G F C D R M P  
 ctagacagaatctctcaatatgagaagccattccaaatagtgtaaactgaattacta 1440  
 L D R I S Q Y E K A I P N S V K P E L L  
 caagcccttaaagggtgattaactaacgaaagaaaaatggaaccagatgctttcttaaaa 1500  
 Q A L K G G L T N E R K M E P D A F L K  
 gaaagagctttagctttaatttag 1521  
 E R A L A L I \*

■ CMS *atpA*의 염기 및 아미노산 서열

gctgcttacaggagttagccagctcacttccctcttcgaatggggagatagataaaagaacgaaactctataaa  
atatcattaagagaagaagattctcattccagcttaaaataagtaagacttgactctttgttcactttgtttctc  
gctccttgctggcgaagaagcggcatatcaaaaaaagaagaagcaaaatctcattcaatttgaataataaga  
gatctctatgccccctgttcttggtttctcccatgcttttggttggtcaacaaccaaccacaactttctatagtt  
cttcactactcctagaggcttgacggagtgagctgtctggaggggaattggtgaaatcaattaatctaatcgtga  
aaccgaaaatcaacttctacttatgaatactatcaaaatcactttccaagacatcgaagagttaaaaaaaatg  
gaaatctcttcgatgtctccgatcagttgtataacaacgcgcttgtagcgtactgaagcactgaccgggacgg  
tccaacgccttttacagcaccataatgttctttgcccgaatggaccacgcacaaatagtacaagataatc  
ttggagatgatatgacctgggaaatgttgctctgtattgagcaacatcactcagttgggactcgcaagtgcg  
agtttcatcaaatcttcaatattatcaatttaacgggcggggggttagttaaggctactataccgaaggata  
ctttttttctaaagcggtatctccttgccctctgaattcaaaaatggaattatggaattatctcccagagctg  
cggactaaacgaatctattcgaagtcgaattaggaacttttacgcgaatttcaagtgatgagatcggtcgag  
tggtctcagttggagatgggattgcacaagttatggattgaacgagattcaagctgggaaaatggttcttttg  
ccaacgggtgaaaggaatggccttgaatcttgagaatgagaatgtcgggatgtgtctttggtggtgataccg  
ctataaaagaaggagatcttgtaacgcactggatctattgtgtagtcccgcgggaaaggctatgctagggc  
gtgtggtcgacgcgatgggagtacctatgatggaagaggggctctaagcgatcacgagcaaagacgtgtcgaag  
tgaaagcccctgggattcttgaacgtaaatcagtcacgagcctatgcaaacagggttaaaagcggtagatagcc  
tggttcctatagccgtggtcaacgagaacttctaactcggggaccgacaaactggaaaaacgactattgctatcg  
ataccataattaacccaaaagcaataaactcaagggccacctctgagagtgagacaatgtattgtgctatgtag  
cgattggacagaaacgctcgactgtgggacaatataattcaactcttgagaagcgaatgctttggaaatcca  
ttcttgtagcagccaccgctcggatcctgctcctctgcaattttgccccatattccgggtgtgccatggggg  
aatattccgcgataatggaaatgcacgcatataaactatgatgatcttagtaaacaggcgggtggcataatcgac  
aaatgtcattattgttacgccaccaccaggccgtgaggctttcccagggtgagtttctatttacattcccgtc  
tcttagaaagagcggctaaacgatcggaccagacaggtgcaggtagcttgaccgccttaccgcctattgaaacac  
aagctggagacgtaatcggcctatattcccaccaatgtgactcctactgatggacaaaatctggtttgaaacag  
agctctttatcgcggaattagacctgctattaacgtcggcttactctgtcagtcgcgtcgggtctgccgctcagt  
tgaaagctatgaaacaagtatgcggtagttcaaaactggaatggcacaataatcgcgaagtgccgcctttgctc  
aatttggtcagacctgatgctgagctcaggcattactcaatagaggtgcaaggctgacagaagtaccgaaac  
aaccacaatagcaccactccaattgaaaaacaaatactagtcatattatgcagctgtcaatggattctgtgatc  
gaatgccactagacagaatctctcaatagagaagccattccaaatagtgtaaacctgaattactacaagccc  
ttaaagtggtgattaactaacgaaagaaaaatggaaccagatgctttcttaaagaaagagctttagctttaatt  
ag

atggaattatctcccagagctgaggaaactaacgaatctattcgaagtcgaattaggaac 60

M E L S P R A A E L T N L F E S R I R N

ttttacgcgaatttcaagtgatgagatcggtcgagtggtctcagttggagatgggatt 120

F Y A N F Q V D E I G R V V S V G D G I  
 gcacaagtttatggattgaacgagattcaagctggggaatggttcttttgcacaacggt 180  
 A Q V Y G L N E I Q A G E M V L F A N G  
 gtgaaaggaatggccttgaatcttgagaatgagaatgtcgggattggtgtctttggtggt 240  
 V K G M A L N L E N E N V G I V V F G G  
 gataccgctataaaagaaggagatcttgtcaagcgactggatctattgtggatgttccc 300  
 D T A I K E G D L V K R T G S I V D V P  
 gcgggaaaggctatgctagggcggtgtggtcgacgcatgggagtacctattgatggaaga 360  
 A G K A M L G R V V D A M G V P I D G R  
 ggggctctaagcgatcacgagcaaacgctgtcgaagtgaagcccctgggattcttgaa 420  
 G A L S D H E Q R R V E V K A P G I L E  
 cgtaaatacagtgcacgagcctatgcaaacagggttaaagcggtagatagcctggttct 480  
 R K S V H E P M Q T G L K A V D S L V P  
 ataggccgtggtcaacgagaacttctaatacgggaccgacaaaactggaaaaacgactatt 540  
 I G R G Q R E L L I G D R Q T G K T T I  
 gctatcgataccatattaaccaaagcaataaactcaagggccacctctgagagtggag 600  
 A I D T I L N Q K Q I N S R A T S E S E  
 acaatgtattgtgtctatgtagcgattggacagaaacgctcgactgtgggacaattaatt 660  
 T M Y C V Y V A I G Q K R S T V G Q L I  
 caaactctgaagaagcgaatgctttggaatattccattctttagcagccaccgcttcg 720  
 Q T L E E A N A L E Y S I L V A A T A S  
 gatcctgctcctctgcaattttggcccatattccgggtgtgccatgggggaatatttc 780  
 D P A P L Q F L A P Y S G C A M G E Y F  
 cgcgataatggaatgcacgcattaataatctatgatgatcttagtaaacaggcgggtggca 840  
 R D N G M H A L I I Y D D L S K Q A V A  
 tatcgacaaatgtcattattgttacgccaccaccaggccgtgaggcttccaggtgat 900  
 Y R Q M S L L L R R P P G R E A F P G D  
 gttttctatttacattcccgtctcttagaaagagcggctaaacgatcggaccagacaggt 960  
 V F Y L H S R L L E R A A K R S D Q T G  
 gcaggtagcttgaccgccttaccgctcattgaaacacaagctggagacgtatcggcctat 1020  
 A G S L T A L P V I E T Q A G D V S A Y  
 attcccaccaatgtgatctccattactgatggacaaatctgtttggaacagagctcttt 1080  
 I P T N V I S I T D G Q I C L E T E L F  
 tatcgggaattagacctgtattaacgtcggcttatctgtcagtcgctcgggtctgcc 1140  
 Y R G I R P A I N V G L S V S R V G S A  
 gctcagttgaaagctatgaaacaagtatgcggtagttcaaaactggaattggcacaatat 1200  
 A Q L K A M K Q V C G S S K L E L A Q Y

```

cggaagtggccgcctttgctcaatttgctcagaccttgatgctgactcaggcatta 1260
R E V A A F A Q F G S D L D A A T Q A L
ctcaatagaggtgcaaggctgacagaagtaccgaaacaaccacaatatgcaccacttcca 1320
L N R G A R L T E V P K Q P Q Y A P L P
attgaaaaaacaatactagtcatttatgacagctgtcaatggattctgtgatcgaatgcc 1380
I E K Q I L V I Y A A V N G F C D R M P
ctagacagaatctctcaatatgagaaagccattccaaatagtgcaaacctgaattacta 1440
L D R I S Q Y E K A I P N S V K P E L L
caagcccttaaaggtggattaactaacgaaagaaaaatggaaccagatgctttcttaaaa 1500
Q A L K G G L T N E R K M E P D A F L K
gaaagagctttagctttaatttag 1521
E R A L A L I *

```

■ Normal 및 CMS *atpA*간의 염기 상동성(80%)

```

normal -----
CMS GCTGCTTACAGGAGTTAGCCAGCTCACTTCCCTCTCGAATGGGGAGATAGATAAAAGAA 60

normal -----
CMS ACGAAACTCTATAAAATATCATTAAAGAGAAGAAGATTCTCATTCCAGCTTAAATAAGTAA 120

normal -----
CMS GACTTGACTCTTTGTTCACTTTGTTTTCTCGCTCCTTGCTGGCGAAGAAGCGGCATATCA 180

normal -----
CMS AAAATAAGAAAGAAGCAAATCTCATTCAATTTGAAATATAAGAGATCTCTATGCCCCC 240

normal -----
CMS TGTTCTTGGTTTTCTCCCATGCTTTTGTGGTCAACAACCAACCACAACCTTTCTATAGTT 300

normal -----GCTGCTTACAGG-AGTTAGCCAGCTCAC 27
CMS CTTCACTACTCTAGAGGCTTGACGGAGTGAAGCTGTCTGGAGGGAATTGTTGAAATCAA 360
          **** * *** ** * **

normal TTCCCTCGTTCG---AATGGGGAGATAGA-----TAAAAGACACGAAA---CTCT 71
CMS TTAATCTAATCGTGAACCCGAAAATCAACTTCTACTTATGAATACTATCAAATCACTTT 420
**      *** ** * ** *          ** * *** **

```

```

normal ATCAA-ATATCA-----TTAAGAGAAGAAGATTCTCATTCCAGCTCAGCAAGGTAGTTGT 125
CMS    CCCAAGACATCGAAGAGTTAAAAAAAATGGAATCTCTTCGATGTCTCCGATCAGTTGT 480
      *** * ***          ***** * * * * *   ** * *   *   *****

normal AGGA-ATCTCTTTTGGAAAGTGAATTCCTACTCT-----CATCTCTTTTTAC 171
CMS    ATAACAACGCGCTTGTTAGCGTAACTGAAGCACTGACCGGGACGGTCCAACGCCTTTTTAC 540
      * * * * * *** ** * * * *   * * *   * * * * *****

normal TAAAT-ATAAGGCACAACACCCTTATGATGACATTCCGTCTCTAACGGGTATAAATATAC 230
CMS    AGCACCATAATGTTCTTTTGCCGAAAATTGGACCCACGCACAAATAGTACAAGATATAC 600
      * ***** * *   ** * * *   * *   * * * * *   * *****

normal CTAAAGTTTGGAAATCTTTTTTTTTATTATTGTTGATACTCCTGCAGAGAATCTCTTAGGA 290
CMS    TTGGAGAT-GATATGACCTTGGGAAATGTTGCTTCTG-TATTGAGCAACATCACTCAGTT 658
      * * * * * * *   **   * * * * * * * * * *   * * * * * * *

normal GCGAACGGTTCATTTAGACCTGATCTATCAGGGCAGCAATAGTCGCTACTTTGCCAAG 350
CMS    GGGACTCG--CAAGT--GACGAGTTTCATCAAATCTTCAATATTATCAATTTAA--CGGG 712
      * * *   * * * * * *** * *   *****   *   ***** * * * * *   * *

normal CTCTGGAGTTAGTGCTTTCGTTCAAGTTGACTTTTTTTTTCTAAAGCGGTAT 410
CMS    CGGGGGGGTTTA-GTTAAGTACTATATCCGAAGTATACTTTTTTTCTAAAGCGGTAT 771
      *   ** ***   * *   ** * *   * * *   *****

normal TCCTCCTTGCCTCTGAATTCAAAAATGGAATTATGGAATTATCTCCAGAGCTGCGGAAC 470
CMS    TCCTCCTTGCCTCTGAATTCAAAAATGGAATTATGGAATTATCTCCAGAGCTGCGGAAC 831
      *****

normal TAACGAATCTATTCGAAAGTCGAATTAGGAACTTTTACGCGAATTTTCAAGTGGATGAGA 530
CMS    TAACGAATCTATTCGAAAGTCGAATTAGGAACTTTTACGCGAATTTTCAAGTGGATGAGA 891
      *****

normal TCGGTCGAGTGGTCTCAGTTGGAGATGGGATTGCACAAGTTTATGGATTGAACGAGATTC 590
CMS    TCGGTCGAGTGGTCTCAGTTGGAGATGGGATTGCACAAGTTTATGGATTGAACGAGATTC 951
      *****

```

```

normal  AAGCTGGGAAATGGTTCCTTTTGGCCAACGGTGTGAAAGGAATGGCCTTGAATCTTGAGA 650
CMS     AAGCTGGGAAATGGTTCCTTTTGGCCAACGGTGTGAAAGGAATGGCCTTGAATCTTGAGA 1011
*****

normal  ATGAGAATGTCGGGATTGTTGTCTTTGGTGGTGATACCGCTATAAAAGAAGGAGATCTTG 710
CMS     ATGAGAATGTCGGGATTGTTGTCTTTGGTGGTGATACCGCTATAAAAGAAGGAGATCTTG 1071
*****

normal  TCAAGCGCACTGGATCTATTGTGGATGTTCCCGCGGAAAGGCTATGCTAGGGCGTGTGG 770
CMS     TCAAGCGCACTGGATCTATTGTGGATGTTCCCGCGGAAAGGCTATGCTAGGGCGTGTGG 1131
*****

normal  TCGACGCGATGGGAGTACCTATTGATGGAAGAGGGGCTCTAAGCGATCACGAGCAAAGAC 830
CMS     TCGACGCGATGGGAGTACCTATTGATGGAAGAGGGGCTCTAAGCGATCACGAGCAAAGAC 1191
*****

normal  GTGTGGAAGTAAAGCCCTGGGATTCTTGAACGTAATCAGTGCACGAGCCTATGCAA 890
CMS     GTGTGGAAGTAAAGCCCTGGGATTCTTGAACGTAATCAGTGCACGAGCCTATGCAA 1251
*****

normal  CAGGGTTAAAAGCGGTAGATAGCCTGGTTCCTATAGGCCGTGGTCAACGAGAACTTCTAA 950
CMS     CAGGGTTAAAAGCGGTAGATAGCCTGGTTCCTATAGGCCGTGGTCAACGAGAACTTCTAA 1311
*****

normal  TCGGGACCGACAAACTGGAAAAACGACTATTGCTATCGATACCATATTAACCAAAGC 1010
CMS     TCGGGACCGACAAACTGGAAAAACGACTATTGCTATCGATACCATATTAACCAAAGC 1371
*****

normal  AAATAAACTCAAGGGCCACCTCTGAGAGTGAGACAATGTATTGTGTCTATGTAGCGATTG 1070
CMS     AAATAAACTCAAGGGCCACCTCTGAGAGTGAGACAATGTATTGTGTCTATGTAGCGATTG 1431
*****

normal  GACAGAAACGCTCGACTGTGGACAATTAATTCAACTCTTGAAGAAGCGAATGCTTTGG 1130
CMS     GACAGAAACGCTCGACTGTGGACAATTAATTCAACTCTTGAAGAAGCGAATGCTTTGG 1491
*****

```

```

normal  AATATTCCATTCTTGTAGCAGCCACCGCTTCGGATCCTGCTCCTCTGCAATTTTGGCCC 1190
CMS     AATATTCCATTCTTGTAGCAGCCACCGCTTCGGATCCTGCTCCTCTGCAATTTTGGCCC 1551
*****

normal  CATATTCCGGGTGTGCCATGGGGGAATATTTCCGCGATAATGGAATGCACGCATTAATAA 1250
CMS     CATATTCCGGGTGTGCCATGGGGGAATATTTCCGCGATAATGGAATGCACGCATTAATAA 1611
*****

normal  TCTATGATGATCTTAGTAAACAGGCGGTGGCATATCGACAAATGTCATTATTGTTACGCC 1310
CMS     TCTATGATGATCTTAGTAAACAGGCGGTGGCATATCGACAAATGTCATTATTGTTACGCC 1671
*****

normal  GACCACCAGGCCGTGAGGCTTCCCAGGTGATGTTTTCTATTACATTCCCGTCTCTTAG 1370
CMS     GACCACCAGGCCGTGAGGCTTCCCAGGTGATGTTTTCTATTACATTCCCGTCTCTTAG 1731
*****

normal  AAAGAGCGGCTAAACGATCGGACCAGACAGGTGCAGGTAGCTTGACCGCCTTACCCGTTA 1430
CMS     AAAGAGCGGCTAAACGATCGGACCAGACAGGTGCAGGTAGCTTGACCGCCTTACCCGTCA 1791
*****

normal  TTGAAACACAAGCTGGAGACGTATCGGCCTATATCCCACCAATGTGATCTCCATTACTG 1490
CMS     TTGAAACACAAGCTGGAGACGTATCGGCCTATATCCCACCAATGTGATCTCCATTACTG 1851
*****

normal  ATGGACAAATCTGTTTGAAACAGAGCTCTTTTATCGCGGAATTAGACCTGCTATTAACG 1550
CMS     ATGGACAAATCTGTTTGAAACAGAGCTCTTTTATCGCGGAATTAGACCTGCTATTAACG 1911
*****

normal  TCGGCTTATCTGTGTCAGTCGCGTCCGGTCTGCCGCTCAGTTGAAAGCTATGAAACAAGTAT 1610
CMS     TCGGCTTATCTGTGTCAGTCGCGTCCGGTCTGCCGCTCAGTTGAAAGCTATGAAACAAGTAT 1971
*****

normal  GCGGTAGTTCAAACCTGGAATTGCCACAATATCGCGAAGTGCCGCCTTTGCTCAATTTG 1670
CMS     GCGGTAGTTCAAACCTGGAATTGCCACAATATCGCGAAGTGCCGCCTTTGCTCAATTTG 2031
*****

```

```

normal  GCTCAGACCTTGATGCTGCGACTCAGGCATTACTCAATAGAGGTGCAAGGCTGACAGAAG 1730
CMS     GCTCAGACCTTGATGCTGCGACTCAGGCATTACTCAATAGAGGTGCAAGGCTGACAGAAG 2091
*****

normal  TACCGAAACAACCACAATATGCACCACTTCCAATTGAAAAACAAATACTAGTCATTTATG 1790
CMS     TACCGAAACAACCACAATATGCACCACTTCCAATTGAAAAACAAATACTAGTCATTTATG 2151
*****

normal  CAGCTGTCAATGGATTCTGTGATCGAATGCCACTAGACAGAATCTCTCAATATGAGAAAAG 1850
CMS     CAGCTGTCAATGGATTCTGTGATCGAATGCCACTAGACAGAATCTCTCAATATGAGAAAAG 2211
*****

normal  CCATTCCAATAGTGTCAAACCTGAATTACTACAAGCCCTTAAAGGTGGATTAACCTAACG 1910
CMS     CCATTCCAATAGTGTCAAACCTGAATTACTACAAGCCCTTAAAGGTGGATTAACCTAACG 2271
*****

normal  AAAGAAAATGGAACCAGATGCTTTCTTAAAAGAAAGAGCTTTAGCTTTAATTTAG      1966
CMS     AAAGAAAATGGAACCAGATGCTTTCTTAAAAGAAAGAGCTTTAGCTTTAATTTAG      2327
*****

```

■ CMS *orf138*의 염기 및 아미노산 서열

[cgaaacgggaagtgacaata](#)ccgcttttcttcagcatataaatgcaatgattaccttttcgaaaaattgtccac  
 tttttgtcataatctcactcctactgaatgtaaagttagtgtataagtttctttcttttagctttttactaat  
 ggcccatatttggtcaagctgggttttctaacaaccaacattgtttacgaaccatgagacatctagagaagttaa  
 aattccatatagaatttcagtatgggtggctaggtgtcaaaattacaataaaaataaatgta**ctactaacgatgaagt**  
**gacg**aaaaaagtctcacctatcattaaggggaaatagaggggaaagaggaaaaaaagaggggaaaggggaaat  
 agaggggaaagaggaaaaaaagaggggaaaggggaaatagaggggaaagaggaaaaaaagaggtggaaaaatgg  
 accgagaaaa**taa**

[atgattaccttttcgaaaaattgtccactttttgtcataatctcactcctactgaatgt](#) 60  
 M I T F F E K L S T F C H N L T P T E C  
 aaagttagtgtataagtttctttcttttagctttttactaatggcccatatttggtca 120  
 K V S V I S F F L L A F L L M A H I W L  
 agctggttttctaacaaccaacattgtttacgaaccatgagacatctagagaagttaaaa 180  
 S W F S N N Q H C L R T M R H L E K L K  
 attccatatagaatttcagtatgggtggctaggtgtcaaaattacaataaaataaatgta 240

I P Y E F Q Y G W L G V K I T I K S N V  
 cctaacgatgaagtgcgaaaaaagtctcacctatcattaaaggggaaatagaggggaaa 300  
 P N D E V T K K V S P I I K G E I E G K  
 gaggaaaaaaagaggggaaaggggaaatagaggggaaagaggaaaaaaagaggggaaa 360  
 E E K K E G K G E I E G K E E K K E G K  
 ggggaaaatagaggggaaagaggaaaaaaagaggtggaaaatggaccgagaaaataa 414  
 G E I E G K E E K K E V E N G P R K \*

■ CMS *orf220*의 염기 및 아미노산 서열

[atgcctcaactggataaattc](#)acttatttttcacaattcttctggttatgccttttcttcttactttctatatt  
 ttcatatgcaatgatggagatggagtacttgggatcagcagaattctaaaactacgaaaccaactgctttcacac  
 cgggggaagaccatccagagcaaggtcagaaaaatcgtagttcagattcaagtcgggttgaggctcttggcgctt  
 gctattaatttttctctttttctgtgattccaagattatggccatatatatattggatacggtttgaaattt  
 ttgttagggtgaaatatggaatattccaaaatgaaatcttgactttaggggtcggaccagatggcgtcgcgccc  
 ccggataataacgaacgggcccgcctgcatctcttgtacgggatggtgagagttccgactctcaacaagctcga  
 aataatgcgatgctagcgcaccttaatcgcatagaatataaacccatgacctagagggtgagcgtgatatcgtg  
 cggcgtcaagccttaatcgatatcatgaagtgggagattcgaagcctacagcagcacttccgggtctttcggcac  
 ctagaccgtgtgcgagatgcgcagagagccaggatgaacgag[atcctcgcgatctatttcgatga](#)

[atgcctcaactggataaattc](#)acttatttttcacaattcttctggttatgccttttcttc 60  
 M P Q L D K F T Y F S Q F F W L C L F F  
 ttactttctatattttcatatgcaatgatggagatggagtacttgggatcagcagaatt 120  
 F T F Y I F I C N D G D G V L G I S R I  
 ctaaaactacgaaaccaactgctttcacaccgggggaagaccatccagagcaaggtcaga 180  
 L K L R N Q L L S H R G K T I Q S K V R  
 aaaaatcgtagttcagattcaagtcgggttgaggctcttggcgcttcgctattaattatttc 240  
 K N R S S D S S R L E V L A F A I N Y F  
 ctcttttctgtagttccaagattatggccatatatatattggatacggtttgaaattt 300  
 L F F V I P R L W P Y I Y I G Y G L K F  
 ttgttagggtgaaatatggaatattccaaaatgaaatcttgactttaggggtcggacca 360  
 L L G L K Y G I F Q N E I L T L G V G P  
 gatggcgtcgcgccccggatataaacgaacgggcccgcctgcatctcttgtacgaggat 420  
 D G V A P P D I N E R A P L H L L Y A D  
 gttgagagttccgactctcaacaagctcgaataatgcgatgctagcgcaccttaatcgc 480  
 V E S S D S Q Q A R N N A M L A H L N R

atagaatatataacccatgacctagagggtagcgtgatatcgtgcccgtcaagcctta 540  
 I E Y I T H D L E G E R D I V R R Q A L  
 atcgatatcatgaagtgggagattcgaagcctacagcagcactttcgggtctttcggcac 600  
 I D I M K W E I R S L Q Q H F R V F R H  
 ctagaccgtgtgagatgagcagagagccaggatgaacgagatcctcgatctatttcga 660  
 L D R V R D A Q R A R M N E I L D L F R  
 tga  
 \*

■ CMS *orf222*의 염기 및 아미노산 서열

[atgcctcaactggataaatt](#)cacttatttttcacaattcttctggttatgccttttcttcttactttctatatt  
 ttcatatgcaatgatggagatggagtagtctgggatcagcagaattctaaaactacggaaccaactgctttcacac  
 tgggtaagaccatccagagcaagctaaagcttggggaaagatcgtacaagtaagttcggggctcttagcgttc  
 gccacgcgctatttctcatgttcgtggtcccaaaaatgcccgttagctatataatctaatataggtttgaat  
 attttgggattaaatgggggtgctaggaatgagatatttcagttcggcgtcggaccagatggcgtcgcgccc  
 ccagctctagatctcaacgagcggccactgcatctttgtacgaggatgttgagagttccgactctcaacaa  
 gcgcggaatgctgatatgctagcgcatattagccgagtgaagagataaccgtagcctagagggtgagcatgat  
 atcgcgcccggcgaagccctcgtcgatcatgaagtgggaggtcaggagcttggatcaccacttccgggtcttt  
 cggtagcctagaccgtctgcgagattcgaagagagccaaggtgaacgaaaatcctcgatctatttcgatga

[atgcctcaactggataaatt](#)cacttatttttcacaattcttctggttatgccttttcttc 60  
 M P Q L D K F T Y F S Q F F W L C L F F  
 tttactttctatattttcatatgcaatgatggagatggagtagtctgggatcagcagaatt 120  
 F T F Y I F I C N D G D G V L G I S R I  
 ctaaaactacggaaccaactgctttcacactgggtaagaccatccagagcaagctaaag 180  
 L K L R N Q L L S H W G K T I Q S K L K  
 cttggtggaaaagatcgtacaagtaagttcggggctcttagcgttcgccacgcgctatttc 240  
 L G G K D R T S K F G V L A F A T R Y F  
 ctcatgttcgtggtcccaaaaatgcccgttagctatataatctaatataggtttgaat  
 attttgggattaaatgggggtgctaggaatgagatatttcagttcggcgtcggacca 300  
 I F G I K W G L L G N E I F Q F G V G P  
 gatggcgtcgcgccccagctctagatctcaacgagcggccactgcatctttgtac 420  
 D G V A P P A L D L N E R P P L H L L Y  
 gcggatgttgagagttccgactctcaacaagcgggaatgctgatatgctagcgcatatt 480  
 A D V E S S D S Q Q A R N A D M L A H I

agccgagtgaagagataacccgtgacctagagggtagcatgatatcgcgggcgtcaa 540  
 S R V Q E I T R D L E G E H D I A R R Q  
 gccctcgtcgatatcatgaagtgggaggtcaggagcttgatcaccacttccgggtcttt 600  
 A L V D I M K W E V R S L D H H F R V F  
 cggtagcctagaccgtctgcgagattcgaagagagccaaggtagaacgaaatcctcgatcta 660  
 R Y L D R L R D S K R A K V N E I L D L  
 tttcgatga 666  
 F R \*

■ CMS *orf224*의 염기 및 아미노산 서열

atgcctcaactggataaattcacttatttttcacaattcttctggttatgccttttcttcttactttctatatt  
 ttcatatgcaatgatggagatggagtacttgggatcagcagaattctaaaactatggaaccaactgctttcacac  
 cgggggaagaccctcctgagcaaggggaaggcttgaaaaaatcgtagttcagattcaagtcgggttcgaggtatca  
 gcgttggccgccattattttatcattttcgtggtcccaaaattgggaccagttttctacattatataatatttt  
 tttgtttgttggggtgaaatgggggtattaggaatgaaattgtcatttcggcgtcggaccagatggcgctc  
 gcgccccagcgctggatctcaacgagcgcccgcctctgcatctttgtacgcggatggtgagagttccgactct  
 caacaagcgcaaaataatgacatgttacgagcattcttaggcggtacaggagatcacccaaaaactagaggggtgag  
 cgcgatatcgtgcggcgtcaagccctcctggataataatgaaatgggaggtcagaagcctcaggagcactttcgg  
 atctttcggcaccttgatcgtctgcgagattcgcagagagccaaggtgaacgagatccttgatctctttcgcgtga

atgcctcaactggataaattcacttatttttcacaattcttctggttatgccttttcttc 60  
 M P Q L D K F T Y F S Q F F W L C L F F  
 ttactttctatattttcatatgcaatgatggagatggagtacttgggatcagcagaatt 120  
 F T F Y I F I C N D G D G V L G I S R I  
 ctaaaactatggaaccaactgctttcacaccgggggaagaccctcctgagcaaggaagg 180  
 L K L W N Q L L S H R G K T L L S K G R  
 cttgaaaaaatcgtagttcagattcaagtcgggttcgaggtatcagcgttggccgccat 240  
 L G K N R S S D S S R F E V S A L A A H  
 tattttatcattttcgtggtcccaaaattgggaccagttttctacattatataatatttt 300  
 Y F I I F V V P K L G P V F Y I I Y N F  
 tttgtttgttggggtgaaatgggggtattaggaatgaaattgtcatttcggcgctc 360  
 F C L L G L K W G V L G N E I C H F G V  
 ggaccagatggcgtcgcgccccagcgctggatctcaacgagcgcccgcctctgcatctt 420  
 G P D G V A P P A L D L N E R P P L H L  
 ttgtacgcggatggtgagagttccgactctcaacaagcgcaaaataatgacatgtacgag 480  
 L Y A D V E S S D S Q Q A R N N D M Y A  
 catcttaggcggtacaggagatcacccaaaaactagagggtagcgcgatcgtgcgg 540

```

H L R R V Q E I T Q K L E G E R D I V R
cgtaagccctcctggatataatgaaatgggaggtcagaagccttcaggagcactttcgg 600
R Q A L L D I M K W E V R S L Q E H F R
atctttcggcaccttgatcgtctgagattcgagagagccaaggtgaacgagatcctt 660
I F R H L D R L R D S Q R A K V N E I L
gatctctttcgctga 672
D L F R *

```

orf220, orf222 및 orf224에 있어서 염기간의 상동성을 분석한 결과, orf220과 orf222간에는 82%, orf220과 orf224간에는 84%, orf222와 orf224간에는 85%의 상동성을 나타냈다.

