

발 간 등 록 번 호

11-1543000-001632-01

수출용 수박 품종을 위한 분자유종 및
유전자원 지원 시스템 개발

(Supporting System Development of Molecular Breeding and
Germplasm Collection for Watermelon Seeds Export)

중앙대학교

농림축산식품부 · 해양수산부 · 농촌진흥청 · 산림청

제 출 문

농림축산식품부장관 . 해양수산부장관 . 농촌진흥청장 . 산림청장 귀하

이 보고서를 “수출용 수박 품종을 위한 분자육종 및 유전자원 지원 시스템 개발” 프로젝트의 보고서로 제출합니다.

2017년 3월 27일

프로젝트 연구기관명 : 중앙대학교

프로젝트 책임자 : 이 금 표

세부프로젝트 연구기관명 : 부산대학교

세부프로젝트 책임자 : 박 영 훈

세부프로젝트 연구기관명 : 국립원예특작과학원

세부프로젝트 책임자 : 박 태 성

세부프로젝트 연구기관명 : 전북도기술원

세부프로젝트 책임자 : 임 정 현

보고서 요약서

| | | | | | |
|--|------------------------------------|--|------------------------------|-------------------|-------------------------------------|
| 과제고유번호 | 213002-04-4 -CGR00 | 해 당 단 계 연 구 기 간 | 41개월 | 단 계 구 분 | 1/1 |
| 연구사업명 | 단 위 사 업 명 | 농식품기술개발(R&D) | | | |
| | 세부 사업명 | Golden Seed 프로젝트 | | | |
| 연구과제명 | 프로젝트명 | 수출용 수박 품종을 위한 분자유종 및 유전자원 지원 시스템 개발 | | | |
| | 세부 프로젝트명 (주관 연구기관 /연구책임자) | 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발 (중앙대학교 / 이공표) | | | |
| | | 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발 (부산대학교 / 박영훈) | | | |
| | | 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가 (국립원예특작과학원 / 박태성) | | | |
| | | 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발 (전라북도농업기술원 / 임정현) | | | |
| 연구책임자 | 이 공 표 | 해당단계 참 여 연구원 수 | 총: 162명 내부: 162명 외부: 명 | 해당단계 연 구 개 발 비 | 정부: 1,921천원 민간: 천원 계: 1,921천원 |
| | | 총 연구기간 참 여 연구원 수 | 총: 162명 내부: 162명 외부: 명 | 총 연구개발비 | 정부: 1,921천원 민간: 천원 계: 1,921천원 |
| 연구기관명 및 소속부서명 | 중앙대학교 생명자원공학부 | | | 참여기업명 | |
| 위탁연구 | 연구기관명: | | | 연구책임자: | |
| 1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발 ○ 목표한 수박 내병성 및 변이염색체 형질 분자표지 개발 달성함 ○ 여교잡용 MAS 분자표지를 개발하였고, MAB 체계를 구축함 ○ 유전체 서열분석시스템 구축, SNP 기반 마커개발 시스템 구축 ○ 분자마커개발 13건, 특허출원 5건, 특허등록 1건, SCI 논문 5건, 기술이전 4건으로 모두 초과 달성함. ○ 분자마커 서비스(2,472점) 및 병리검정 (2,215점)을 수행함 2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발 ○ 목표한 과특성 및 기능성분 분자표지 개발 초과달성함 ○ 여교잡용 MAS 분자표지를 개발하였고, MAB 체계를 구축함 | | | | 보고서 면수: | |

- 유전체 서열분석시스템 구축, SNP 기반 마커개발 시스템 구축
- 분자마커개발 4건, 특허출원 4건, 특허등록 1건, SCI 논문 5건
- 분자마커 서비스(1,637점)를 수행
- 3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가
 - 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집 달성함
 - 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양 달성함
 - 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축
- 4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발
 - 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집 달성함
 - 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양 달성함
 - 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축
 - 유전자원 수집 63건, 우량계통분양 999점, F₂ 계통전개 111점

요 약 문

I. 제 목

수출용 수박 품종을 위한 분자유종 및 유전자원 지원 시스템 개발

II. 연구성과 목표 대비 실적

1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발

○ 목표:

- 목표형질 선발용 분자표지 개발
- 내병성 (만할병, 흰가루병 race2, 탄저병, 만고병, 바이러스병) 분자표지 개발
- 변이염색체 (응성불임, 상호전좌) 등 분자표지 개발
- 여교잡용 분자표지 개발 및 분자표지이용여교잡(MAB) 체계 구축
- 분자마커개발 5건, 특허출원 3건, 특허등록 1건, SCI 논문 4건, 기술이전 1건

○ 실적:

- 목표한 수박 내병성 및 변이염색체 형질 분자표지 개발 달성함
- 여교잡용 MAS 분자표지를 개발하였고, MAB 체계를 구축함
- 유전체 서열분석시스템 구축으로 SNP 기반 마커개발 시스템 구축
- 분자마커개발 13건, 특허출원 5건, 특허등록 1건, SCI 논문 5건, 기술이전 4건으로 모두 초과 달성함.
- 계획 외 분자마커 서비스(2,472점) 및 병리검정 (2,215점)을 수행함

2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발

○ 목표:

- 목표형질 선발용 분자표지 개발
- 과특성 (과형, 과육색, 과피) 분자표지 개발
- 기능성 성분 (과육경도, 당도, 라이코펜) 분자표지 개발
- 여교잡용 분자표지 개발 및 분자표지이용 여교잡 (MAB) 체계 구축
- 분자마커개발 4건, 특허출원 2건, SCI 논문 1건, 기술이전 2건

○ 실적:

- 목표한 과특성 및 기능성분 분자표지 개발 초과달성함
- 여교잡용 MAS 분자표지를 개발하였고, MAB 체계를 구축함
- 유전체 서열분석시스템 구축으로 SNP 기반 마커개발 시스템 구축
- 분자마커개발 4건, 특허출원 4건, 특허등록 1건, SCI 논문 5건 달성함.
- 계획 외 분자마커 서비스(1,637점)를 수행함

3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