■ orf220, orf222 및 orf224간의 염기 상동성 및 alignment

SeqA Name	Len(nt)	SeqB Name	Len(nt)	Score
1 orf220	663	2 orf222	669	82
1 orf220	663	3 orf224	675	84
2 orf222	669	3 orf224	675	85

```

orf222 ATGCCTCAACTGGATAAATTCACCTTATTTTTCACAATTCTTCTGGTTATGCCTTTTCTTC 60
orf224 ATGCCTCAACTGGATAAATTCACCTTATTTTTCACAATTCTTCTGGTTATGCCTTTTCTTC 60
orf220 ATGCCTCAACTGGATAAATTCACCTTATTTTTCACAATTCTTCTGGTTATGCCTTTTCTTC 60
*****

```

```

orf222 TTTACTTTCTATATTTTCATATGCAATGATGGAGATGGAGTACTTGGGATCAGCAGAATT 120
orf224 TTTACTTTCTATATTTTCATATGCAATGATGGAGATGGAGTACTTGGGATCAGCAGAATT 120
orf220 TTTACTTTCTATATTTTCATATGCAATGATGGAGATGGAGTACTTGGGATCAGCAGAATT 120
*****

```

```

orf222 CTAAAACTACGGAACCAACTGCTTTCACACTGGGGTAAGACCATCCAGAGCAAGCTAAAG 180
orf224 CTAAAACTATGGAACCAACTGCTTTCACACCGGGGGAAGACCCTCCTGAGCAAGGGAAGG 180
orf220 CTAAAACTACGAAACCAACTGCTTTCACACCGGGGGAAGACCATCCAGAGCAAGG----- 175
***** * *****

```

```

orf222 CTTGGTGGAAA----AGATCG--TACAAGTAAGTTCGGGGTCTTAGCGTTCGCCACGCGC 234
orf224 CTTGGAAAAAATCGTAGTTCAGATTCAAGTCGGTTCGAGGTATCAGCGTTGGCCGCCCAT 240
orf220 -TCAGAAAAAATCGTAGTTCAGATTCAAGTCGGTTCGAGGTCTTGGCGTTCGCTATTAAT 234
      * *   ***   ** **   * *****   *** * *** *   ***** **

orf222 TATTCCTCATGTTTCGTGGTCCCAAAAATGCGGCTAGCTATATATCTAATATATGGTTTG 294
orf224 TATTTTATCATTTTCGTGGTCCCAAAAATGGGACCAGTTTCTACATTATATATAATTTT 300
orf220 TATTCCTCTTTTTTCGTGATTCCAAGATTATGGCCATATATATATATGGATACGGTTTG 294
      ***** ** * ***** * ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

orf222 AATTTTATTTTGGGATTAATGGGGTTCCTAGGAAATGAGATATTTAGTTCGGCGTC 354
orf224 TTTTGTGTTGGGGTGAATGGGGGTATTAGGAAATGAAATTTGTCATTTTCGGCGTC 360
orf220 AAATTTTGTAGGGTGAATATGGAATATCCAAAATGAAATCTTGACTTTAGGGGTC 354
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

orf222 GGACCAGATGGCGTCGCGCCCCAGCTCTAGATCTCAACGAGCGCCGCCACTGCATCTT 414
orf224 GGACCAGATGGCGTCGCGCCCCAGCGTGGATCTCAACGAGCGCCGCCCTCTGCATCTT 420
orf220 GGACCAGATGGCGTCGCGCCCC-----GGATATAAACGAACGGCGCCGCTGCATCTC 408
      ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

orf222 TTGTACGGGATGTTGAGAGTTCGACTCTCAACAAGCGCGGAATGCTGATATGCTAGCG 474
orf224 TTGTACGGGATGTTGAGAGTTCGACTCTCAACAAGCGCGAAATAATGACATGTACGCG 480
orf220 TTGTACGGGATGTTGAGAGTTCGACTCTCAACAAGCTCGAAATAATGCGATGCTAGCG 468
      ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

orf222 CATATTAGCCGAGTGCAAGAGATAACCCGTGACCTAGAGGGTGAGCATGATATCGCGCGG 534
orf224 CATCTTAGCGCGTACAGGAGATCACCCAAAACCTAGAGGGTGAGCGCGATATCGTGCGG 540
orf220 CACCTTAATCGCATAGAATATAAACCATGACCTAGAGGGTGAGCGTATGATATCGTGCGG 528
      ** *** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

orf222 CGTCAAGCCCTCGTCGATATCATGAAGTGGGAGGTCAGGAGCTTGGATCACCCTTCCGG 594
orf224 CGTCAAGCCCTCCTGGATATAATGAAATGGGAGGTCAGAAGCCTTACAGGAGCACTTCCGG 600
orf220 CGTCAAGCCTTAATCGATATCATGAAGTGGGAGATTGAAGCCTACAGCAGCACTTCCGG 588
      ***** * * ***** ***** ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

orf222 GTCTTTCGGTACCTAGACCGTCTGCGAGATTGGAAGAGGCCAAGGTGAACGAAATCCTC 654
orf224 ATCTTTCGGCACCTTGATCGTCTGCAGATTTCGAGAGAGCCAAGGTGAACGAGATCCTT 660
orf220 GTCTTTCGGCACCTAGACCGTGTGCGAGATGCGCAGAGAGCCAGGATGAACGAGATCCTC 648
      ***** ***** ** *** ***** ** ***** * ***** *****

```

```

orf222 GATCTATTTGATGA 669
orf224 GATCTCTTTCGCTGA 675
orf220 GATCTATTTGATGA 663
***** ***** ***

```

orf220, orf222 및 orf224에 있어서 아미노산간의 상동성을 분석한 결과, orf220과 orf222간에는 74%, orf220과 orf224간에는 77%, orf222와 orf224간에는 77%의 상동성을 나타냈다.

■ orf220, orf222 및 orf224간의 아미노산 상동성 및 alignment

SeqA Name	Len(aa)	SeqB Name	Len(aa)	Score
1 orf220	221	2 orf222	223	74
1 orf220	221	3 orf224	225	77
2 orf222	223	3 orf224	225	77

```

orf222 MPQLDKFTYFSQFFWLCLFFFTFYIFICNDGDGVLGISRILKLRNQLLSHWGKTIQSKLK 60
orf224 MPQLDKFTYFSQFFWLCLFFFTFYIFICNDGDGVLGISRILKLWNQLLSHRGKTLKSKGR 60
orf220 MPQLDKFTYFSQFFWLCLFFFTFYIFICNDGDGVLGISRILKLRNQLLSHRGKTIQSKVR 60
***** ***** ***: ** :

```

```

orf222 LGGKDR---TSKFGVLAFA TRYFLMFVVPKMR LAIYLIYGLNFIFGIKWLLGNEIFQFG 117
orf224 LG-KNRSSDSSRFEVSALAAHYFIIFVVPKLGPFVYIYNFFCLLGLKWGLGNEICHFG 119
orf220 KN---RSSDSSRLEVLAFAINYFLFFVIPRLWPYIYIGYGLKFLGLKYGIFQNEILTGL 117
. * :*: * *: * .*:*:*:*: :*: *.: :*:*:*: * ** :*

```

```

orf222 VGPDGVAPPALDLNERPPLHLLYADVESSDSQQARNADMLAHISRVQEITRDLEGEHDIA 177
orf224 VGPDGVAPPALDLNERPPLHLLYADVESSDSQQARNNDMYAHLRRVQEITQKLEGERDIV 179
orf220 VGPDGVAPP--DINERAPLHLLYADVESSDSQQARNNAMLHLNRIEYITHLEGERDIV 175
***** * :***. ***** * ** :*: ** :***:***.

```

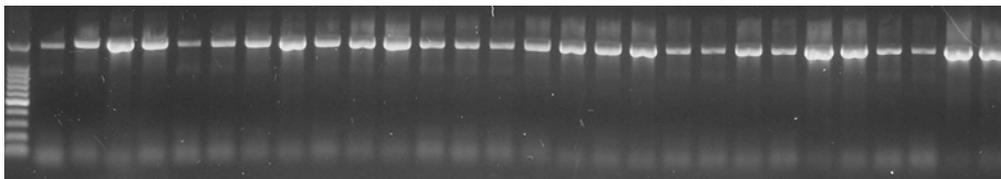
orf222 RRQALVDIMKWEVRSLDHFRVFRYLDRLRDSKRAKVNEILD LFR- 222  
orf224 RRQALLDIMKWEVRSLQEHFRIFRHLDRDRSQRRAKVNEILD LFR- 224  
orf220 RRQALIDIMKWEIRSLQGHFRVFRHLDRVRDAQRRARMNEILD LFR- 220  
\*\*\*\*\*:\*\*\*\*\*:\*\*\*: , \*\*\*:\*\*:\*\*\*:\*\*:\*\*\*:\*\*\*\*\*

나. 웅성가임 계통/품종과 Jasai CMS 및 Donshaja CMS간의 세포질 유전자 차이 분석

웅성가임 계통/품종(acc. no. 1-26) 과 Jasai CMS(acc. no. 27) 및 Donshaja CMS(acc. no. 28)간의 세포질 유전자의 차이를 분석하고자 32종의 primer를 이용하여 PCR-RFLP 분석을 하였다(사진 2~33). 사용한 제한효소는 6염기 인식의 *Hinf* I 과 4염기 인식의 *Hae* III, *Hap* II, *Afa* I 이었다. 그 결과, 웅성가임 개체와 2종의 CMS간에 차이를 나타내는 primer 및 제한효소는 *nacl2-Hae*III 이었으며, 2종 CMS간에 차이를 나타내는 primer 및 제한효소는 *atp1-Hap* II, *atp6-Hae* III, *atp6-Hap* II, *coxII-Hinf* I, *coxII-Hae* III, *ccb203-Afa* I, *rpl2-Hap* II, *rpl2-Afa* I, *rm26-Hap* II, *rps12-Hap* II 이었다.

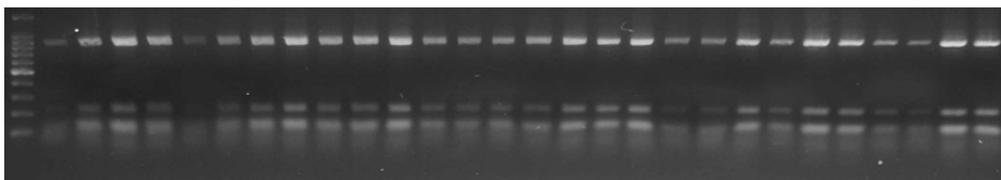
*atp1*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



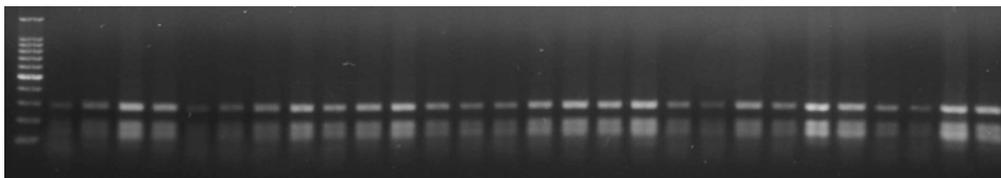
*atp1 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



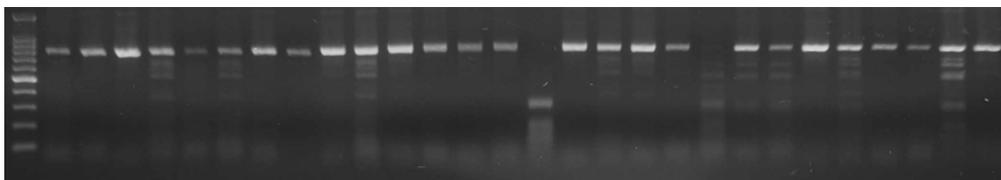
*atp1 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*atp1 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*atp1 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

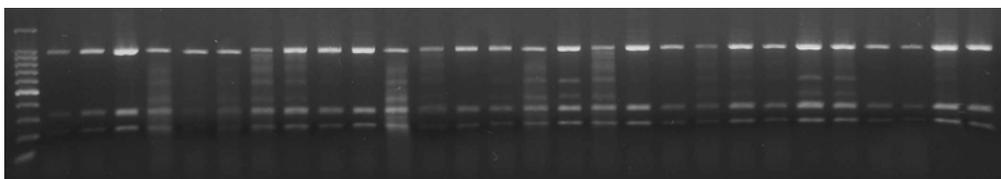
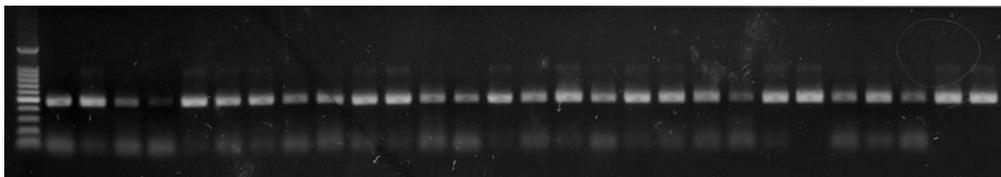


Photo. 2. PCR-RFLP analysis using *atpA* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

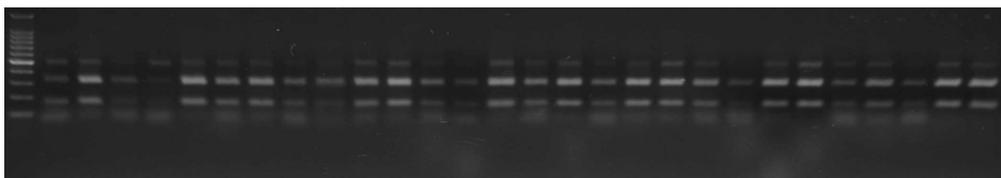
*atp6*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



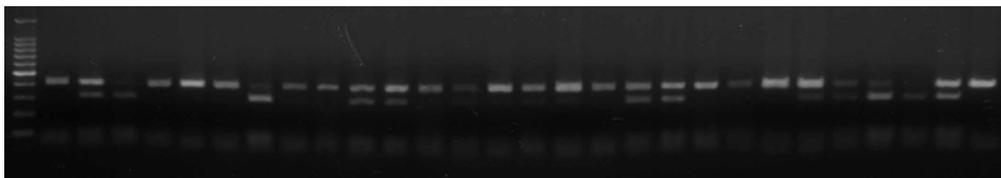
*atp6 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



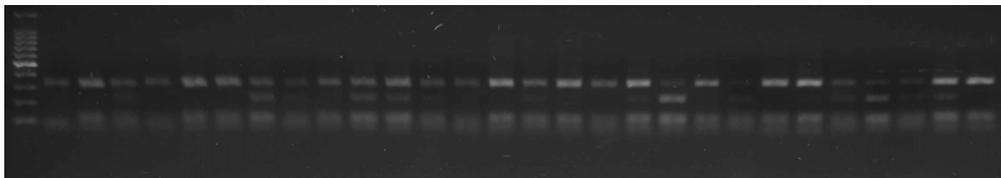
*atp6 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*atp6 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*atp6 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

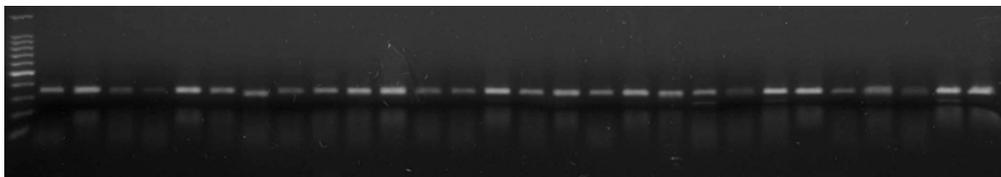
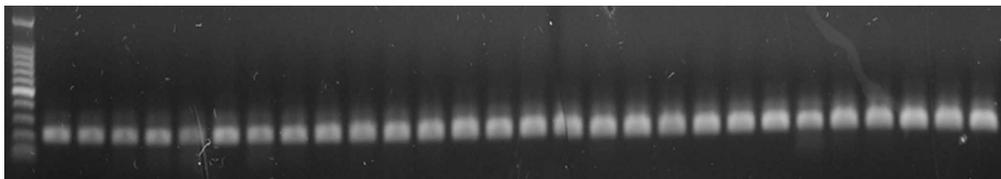


Photo. 3. PCR-RFLP analysis using *atp2* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

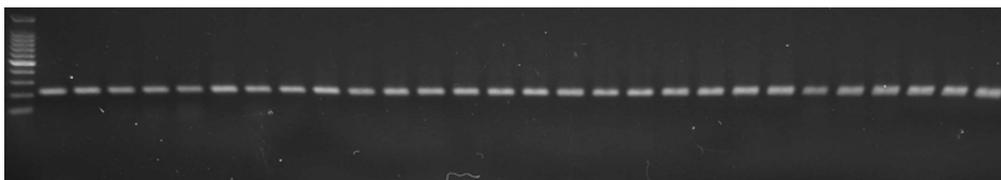
*atp9*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



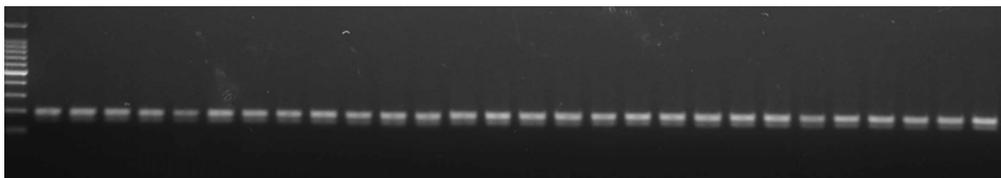
*atp9 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



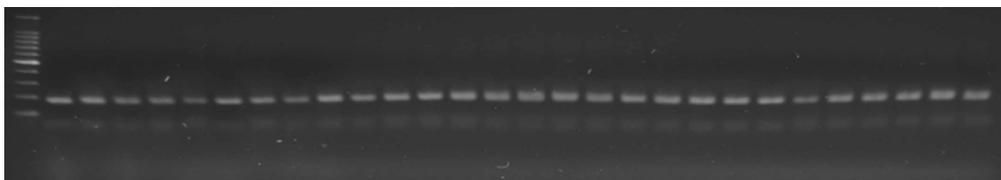
*atp9 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*atp9 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*atp9 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

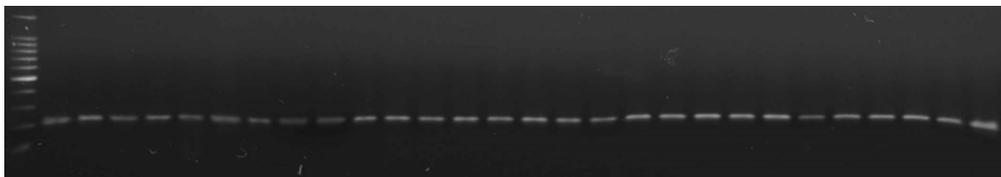
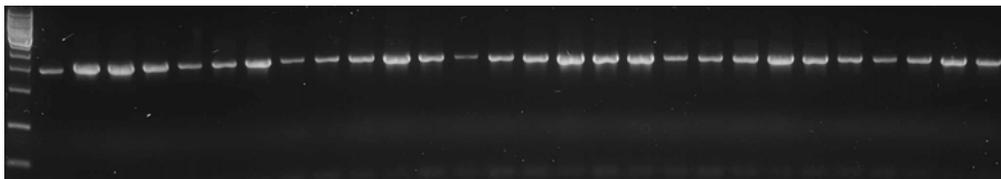


Photo. 4. PCR-RFLP analysis using *atp9* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

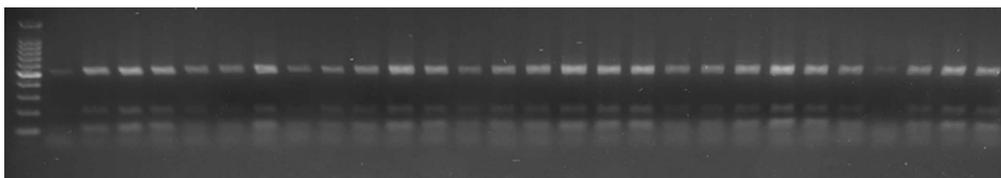
*cox1*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



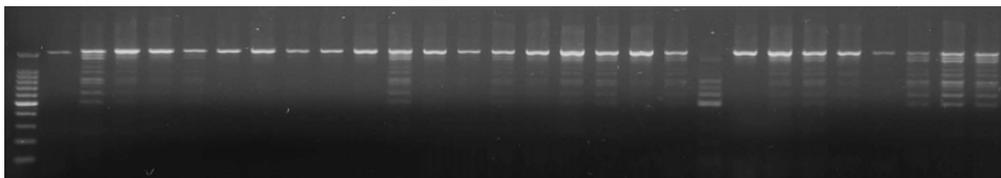
*cox1 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



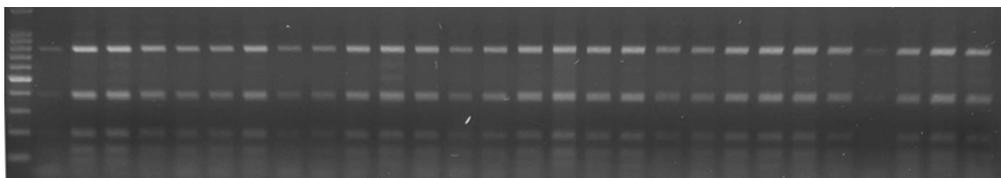
*cox1 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cox1 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cox1 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

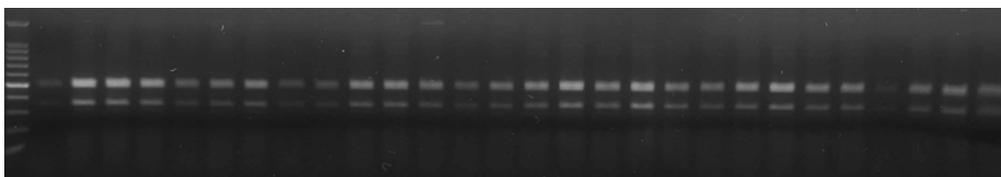
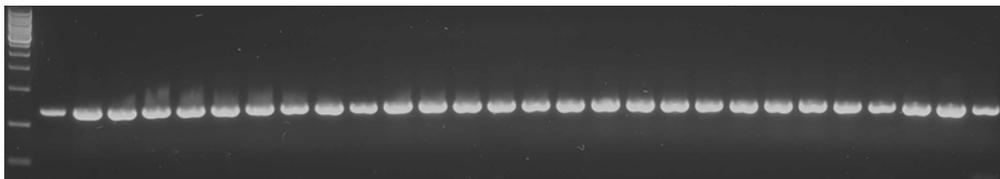


Photo. 5. PCR-RFLP analysis using *cox1* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

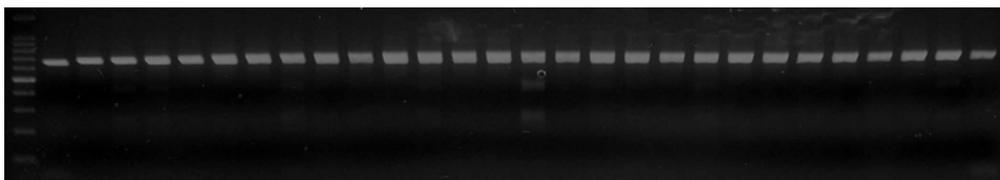
*cox2*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



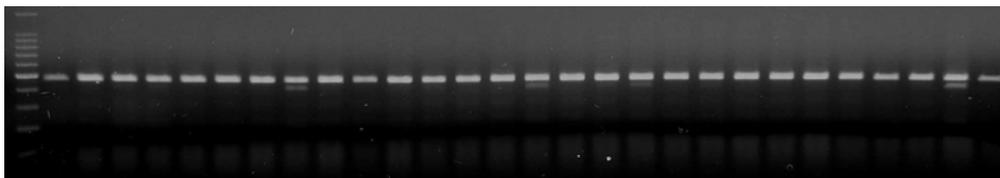
*cox2 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



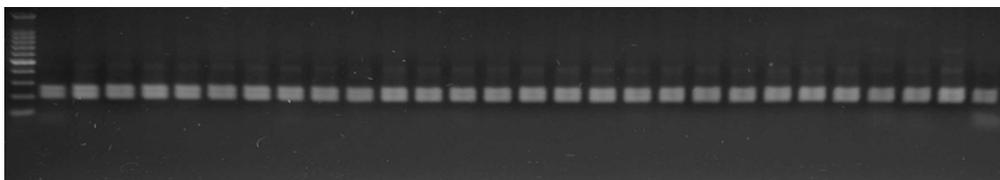
*cox2 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cox2 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cox2 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

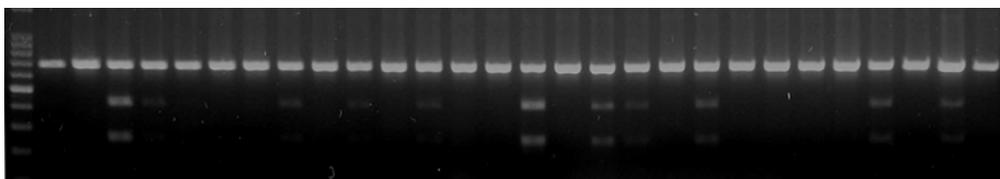
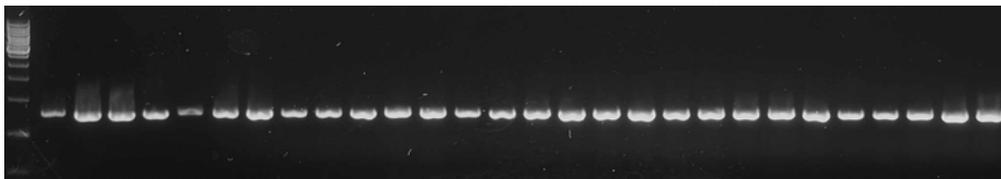


Photo. 6. PCR-RFLP analysis using *cox2* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

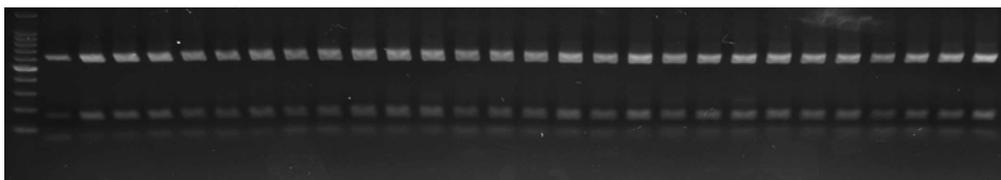
*cox3*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



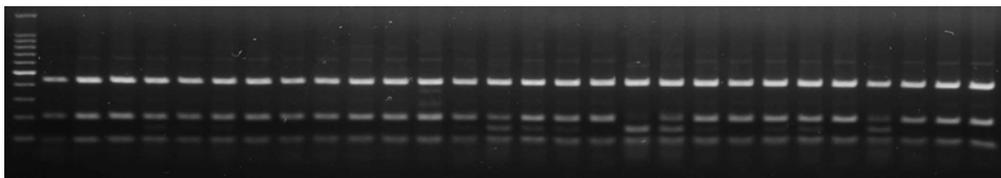
*cox3 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



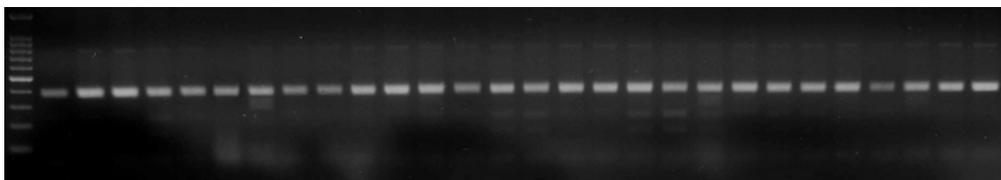
*cox3 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cox3 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cox3 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

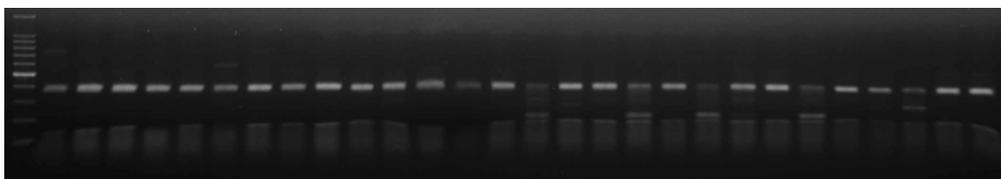
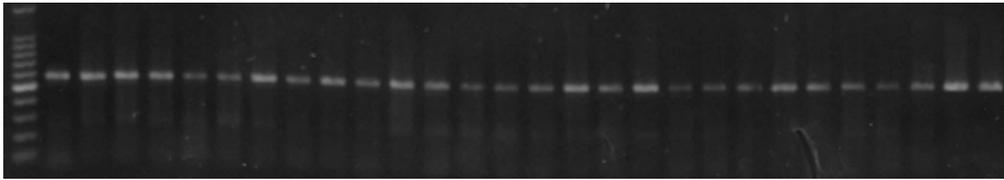


Photo. 7. PCR-RFLP analysis using *cox3* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

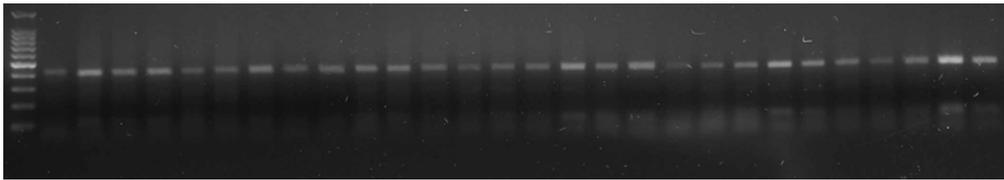
*ccb203*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



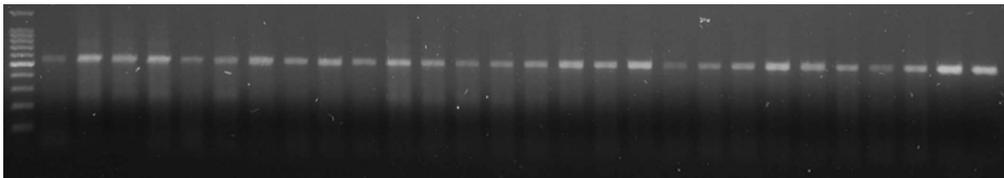
*ccb203* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



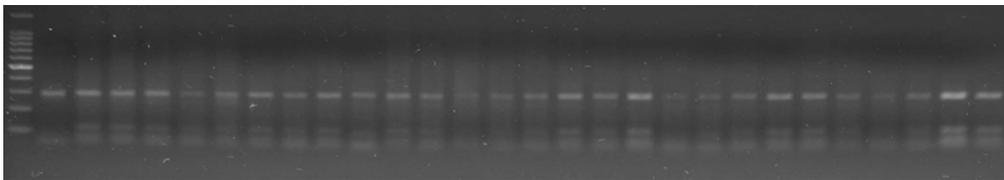
*ccb203* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb203* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb203* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

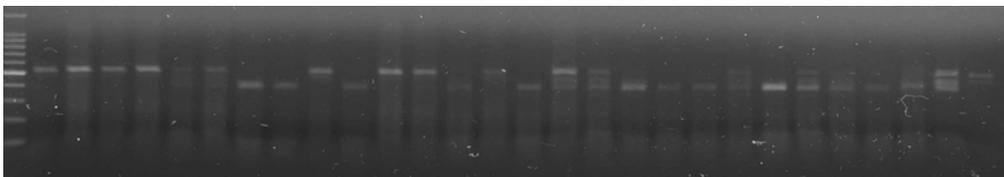
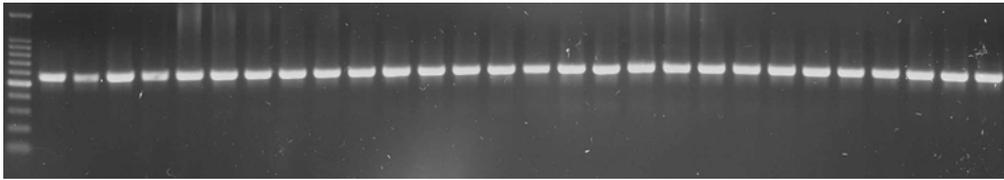


Photo. 8. PCR-RFLP analysis using *ccb203* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

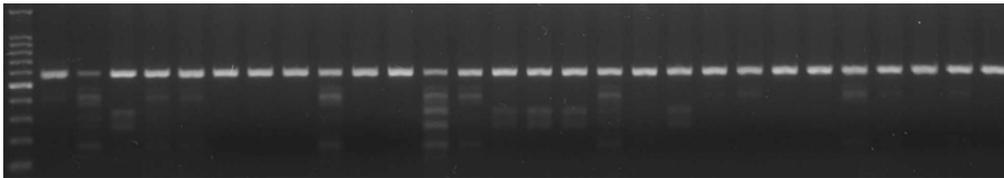
*ccb206*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



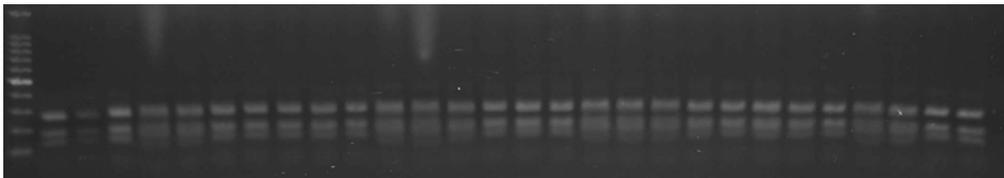
*ccb206* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



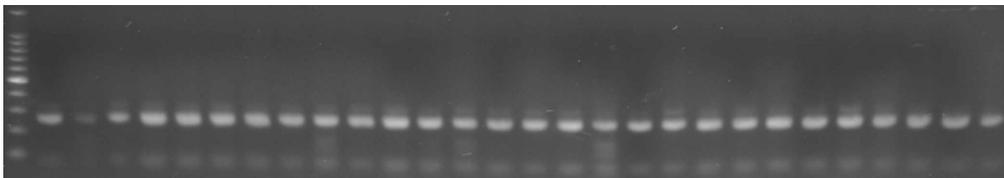
*ccb206* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb206* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb206* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

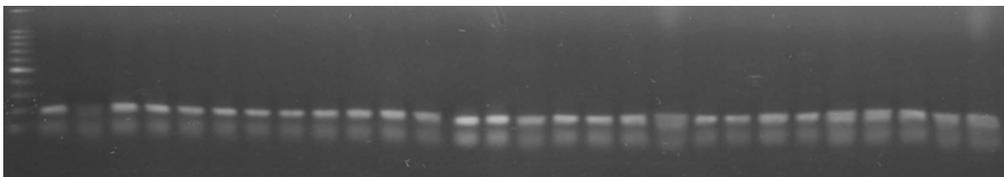
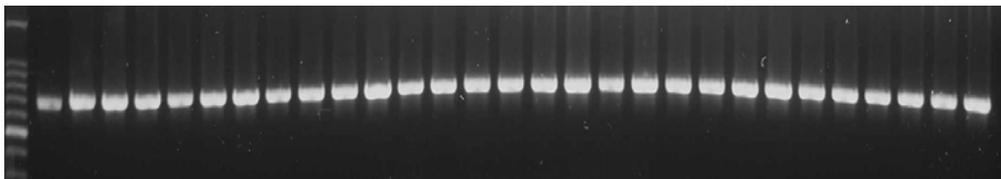


Photo. 9. PCR-RFLP analysis using *ccb206* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

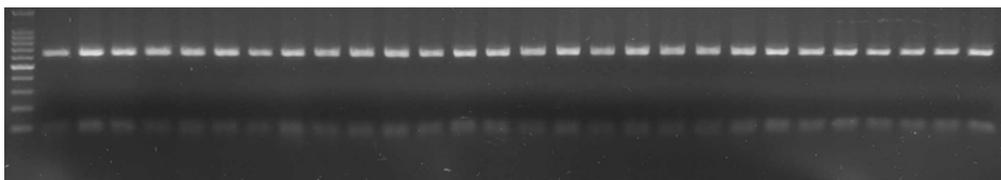
*ccb256*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



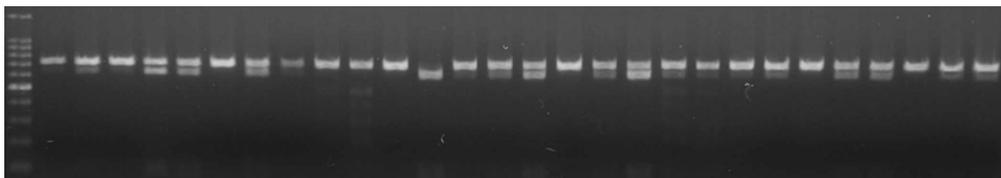
*ccb256* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



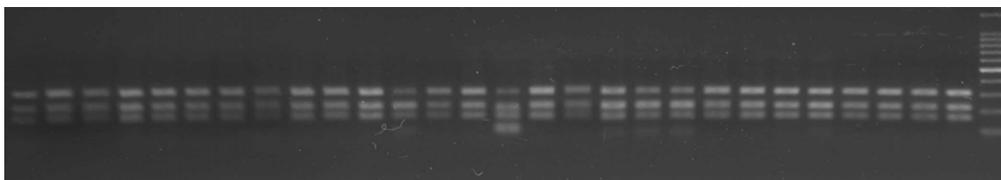
*ccb256* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb256* *Hap* II

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 M



*ccb256* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

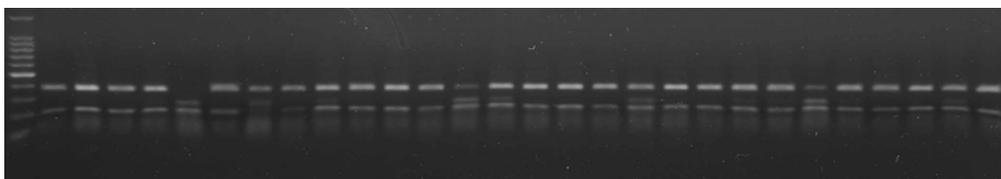
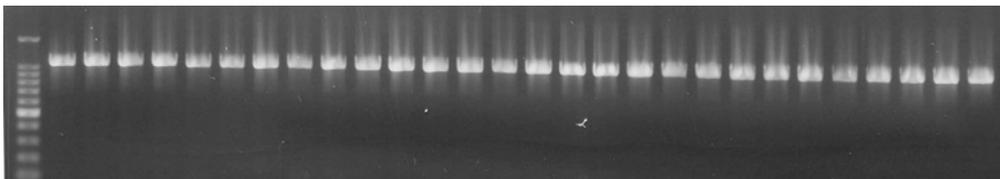


Photo. 10. PCR-RFLP analysis using *ccb256* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

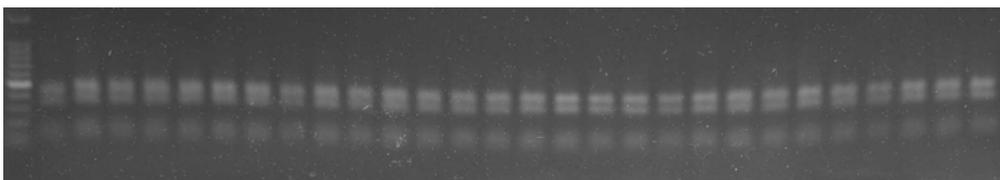
*ccb382*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



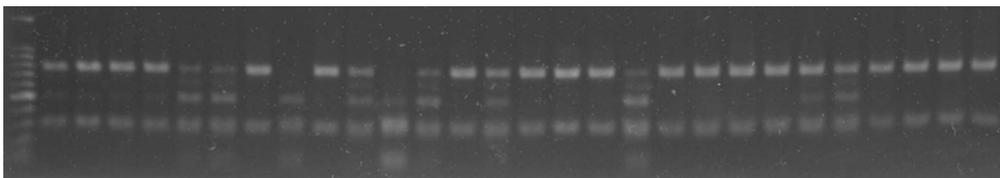
*ccb382* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



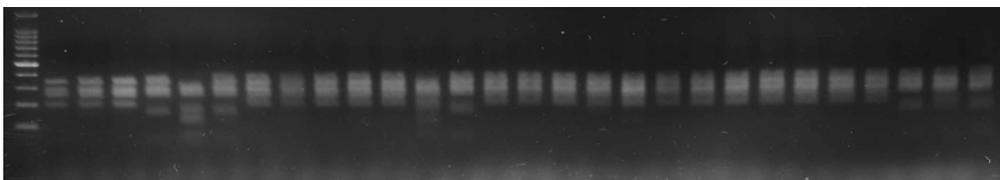
*ccb382* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb382* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb382* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

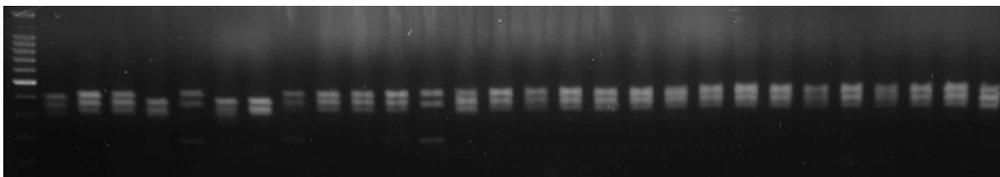
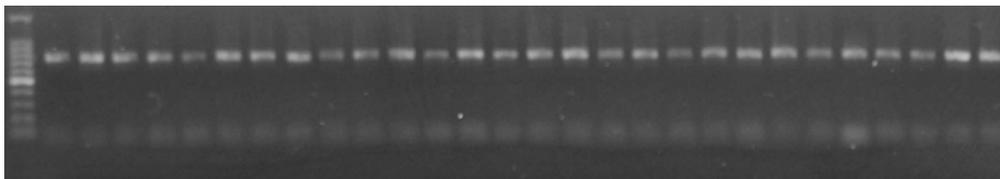


Photo. 11. PCR-RFLP analysis using *ccb382* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

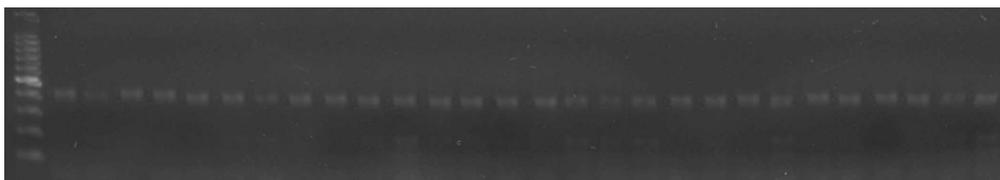
*ccb452*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb452* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



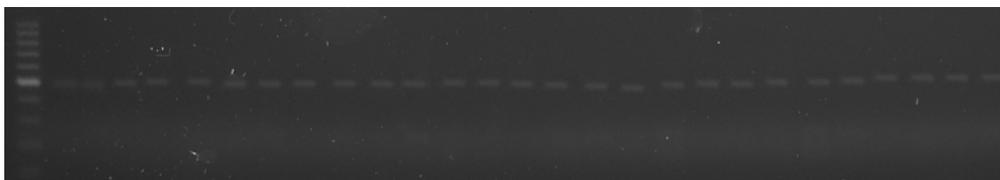
*ccb452* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb452* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*ccb452* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

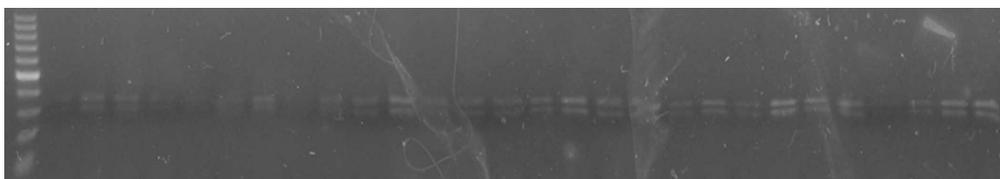
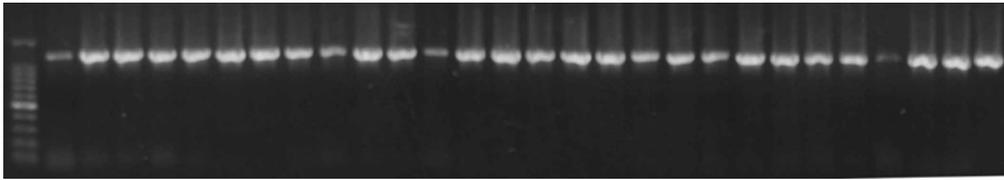


Photo. 12. PCR-RFLP analysis using *ccb452* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

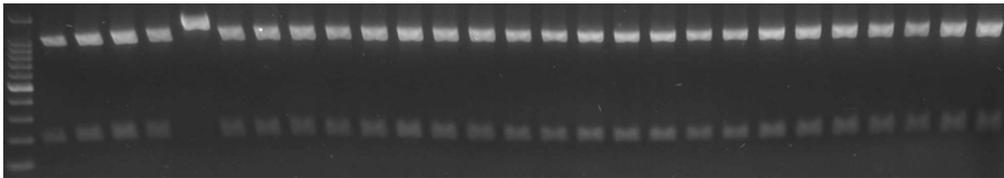
*cob*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



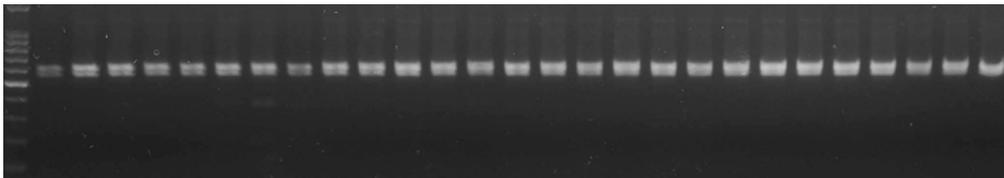
*cob* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



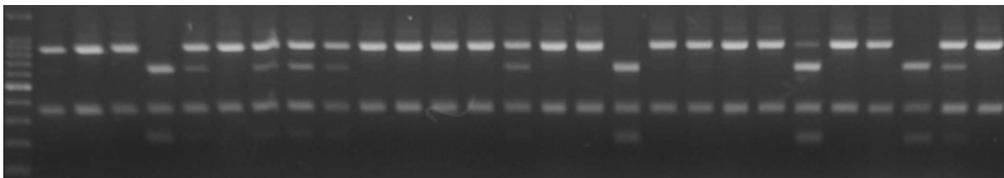
*cob* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cob* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*cob* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

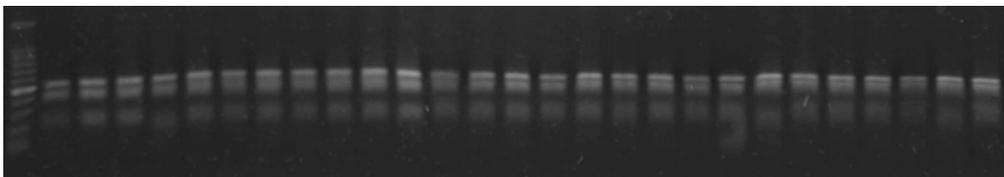
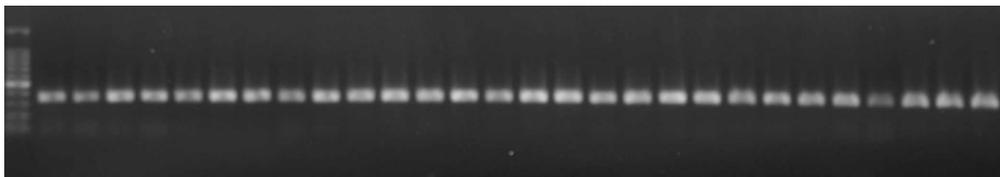


Photo. 13. PCR-RFLP analysis using *cob* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

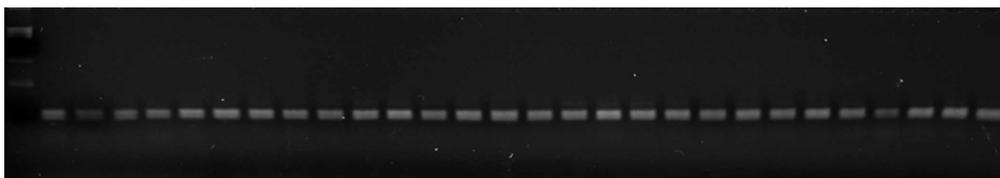
*nad1*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



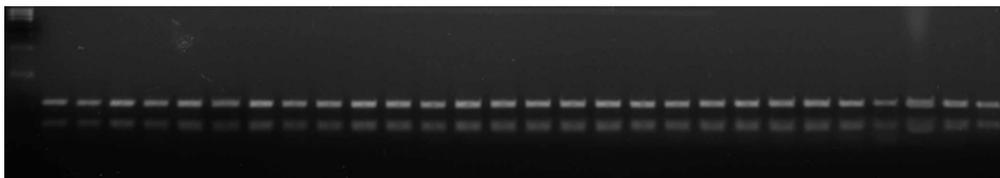
*nad1 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



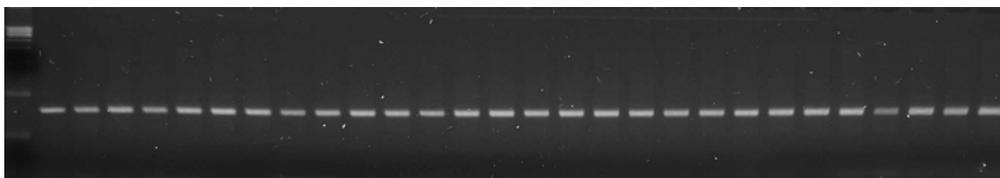
*nad1 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad1 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad1 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

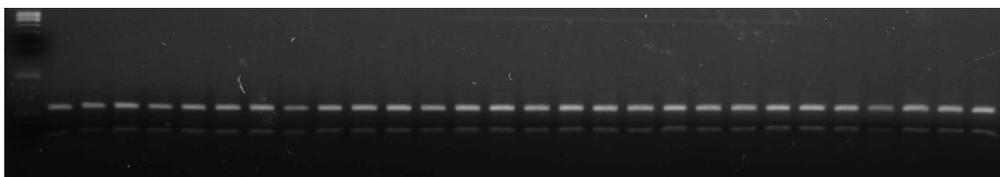
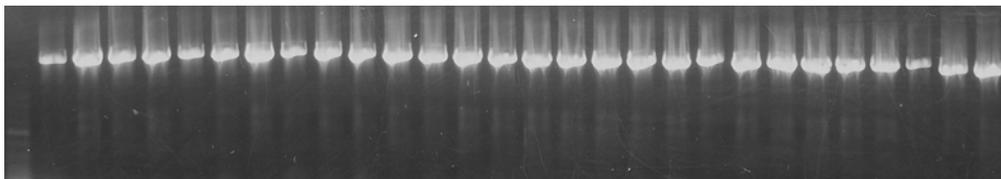


Photo. 14. PCR-RFLP analysis using *nad1* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

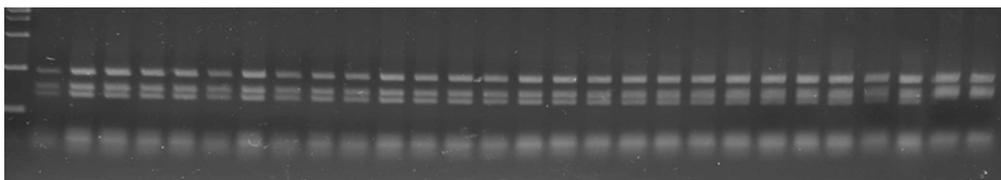
*nad2*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



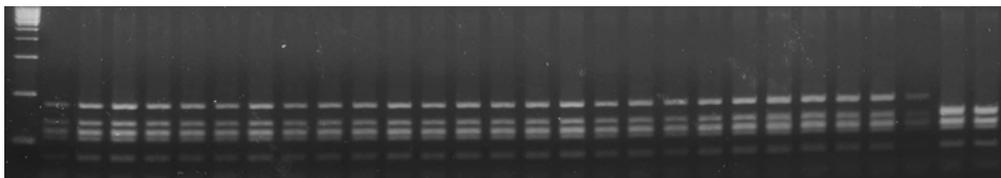
*nad2* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



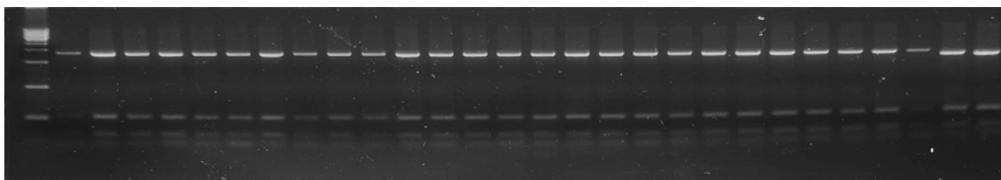
*nad2* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad2* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad2* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

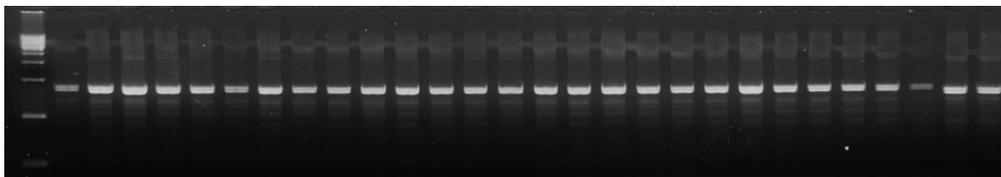
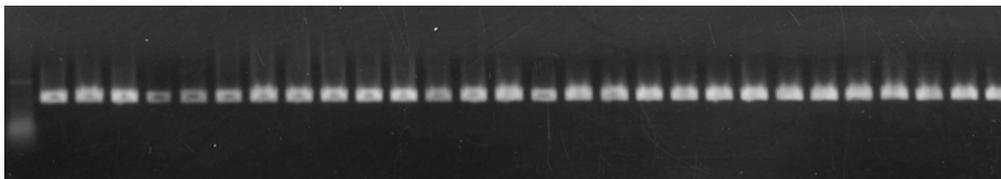


Photo. 15. PCR-RFLP analysis using *nad2* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

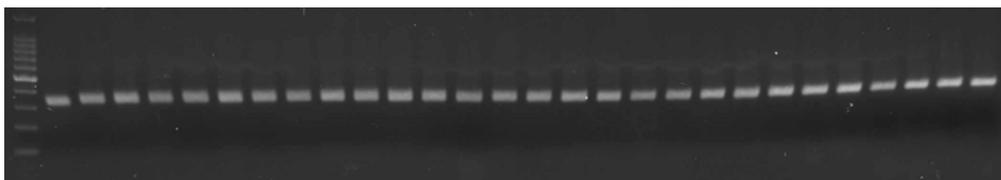
*nad3*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



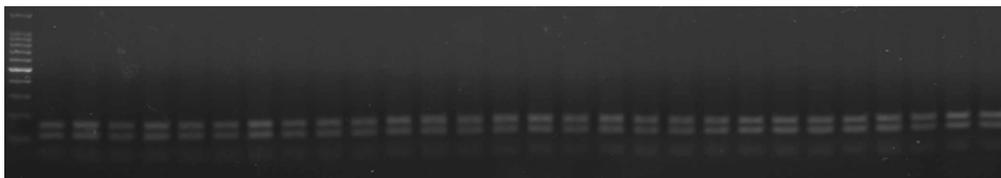
*nad3* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



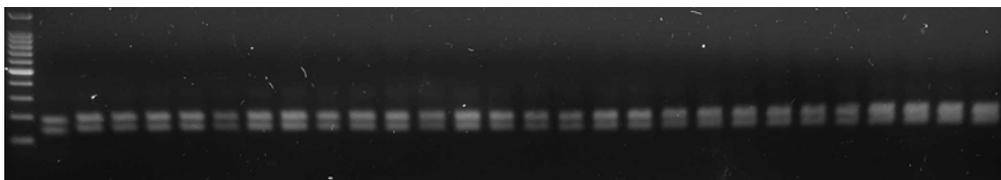
*nad3* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad3* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad3* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

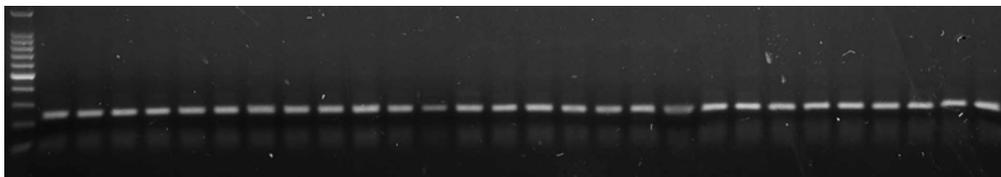
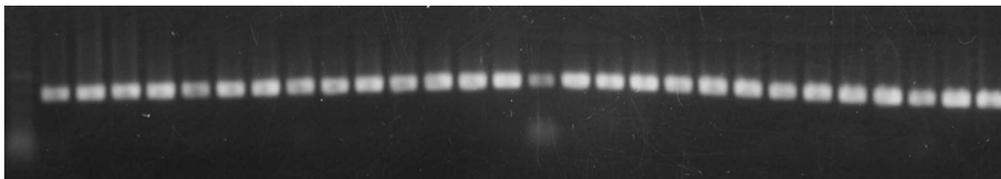


Photo. 16. PCR-RFLP analysis using *nad3* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

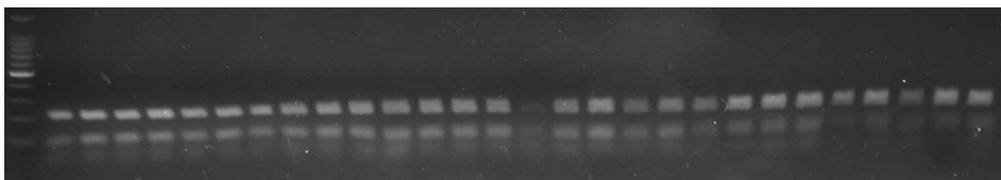
*nad4*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



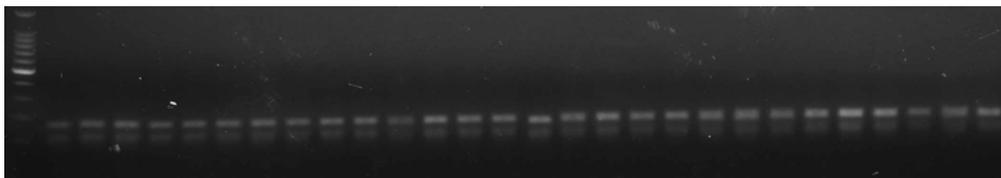
*nad4* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



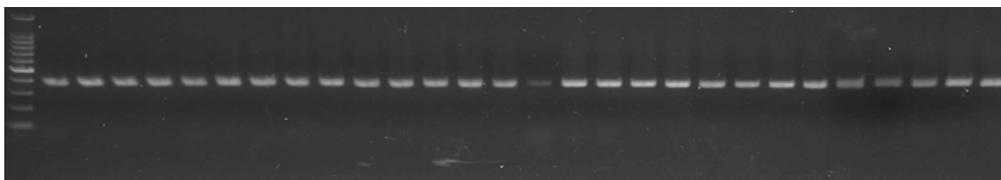
*nad4* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad4* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad4* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

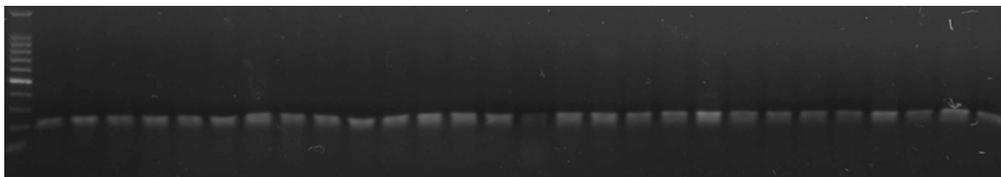
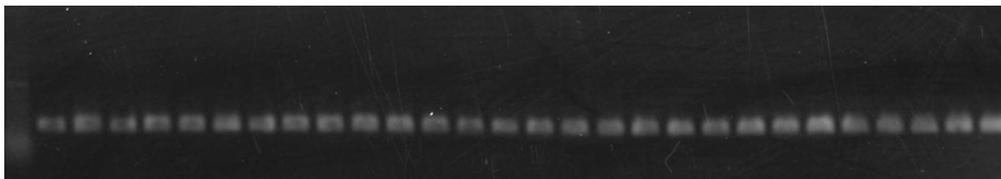


Photo. 17. PCR-RFLP analysis using *nad4* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

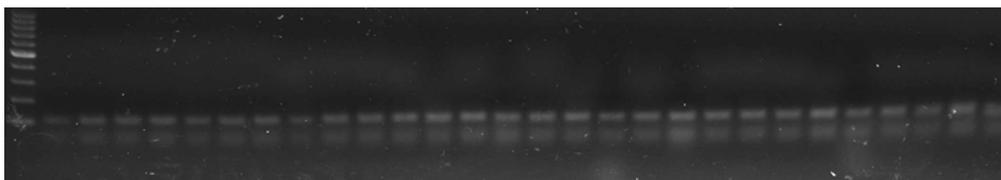
*nad4L*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



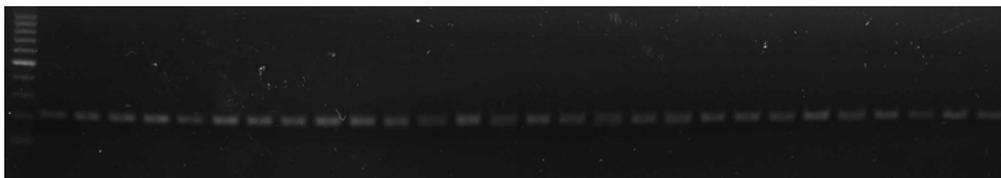
*nad4L* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



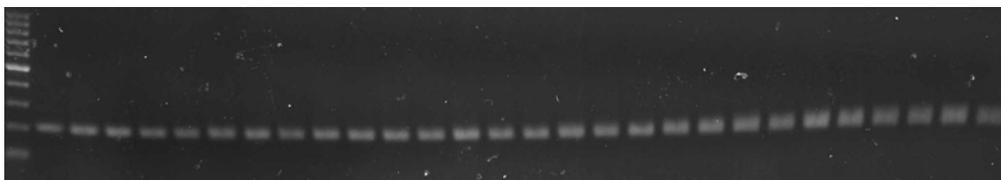
*nad4L* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad4L* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad4L* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

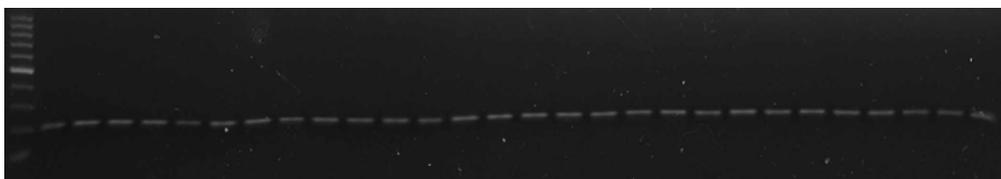
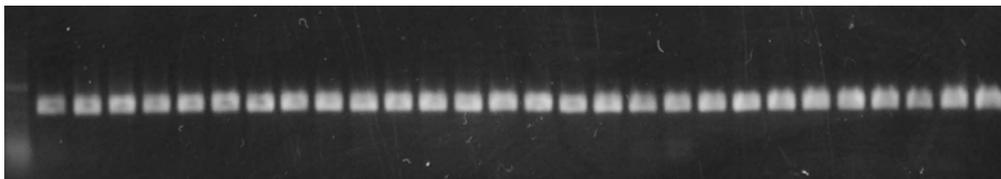


Photo. 18. PCR-RFLP analysis using *nad4L* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

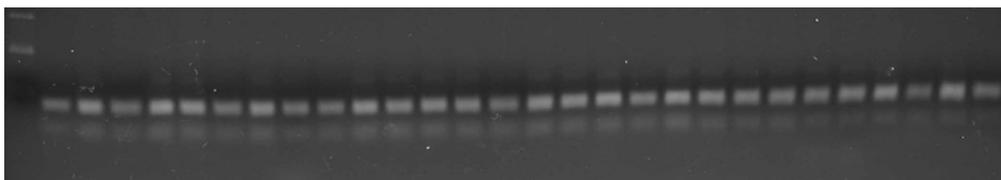
*nad5*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



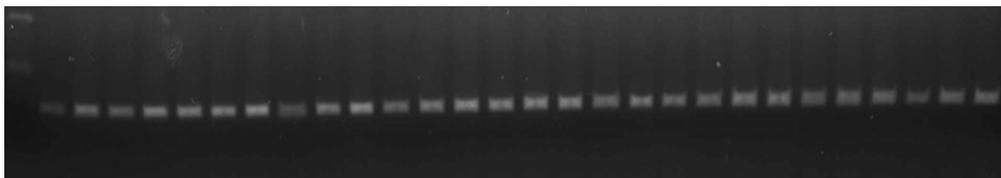
*nad5* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



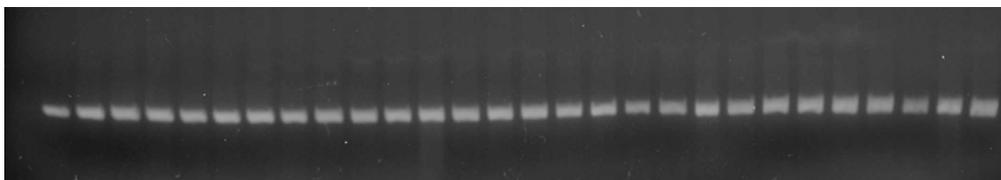
*nad5* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad5* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad5* *Afa* I

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

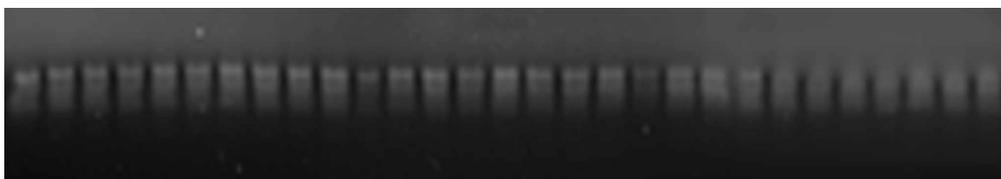
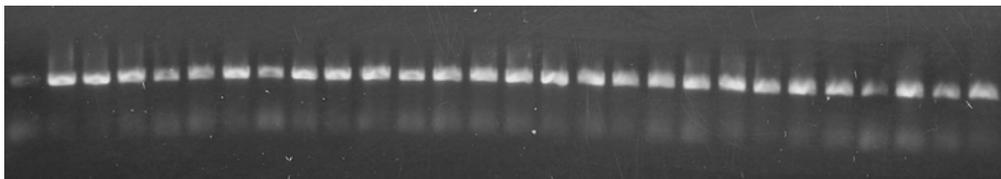


Photo. 19. PCR-RFLP analysis using *nad5* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

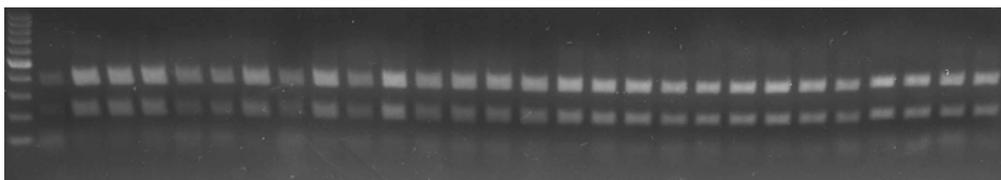
*nad6*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



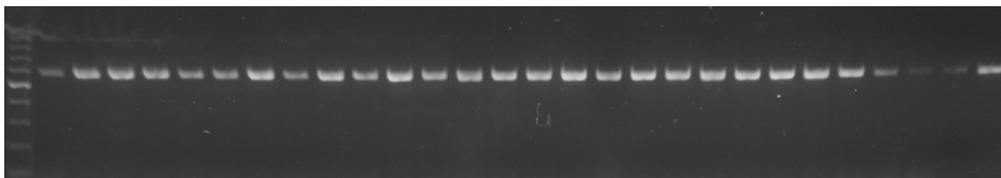
*nad6* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



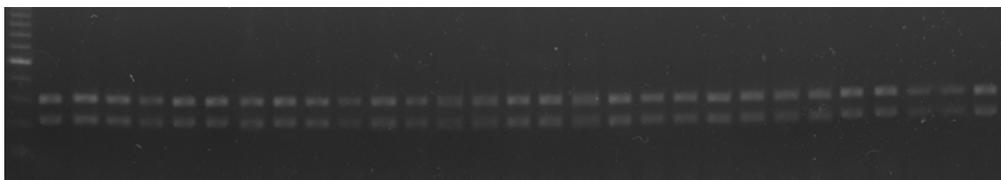
*nad6* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad6* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad6* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

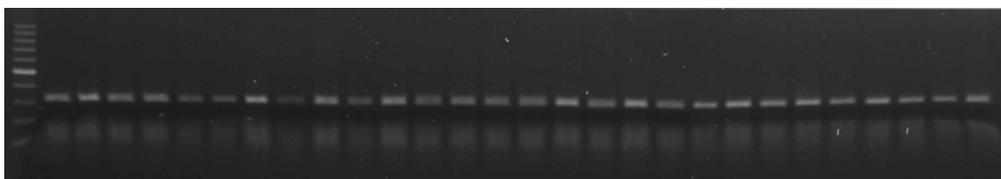
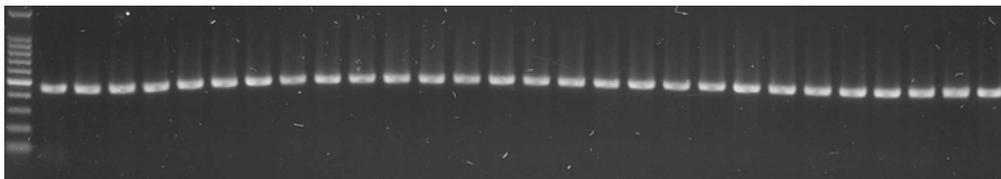


Photo. 20. PCR-RFLP analysis using *nad6* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

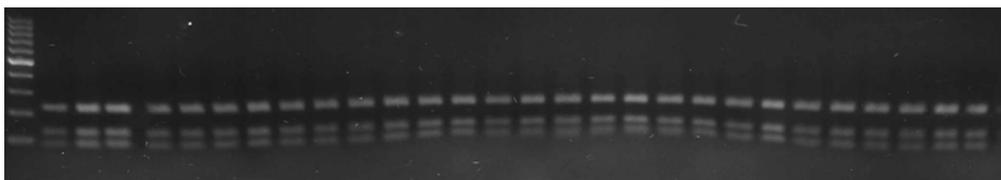
*nad7*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



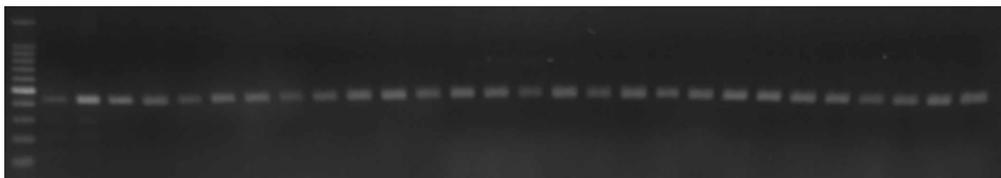
*nad7* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



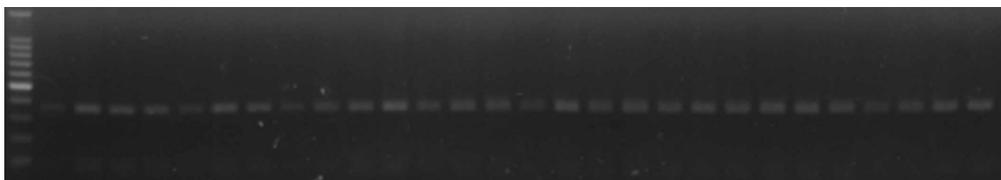
*nad7* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad7* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad7* *Afa* I

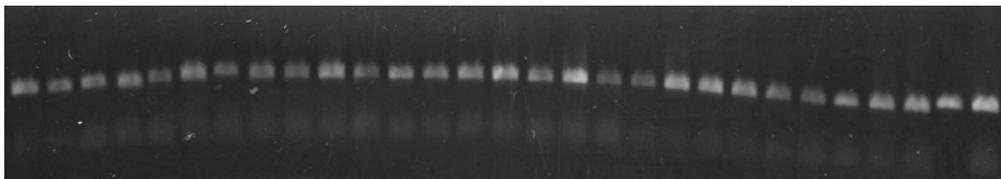
M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



Photo. 21. PCR-RFLP analysis using *nad7* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

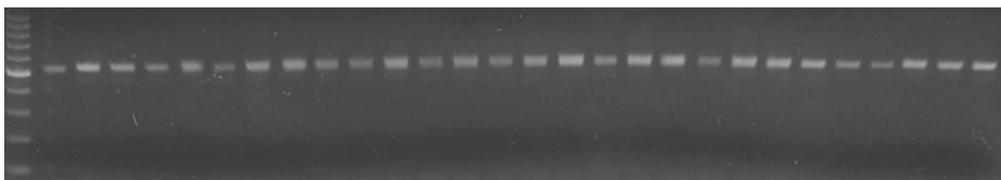
*nad9*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



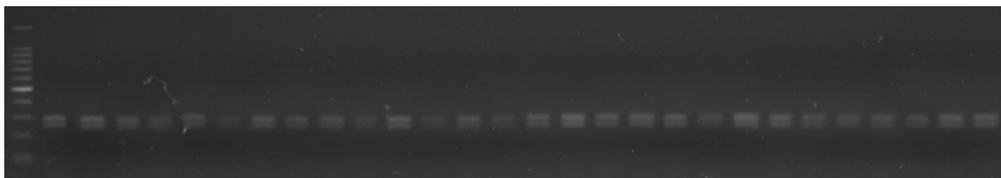
*nad9* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



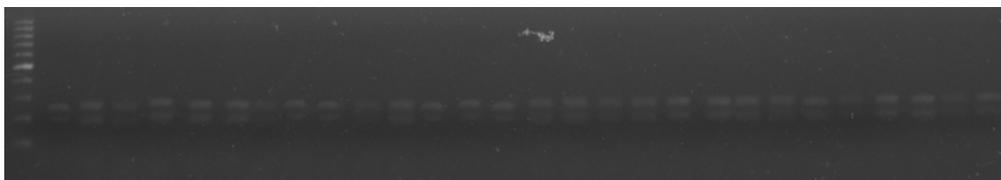
*nad9* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad9* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*nad9* *Afa* I

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 M

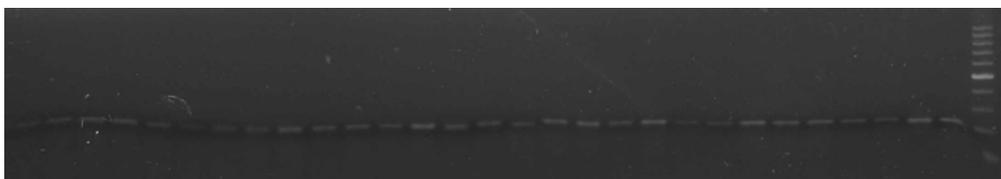
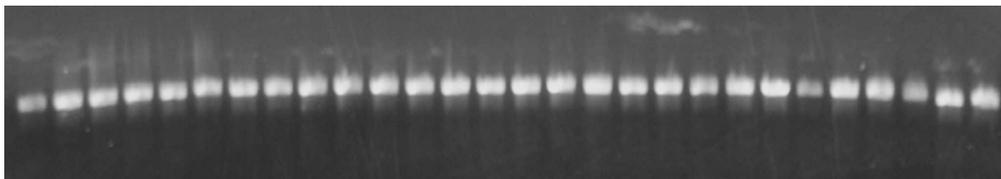


Photo. 22. PCR-RFLP analysis using *nad9* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

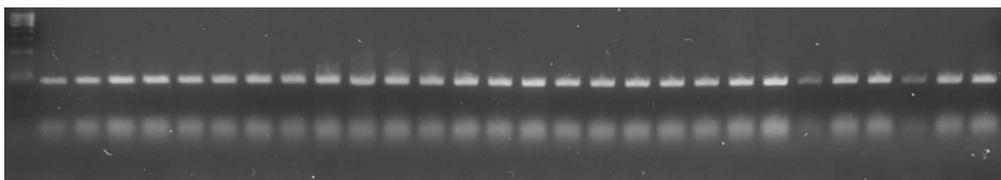
*matR*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



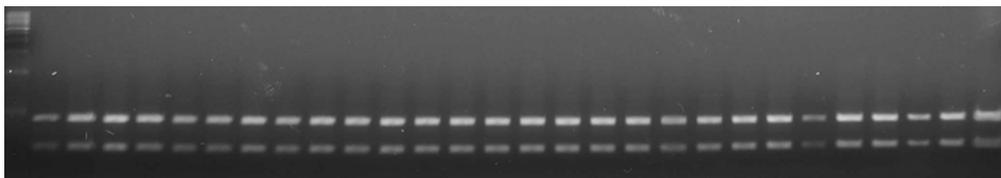
*matR* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



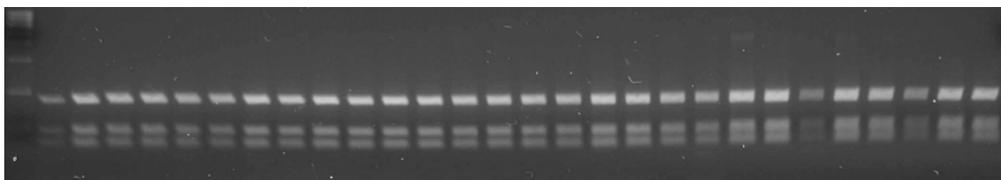
*matR* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*matR* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*matR* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

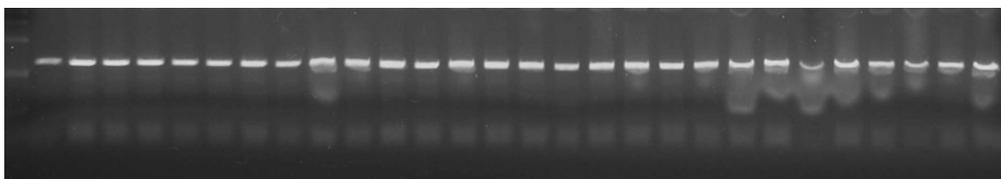
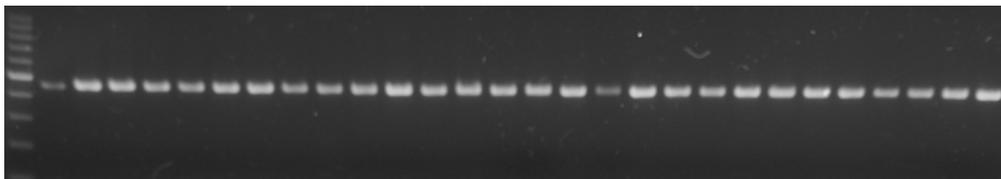


Photo. 23. PCR-RFLP analysis using *matR* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

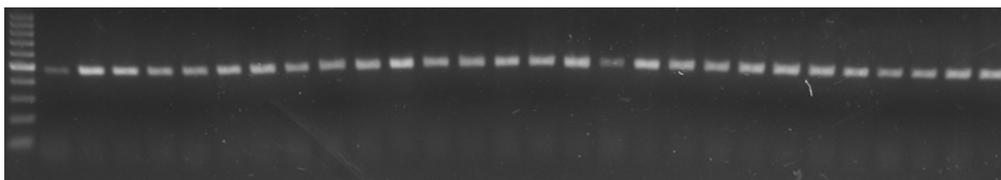
*orfB*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



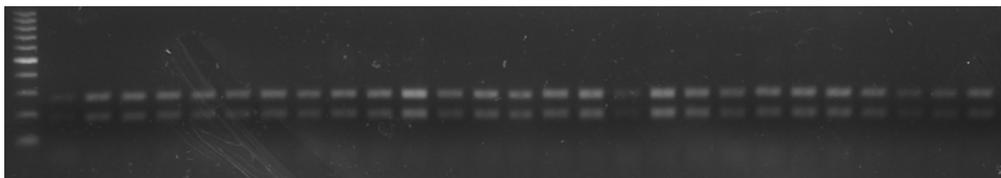
*orfB* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



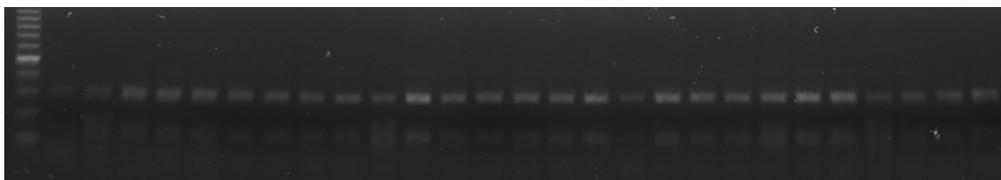
*orfB* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*orfB* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*orfB* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

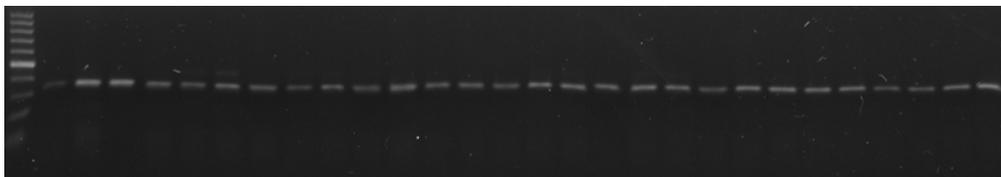
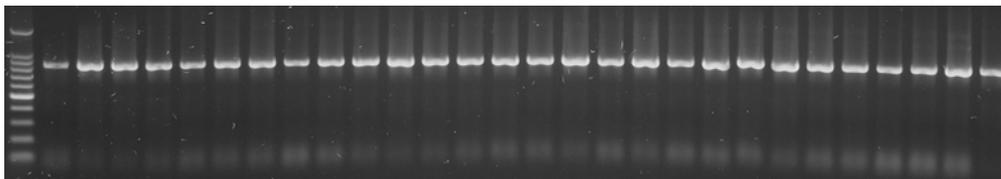


Photo. 24. PCR-RFLP analysis using *orfB* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

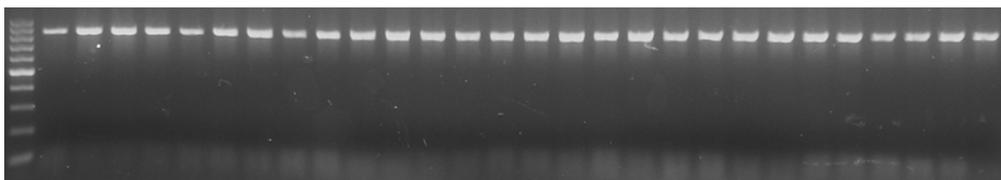
*rpl2*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



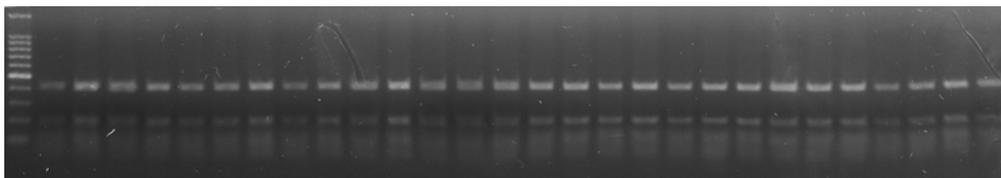
*rpl2* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



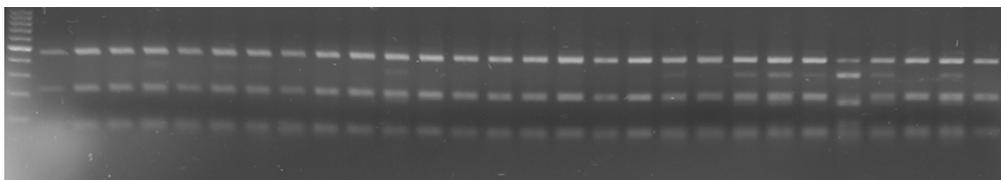
*rpl2* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rpl2* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rpl2* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

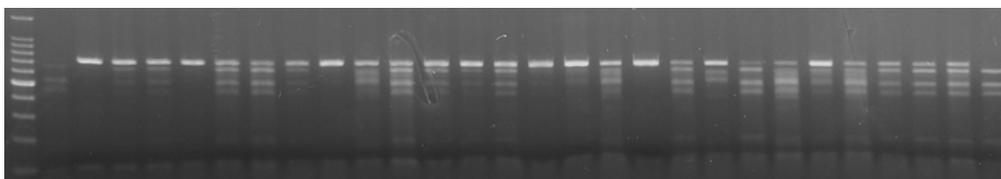
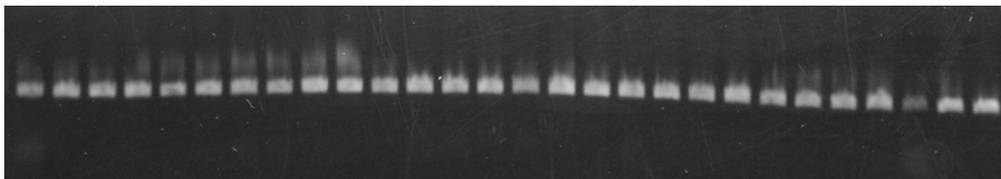


Photo. 25. PCR-RFLP analysis using *rpl2* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

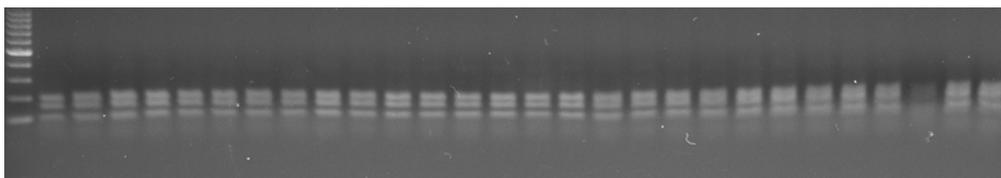
*rpl5*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



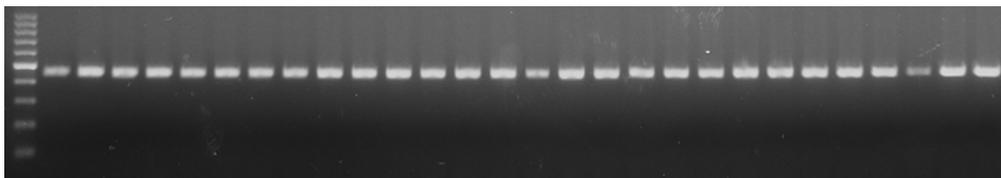
*rpl5* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



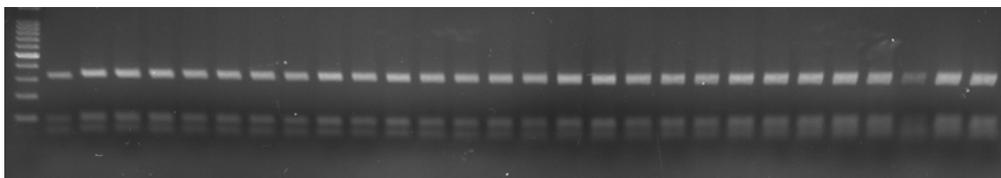
*rpl5* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rpl5* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rpl5* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

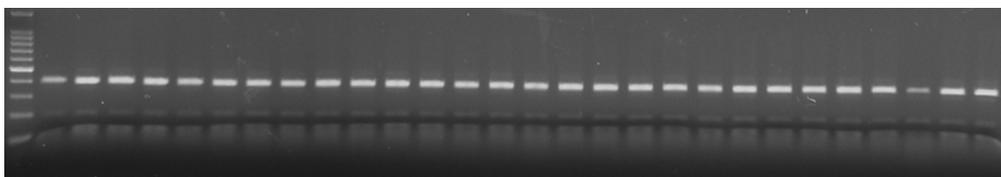
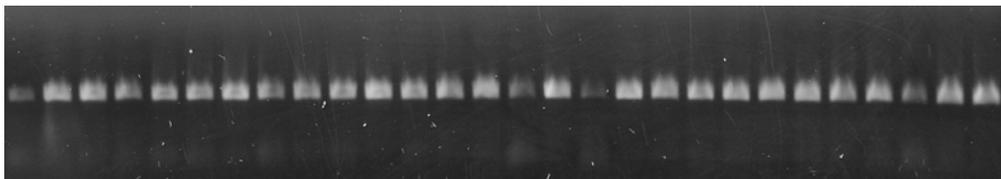


Photo. 26. PCR-RFLP analysis using *rpl5* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

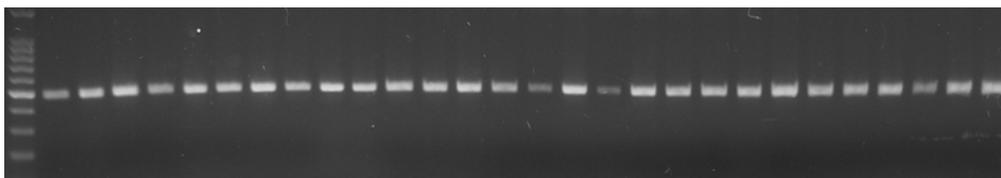
*rpl16*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



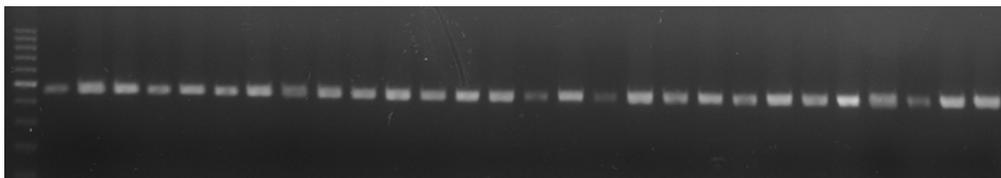
*rpl16* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



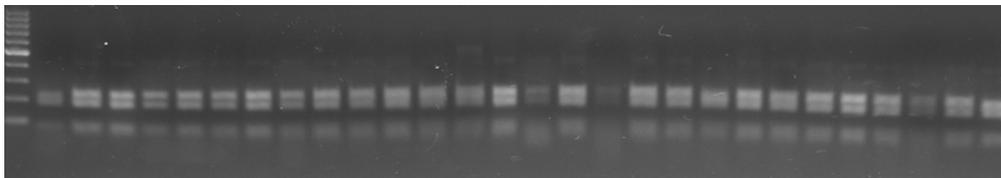
*rpl16* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rpl16* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rpl16* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

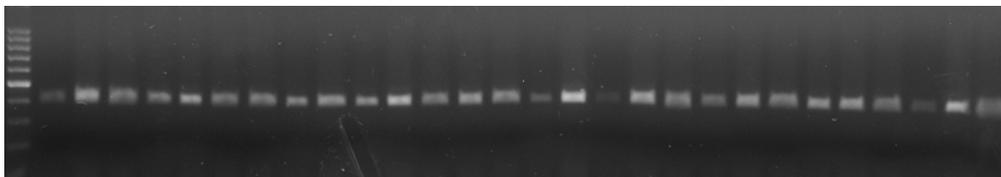
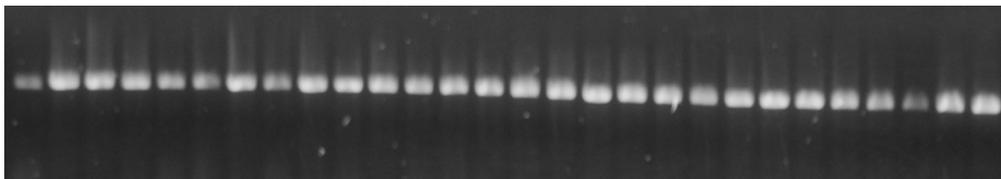


Photo. 27. PCR-RFLP analysis using *rpl16* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

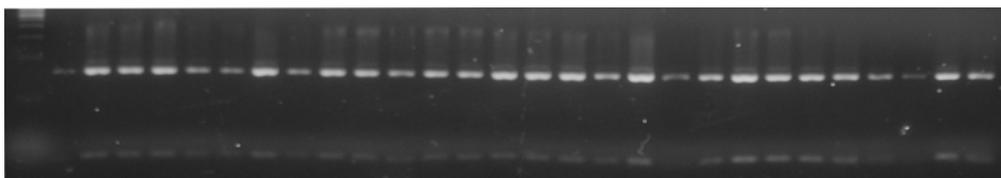
*rps4*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



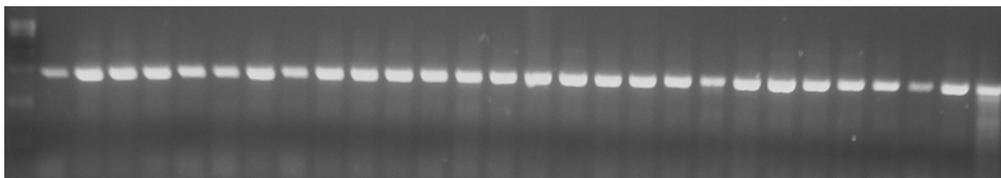
*rps4 Hinf I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



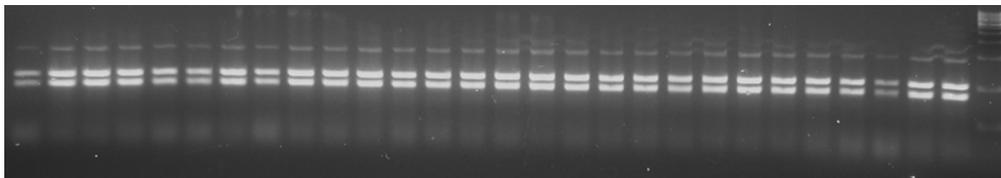
*rps4 Hae III*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rps4 Hap II*

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 M



*rps4 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

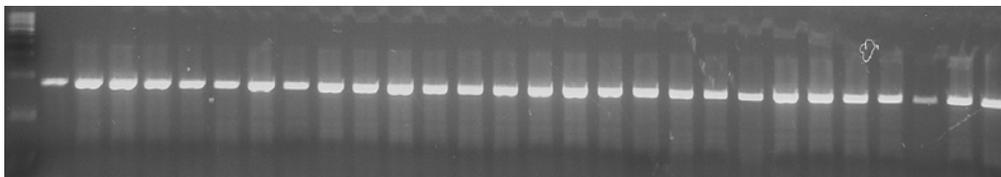
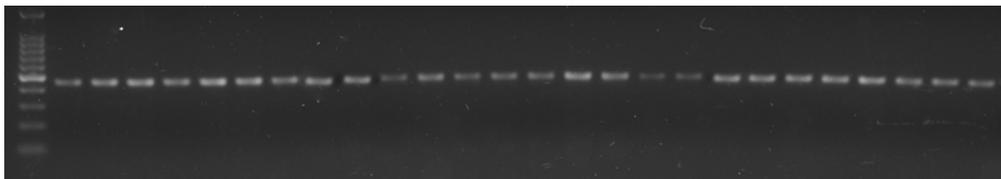


Photo. 28. PCR-RFLP analysis using *rps4* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

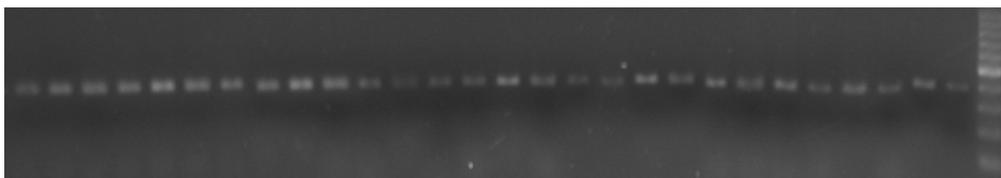
*rps7*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rps7 Hinf I*

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 M



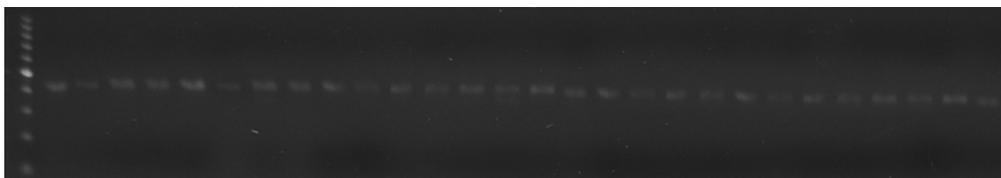
*rps7 HaeIII*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rps7 Hap II*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rps7 Afa I*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

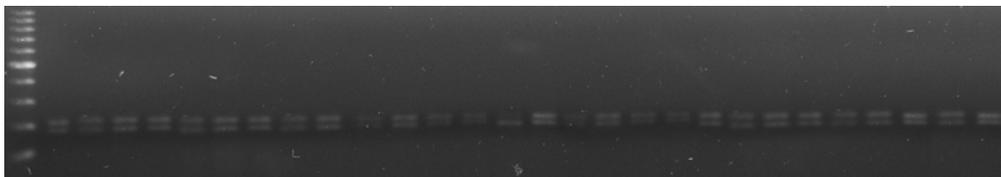
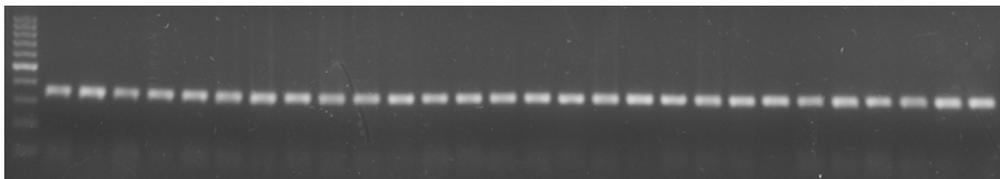


Photo. 29. PCR-RFLP analysis using *rps7* primer. PCR products were restricted with *Hinf I*, *Hae III*, *Hap II* and *Afa I*. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

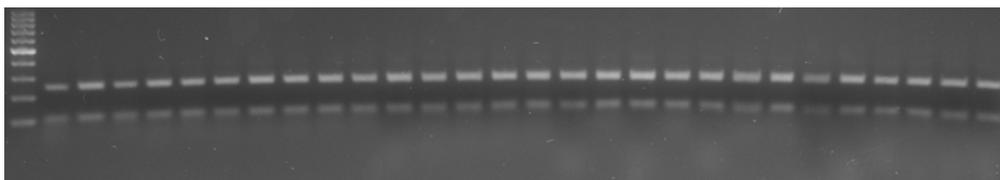
*rps12*-uncutted

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



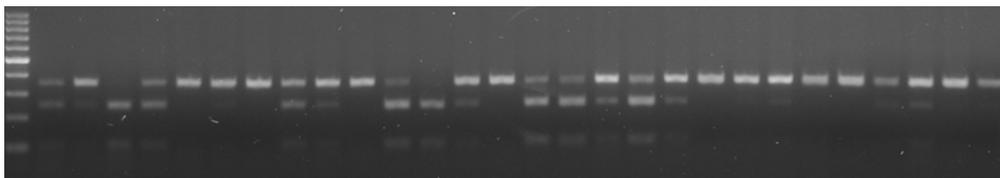
*rps12* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



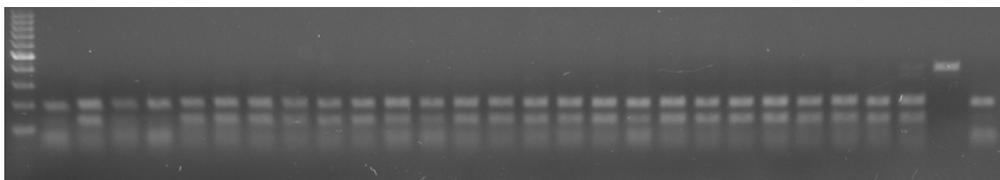
*rps12* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rps12* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rps12* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

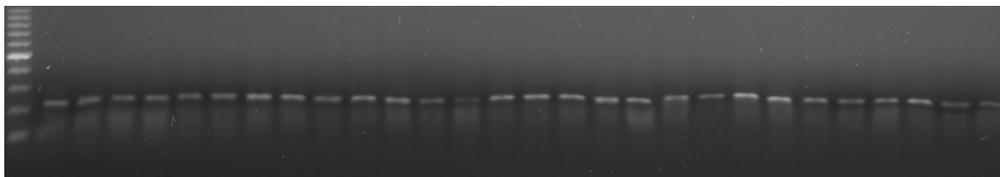
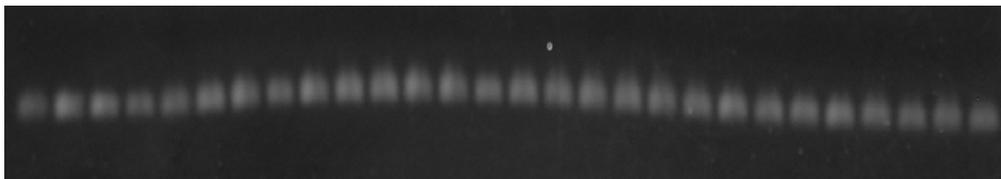


Photo. 30. PCR-RFLP analysis using *rps12* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

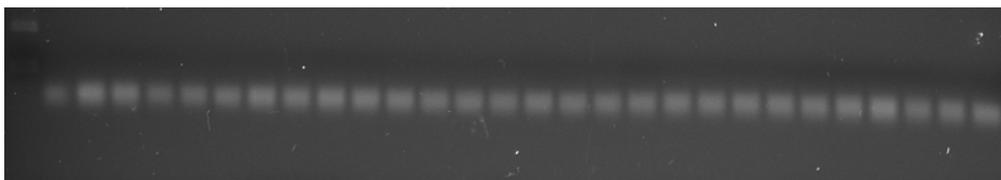
*rrn5*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



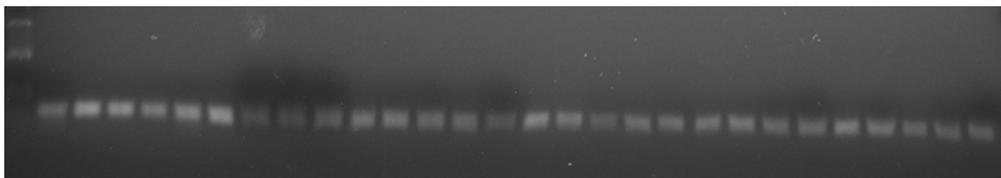
*rrn5* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



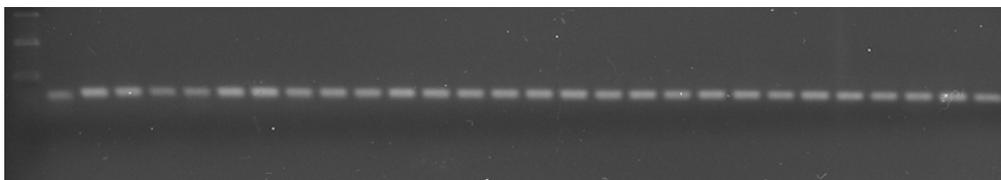
*rrn5* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rrn5* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rrn5* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

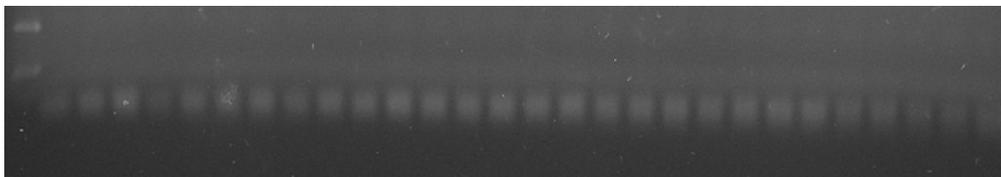
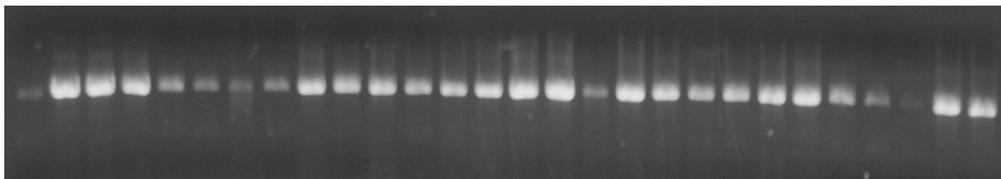


Photo. 31. PCR-RFLP analysis using *rrn5* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

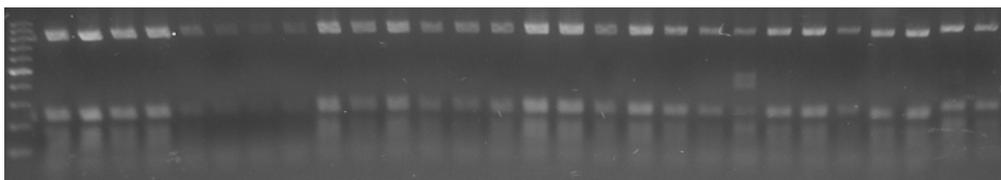
*rrn18*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



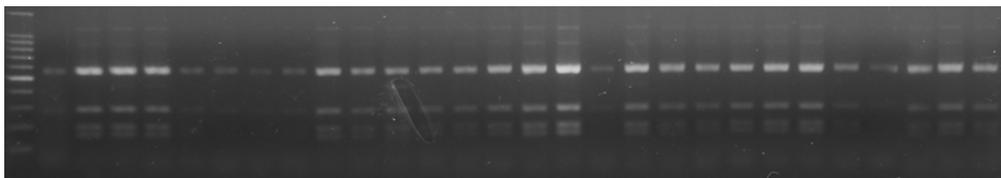
*rrn18 Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



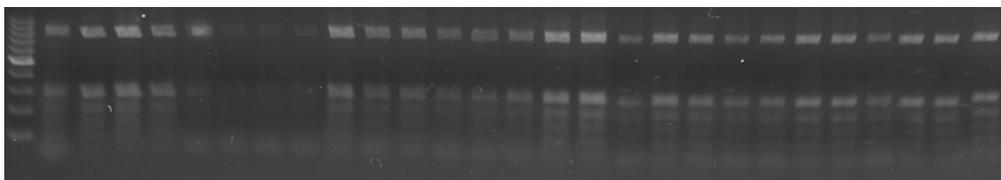
*rrn18 Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rrn18 Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rrn18 Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

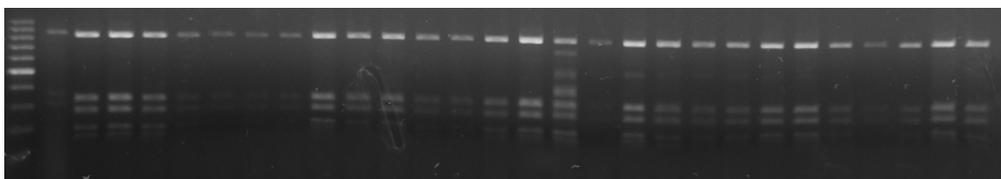
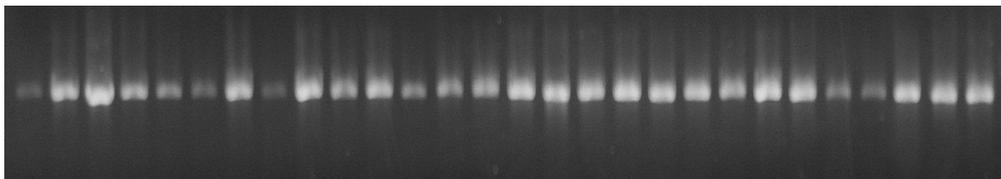


Photo. 32. PCR-RFLP analysis using *rrn18* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.

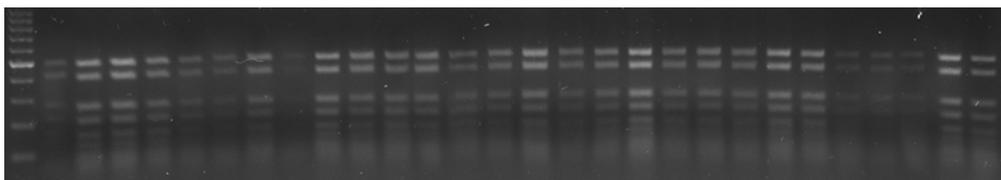
*rrn26*-uncutted

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



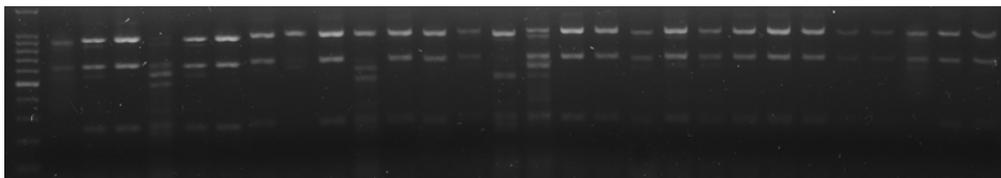
*rrn26* *Hinf* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



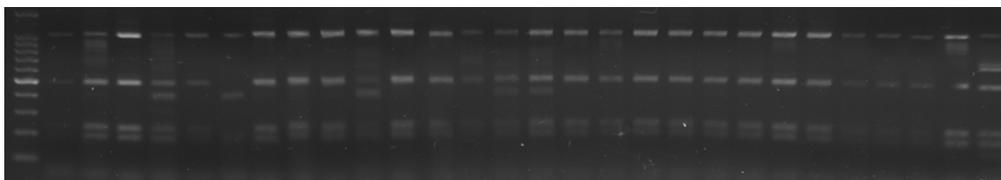
*rrn26* *Hae* III

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rrn26* *Hap* II

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28



*rrn26* *Afa* I

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28

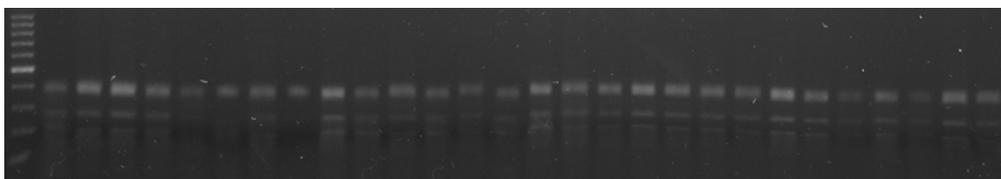


Photo. 33. PCR-RFLP analysis using *rrn26* primer. PCR products were restricted with *Hinf* I, *Hae* III, *Hap* II and *Afa* I. Fragments were electrophoresed on 1.5 % agarose gels.



## 제 6 절 반복친과 CMS(Jasai 및 Donshaja) 모본간의 형태적 특성 비교

### 1. 서론

CMS에 있어서 이형세포질은 화기형태 및 구조의 이상을 초래한다. 또한 불안정한 화분임성 및 미발육된 넥타린 등이 문제가 되고 있다. 이러한 문제점들은 체중효율 및 경제성과 연결되어 F1이 아무리 좋은 형질을 나타낸다 해도 무시되는 경우가 있다. 또한 유지친 및 화분친에 따라 화기의 형태 및 꼬투리 발육이 상이하기 때문에 많은 수의 교배조합을 작성할 필요가 있다.

본 실험에서는 반복친과 CMS BCF1간의 잎의 형태, 화기구조 및 꼬투리 발육상태를 비교하였다.

### 2. 재료 및 방법

#### 가. 공시재료

공시 재료는 Jasai CMS 및 Donshaja CMS의 BCF1 및 반복친으로써 고흥 녹동, 고흥 도덕, 고흥 풍양, 고흥 남양, 고흥 동강, 고흥 동일, 고흥 동강 청송리, 고흥 봉래, 농우적갓, 여수 화양, 전남 진흥원, 전남 진도, 농우돌산갓, 柳川大葉縮綿高菜, 三池大葉縮綿高菜 A, 雲仙結球高菜, 雲仙こぶ高菜, 長崎高菜, 赤大葉縮綿高菜, 改良廣莖青菜, しんこく青菜, 葉からし菜, 山形青菜, 뿌리갓, 赤大葉高菜, 노랑갓을 공시하였다.

#### 나. BCF1의 화기구조 및 꼬투리 분석

CMS계통, 반복친 및 BCF1의 화기구조와 꼬투리 형태를 사진으로 나타냈으며, 특히 화기구조에 있어서는 밀선, 화탁, 꽃잎, 암술 및 수술의 길이 및 숫자를 조사하였다.

### 3. 결과 및 고찰

#### 가. Jasai 및 Donshaja CMS의 형태적 특성 비교

여교잡에 의하여 Jasai CMS BCF1 22종(BC3F1 1종, BC4F1 3종, BC5F1 4종, BC6F1 14종) 및 Donshaja CMS의 BCF1 22종(BC3F1 2종, BC4F1 2종, BC5F1 8종, BC6F1 10종)을 육성하였다(표 1).

Table 1. BCF1 resultants using Jasai CMS and Donshaja CMS.

CMS line	Recurrent line	CMS line	Recurrent line
Jasai CMS	고흥녹동(BC6)	Donshaja CMS	고흥녹동(BC6)
	고흥도덕(BC6)		고흥도덕(BC5)
	고흥풍양(BC6)		고흥남양(BC5)
	고흥남양(BC6)		고흥동일(BC6)
	고흥동강(BC6)		고흥동강(BC6)
	적갯(BC6)		적갯(BC6)
	여수화양(BC4)		여수화양(BC4)
	전남농기원(BC4)		전남농기원(BC6)
	전남진도(BC6)		전남진도(BC6)
	돌산갯(BC6)		돌산갯(BC6)
	柳川大葉縮綿高菜(BC6)		柳川大葉縮綿高菜(BC5)
	三池大葉縮綿高菜 A(BC6)		三池大葉縮綿高菜 A(BC5)
	雲仙結球高菜(BC5)		雲仙結球高菜(BC4)
	雲仙こぶ高菜(BC6)		雲仙こぶ高菜(BC5)
	長崎高菜(BC6)		長崎高菜(BC6)
	三池大葉縮綿高菜 B(BC6)		三池大葉縮綿高菜 B(BC6)
	赤大葉縮綿高菜(BC6)		赤大葉縮綿高菜(BC6)
	改良廣莖青菜(BC4)		改良廣莖青菜(BC5)
	しんこく青菜(BC5)		葉からし菜(BC5)
	葉からし菜(BC5)		山形青菜(BC5)
山形青菜(BC5)	赤大葉高菜(BC3)		
뿌리갯(BC3)	노랑갯(BC3)		

또한, 초세 및 엽의 형태를 조사하기 위하여 flower box에 반복친과 CMS BCF1을 정식하여 수확기에 사진을 촬영하였다. 대부분의 resultant BC3F1 정도에서 초세 및 잎의 형태는 육안으로 구분을 할 수 없을 정도로 반복친과 유사하게 되었다. 그러나 일부의 resultants에서는 결각 및 엽색에서 분리가 일어나는 경우가 있었다(사진 1~4).



고흥녹동 BC5F1



고흥도덕 BC5F1



고흥풍양 BC5F1



고흥남양 BC5F1



고흥동강 BC4F1



적갓 BC5F1



전남농기원 BC3F1



전남 진도 BC3F1



돌산갓 BC3F1



柳川大葉縮綿高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜 A BC5F1



雲仙結球高菜 BC4F1



雲仙こぶ高菜 BC5F1



長崎高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜 B BC5F1



赤大葉縮綿高菜 BC5F1



改良廣莖青菜 BC3F1



しんこく青菜 BC4F1



葉からし菜 BC4F1



山形青菜 BC4F1



뿌리갓 BC2F1

Photo. 1. Photograph of recurrent parents(left) and resultants(CMS BCF1, right) in Jasai cytoplasmic male sterility.



고흥녹동 BC5F1



고흥도덕 BC4F1



고흥동일 BC5F1



고흥청송 BC5F1



적갯 BC4F1



여수화양 BC5F1



전남농기원 BC5F1



전남진도 BC5F1



돌산갯 BC5F1



柳川大葉縮綿高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜A BC5F1



雲仙結球高菜 BC3F1



雲仙こぶ高菜 BC4F1



長崎高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜B BC5F1



赤大葉縮綿高菜 BC5F1



改良廣莖青菜 BC4F1



葉からし菜 BC4F1



山形青菜 BC4F1



赤大葉高菜 BC2F1



노랑갯 BC2F1

Photo. 2. Photograph of recurrents(left) and resultant parents(CMS BCF1, right) in Donshaja cytoplasmic male sterility.



고흥녹동 BC5F1



고흥도덕 BC5F1



고흥풍양 BC5F1



고흥남양 BC5F1



고흥동강 BC5F1



적갓 BC5F1



전남농기원 BC3F1



전남진도 BC5F1



돌산갓 BC5F1



柳川大葉縮綿高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜A BC5F1



雲仙結球高菜 BC4F1



雲仙こぶ高菜 BC5F1



長崎高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜B BC5F1



赤大葉縮綿高菜 BC5F1



改良廣莖青菜 BC3F1



しんこく青菜 BC4F1



葉からし菜 BC4F1



山形青菜 BC4F1



뿌리갓 BC2F1

Photo. 3. Photograph of leaf morphology in Jasai recurrent parents(left) and resultants(CMS BCF1, right).



고흥녹동 BC5F1



고흥도덕 BC4F1



고흥동일 BC5F1



고흥동강 BC5F1



적갓 BC5F1



여수화양 BC5F1



전남농기원 BC5F1



전남진도 BC5F1



돌산갓 BC5F1



柳川大葉縮綿高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜A BC5F1



雲仙結球高菜 BC3F1



雲仙こぶ高菜 BC5F1



長崎高菜 BC5F1



三池大葉縮綿高菜B BC5F1



赤大葉縮綿高菜 BC5F1



改良廣莖青菜 BC4F1



葉からし菜 BC4F1



山形青菜 BC4F1



赤大葉高菜 BC2F1



노랑갯 BC2F1

Photo. 4. Photo.graph of leaf morphology in Donshaja recurrent parents(left) and resultants(CMS BCF1, right).

#### 나. 반복친과 BCF1의 화기비교 및 꼬투리 분석

반복친과 BC1F1에 있어서 화탁의 길이, 화탁 수, 장수술의 길이, 장수술의 폭, 장수술의 수, 단수술의 길이, 단수술의 폭, 단수술의 수, 암술 길이, 꽃잎 수, 꽃잎 길이, 꽃잎 폭을 조사하였다(표 2). 또한, CMS BCF1을 개화시켜 화기구조, 수술의 모양 및 반복친을 교배한 꼬투리의 형태를 반복친과 비교하여 사진을 촬영하였다. resultant BCF1은 모두 100% 불임이었으나, 화기구조 및 꼬투리의 모양은 완전히 회복되지 않았다. 또한 꼬투리의 크기 및 결실율도 좋지 않음이 예상되었다(사진 5~8).

Table 2. Comparison of Jasai CMS, Donshaja CMS and recurrent parent in leaf mustard.

	X1 (mm)	X2 (ea)	X3 (mm)	X4 (mm)	X5 (ea)	X6 (mm)	X7 (mm)	X8 (ea)	X9 (mm)	X10 (ea)	X11 (mm)	X12 (mm)
고흥	6.26	4.00	7.17	0.60	4.00	5.66	0.41	2.00	8.83	4.00	9.95	4.94
녹동	±0.38	±0.00	±0.01	±0.02	±0.00	±0.28	±0.05	±0.00	±0.50	±0.00	±0.21	±0.25
D-CMS	5.34	4.00	0.25	0.44	0.58	4.81	0.45	2.00	7.08	4.00	4.98	3.08
BC5F1	±0.14	±0.00	±5.69	±0.60	±4.00	±0.44	±0.14	±0.00	±0.50	±0.00	±1.67	±0.42
고흥	3.45	4.00	5.69	0.60	4.00	4.81	0.45	2.00	7.08	4.00	4.98	3.08
도덕	±0.72	±0.00	±0.58	±0.07	±0.00	±0.44	±0.14	±0.00	±0.50	±0.00	±1.67	±0.42
J-CMS	4.35	3.67	4.94	0.52	4.00	3.89	0.52	2.00	7.31	3.67	4.50	2.62
BC5F1	±1.08	±0.58	±0.32	±0.07	±0.00	±0.56	±0.43	±0.00	±1.04	±0.58	±0.73	±0.23
D-CMS	4.97	4.00	4.65	0.36	4.33	3.08	0.40	1.67	8.38	4.00	6.81	3.05
BC5F1	±0.21	±0.00	±0.28	±0.13	±0.58	±0.37	±0.05	±0.58	±0.21	±0.00	±0.30	±0.32
고흥	5.98	4.00	7.28	0.60	4.00	5.51	0.48	2.00	7.53	4.00	8.05	4.07
풍양	±0.49	±0.00	±0.42	±0.18	±0.00	±0.18	±0.05	±0.00	±0.47	±0.00	±0.39	±0.70
J-CMS	4.32	4.33	4.90	0.49	3.33	3.29	0.38	1.67	6.39	4.67	6.29	2.91
BC5F1	±0.94	±0.58	±0.49	±0.08	±0.58	±0.34	±0.06	±0.58	±0.67	±0.58	±1.02	±1.69
고흥	6.65	4.00	6.96	0.74	4.00	5.78	0.46	2.00	0.67	4.00	9.13	7.07
동강	±0.85	±0.00	±0.42	±0.24	±0.00	±0.79	±0.05	±0.00		±0.00	±1.90	±0.48
J-CMS	5.53	4.00	5.70	0.36	4.00	4.71	0.45	2.00	8.31	4.00	8.22	3.02
BC5F1	±0.18	±0.00	±0.37	±0.06	±0.00	±0.10	±0.09	±0.00	±0.65	±0.00	±0.05	±0.32
D-CMS	6.02	4.00	5.72	0.46	3.00	3.88	0.45	1.67	9.30	4.33	8.03	3.16±
BC5F1	±0.10	±0.00	±0.52	±0.20	±1.00	±2.01	±0.06	±0.58	±1.10	±0.58	±1.12	0.40
적갓	5.24	4.00	7.75	0.38	4.33	5.88	0.35	2.00	8.15	4.00	8.23	5.00
	±0.95	±0.00	±0.22	±0.03	±0.58	±0.36	±0.02	±0.00	±1.84	±0.00	±1.95	±0.29
D-CMS	4.57	4.00	5.31	0.61	2.33	4.42	0.52	2.00	7.38	4.00	6.83	1.77
BC5F1	±0.41	±0.00	±0.28	±0.23	±0.58	±0.44	±0.20	±0.00	±0.18	±0.00	±0.14	±0.27
여수	6.75	4.00	8.62	0.57	4.00	6.77	0.59	2.00	12.59	4.00	11.54	5.28
화양	±0.22	±0.00	±0.44	±0.17	±0.00	±0.58	±0.16	±0.00	±0.64	±0.00	±0.44	±0.09
D-CMS	6.67	4.00	7.71	0.59	2.50	6.48	0.74	2.00	9.93	4.00	9.21	3.11
BC5F1	±0.14	±0.00	±1.34	±0.13	±1.00				±1.67	±0.00	±1.73	±1.59
전남	6.92	4.00	8.53	0.42	4.00	5.93	0.42	2.00	9.49	4.00	9.65	5.69
농기원	±0.29	±0.00	±0.63	±0.04	±0.00	±1.24	±0.13	±0.00	±0.69	±0.00	±1.13	±0.24
J-CMS	4.67	4.00	6.38	0.63	4.00	4.74	0.45	2.00	8.01	4.00	6.32	3.28
BC3F1	±0.20	±0.00	±0.35	±0.27	±0.00	±0.29	±0.20	±0.00	±0.42	±0.00	±0.12	±0.29
D-CMS	5.26	4.33	5.67	0.63	3.33	4.52	0.31	1.33	7.77	4.00	6.64	2.63
BC5F1	±0.59	±0.58	±0.23	±0.47	±0.58	±0.29	±0.17	±0.58	±0.35	±0.00	±0.66	±0.57
전남	5.35	3.67	7.49	0.44	3.67	5.50	0.20	2.00	7.34	4.67	8.02	3.83
진도	±0.13	±0.58	±0.14	±0.09	±0.58	±0.11	±0.04	±0.00	±0.36	±0.58	±0.67	±0.86
J-CMS	3.82	4.00	4.99	0.25	4.00	2.93	0.12	1.67	6.11	4.33	4.50	2.26
BC5F1	±0.71	±0.00	±0.95	±0.08	±1.00	±0.86	±0.07	±0.58	±0.64	±0.58	±0.70	±0.19
D-CMS	3.63	4.33	5.69	0.38	3.67	4.28	0.31	1.67	6.89	3.67	5.23	1.93
BC5F1	±0.71	±0.58	±0.30	±0.22	±0.58	±0.37	±0.05	±0.58	±1.74	±0.58	±0.34	±0.51

돌산갓	5.90	4.00	7.50	0.74	4.00	5.92	0.66	2.00	8.67	4.00	10.23	5.38
	$\pm 0.27$	$\pm 0.00$	$\pm 0.34$	$\pm 0.16$	$\pm 0.00$	$\pm 0.27$	$\pm 0.12$	$\pm 0.00$	$\pm 0.62$	$\pm 0.00$	$\pm 0.11$	$\pm 0.53$
J-CMS	6.09	3.67	2.71	2.68	4.00	4.72	1.21	1.67	10.46	4.00	8.98	3.58
BC5F1	$\pm 0.49$	$\pm 0.58$	$\pm 4.15$	$\pm 1.66$	$\pm 0.00$	$\pm 1.36$	$\pm 0.37$	$\pm 0.58$	$\pm 0.97$	$\pm 0.00$	$\pm 1.40$	$\pm 0.28$
D-CMS	6.83	4.00	7.00	4.32	3.00	4.92	1.37	2.50	11.7	5.33	8.14	2.72
BC5F1	$\pm 0.55$	$\pm 0.00$	$\pm 0.75$	$\pm 4.48$	$\pm 0.00$	$\pm 0.85$	$\pm 1.00$	$\pm 2.12$	$6 \pm 1.34$	$\pm 0.58$	$\pm 0.47$	$\pm 0.40$
柳川大 葉縮綿 高菜	6.57	4.00	8.19	0.74	4.00	6.43	0.59	2.00	8.67	4.00	10.18	5.70
	$\pm 0.65$	$\pm 0.00$	$\pm 0.18$	$\pm 0.05$	$\pm 0.00$	$\pm 0.21$	$\pm 0.07$	$\pm 0.00$	$\pm 0.81$	$\pm 0.00$	$\pm 0.81$	$\pm 0.34$
J-CMS	5.67	4.00	6.25	.035	4.00	5.17	0.26	2.00	7.48	4.00	9.30	4.16
BC5F1												
D-CMS	7.14	3.67	8.93	0.35	1.00	-	-	-	9.78	5.00	9.73	3.48
BC4F1	$\pm 0.09$	$\pm 0.58$							$\pm 0.55$	$\pm 1.00$	$\pm 0.63$	$\pm 1.10$
雲仙結 球高菜	5.90	4.00	7.16	0.56	3.67	4.78	0.30	2.33	7.03	4.00	6.32	4.22
	$\pm 0.22$	$\pm 0.00$	$\pm 0.31$	$\pm 0.16$	$\pm 0.47$	$\pm 0.91$	$\pm 0.09$	$\pm 0.47$	$\pm 0.52$	$\pm 0.00$	$\pm 0.93$	$\pm 0.94$
D-CMS	4.61	4.00	6.64	0.42	4.00	5.26	0.34	2.00	6.49	4.33	6.54	2.81
BC3F1	$\pm 0.41$	$\pm 0.00$	$\pm 0.75$	$\pm 0.06$	$\pm 0.00$	$\pm 0.36$	$\pm 0.12$	$\pm 0.00$	$\pm 0.77$	$\pm 0.58$	$\pm 0.60$	$\pm 0.22$
雲仙こ ぶ高菜	6.85	4.00	8.93	0.57	4.00	7.05	0.63	2.00	8.71	4.00	12.08	4.96
	$\pm 0.24$	$\pm 0.00$	$\pm 0.19$	$\pm 0.23$	$\pm 0.00$	$\pm 0.61$	$\pm 0.12$	$\pm 0.00$	$\pm 0.10$	$\pm 0.00$	$\pm 0.25$	$\pm 0.20$
D-CMS	6.79	4.00	7.64	1.87	2.00	-	-	-	9.07	5.00	8.62	3.38
BC4F1	$\pm 0.48$	$\pm 0.00$							$\pm 0.11$	$\pm 1.00$	$\pm 0.49$	$\pm 0.13$
長崎 高菜	6.04	4.00	7.50	0.38	4.00	5.29	0.26	2.00	8.13	4.00	10.15	5.56
	$\pm 0.49$	$\pm 0.00$	$\pm 0.22$	$\pm 0.03$	$\pm 0.00$	$\pm 0.32$	$\pm 0.03$	$\pm 0.00$	$\pm 0.75$	$\pm 0.00$	$\pm 0.68$	$\pm 0.60$
J-CMS	6.03	4.00	5.19	0.60	4.33	4.43	0.55	1.67	7.69	4.00	7.85	3.39
BC5F1	$\pm 0.19$	$\pm 0.00$	$\pm 0.34$	$\pm 0.28$	$\pm 0.58$	$\pm 0.82$	$\pm 0.28$	$\pm 0.58$	$\pm 1.27$	$\pm 0.00$	$\pm 1.05$	$\pm 0.30$
D-CMS	5.85	4.00	5.71	0.40	3.67	2.47	0.26	2.00	8.65	4.00	9.45	4.26
BC5F1	$\pm 0.62$	$\pm 0.00$	$\pm 0.79$	$\pm 0.04$	$\pm 0.58$	$\pm 1.97$	$\pm 0.07$	$\pm 0.00$	$\pm 0.99$	$\pm 0.00$	$\pm 1.35$	$\pm 0.68$
三池大 葉縮綿 高菜	8.29	4.00	8.52	0.64	4.00	5.57	0.60	2.00	8.57	4.00	12.33	6.08 $\pm$
	$\pm 0.49$	$\pm 0.00$	$\pm 0.23$	$\pm 0.12$	$\pm 0.00$	$\pm 0.48$	$\pm 0.09$	$\pm 0.00$	$\pm 1.91$	$\pm 0.00$	$\pm 0.36$	0.10
J-CMS	5.53	4.00	4.72	0.56	2.67	4.49	0.30	2.00	7.30	4.00	7.50	2.57
BC5F1	$\pm 0.18$	$\pm 0.00$	$\pm 0.92$	$\pm 0.18$	$\pm 0.58$	$\pm 0.75$	$\pm 0.18$	$\pm 0.00$	$\pm 0.84$	$\pm 0.00$	$\pm 0.95$	$\pm 0.38$
改良廣 莖青菜	6.36	4.00	7.47	0.81	4.00	5.81	0.64	2.00	9.33	4.00	9.63	5.24
	$\pm 0.74$	$\pm 0.00$	$\pm 0.60$	$\pm 0.04$	$\pm 0.00$	$\pm 0.67$	$\pm 0.06$	$\pm 0.00$	$\pm 0.68$	$\pm 0.00$	$\pm 1.48$	$\pm 0.34$
J-CMS	4.93	4.00	6.59	1.03	3.67	-	-	-	8.96	4.00	7.67	2.94
BC3F1	$\pm 0.66$	$\pm 0.00$	$\pm 1.00$	$\pm 0.57$	$\pm 0.58$				$\pm 0.56$	$\pm 0.00$	$\pm 0.31$	$\pm 0.42$
D-CMS	6.68	4.00	6.18	1.66	4.00	4.78	1.16	3.00	8.85	5.33	8.37	3.16
BC4F1	$\pm 0.65$	$\pm 0.00$							$\pm 0.92$	$\pm 1.15$	$\pm 0.41$	$\pm 1.10$
しんこ く青菜	7.45	4.00	6.90	2.22	4.00	4.59	0.38	1.50	10.30	5.00	9.64	4.43
	$\pm 0.53$	$\pm 0.00$	$\pm 0.99$	$\pm 0.56$	$\pm 0.00$	$\pm 0.49$	$\pm 0.20$	$\pm 0.71$	$\pm 3.43$	$\pm 0.00$	$\pm 0.84$	$\pm 0.91$
J-CMS	7.67	2.67	8.41	2.03	2.00	5.92	0.67	1.50	13.12	8.33	8.36	4.02
BC4F1	$\pm 0.75$	$\pm 1.53$	$\pm 0.64$	$\pm 0.48$	$\pm 1.41$	$\pm 0.08$	$\pm 0.11$	$\pm 0.71$	$\pm 1.09$	$\pm 2.08$	$\pm 0.31$	$\pm 1.16$
葉から し菜	4.62	4.00	6.41	0.36	4.00	5.05	0.37	2.00	7.88	3.83	7.77	3.32
	$\pm 1.08$	$\pm 0.63$	$\pm 0.87$	$\pm 0.07$	$\pm 0.00$	$\pm 0.61$	$\pm 0.05$	$\pm 0.00$	$\pm 0.53$	$\pm 0.41$	$\pm 1.36$	$\pm 0.40$
D-CMS	4.47	4.00	6.51	0.54	3.00	4.96	0.36	2.33	6.73	4.00	6.15	2.28
BC4F1	$\pm 0.22$	$\pm 0.00$	$\pm 0.78$	$\pm 0.15$	$\pm 0.00$	$\pm 0.41$	$\pm 0.20$	$\pm 0.58$	$\pm 0.53$	$\pm 1.00$	$\pm 0.97$	$\pm 0.27$

山形	5.71	4.00	5.56	0.51	4.00	4.36	0.54	2.00	6.95	4.00	8.05	5.00
青菜	$\pm 0.44$	$\pm 0.00$	$\pm 0.19$	$\pm 0.13$	$\pm 0.00$	$\pm 0.79$	$\pm 0.31$	$\pm 0.00$	$\pm 0.81$	$\pm 0.00$	$\pm 1.19$	$\pm 0.39$
J-CMS	6.35	4.00	-	-	-	-	-	-	8.54	9.67	8.35 $\pm$	2.75
BC4F1	$\pm 0.54$	$\pm 0.00$							$\pm 0.61$	$\pm 0.58$	1.24	$\pm 0.42$
D-CMS	5.71	4.00	5.21	0.51	3.67	3.95	2.00	9.53	4.00	7.27	2.76	0.46
BC4F1	$\pm 0.99$	$\pm 0.00$	$\pm 0.61$	$\pm 0.19$	$\pm 0.58$	$\pm 0.56$	$\pm 0.00$	$\pm 0.75$	$\pm 0.00$	$\pm 0.12$	$\pm 0.34$	$\pm 0.01$
노랑갯	6.64	4.00	8.63	0.50	4.00	6.52	0.45	2.00	8.72	4.00	7.56	5.37
	$\pm 0.10$	$\pm 0.00$	$\pm 0.46$	$\pm 0.07$	$\pm 0.00$	$\pm 0.51$	$\pm 0.04$	$\pm 0.00$	$\pm 0.60$	$\pm 0.00$	$\pm 5.61$	$\pm 0.59$
D-CMS	5.74	4.00	5.61	0.80	2.67	4.67	0.45	2.33	7.42	3.67	6.74	2.45
BC2F1	$\pm 0.66$	$\pm 0.00$	$\pm 0.76$	$\pm 0.27$	$\pm 0.58$	$\pm 0.68$	$\pm 0.03$	$\pm 0.58$	$\pm 1.19$	$\pm 0.58$	$\pm 1.64$	$\pm 0.71$

X1: Length of sepal, X2: No. of sepals, X3: Length of long stamen, X4: Width of long stamen, X5: No. long stamen, X6: Length of short stamen, X7: Width of short stamen, X8: No. of short stamen, X9: Length of pistil, X10: No. of petals, X11: Length of petal, X12: Width of petal.



고흥도덕 BC5F1



고흥도덕 BC5F1



고흥도덕



BC5F1



고흥풍양 BC5F1



고흥풍양 BC5F1



고흥풍양



BC5F1



고흥동강 BC5F1



고흥동강 BC5F1



고흥동강



BC5F1



전남농기원 BC3F1



전남농기원 BC3F1



전남농기원



BC3F1



전남진도 BC5F1



전남진도 BC5F1



전남진도



BC5F1



돌산갓 BC5F1



돌산갓 BC5F1



돌산갓



BC5F1



改良廣莖青菜 BC3F1



改良廣莖青菜 BC3F1



改良廣莖青菜



BC3F1



しんこく青菜 BC4F1



しんこく青菜 BC4F1



しんこく青菜



BC4F1



葉からし菜 BC4F1

葉からし菜 BC4F1

葉からし菜

BC4F1



山形青菜 BC4F1

山形青菜 BC4F1

山形青菜

BC4F1

Photo. 5. Photograph of flower morphology in Jasai recurrent parents and resultants(CMS BCF1).



고홍녹동 BC5F1



고홍녹동 BC5F1



고홍녹동



BC5F1



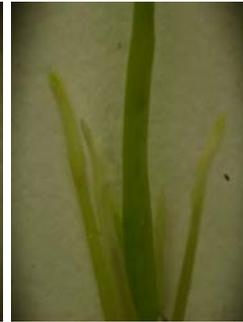
고홍도덕 BC4F1



고홍도덕 BC4F1



고홍도덕



BC4F1



고홍동강 BC5F1



고홍동강 BC5F1



고홍동강



BC5F1



적갓 BC5F1



적갓 BC5F1



적갓



BC5F1



여수 화양 BC5F1



여수 화양 BC5F1



여수 화양



BC5F1



전남농기원 BC5F1



전남농기원 BC5F1



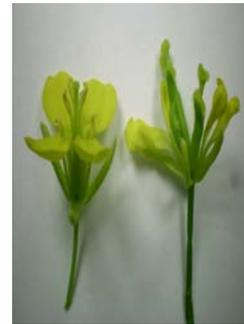
전남농기원



BC5F1



柳川大葉縮綿高菜 BC4F1



柳川大葉縮綿高菜 BC4F1



柳川大葉縮綿高菜



BC4F1



雲仙結球高菜 BC3F1



雲仙結球高菜 BC3F1



雲仙結球高菜



BC3F1



Photo. 6. Photo.graph of flower morphology in Donshaja recurrent parents and resultants(CMS BC4F1).



고흥도덕 BC5F1



고흥풍양 BC5F1



고흥동강 BC5F1



여수화양 BC4F1



전남진도 BC5F1



雲仙結球高菜 BC3F1



雲仙こぶ高菜 BC4F1



長崎高菜 BC4F1



三池大葉縮綿高菜 BC4F1



しんこく青菜 BC3F1



葉からし菜 BC3F1

Photo. 7. Photo.graph of pod morphology in Jasai BCF1 resultants.



고흥녹동 BC5F1



고흥도덕 BC5F1



고흥동강 BC5F1



여수화양 BC4F1



전남농기원 BC3F1



전남진도 BC5F1



돌산갓 BC5F1



柳川大葉縮綿高菜 BC4F1



雲仙結球高菜 BC3F1



雲仙こぶ高菜 BC4F1



長崎高菜 BC4F1



改良廣莖青菜 BC2F1



葉からし菜 BC3F1



山形青菜 BC3F1

Photo. 8. Photograph of pod morphology in Donshaja BCF1 resultants.



## 제 7절 세포질웅성불임성을 이용한 돌산갓의 F1 잡종 강세

### 1. 서론

갓(*Brassica juncea*, Leaf mustard,  $n=19$ )은 배추과에 속하는 배추(*B. rapa*,  $n=10$ )와 흑겨자(*B. nigra*,  $n=9$ )간의 복2배체 자가화합성(self-compatibility) 일년생 초본으로 오스트리아, 캐나다, 인도, 중국, 일본 및 우리나라에서 재배된다. 그러나 외국의 경우, 갓은 주로 겨자용으로 이용하기 때문에 김치용으로 재배되는 우리나라와 차이가 있다(Akashay 등, 1993).

우리나라에서 주로 다량 재배되는 갓에는 홍갓, 청갓, 반청갓, 돌산갓 그 외 겨자체 등 다수재배품종이 있으며, 품종에 따라 형태 또는 색깔뿐만 아니라 향과 맛에 있어서도 현저한 차이를 나타낸다(신 등, 2001).

돌산갓은 일본 高菜(タカナ, 다까나) 품종인 ‘만생평경대엽고채’가 1950년대초에 여수시 돌산지역에 도입되어 재배된 것으로 재래갓(청갓, 적갓)과의 외형적 특성 및 맛의 차이가 뚜렷하고 지역토성에 알맞아 재래시장에 출하됨으로써 「돌산갓」으로 명명되어 졌다(김 등, 2003). 일반갓은 줄기와 잎이 자색 또는 녹색을 띠고 잎 이면에 가시가 많고 거친 모양이나, 돌산갓은 줄기와 잎색이 녹색이며 잎살이 많고 잎줄기는 넓고 두꺼우면서 잎면에 약간의 주름이 있으며, 특쓰는 매운맛(sinigrin-glucosinolate)이 적고 섬유질이 거의 없어 부드럽고 잎 이면과 줄기에 가시(잔털)가 없다. 돌산갓의 재배면적은 2003년 시설재배 60ha, 노지재배 600ha 정도이며, 2-3기작으로 재배 하며, 재배면적 확대 및 생산량의 증가와 더불어 농협, 영농조합법인의 생산자조합 단체와 일반 제조업체의 돌산갓김치 가공업 참여로 부가가치가 향상되고 있다(박, 1996).

세포질 웅성불임성(CMS, cytoplasmic male sterility)을 F1의 잡종강세를 이용하는 작물로는 주로 양파, 옥수수, 사탕무우, 진주조 등의 타식성작물이 있지만 최근에는 벼나 진주조, 밀 등의 자식성작물에서도 실용화되고 있다. 국내에서는 유채, 사료용 수수, 사료용 진주조, 벼 등에서 세포질적 유전자적 웅성불임성의 이용이 시도되고 있다. 페튜니아와 메리골드 등 화훼 작물도 있다(송 등, 2002).

엽채류 품종의 대부분은 종자로 번식되며 잡종강세를 이용한 일대 잡종의 품종을 재배 이용하고 있다. 일대잡종은 잡종강세가 우수해야함은 물론이고 F1 종자를 경제적으로 대량 확보 할 수 있는 채종 체계가 확립되어야 한다. 이러한 일대잡종 종자를 채종하기 위하여 제웅, 교배, 봉투 제조, 수분 등의 많은 노동력이 요구된다. 세포질적 웅성불임이 이들 작물에 사용되고 있는 이유는 이를 이용한 일대잡종품종은 제웅작업이 필요 없어 채종의 노력과 경비를 절감할 수 있기 때문이다. 그러나 이러한 웅성불임을 이용한 일대잡종의 품종의 성능이 우수해야 한다. 이를테면 소비자에게 선호되는 우수한 생육과 개화특성, 추대성을 나타내며, 종묘 생산업을 하는 자에게는 채종량과 채종을 등이 인공교배에 의한 것 보다 높아야 한다(Goldsmith, 1968).

따라서 본 연구는 상품성이 좋고 다수성인 갓을 육성하기 위하여, polima형 CMS인 Jasai 및 Donshaja를 종자친으로, 국내에서 재배·생산에 유용한 형질을 가진 26계통/품종을 반복친으로 여교잡하여 CMS BCF1을 육성하였다. 이 중 7종의 CMS를 이용하여 다수성 F1잡종을 육성하였고 그들의 잡종강세성 및 조합능력 등을 분석하였다.

## 2. 재료 및 방법

공시재료는 polima형 Jasai계 5종과 Donshja계 2종의 CMS를 종자친으로, 6종의 고수량성 형질의 품종을 화분친으로 총 21조합 작성하였다(표 1). 각각의 F1 품종 및 대비종을 원예용 육묘상토 1호를 50공 육묘 트레이에 충전하여 2006년 9월 13일 파종하였고, 이후 2일 간격으로 관수하였다. 2006년 10월 24일 순천대학교 서면농장에 1.2m×3.0m, 높이 20cm의 이랑을 만들어 주간 20cm×20cm, 구당 25주씩 2반복으로 배치하여 정식하였다. 시비량은 성분량으로 10a당 질소 17kg, 인산 8kg, 칼리 12kg을 기준으로 하여, 실량으로는 요소 38kg, 용과린 40kg, 염화加里 20kg, 고토석회 120kg, 붕사 1kg을 시용하고 퇴비는 약 2,000kg 정도를 전량 기비로 하였다. 형질조사는 정식 후 45일에 농사시험연구 조사기준(농촌진흥청, 1995)에 따라 다음과 같은 기준에 의해 실시하였다.

- 생체중 : 한 개의 식물체에서 지상부 전체의 무게(g)
- 건물중 : 생체중을 드라이오븐의 85℃에서 4일 건조시킨 무게(g)
- 엽장 : 최대엽의 중륵 하측 선단에서 엽상부 선단까지의 길이(cm)

- 엽폭 : 최대엽을 수평으로 측정한 최대폭(cm)
- 엽수 : 길이 1cm 이상인 본엽의 총엽수(ea)
- 엽면적 : 길이 1cm 이상의 본엽의 총면적(cm<sup>2</sup>)

실험설계는 완전임의배치법 3반복으로 하였으며, 통계처리는 구당 9주씩 조사하여 구한 평균치를 이용하였다. 잡종강세(Heterosis, %)는 각각의 형질별로 F1세대에서 발현되는 양친의 평균에 대한 증감률, 초잡종강세(Heterobeltiosis, %)는 각 형질의 F1 품종에서 큰친에 대한 증감률, 표준잡종강세(Standard heterosis, %)는 F1 품종의 값에서 대비종에 대한 증감률을 계산하였다(Griffing, 1956).

### 3. 결과 및 고찰

실제적으로 웅성불임성을 이용하여 F1종자를 채종하기 위해서는 불임친(male sterile line: A계통)과 그 웅성불임을 유지해 주는 유지친(maintainer: B계통), 그리고 그 웅성불임의 임성을 회복시켜주는 회복친(restorer: C계통) 등 세 계통이 필요하다. A계통은 불임이므로 자식에 의해 다음세대를 이어갈 종자를 생산할 수 없다. B계통은 세포질에 임성유전자가 있기 때문에 자식으로 정상적인 종자가 형성된다. 따라서 A계통에다 B계통의 화분을 수분하면 종자가 형성되며, 그 종자는 발아하여 정상적인 식물체로 되지만 웅성불임이다. 이렇게 유지되는 A계통의 웅성불임에다 C계통을 교배하여 F1종자를 채종하며, 그 F1 품종은 핵내에 임성회복유전자를 가지고 있기 때문에 정상적으로 종자를 형성한다.

#### 가. 생체중

Jasai CMS의 일대잡종 및 양친의 생체중을 조사한 결과 17개의 조합 중에서 잡종강세는 Yanagawaohchirimen takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohbachirimen takana 등 이었고, 초잡종강세는 Yanagawaohchirimen takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana, Shinkokuseisai takana CMS/Sanchiohbachirimen takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohbachirimen takana 으로 나타났다. 표준 잡종강세를 남양갓, 화양갓, 진도갓의 세 개의 계통으로 각각 살펴보았을 때, Yanagawaohchirimen takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Sanchiohbachirimen takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohbachirimen takana 순으로 대비종에 비해 잡종강세 현상이 우수한 F1조합으로 나타났다(표 1).

Table 1. Fresh weight of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Jasai CMS and standard cultivars.

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	178.9b <sup>z</sup>	189.2ab	235.0a	27.6	24.2	250.1	63.4	110.6
Yanagawaohchirimen takana CMS /Sanchiohbachirimen takana)	178.9a	192.5a	156.9a	-15.5	-18.5	134.2	9.1	40.6
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	178.9a	172.2a	206.7a	17.7	15.5	208.5	43.7	85.2
Yanagawaohchirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	178.9a	215.5a	173.8a	-11.9	-19.4	159.4	20.9	55.7
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohba takana	178.9ab	150.5b	198.3a	20.4	10.8	196	37.9	77.7
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	192.5a	172.2a	193.2a	5.9	0.4	188.4	34.4	73.1
Sanchiohbachirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	192.5a	215.5a	190.1a	-6.8	-11.8	183.7	32.2	70.3
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	192.5a	150.5b	165.0b	-3.8	-14.3	146	14.8	47.8
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	172.2a	150.5a	137.6a	-14.7	-20.1	105.4	-4.3	23.3
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	189.2b	192.5b	221.5a	16	15	230.6	54	98.4
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohbachirimen takana	189.2ab	172.2b	219.9a	21.7	16.2	228.2	52.9	97
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Shinkokuseisai takana	189.2b	215.5ab	218.7a	8.1	1.5	226.4	52.1	95.9
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohba takana	189.2a	150.5b	211.9a	24.7	12	216.3	47.4	89.9
Shinkokuseisai takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	215.5a	192.5a	159.7b	-21.7	25.9	138.4	11.1	43.1
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohbachirimen takana	215.5a	172.2b	145.2b	-25.1	-32.6	116.7	1.0	30.1
Shinkokuseisai takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	215.5a	215.5a	195.8a	-9.1	-9.1	192.2	36.2	75.5
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohba takana	215.5a	150.5c	181.5b	0.8	-15.8	170.9	26.3	62.6

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

Donghaja CMS의 일대잡종 및 양친의 생체중을 조사한 결과 4개의 조합 중에서 잡종강세와 초잡종강세는 유의성이 나타나지 않았으나 표준잡종강세에서는 세 계통 중 남양갓과 진도갓의 Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana, Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohba takana에서 우수한 F1조합으로 나타났다(표 2).

Table 2. Fresh weight of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Donshaja CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	192.5a <sup>z</sup>	172.2ab	146.0b	-12.0	-24.2	117.9	1.5	30.8
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	192.5a	150.5b	137.7b	-19.7	-28.5	105.5	-4.2	23.4
Akaohbachirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	172.2a	189.2a	110.6b	-38.8	-41.5	65	-23.1	-0.9
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	172.2a	150.5a	114.0b	-29.4	-33.8	70.1	-20.7	2.1

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

#### 나. 건물중

Jasai CMS의 일대잡종 및 양친의 건물중을 조사한 결과 17개의 조합 중에서 잡종강세는 Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Sanchiohbachirimen takana 순으로 나타났고, 초잡종강세는 Gaeryangkwangkyong takana CMS/Sanchiohbachirimen takana, Shinkokuseisai takana CMS/Sanchiohbachirimen takana 순으로 나타났다. 또한 표준잡종강세에서 Gaeryangkwangkyong takana CMS/Sanchiohbachirimen takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana은 동일한 정도로 나타났다(표 3).

Table 3. Dry weight of hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Jasai CMS and standard cultivars.

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis (%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindogat
Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	14.6a <sup>z</sup>	14.6a	15.6a	6.8	6.8	71.4	35.7	46.8
Yanagawaohchirimen takana CMS /Sanchiohbachirimen takana)	14.6a	14.6a	14.5a	-0.7	-0.7	59.3	26.1	38.1
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	14.6a	12.6a	15.2a	11.8	4.1	67	32.2	44.8
Yanagawaohchirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	14.6a	16.1a	13.3a	-13.6	-17.4	46.2	15.7	26.7
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohba takana	14.6a	10.5b	14.0a	11.1	-4.1	53.9	21.7	33.3
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	14.5a	12.6a	14.4a	5.9	-0.7	58.2	25.2	37.1
Sanchiohbachirimen takana CMS /Shinkokuseisai	14.5ab	16.1a	11.3b	-26.1	-30	24.2	-1.7	7.6
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	14.5a	10.5b	10.4b	-16.8	-28.3	11.8	-9.6	-1
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	12.6a	10.5a	9.5a	-18.1	-24.6	4.4	-17.4	-1
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	14.6b	14.5b	17.7a	21.2	21.2	94.5	53.9	68.6
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohbachirimen takana	14.6a	12.6a	14.7a	8.1	0.7	51	27.8	40
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Shinkokuseisai takana	14.6ab	16.1a	12.4b	-19.5	-23	30	7.8	18.1
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohba takana	14.6a	10.5b	15.7a	24.6	7.5	72.5	36.5	49.5
Shinkokuseisai takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	16.1a	14.5a	13.5a	11.8	16.2	48.4	17.4	28.6
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohbachirimen takana	16.1a	12.6ab	11.5b	-20.1	-28.6	26.4	0	9.5
Shinkokuseisai takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	16.1a	16.1a	14.9a	-7.5	-7.5	52.8	29.6	41.9
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohba takana	16.1a	10.5b	14.4a	8.3	-10.6	58.2	25.2	37.1

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

Donshaja CMS의 일대잡종 및 양친의 건물중을 조사한 결과, 4개의 조합 중에서 잡종강세와 초잡종강세는 생체중과 마찬가지로 유의성이 나타나지 않았다. 하지만 표준잡종강세에서 3계통 중 유의성이 낮은 화양갓을 제외하고, 남양갓은 Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana, Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohba takana 순으로, 진도갓은 Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana에서 우수한 F1조합이 나타났다(표 4).

Table 4. Dry weight of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Donshaja CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	14.5a <sup>z</sup>	12.6a	12.0a	-11.8	-17.2	32	4.3	14.3
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	14.5a	10.5 b	11.4ab	-8.8	-21.4	25.3	-0.9	8.6
Akaohbachirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	12.6ab	14.6a	9.7b	-28.7	-33.6	6.6	-15.7	-7.6
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	12.6a	10.5ab	9.1b	-26.1	-27.8	0	-20.9	-13.3

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

#### 다. 엽면적

Jasai CMS의 일대잡종 및 양친의 엽면적을 조사한 결과 17개의 조합 중에서 잡종강세와 초잡종강세가 Shinkokuseisai takana CMS/Akaohba takana, Shinkokuseisai takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana 순으로 우수한 F1조합능을 보였다. 표준잡종강세는 3개의 계통 중 화양갓과 진도갓은 유의성이 나타나지 않고, 남양갓은 Shinkokuseisai takana CMS/Akaohba takana, Shinkokuseisai takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana, Shinkokuseisai takana CMS/Akaohbachirimen takana 순으로 우수한 F1조합능을 보였다(표 5).

Table 5. Leaf area of hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Jasai CMS and standard cultivars.

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis (%) <sup>y</sup>		
						Namyang	Hwayang	Jindo
						gat	gat	gat
Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	6885.6a <sup>z</sup>	5262.2c	6065.6b	-0.1	-11.9	42.2	-36.3	-29.5
Yanagawaohchirimen takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	6885.6a	6426.7a	5703.3a	-14.3	-17.2	33.7	-40.1	-23.7
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	6885.6a	5697.8a	6081.1a	-3.3	-11.7	42.6	-36.1	-29.3
Yanagawaohchirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	6885.6a	5550.0b	5045.6b	-18.8	-26.7	18.3	-47	-41.3
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohba takana	6885.6a	4993.3b	5538.9b	-6.7	-19.6	29.9	-41.8	-35.6
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	6426.7a	5697.8a	5121.1a	-14	-20.3	20.1	-46.2	-40.5
Sanchiohbachirimen takana CMS /Shinkokuseisai	6426.7a	5550.0ab	4692.2b	-21.6	-27	10	-50.7	-45.5
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	6426.7a	4993.3b	4141.1b	-27.5	-35.6	-2.9	-56.5	-51.9
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	5697.8a	4993.3a	3881.1b	-27.4	-31.9	-9	-59.2	-54.9
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	5262.2a b	6426.7a	5094.4b	-12.8	-20.7	19.4	-46.5	-40.8
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohbachirimen takana	5262.2a	5697.8a	5357.8a	-2.2	-6	25.6	-43.7	-37.7
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Shinkokuseisai	5262.2a	5550.0a	5403.3a	-0.1	-2.6	26.7	-43.2	-37.2
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohba takana	5262.2a b	4993.3b	5858.3a	14.2	11.3	37.3	-39.4	-31.9
Shinkokuseisai takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	5550.0a	6426.7a	5914.2a	-1.2	6.6	38.7	-37.8	-31.2
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohbachirimen takana	5550.0a	5697.8a	6679.8a	18.8	2.7	56.6	-29.8	-22.3
Shinkokuseisai takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	5550.0b	5550.0b	7030.0a	26.7	26.7	64.8	-26.1	-18.3
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohba takana	5550.0b	4993.3b	7079.3a	34.3	27.6	66	-25.6	-17.7

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

Donshaja CMS의 일대잡종 및 양친의 엽면적을 조사한 결과, 4개의 조합이 잡종강세와 초잡종강세가 모두 우수한 결과로 나타났다. 또한 표준잡종강세도 마찬가지로 화양갓과 진도갓을 제외한 남양갓은 모두 우수한 조합능을 보였다(표 6).

Table 6. Leaf area of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Donshaja CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	6426.7ab <sup>z</sup>	5697.8b	7697.6a	27	19.8	80.5	-19.1	-10.5
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	6426.7a	4993.3b	7575.6a	32.7	17.9	77.6	-20.4	-11.9
Akaohbachirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	5697.8b	5262.2b	8144.4a	48.6	42.9	90.9	-14.4	-5.3
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	5697.8b	4993.3b	8153.3a	52.5	43.1	91.1	-14.3	-5.2

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

#### 라. 엽장

Jasai CMS의 일대잡종 및 양친의 엽장을 조사한 결과 17개의 조합 중에서 잡종강세와 초잡종강세는 Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana, Yanagawaohchirimen takana CMS/Akaohba takana, Yanagawaohchirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana 순으로 양호한 F1조합능을 보였다. 표준잡종강세는 3 계통이 모두 Yanagawaohchirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana, Yanagawaohchirimen takana CMS/Akaohba takana, Yanagawaohchirimen takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana 순으로 우수한 F1조합능을 보였다(표 7).

Table 7. Leaf height of hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Jasai CMS and standard cultivars

Combinations	Femal e	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>x</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	36.3b <sup>z</sup>	35.3b	40.8a	14	12.4	82.1	20	26.3
Yanagawaohchirimen takana CMS /Sanchiohbachirimen takana)	36.3a	39.6a	32.3a	-15	-18.4	44.2	-5	0
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	36.3b	39.3ab	42.2a	11.6	7.4	88.4	24.1	30.7
Yanagawaohchirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	36.3b	36.3b	38.7a	6.6	6.6	72.8	13.8	19.8
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohba takana	36.3c	37.9b	42.0a	13.2	10.8	87.5	23.5	30
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	39.6a	39.3a	19.4b	-50.9	-51	-13.4	-42.9	-40
Sanchiohbachirimen takana CMS /Shinkokuseisai	39.6a	36.3a	39.7b	4.5	0.3	77.2	16.8	22.9
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	39.6a	37.9a	21.3b	-45.1	-46.2	-4.9	-37.4	-34.1
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	39.3a <sup>z</sup>	37.9a	17.3b	-55.2	-56	-22.8	-49.1	-46.4
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	35.3b	39.6a	31.3c	-16.5	-21	39.7	-7.9	-3.1
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohbachirimen takana	35.3b	39.3a	21.9c	-41.3	-44.3	-2.2	-35.6	-32.2
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Shinkokuseisai takana	35.3a	36.3a	24.2b	-32.4	-33.3	8	-28.8	-25.1
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohba takana	35.3b	37.9a	22.9c	-37.4	-39.6	2.2	-32.6	-29.1
Shinkokuseisai takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	36.3a	39.6a	22.5b	-40.8	-43.2	0.4	-33.8	-30.3
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohbachirimen takana	36.3b	39.3a	19.3c	-49	-50.9	-14	-43.2	-40.2
Shinkokuseisai takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	36.3a	36.3a	23.6b	-35.8	-35.8	5.4	-30.6	-26.9
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohba takana	36.3b	37.9a	21.0c	-43.4	-44.6	-6.3	-38.2	-35

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

Donshaja CMS의 일대잡종 및 양친의 엽장을 조사한 결과 잡종강세와 초잡종 강세에서 유의성이 나타나지 않았고, 표준잡종강세의 3 계통에서도 역시 나타나지 않았다(표 8).

Table 8. Leaf height of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Donshaja CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindogat
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	39.6a <sup>z</sup>	39.3a	19.4b	-50.8	-51	-13.4	-42.9	-39.9
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	39.6a	37.9a	18.1b	-53.4	20.5	-19.2	-46.8	-44
Akaohbachirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	39.3a	35.3b	15.2c	-59.2	-61.3	-32.1	-55.3	-52.9
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	39.3a	37.9a	16.1b	-58.3	-59	-28.1	-52.7	-50.2

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

#### 마. 엽폭

Jasai CMS의 일대잡종 및 양친의 엽폭을 조사한 결과 17개의 조합 중 몇 개를 제외하고는 대체적으로 우수하거나 양호한 F1조합능을 나타냈다. 잡종강세는 Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohbachirimen takana, Shinkokuseisai takana CMS/Akaohba takana 순으로, 초잡종강세는 Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohbachirimen takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Shinkokuseisai takana 순으로 우수하게 조합을 이루었다. 마찬가지로 표준잡종강세는 17개의 조합에서 3 계통 모두가 우수한 F1조합능을 나타냈다. 우수한 순서는 Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohba takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Akaohbachirimen takana, Gaeryangkwangkyong takana CMS/Shinkokuseisai takana 순이었다(표 9).

Table 9. Leaf diameter of hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Jasai CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	22.4a <sup>z</sup>	21.5a	23.0a	4.5	2.7	109.1	67.9	87
Yanagawaohchirimen takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	22.4a	20.4b	21.1ab	-1.4	-5.8	91.8	54	71.5
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	22.4a	18.8ab	21.3a	3.4	-4.9	93.6	55.5	73.2
Yanagawaohchirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	22.4a	21.5ab	20.2b	-8.2	-9.8	83.6	47.5	64.2
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohba takana	22.4a	18.1b	20.9a	4	-6.7	90	52.6	69.9
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	20.4b	19.0	36.4a	84.8	78.4	230.9	165.7	195.9
Sanchiohbachirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	20.4a	21.5a	31.0a	47.6	44.2	181.8	126.3	152
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	20.4b	18.1c	38.0a	89.1	86.3	245.5	177.4	208.9
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	19.0b	18.1b	36.9a	98.4	94.2	235.5	169.3	200
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	21.5b	20.4b	37.5a	78.6	74.4	240.9	173.7	-204.9
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohbachirimen takana	21.5b	19.0c	43.0a	111.8	100	290.9	213.9	249.6
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Shinkokuseisai takana	21.5b	21.5b	42.1a	95.8	95.8	282.7	207.3	242.3
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohba takana	21.5b	18.1c	44.3a	123.7	106.1	302.7	223.4	260.2
Shinkokuseisai takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	21.5b	20.4b	36.2a	72.4	68.4	229.1	164.2	194.3
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohbachirimen takana	21.5b	19.0c	37.5a	84.7	74.4	240.9	173.7	204.9
Shinkokuseisai takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	21.5b	21.5b	34.9a	61.2	61.2	217.3	154.7	183.7
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohba takana	21.5b	18.1c	40.5a	104.5	88.4	268.2	195.6	229.3

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

Donshaja CMS의 일대잡종 및 양친의 엽폭을 조사한 결과, 4개의 조합에서 잡종강세와 초잡종강세가 Akaohbachirimen takana CMS/Akaohba takana, Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohba takana, Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana, Akaohbachirimen takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana순으로 우수한 F1조합능을 보였다. 표준잡종강세는 3계통 모두가 Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohba takana, Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana, Akaohbachirimen takana CMS/Akaohba takana, Sanchiohbachirimen takana CMS/Akaohbachirimen takana순으로 우수한 F1 조합능을 나타냈다(표 10).

Table 10. Leaf diameter of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Donshaja CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindogat
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	20.4b <sup>z</sup>	19.0c	38.6a	95.9	89.2	250.9	181.8	213.8
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	20.4b	18.1c	39.5a	104.7	93.6	259.1	188.3	221.1
Akaohbachirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	19.0c	21.5b	34.1a	68	58.6	210	148.9	177.2
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	19.0b	18.1b	38.3a	106	101.6	248.2	179.6	211.4

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

#### 바. 엽수

Jasai CMS의 일대잡종 및 양친의 엽수를 조사한 결과, 잡종강세는 17개의 조합 중 4개의 조합이 우수하거나 양호하였으며, 초잡종강세는 Shinkokuseisai takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana의 조합에서만 우수하였다. 표준잡종강세는 3 계통 모두 유의성을 보이지 않았다(표 11).

Table 11. Number of leaves of hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Jasai CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang	Hwayang	Jindo
						gat	gat	gat
Yanagawaohchirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	19.7a <sup>z</sup>	15.4b	14.5b	-17.6	-26.4	-49.5	-64	-64.4
Yanagawaohchirimen takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	19.7a	18.4ab	14.6b	-23.6	-25.9	-49.1	-63.8	-64.1
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	19.7a	17.9a	16.6a	-11.7	-11.7	-42.2	-58.5	-59.2
Yanagawaohchirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	19.7a	15.3ab	12.8b	-26.9	-35.0	-55.4	-68.2	-68.6
Yanagawaohchirimen takana CMS /Akaohba takana	19.7a	16.5a	16.0a	-11.6	-18.8	-44.3	-60.3	-60.7
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohbachirimen takana	18.4a	17.9a	14.8a	-18.7	-19.6	-48.4	-63.3	-63.6
Sanchiohbachirimen takana CMS /Shinkokuseisai takana	18.4a	15.3a	14.5a	-14.2	-21.2	-49.5	-64	-64.4
Sanchiohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	18.4a	16.5ab	13.8b	-21.1	-25	-51.9	-65.8	-66.1
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	17.9a	16.5a	16.8a	-2.3	-6.1	-45.1	-58.3	-58.7
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	15.4a	18.4a	19.1a	13	7.1	-33.5	-52.6	-53.1
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohbachirimen takana	15.4a	17.9a	18.7a	12	4.5	-34.8	-53.6	-54.1
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Shinkokuseisai takana	15.4a	15.3a	16.8a	2.4	9.1	-41.5	-58.3	-58.7
Gaeryangkwangkyong takana CMS /Akaohba takana	15.4a	16.5a	17.3a	8.1	4.8	-39.7	-57.1	-57.5
Shinkokuseisai takana CMS /Sanchiohbachirimen takana	15.3a	18.4a	15.3a	-9.5	-16.8	-46.7	-62	-62.4
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohbachirimen takana	15.3a	17.9a	19.3a	16.3	7.8	-32.8	-52.1	-52.6
Shinkokuseisai takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	15.3b	15.3b	19.2a	25.5	25.5	-33.1	-52.4	-52.8
Shinkokuseisai takana CMS /Akaohba takana	15.3a	16.5a	15.8a	0.6	-4.2	-45	-60.8	-61.2

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.

Donshaja CMS의 일대잡종 및 양친의 엽수를 조사한 결과, 4개의 조합 중 Akaohbachirimen takana CMS/Gaeryangkwangkyong takana 조합에서만 잡종강제와 초잡종강제가 우수하게 나타났으며, 표준잡종강제는 3계통에서 유의성이 나타

나지 않았다(표 12).

Table 12. Number of leaves of the hybrid and their parents, and heterosis of the hybrid containing Donshaja CMS and standard cultivars

Combinations	Female	Male	Hybrid	Heterosis (%) <sup>w</sup>	Heterobeltiosis (%) <sup>x</sup>	Standard heterosis(%) <sup>y</sup>		
						Namyang gat	Hwayang gat	Jindo gat
Sanchiohbachirimen takana D-CMS /Akaohbachirimen takana	18.4a <sup>z</sup>	17.9a	18.6a	2.2	1.1	-35.2	-54	-54.3
Sanchiohbachirimen takana D-CMS /Akaohba takana	18.4a	16.5a	16.3a	-6.9	-11.4	-43.2	-59.6	-60
Akaohbachirimen takana CMS /Gaeryangkwangkyong takana	17.9ab <sup>z</sup>	15.4b	20.6a	23.4	15.1	-28.2	-49	-49.4
Akaohbachirimen takana CMS /Akaohba takana	17.9a	16.5a	19.1a	11.1	6.7	-33.5	-52.6	-53.1

<sup>z</sup>Means followed by the different letters within the row are significantly different at 5% level by Duncan's Multiple Range Test.

<sup>y</sup>Standard heterosis(%)= hybrid-Standard cultivar/Standard cultivar×100.

<sup>x</sup>Heterobeltiosis(%)=hybrid-better parent/better parent×100.

<sup>w</sup>Heterosis(%)=hybrid-midparent/midparent×100.



## 제 4 장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

### 제 1 절 연구개발 목표의 달성도

구 분	연구목표 및 평가의 착안점		
	착 안 사 항	달성도 (%)	기여도
1차년도 (2004)	○ 갯의 CMS(A친) 계통 탐색 및 확보	100	대
	○ CMS 모본 육성을 위한 여교잡 용도 적합 계통/ 품종 확보	100	대
	○ B친(2호친, MF)용 고정계통 육성 및 우량계통 선발	100	대
	○ B친의 형질 및 재배특성 분석	100	대
	○ F1 조합능 검정 조합작성 및 교배	90	중
	○ 여교잡에 의한 BC3F1세대 작성 및 선발 (CMS 2계통 x B친 17계통 = 34조합)	100	대
2차년도 (2005)	○ B친(2호친, MF) 고정계통 육성 및 우량계통 선발	100	대
	○ B친의 형질 및 재배특성 분석	100	대
	○ F1 조합능 검정 조합작성 및 교배	90	중
	○ 여교잡에 의한 BC3F1, BC4F1세대 작성 및 선발 (CMS 2계통 x B친 17계통 = 34조합)	100	대
3차년도 (2006)	○ 여교잡에 의한 BC5F1세대 작성 및 선발 (CMS 2계통 x B친 17계통 = 34조합)	100	대
	○ F1 채종을 위한 조합작성	90	중
	○ F1 채종체계 확립	80	중
최종평가	○ 고수량성 CMS 모본육성(엽형에 따라 2계통)	100	대
	○ 만추성 CMS 모본육성(1계통)	100	대
	○ CMS를 이용한 F1 품종 육성(2계통)	90	중
	○ CMS 채종체계 확립	80	중~하

## 제 2 절 관련 분야의 기여도

### 1. 기술적 측면

- 가. CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 자가채종 및 종자혼입(매개화분의 오염)에 의해 야기되는 품질저하를 방지할 수 있고, 채종체계가 확립되면 재배농민은 값싼 종자를 이용할 수 있다.
- 나. CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 돌산갓 김치 가공시에 갓 생엽원료의 불균일화 및 성분의 차이로 발생하는 불균일한 상품의 생산이 해소될 것이다.
- 다. 현재는 산지 농민들이 일본 수입품종을 선호하여 종자대가 차지하는 생산비가 높으나, CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 저렴하게 국내종자를 이용할 것이다.
- 라. 봄작기에는 대부분의 돌산갓 품종들이 추대가 되어 상품의 질을 저하시키고 있으나, 만추성의 돌산갓 F1 품종이 육성되면 작기별로 품종을 선택할 수 있게 될 것이다.
- 마. 작기적합형 품종, 매운맛 정도가 다른 품종 및 sinigrin 추출용 품종 등의 용도 적합형 F1품종이 육성되면 갓 관련 산업의 활성화가 촉진될 것이다.

### 2. 경제 · 산업적 측면

- 가. CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 외래종자 수입비의 감소로 농가의 소득증대가 예상된다. 현재는 대부분의 농민이 비싼 외래종자를 구입하여 2-3세대 자식종자까지 농사를 짓고 있다.
- 나. CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 돌산갓 김치의 브랜드화가 촉진됨. 즉 CMS F1 품종은 자가채종 종자와 차별화되어 용도별 부가가치가 상승할 것이다.
- 다. 다양한 용도의 세포질 응성불임성 모본이 육성되면 돌산갓 김치 관련 산업의 발달이 촉진되고, 지방 특산품의 브랜드화가 촉진될 것이다.
- 라. CMS를 이용한 F1품종은 heterosis가 일어날 것이 예상되며 이는 생엽수량의 증대와 더불어 생산성이 향상될 것이다.
- 마. 연 3기작 이상의 포장에서 연작장해가 나타나 생체의 품질 및 수량성이 저하되고 있으므로 작기별로 적용 F1 품종을 변경하여 재배할 수 있다.

- 바. CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 수확(현재 슈음수확)에 소요되는 인건비를 경감시킬 수 있다.
- 사. CMS를 이용한 다양한 F1품종이 육성되면 소비자 구미에 적합한 갓김치를 구매할 수 있게 될 것이다.
- 아. CMS를 이용한 F1품종이 육성되면 수출용 갓김치의 다양한 상품이 개발되어 김치산업의 활성화에 일익할 것이다.



## 제 5 장 연구개발결과의 활용계획

### 1. 추가연구의 필요성

- 가. F1 조합 작성 및 조합능 검정 시험을 민간종묘회사 차원에서 배추과 육종 전문가가 다시 시도할 필요가 있음
- 나. CMS를 이용한 F1 채종효율을 검토할 필요가 있음
- 다. Donshaja CMS line은 여교잡이 거듭될수록 화기구조가 회복되고 있으므로 여교잡을 더 진행시킬 필요가 있음
- 라. 재배자 및 김치 가공업자가 선호하는 F1 잡종이 무엇인지를 타진하는 연구의 진행이 추가적으로 필요함

### 2. 타 연구에의 응용

- 가. 수집한 CMS line은 응성불임성 마커개발의 소재로 사용할 것임.
- 나. *ATPA*, *orf220*, *orf222* 및 *orf224*의 염기서열은 CMS의 동정에 응용됨
- 나. CMS 소재는 세포질응성불임성을 이용한 배추 및 유채의 F1 잡종생산에 응용됨
- 다. CMS 특이적 primer 및 제한효소 정보는 polima형의 응성불임성의 동정에 응용됨

### 3. 기업화 추진방향 및 금후의 활용

- 가. 여교잡에 의하여 CMS 계통의 세대교번을 계속할 것임
- 나. 육성한 우량 CMS 모본은 여수시나 민간종묘회사에 분양하여 돌산갓의 F1 생산이 가능토록 할 것임
- 다. 획득한 CMS의 분자적 정보는 응성불임성 마커개발에 활용할 것임



## 제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

재배되고 있는 기본종으로서 배추, 양배추, 흑겨자, 황겨자가 있다. 이들 중 많이 재배되는 것은 배추, 양배추, 유채 및 갓 종류이다. 배추와 양배추는 일부 비결구성 배추가 식용유용으로 종실 생산에 이용되고 있지만 주로 영양기관인 잎을 채소로 이용한다. 이들은 개화기에 자가수정이 안 되는 자가불화합성이 있기 때문에 이 성질을 이용한 1대 잡종 종자 생산체계가 1900년대 중반부터 확립되어 있다. 2차종인 유채와 갓은 각각 배추와 양배추 및 배추와 흑겨자의 염색체를 그대로 가진 이질 4배체로서 특이한 경우가 아니면 자가불화합성이 발현되지 않는다. 따라서 이들 2차종의 1대 잡종 종자생산체계가 확립되지 않았으며 1900년대의 아주 후반기에 들어 웅성불임성을 이용한 1대잡종 종자 생산 체계 연구가 활발하게 진행되고 있다. 그런데 이들 2차종은 주로 식용유 생산 또는 겨자 생산용으로 종실을 수확목적으로 하고 있다(우리나라 갓은 잎 생산이 목적임). 따라서 임성회복유전자가 잘 알려진 세포질 웅성불임성이 아니면, 즉 임성 회복유전자가 없는 세포질 웅성불임성이나 핵내 유전자 웅성불임성은 1대잡종 종자생산에 이용할 수 없거나 이용하기가 어렵다. 최근 인도에서는 CMS를 oilseed용 F1잡종을 육성하여 약 30%의 잡종강세가 나타난다는 것을 보고하였다. 그러나 잎을 대상산물로 F1잡종을 육성한 예는 없다.

이러한 배경 때문에 최근에 발표되고 있는 배추과 식물의 웅성불임성 연구는 특히 2차종의 웅성불임성 이용을 위한 임성 회복유전자의 발현, 종류구명, 전이, 연관마커 개발 등에 집중되고 있다.

배추의 경우 1979년 Williams가 Ogura CMS 를 발표한 바 있다. 무의 Ogura CMS 를 여러 경로를 통해 배추에 옮겨온 것인데, 한국에 도입하여 시험한 결과 속잎이 황화현상을 보이고 꿀샘 기능이 없으며 잡종강세 현상이 나타나지 않아 이용하지 못하였다. 그 후 Ohkawa가 뉴질랜드의 야생순무(*B. campestris* ssp. *rapifera*)와 일본배추(*B. campestris*)를 교잡한 후대에서 배추의 세포질 웅성불임성을 획득하였다. 그 후 계속된 연구에서 배추에는 이 세포질 웅성불임성을 회복시켜주는 핵 내 인자가 있음이 밝혀졌고 유채의 CMS와 비교하여 서로 다른 세포질웅성불임성 인자임이 밝혀졌다.

미국 코넬대학의 Earl 등은 세포융합으로 저온에서도 황화현상이 나타나지 않

는 브로콜리의 Ogura CMS 계통을 육성하였고, 이를 배추와 다시 세포융합하여 저온에서도 역시 황화현상이 나타나지 않는 배추의 Ogura CMS 계통을 육성하였다. 이 CMS 계통은 연구용으로 우리나라에도 도입된 바 있다.

Vetmy(2000)은 유채의 polima CMS에 배추의 5개 품종을 여교잡하여 배추의 polima CMS 계통(품종)을 육성하였다. 그 결과 3품종은 완전한 CMS였는데 2 품종은 불임성을 회복시켜주는 회복인자를 가지고 있었고, 그 회복 유전자는 단인자 우성임을 밝혔다. 그 후 이 세포질 웅성불임성을 어떻게 이용하고 있는지는 보고를 찾지 못해 알 수가 없다.

일본 동경농공대의 Hirata(2001)은 배추류의 소송채에 양배추의 루비볼을 기내에서 접목하고 키메라 식물을 얻었는데 이 식물에 소송채를 교잡한 후대에서 세포질 웅성불임성을 발견하였다. 이 웅성불임성 세포질은 양배추류인 루비볼의 것과 동일하였으나 웅성불임성을 지배할 미토콘드리아의 유전자는 뜻밖에도 무의 Ogura CMS와 동일한 *orf138*이었다. 이 웅성불임성을 일본에서는 어떻게 이용하고 있는지 알 수 없으나, 본 연구진이 도입하여 현재 배추의 CMS 계통을 육성중이다.

최근 Ying 등(2003)은 팍초이의 단인자 열성 웅성불임성 인자에 연관된 AFLP marker를 iso-line의 327개체를 이용하여 탐색하였다. 그 결과 1cM이내의 marker 4개를 확인하고 이들을 STS marker로 전환하였다고 하였다.

이외에도 중국에서는 배추의 웅성불임성에 관한 연구가 상당히 많이 진행되고 있는 것으로 생각된다. 그 한 예가 심양농업대학에서 2인자가 관여하는 유전자웅성불임성을 이용한 품종이 개발되어 시판되고 있다고 한다. 그러나 중국어로 발간된 문헌을 얻기가 어려워 구체적인 연구 내용과 결과를 알기가 어렵다. 한편 (주)농우에서는 최근 세포질 웅성불임성 무 계통을 육성하였으며, 이를 이용하여 대형봄무의 1대 잡종을 생산, 시판하고 있다. 또한 이 웅성불임성 인자는 지금까지 밝혀진 인자와는 상이하다는 것을 TAG(2005)에 보고하였다.

## 제 7 장 참고문헌

- A.K Pradhan, Y.S. Sodhi, A. Mukhopadhyay, D. Pental (1991) Heterosis breeding in Indian mustard (*Brassica juncea* L.) Czern & Cross: analysis of component characters contributing to heterosis for yield, *Euphytica* 69:219-229.
- Altschul S.F Gish W, Miller W, Myers E.W, Lipman D.J (1990) Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215:403-410
- A. Millar, A. Liddell, C. Leaver (2001) Isolation and subfractionation of mitochondria from plants, *Methods Cell Biol.* 65:53-74.
- Anand, I.J (1987) Breeding hybrids in rapeseed and mustard. 7th intl. Rapeseed Conf. Poznan, Poland, 1:79-85
- Anand, I.J. Misha, P.K . and Angadi, S.P(1986) Mechanism of male sterility in *Brassica junca*. VI. Identification and inheritance of pollen fertility restoration. *Cruciferae Newsl.* 11:51-51
- Banga, S.S. and Gurjeet,. (1994) Polima CMS systemfor producing F1 hybrids in *oilseed rape*. *Cruciferae Newsl* 16:71-72
- Bellaoui M, Pelletier G, Budar F (1997) The steady-state level of mRNA from the Ogura cytoplasmic male sterility locus in Brassica cybrids is determined post-transcriptionally by its 3'region. *EMBO. J.* 16:5057-5068
- Bellaoui M, Martin-Canadell A, Pelletier G, Budar F (1998) Lowcopy-number molecules are produced by recombination, actively maintained and can be amplified in the mitochondrial genome of Brassicae: relationship to reversion of the male sterile phenotype in some cybrids. *Mol. Gen. Genet* 257:177-185
- B. Linke, T. Nothnagel, T. Borner (2003) Flower development in carrot CMS plant: mitochondria affect the expression of MADS box genes homologous to GLOBOSA and DEFICIENS, *Plant J.* 34:27-37.
- Bonen L, Brown G.G (1993) Genetic plasticity and its consequences: perspectives on gene organization and expression in plant mitochondria.

Can. J. Bot. 71:645-660

- Bonhomme S, Budar F, Lancelin D, Small I, Defrance M.C, Pelletier G (1992) Sequence and transcript analysis of the Nco2.5 Ogura-specific fragment correlated with cytoplasmic male sterility in Brassica cybrid. Mol. Gen. Genet 235:340-348
- Bonhomme, S., Budar, F., Ferault, M. and Pelleter, G. (1991) A 2.5 kb NcoI fragment of Ogura radish mitochondrial DNA is correlated with cytoplasmic mail sterility in *Brassica cybrids*. Curr. Genet. 19:121-127.
- Brown G.G, Auchincloss A.H, Covello P.S, Gray M.W, Menassa R, Sinhg M (1991) Characterisation of a transcription associated sequence motif. Mol Gen. Genet 228:345-355
- C.S.I. Levings, J.N.Siedow (1992) Molecular basis of disease susceptibility in the Texas cytoplasm of maize, Plant Mol. Biol. 19:135-147.
- D.A. Berthold, N. Voevodskaya, P. Stenmark, A. Graslund, P. Nordlund (2002) EPR studies of the mitochondrial alternative oxidase. Evidence for a diiron carboxylate center, J. Biol. Chem. 277(46):43608-43614.
- Delourme, R., Bouchereau, A., Hubert, Renard., M. and Landry, B.S. (1994 a) Identification of RAPD markers linked to a fertility restorer gene for the Ogura radish cytoplasmic mail sterility of rapeseed (*Brassica napus* L.). Theor. Appl. Genet. 88:741-748.
- Delourme, R., Eber, F. and Renard, M. (1994b). Transfer of radish cytoplasmic mail sterility from Brassica napus to *B. rapa*. Cruciferae Newsl. 16:79.
- Dewey R, Levings C III (1986) Novel recombinations in the maize mitochondrial genome produce a unique transcriptional unit in the Texas male-sterile cytoplasm. Cell 44:439-449
- D. Wigel, E.M. Meyerowitz (1994) The ABCs of flower homeotic genes, Cell 78:20-209.
- E. Ducos, P.Touzet, M.Boutry (2001) The male sterile G cytoplasm of wild beet displays modified mitochondrial respiratory complexes, Plant J. 26(2):171-180.

- E. Hama, S. Takumi, Y. Ogihara (2004) Pisillody is caused by alterations to the class-B MADS-box gene expression pattern in alloplasmic wheat, *Planta* 218:712-720.
- E.M. Josse, A.M. Laboure, M. Kuntz (2003) In vitro characterization of a plastid terminal oxidase (PTOX), *Eur. J. Biochem.* 270(18):3787-3794.
- Fan Z, Stefansson B.R (1986) Influence of temperature on sterility of two cytoplasmic male-sterility systems in rape (*Brassia napus* L). *Can. J. Plant Sci.* 66:221-227
- Fan Z, Stefansson B.R, Sernyk J.L (1986) Maintainers and restorers for three male-sterility inducing cytoplasm in rape (*Brassia napus* L). *Can. J. Plant Sci.* 66:229-234
- Fang G.H, McVetty P.B.E (1989) Inheritance of male Fertility restoration and allelism of restorer genes for the Polima cytoplasmic mal-sterility system in oilseed rape. *Genome* 32:1044-1047
- F. Budar, G. Pelletier (2001) Male sterility in plant: occurrence, determinism, significance and use, *Life Sci.* 324:543-550.
- F. Budar, P. Touzet, R. de Paepe (2003) The nucleo mitochondrial conflict in cytoplasmic male sterilities revisited, *Genetica* 1173-16
- F. Diego, Gomez-Casati, V.B. Meria, G.S. Nahuel, A. Mouras, J.Z. Eduardo, A. Araya (2002) A mitochondrial dysfunction induces the expression of nuclear-encoded complex I genes in engineered male-sterile *Arabidopsis thaliana*, *FEBS Lett.* 532:70-74.
- Finnegan P.M, Brown G.G (1986) Autonomously replicating RNA in mitochondria of maize plants with S-type cytoplasm. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 83:5175-5179
- Finnegan P.M, Brown G.G (1990) Transcriptional and post transcriptional regulation of RNA levels in maize mitochondria. *Plant Cell* 2:71-83
- F.Jiang, L. Yi, M. Moore, M. Chen, T. Rohl, K.J. Van Wijk, et al. (2002) Chloroplast YidC homolog Albino3 can functionally complement the bacterial YidC depletion strain and promote membrane insertion of both

- bacterial and chloroplast thylakoid proteins, *J. Biol. Chem.* 277(22):19281-19288.
- F. Kempken, D.R. Pring (1999) Plant breeding: male sterility in higher plants—fundamentals and applications, in : K. Esser (Ed.) ,*Progress in Botany*, Springer Verlag, Berlin, Heidelberg, pp. 139-166
  - Gass D.A, Makaroff C.A, Palmer J.D (1992) Variable intron content do the NADH dehydrogenase subunit-4 gene of plant mitochondria. *Curr. Genet* 21:423-430
  - G. Pelletier, C. Primard, F. Vedel, P. Chetrit, M. Renard, R. Pellan Delourme, J. Mesquida, *Molecular* (1987) phenotypic and genetic characterization of mitochondrial recombinants in rapeseed, in: *Proceedings of the 7th International Rapeseed Conference*, Poznan, pp. 113-118.
  - G. Pelletier, C. Primard, F.Vedel, P. Che'trit R. Re'my. P. Rousselle et al. (1987) Intergeneric cytoplasmic hybridization in Cruciferae by proto-plast fusion, *Mol. Gen. Genet.* 191:44-250.
  - Gray M.W, Lang B.F, Cedergren R, Golding G.B, Lemieux C, Sankoff D, Turmwl M, Brossard N, Delage E, Littlejohn T.G, Plante I, Rioux P, Saint-Louis D, Zhu Y, Burger G (1998) Genome structure and gene content in protist mitochondrial DNAs. *Nucleic Acids Res.* 26:865-878
  - G.G. Brown, M. Dupauw, M. Jean, X.Q. Li, B.S. Landry (1998) Molecular analysis of Brassica CMS and its application to hybrid seed production, *Acta Hort.* 459:265-274.
  - G. Pelletier, C. Primard, F. Vedel, P. Chetrit, M. Renard, R. Pellan-Delourme, J. Mesquida (1987) Molecular phenotypic and genetic characterization of mitochondrial recombinants in rapeseed, in: *Proceedings of the 7th International Rapeseed Conference*, Poznan, pp. 113-118.
  - G. Theissen (2001) Development of flower organ identity: stories from the MADS house, *Curr. Opin. Plant Biol.* 4:75-85.

- Handa, H. and Nakajima, K. 1992. Different organization and altered transcription of the mitochondrial *atp6* gene in the male-sterile cytoplasm of rapeseed (*Brassica napus* L). *Curr. Gent.* 21:153-159.
- Handa H, Gualberto J.M, Grienenberger J.M (1995) Characterization of the mitochondrial *orfB* gene and its derivative, *orf224*, a chimeric open reading frame specific to one mitochondrial genome of the "Polima" male-sterile cytoplasm in rapeseed (*Brassica napus* L). *Curr Genet* 28:546-552.
- Hanson M.R (1991) Plant mitochondrial mutations and cytoplasmic male sterility. *Annu. Rev. Genet* 25:461-486
- Hanson M.R, Folkerts O (1992) Structure and function of the higher plant mitochondrial genomes. *Int. Rev. Cytol.* 141:129-172
- J. Borecky, I. G. Maia, A. D. Costa. P. Jezek, H. Chaimovich, P. B. de Andrade, et al (2001) Functional reconstitution of Arabidopsis thaliana plant uncoupling mitochondrial protein (AtPUMP1) expressed in Escherichia coli, *FEBS Lett.* 505(2):240-244
- J. Farineau, L. Pascal, G. Pelletier (1990) Study of respiratory and Photo.synthetic activities in several cytoplasmic hybrids of rapeseed with cytoplasmic male sterility, *Plant Physiol. Biochem.* 28(3):333-342.
- J.N. Siedow, D.M. Rhoads, G.C. Ward, C.S. ILL ewings (1995) The relationship between the mitochondrial gene *Turf13* and fungal pathogen sensitivity in maize, *Biochim. Biophys. Acta* 1271:235-240.
- J. Tjadenm C. Schwoppe, T, Mohlamann, P.W. Quick, H.E. Neuhaus (1998) Expression of a plastidic ATP/ADP transporter gene in Escherichia coli leads to a functional adenine nucleotide transport system in the bacterial cytoplasmic membrane, *J. Biol. Chem.* 273(16):9630-9636.
- Hinata, K. and Konno, N. (1979) Studies on a male-sterile strain having the *Brassica campestris* nucleus and the *Diplotaxis muralis* cytoplasm. *Japan J. Breed.* 29:305-311.
- H. Ogura (1968) Studies on the new male sterility in Japanese radish with

special references to the utilization of this sterility towards the practical raising of hybrid seed, Mem. Fac. Agr. Kogoshima Univ. 6:39-78.

- H.T. Bonnett, W. Kofer, G. Hakansson (1991) Mitochondrial involvement in petal and stamen development studied by sexual and somatic hybridization of *Nicotiana* species, Plant Sci. 80:119-130.
- H.T. Nivison, M.R. Hanson (1989) Identification of a mitochondrial protein associated with cytoplasmic male sterility in petunia, Plant Cell 1(11):1121-1130.
- H. Yamagishi, T. Terachi (1997) Molecular and biological studies on male sterile cytoplasm in the Cruciferae. I.V. Ogura-type cytoplasm found in the wild radish, *Raphanus raphanistrum*, Plant Breed. 116:323-329.
- I. Farbos, A. Mouras, A. Bereterbide, K. Glimelius (2001) Defective cell proliferation in the floral meristem of alloplasmic plants of *Nicotiana tabacum* leads to abnormal floral organ development and male sterility, Plant J. 26(2):131-142
- I. Haferkamp, J. Hackstein, F. Voncken, G. Schmit, J. Tjaden (2002) Functional integration of mitochondrial and hydrogenosomal ADP/ATP carriers in the *Escherichia coli* membrane reveals different biochemical characteristics for plants, mammals and anaerobic chytrids, Eur. J. Biochem. 269(13):3172-3181.
- I. Kurek, D. Ezra, D. Begu, N. Erel, S. Litvak, A. Breiman (1997) Studies on the effects of nuclear background and tissue specificity on RNA editing of the mitochondrial ATP synthase subunits  $\alpha$ ,  $\beta$  and  $\gamma$  in fertile and cytoplasmic male-sterile (CMS) wheat, Theor. Appl. Genet. 95:1305-1311.
- Iwabuchi M, Koizuka N, Fujimoto H, Sakai T, Imamura J. (1999) Identification and expression of the kosen radish (*Raphanus sativus* cv. Kosen) homologue of the ogura radish CMS-associated gene, orf138. Plant Mol Biol 39:183-188
- Iwabuchi M, Kyoizuka J, Shimamoto K (1993) Processing followed by complete editing of an altered atp6 RNA restores fertility of cytoplasmic

male sterile rice. EMBO. J. 12:1437-1446

- J.H. Werren, L.W. Beukeboom (1998) Sex determination, sex ratios, and genetic conflict, Annu. Rev. Ecol. Syst. 29:233-261.
- J.L. Bowman, D.R. Smyth, E.M. Meyerowitz (1989) Genes directing flower development in Arabidopsis, Plant cell 1:37-52.
- Kadowaki K, Suauki T, Kazama S (1990) A chimeric gene containing the 5' portion of *atp6* is associated with cytoplasmic male sterility of rice. Mol. Gen. Genet. 224:10-16
- Kennell J.C, Pring D.R (1989) Initiation and processing of *atp6*, *T-urf-13* and ORF221 transcripts from mitochondria of T-cytoplasm maize. Mol. Gen. Genet 216:16-24
- K.F. Thomson (1972) Cytoplasmic male sterility in oil-seed rape plants, Heredity 29:253-257.
- K. Hinata, N. Konno (1979) Studies on a male-sterile strain having the *Brassica campestris* nucleus and the *Diplotaxis muralis* cytoplasm. I. On the breeding procedure and some characteristics of the male-sterile strain, Jpn. J. Breed. 29:305-311.
- Kirrti, P.B, Narasimhulu, S.B, Mohapatra, T. Prakash, S. and Chopra, V. L. (1993) Correction of chlorophyll deficiency in alloplasmic male sterile *Brassica juncea* through recombination between chloroplast genomes. Genet. Res. 62:11-14.
- Kirti, P.B., Baldev, A., Gaikwad, K. Bhat, S.R., Dinen Kumar, V., Prakash, S. and Chopra, V.L. (1997) Introgression of a gene restoring fertility to CMS (Trachystoma) to *Brassica juncea* and the genetics of restoration. Plant Breeding 116:259-262.
- K.L. Korth, C.I. Kaspi, J.N. Siedow, C.S.I. Levings (1991) URF13, a maize mitochondrial pore-forming protein, is oligomeric and has a mixed orientation in Escherichia coli plasma membranes, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:10865-10869.
- Kohler R.H, Horn R.H, Lossl A, Zetsche K (1991) Cytoplasmic male sterility

- in sunflower is correlated with the co-transcription of a new open reading frame with the *atp4* gene. *Mol Gen Genet* 227:369-376
- Krishnasamy S, Makaroff C (1993) Characterization of the radish mitochondrial orfB locus: possible relationship with male sterility in Ogura radish. *Curr. Genet* 24:156-163
  - Kyte J, Doolittle R.F (1982) A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. *J. Mol. Biol.* 157:105-132
  - Landgren M, Zetterstrand M, Sundberg E, Glimelius K (1996) Alloplasmic male-sterile Brassica lines containing *B. tournefortii* mitochondria express an ORF3' of the *atp6* gene and a 32 kDa protein. *Plant Mol. Biol.* 32:879-890
  - Laroche J, Li P, Maggia L, Bousquet J (1997) Molecular evolution of angiosperm mitochondrial introns and exons. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94:5722-5727
  - L. Delage, A. Dietrich, A. Cosset, L. Marechal Drouard (2003) In vitroimport of a unclearly encoded tRNA into mitochondria of *Solanum tuberosum*, *Mol. Cell. Biol.* 23(11):4000-4012.
  - Levings C.S III (1993) Thoughts on cytoplasmic male sterility in cms-T maize. *Plant Cell* 5:1285-1290
  - L'Hommy Y, Brown G.G (1993) Organizational differences between cytoplasmic male-sterile and male-fertile *Brassica campestris* mitochondrial genomes are confined to a single transposed locus. *Nucleic Acids Res.* 21:1903-1909
  - L'Homme Y, Stahl R, Li X, Hameed A, Brown G (1994) Brassica nap cytoplasmic male sterility is associated with expression of a mtDNA region containing a chimeric gene similar to the pol CMS-associated orf224 gene. *Curr. Genet* 31:325-335
  - L.H.W. van der Plas, P.A. Jobse, J.D. Verleur (1976) Cytochrome c dependent, antimycin- A resistant respiration in mitochondria from potato tuber (*Solanum tuberosum* L.) influence of wounding and storage time

- on outer membrane NADH-cytochrome *c*-reductase, *Biochim. Biophys. Acta* 430:1-12
- L. Packer, K. Utsumi, M.G. Mustafa (1966) Oscillatory states of mitochondria. 1. Electron and energy transfer pathways, *Arch. Biochem. Biophys.* 117(2):381-393
  - Makaroff C.A, Palmer J.D (1987) Extensive mitochondrial specific transcription of the *Brassica campestris* mitochondrial genome. *Nucleic Acids Res.* 15:1285-1290
  - Makaroff C.A, Apel I.J, Palmer J.D (1991) The role of *coxI*-associated sequences in plant mitochondrial DNA rearrangements and radish cytoplasmic male sterility. *Curr. Genet* 19:183-190
  - M. Bellaoui, G. Pelletier, F. Budar (1997) The steady level of mRNA from the Ogura cytoplasmic male sterility locus in *Brassica* cybrids is determined post-transcriptionally by its 3' region, *EMBO J.* 16(16):5057-5068
  - M. Grelon, F. Budar, S. Bonhomme, G. Pelletier (1994) Ogura cytoplasmic male sterility (CMS) associated *orf138* is translated into a mitochondrial membrane polypeptide in male-sterile *Brassica* cybrids, *Mol. Gen. Genet* 243:540-547.
  - M. Iwabuchi, N. Koizuka, H. Fujimoto, T. Sakai, J. Imamura (1999) Identification and expression of the kosen radish (*Raphanus sativus* cv. Kosen) homologue of the Ogura radish CMS-associated gene, *orf138*, *Plant Mol. Biol.* 39:183-188.
  - M.J. Osborn, J.E. Gander, E. Parisi, J. Carson (1972) Mechanism of assembly of the outer membrane of *Salmonella typhimurium*. Isolation and characterization of cytoplasmic and outer membrane, *J. Biol. Chem.* 247 (12):3962-3972
  - M. Leino, R. Teixeira, M. Landgren, K. Glimelius (2003) *Brassica napus* lines with rearranged *Arabidopsis* mitochondrial display CMS and a range of developmental aberrations, *Theor. Appl. Genet.* 106:1156-1163.
  - M. Lin, D.H. Turpin, W.C. Plaxton (1989) Pyruvate kinase isozymes from

the green alga, *Selenastrum minutum*, Arch. Biophys. 269(1):219–227.

- Moneger F, Smart C.J, Leaver C.J (1994) Nuclear restoration of cytoplasmic male sterility in sunflower is associated with the tissue-specific regulation of a novel mitochondrial gene. EMBO J. 13:8–17
- M.R. Hanson, S. Bentolila (2004) Interactions of mitochondrial and nuclear genes that affect male gametophyte development, Plant Cell 16(Suppl.) S154–S169
- M. Rurek, M. Szklarczyk, N. Adamczyk, B. Michalik, H. Augustyniak (2001) Differences in editing of mitochondrial *nad3* transcripts from CMS and fertile carrots, Acta Biochim. Pol. 48:711–717.
- M. Sabar, D. Gagliardi, J. Balk, C. Leaver (2003) *OrfB* is a subunit of F(1)F(0)-ATP synthase: insight into the basis of cytoplasmic male sterility in sunflower, EMBO Rep. 4(4):1–6.
- M. Singh, G.G. Brown, (1991) Suppression of cytoplasmic male sterility by nuclear genes alters expression of a novel mitochondria gene region, Plant Cell 3:1349–1362.
- Nivison H.T, Sutton C.A, Wilson R.K, Hanson M.R (1994) Sequencing, processing and localization of the petunia CMS-associated mitochondrial protein. Plant J. 5:613–623
- N. Spielewoy, H. Schulz, J.M. Grienberger, L. Thony-Meyer, G. Bonnard, C.C M.E (2001) A nuclear-encoded heme-binding protein involved in cytochrome c maturation in plant mitochondria, J. Biol. Chem. 276(8): 5491–5497.
- Nugent J.M, Palmer J.D (1993) Characterization of the *Brassica campestris* mitochondrial gene for subunit six of NADH dehydrogenase: *nad6* is present in the mitochondrion of a wide range of flowering plants. Curr. Genet 23:148–153
- Ogura, H. (1968) Studies on the new male-sterility in Japanese radish with special reference to the utilization of this sterility towards the practical raising of hybrid seeds. Mem. Fac. Agric. Kagoshima Univ.

6:39-78

- O.H. Pearson, (1972) Cytoplasmically inherited male sterility characters and flavor components from the species cross *Brassica nigra* (L) koch×*B. oleracea* L, J. Amer. Soc. Hort. Sci. 97(3):397-402.
- Palmer J.D, Herbon L.A (1988) Plant mitochondrial DNA evolves rapidly in structure, but slowly in sequence. J. Mol. Evol. 28:87-97
- Palmer J.D, Makaroff C.A, Apel I.J, Shirzadegan M (1990) Fluid structure of plant mitochondrial genomes: evolutionary and functional implications. In: Clegg MT, O'Brien SJ (eds) Molecular evolution. Alan Liss, New York, pp 85-96
- P. Bergman, J. Edqvist, I. Farbos, K. Glimelius (2000) Male-sterile tobacco displays abnormal mitochondrial atp1 transcript accumulation and reduced floral ATP/ADP ration, Plant Mol. Biol. 42(3):531-544.
- P.B. Kirti, A. Baldev, K. Gaikwad, V.L. Chopra, (1997) Introgression of a gene restoring fertility to CMS(*Trachystoma*) *Brassica juncea* and the genetics of restoration, Plant Breed. 116:259-262.
- P.B. Kirti, A. Mophaptra, V.L. Chopra (1995) A stable cytoplasm male-sterile line of *Brassica juncea* carrying restructured organelle genomes from the somatic hybrid *Trachystoma ballii* × *B. juncea*, Plant Breed. 114:434-438.
- Pereira de Souza A, Jubier M.F, Delcher E, Lancelin D, Lejeune B (1991) A trans-splicing model for the expression of tripartite *nad5* gene in wheat and maize mitochondria. Plant Cell 3:1363-1378
- Pereira de Souza A, Jubier M.F, Lejeune B (1992) The higher plant *nad5* gene: a conserved discontinuous transcription pattern. Curr. Genet. 22:75-82
- Prakash, S. and Chopra, V.L. (1990) Male sterility caused by cytoplasm of *Brassica oxyrrhina* in *B. campestris* and *B. juncea*. Theor. Appl. Genet. 79:285-287.
- Prakash, S., Kirti, P.B., Bhat, S.R., Gaik Wad, K., K., Kumar, V.D. and

- Chopra, V.L. (1997) A Moricandia arvensis based cytoplasmic male sterility and fertility restoration system in *Brassica juncea*. Theor. Appl. Genet. 488-492.
- Prioli .M, Huang J, Levings C.S (1993) The plant mitochondrial open reading frame *orf221* encodes a membrane-bound protein. Plant Mol. Biol. 23:287-295
  - Pruitt K.D, Hanson M.R (1991) Transcription of the *Petunia* mitochondrial CMS-associated *Pcf* locus in male-sterile and fertility restored lines. Mol. Gen. Genet 227:348-355
  - P.S Schnable, P.W Roger (1998) The molecular basis of cytoplasmic male sterility and fertility restoration, Trends Plant Sci. 3:175-180.
  - Rao, G.U., Batra Sarup, V., Prakash, S. and Shivanna, K.R. (1994) Development of a new cytoplasmic male sterility system in *Brassica juncea*. through wide hybridization. Plant Breeding, 112:171-174.
  - Rawat, D.S. and Anand, I.J. (1979) Male sterility in Indian mustard. Indian J. Genet. 39:412-415.
  - R. Douce, E.L. Christensen, W.D. Bonner Jr (1972) Preparation of intact plant mitochondria, Biochim. Biophys. Acta 275(2):148-160.
  - R.E. Dewey, J.N. Siedow, D.H. Timothy, C.S. II. I. Lewings (1988) A13-kDa maize mitochondrial protein in E.coli confers sensitivity to Bipolaris maydis toxin, Science 239:293-294.
  - R. Horn, J. Hustedt, A. Horstmeyer, J. Hahnen, K. Zetsche, W. Friedt (1996) The CMS-associated 16 kDa protein encoded by *orfH522* in the PET1 cytoplasm is also present in other male-sterile cytoplasm of sunflower, Plant Mol. Biol. 30:523-538.
  - R.P. Wise, C.R. Bronson, P.S. Schnable, H.T. Horner (1999) The genetics, pathology and molecular biology of T-cytoplasm male sterility in maize, Adv. Agron. 65:79-131.
  - R. Sarria, A. Lyznik, C.E. Vallejos, S.A. Mackenzie (1998) A cytoplasmic male sterility associated mitochondrial peptide in common bean is

post-translationally regulated, *Plant Cell* 10(7):1217-1228.

- R. Flavell (1974) A model for the mechanism of cytoplasmic male sterility in plants, with special reference to maize, *Plant Sci. Lett.* 3:259-263.
- R. Yui, S. Iketani, T. Mikami, T. Kubo (2003) Antisense inhibition of mitochondrial pyruvate dehydrogenase E1 $\alpha$  subunit in anther tapetum causes male sterility, *Plant J.* 34(1):57-66.
- S. A. Frank. (2000) Polymorphism of attack and defense, *Trends Ecol. Evol.* 15(4):167-171.
- S. Bonhomme, F. Budar, D. Lancelin, I. Small, M.F. Defrance, G. Pelletier (1992) Sequence and analysis of Nco I 2.5 Ogora-specific fragment correlated with male sterility in *Brassica* hybrids, *Mol. Gen. Genet.* 235: 240-248.
- Shiga, T. and Baba, S. (1973) Cytoplasmic male sterility in oilseed rape (*Brassica napus* L.), and its utilization to breeding. *Japan. J. breed.* 23, 187-197.
- Singh M, Brown G (1991) Suppression of cytoplasmic male sterility by nuclear genes alters expression of a novel mitochondrial gene region. *Plant Cell* 3:1349-1362
- Singh M, Brown G.G (1993) Characterization of a expression of a mitochondrial gene region associated with the *Brassica* 'Polima' CMS: developmental influences. *Curr Genet* 24:316-322
- Singh M, Hamel M, Menassa R, Li X.Q, Young B, Jean M, Landry B.S, Brown G.G (1996) Nuclear genes associated with a single Brassica CMS restorer locus influence transcripts of three different mitochondrial gene regions. *Genetics* 143:505-516
- Small I, Suffolk, R, Leaver C.J (1989) Evolution of plant mitochondrial genomes via sub-stoichiometric intermediates. *Cell* 58:69-76
- Stahl R.J, Sun S, L'Homme Y, Ketela T, Brown G.G (1994) RNA editing of transcripts of a chimeric mitochondrial gene associated with cytoplasmic male sterility in *Brassica*. *Nucleic Acids Res* 22:2109-2113

- Tang H.V, Pring D.R, Shaw L.C, Salazar R.A, Muza F.R, Schertz K.F (1996) Transcript processing internal to a mitochondrial open reading frame is correlated with fertility restoration in malesterile sorghum. *The Plant Jour.* 10:132-133
- Tern D.B, Palmer J.D (1984) Recombination sequences in plant mitochondrial genomes: diversity and homologies to known mitochondrial genes. *Nucleic Acids Res* 15:6141-6157
- Thompson K.F (1972) Cytoplasmic male sterility in oil-seed rape plants. *Heredity* 29:253-257
- S. Krishnasamy, C.A. Makaroff (1993) Characterization of the radish mitochondrial *orfB* locus, possible relationship with male-sterility in Ogura radish, *Curr . Genet.* 24:156-163
- S. Nakai, D. Noda, M. Kondo, T. Terachi (1995) High-level expression of a mitochondrial *orf522* gene from the male-sterile sunflower is lethal to *E.coli*, *Breed. Sci.* 45:233-236.
- S. Prakash, V.L. Chopra,(1990) Male sterility caused by cytoplasm of *Brassica oxyrrhina* in *B. campestris* and *B. juncea*, *Theor. Appl. Genet.* 79:285-287.
- S. Sodhi, J.K. Verma, D. Pental, A.K. Pradigan (2000) Somatic cell hybridization of 'oxy' CMS *Brassica juncea*(AABB) with *B.oleracea*(CC) for correction of chlorosis and transfer of navel organelle combinations to allotetraploid brassicas, *Theor. Appl. Genet.* 100:1043-1049.
- U.K. Laemmli. (1970) Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4, *Nature* 227:680-685.
- Wang H.M, Ketela T, Keller W.A, Gleddie S.C, Brown G.G (1995) Genetic correlation of the *orf224/atp6* gene region with Polima CMS in *Brassica* somatic hybrids. *Plant Mol. Biol.* 27:801-807
- Ward G.C, Levings C.J (1991) The protein-encoding gene T-*urf13* is not edited in maize mitochondria. *Plant Mol. Biol.* 17:1083-1088
- W. Howad, F. Kempken (1997) Cell type-specific loss of *atp6* RNA editing

in cytoplasmic male-sterile sorghum bicolor, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:11090-11095.

- W. Shen, Y. Wei, M. Dauk, Z. Zheng, J. Zou (2003) Identification of a mitochondrial glycerol-3-phosphate dehydrogenase from Arabidopsis thaliana: evidence for a mitochondrial glycerol-3-phosphate shuttle in plants, FEBS Lett. 536(3):92-96
- Witt U, Hansen S, Albaum M, Abel W.O (1991) Molecular analyses of the CMS-inducing 'Polima' cytoplasm of *Brassica napus* L. Curr Genet 19:323-327
- Wolfe K, Li W, Sharp P (1987) Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs. Proc Natl Acad Sci USA 84:9054-9058
- Yamagishi, H. (1998) Distribution and allelism of restorer genes for Ogura cytoplasmic male sterility in wild and cultivated radishes. Genes and Genetic Systems 73:79-83
- Yamagishi H, Terachi T (1994) Molecular and biological studies on male sterile cytoplasm in Cruciferae. I. The origin and distribution of Ogura male-sterile cytoplasm in Japanese wild radishes (*Raphanus sativus* L.) revealed by PCR-aided assay of their mitochondrial DNAs. Theor Appl Genet 87:996-1000
- Yamagishi H, Terachi T (1996) Molecular and biological studies on male sterile cytoplasm in Cruciferae. III. Distribution of Ogura-type cytoplasm among Japanese wild radishes and Asian radish cultivars. Theor Appl Genet 93:325-332
- Yamagishi H, Terachi T (1997) Molecular and biological studies on male sterile cytoplasm in Cruciferae. IV. Ogura-type cytoplasm found in the wild radish, *Raphanus raphanistrum*. Plant Breed 116:323-329
- Y.D. Karkhanis, J.Y. Zeltner, J.J. Jackson, D.J. Carlo (1978) A new and improved microassay to determine 2-keto-3-deoxyoctonate in lipopolysaccharide of Gram-negative bacteria, Anal. Biochem. 85(2):

595-601.

- Ye F, Bernhardt J, Abel W.O (1993) Genes for ribosomal proteins S3, L16, L5 and S14 are clustered in the mitochondrial genome of *Brassica napus* L. *Curr. Genet* 24:323-329
- Y. Fujiki, A. L.Hubbard, S, Fowler, P.B. Lazarow (1982) Isolation of intrac-ellular membranes by means of sodium carbonate treatment application to endoplasmic reticulum, *J. Cell Biol.* 93(1):97-102.
- Y. Matsuzawa, S.N. Mekiyanon, Y. Takahata (1999) Male sterility in alloplasmic *Brassica rapa* L. Caarrying *Eruca sativa* cytoplasm, *Plant Breed.* 118:82-84.
- Young E.G, Hanson M.R (1987) A fused mitochondrial gene associated with cytoplasmic male sterility is developmentally regulated. *Cell* 50:41-49
- Z.j. Chen, M.F. Zhang, B.L. Wang, W.M. Dong, S.Q. Juang (1994) A study on fertility and agronomic characters of CMS lines for tuber mustard, *Acta Hort. Sinica* 22:40-46.
- Z. Schwarz-sommer, P. Huijser, W. Nacken, H. Saedler, H. Sommer (1990) Genetic control of flower development by homeotic genes in *Antirrhinum majus*, *Science* 250:931-936.

## 주 의

1. 이 보고서는 농림부에서 시행한 농림기술개발사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 농림부에서 시행한 농림기술개발사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니됩니다.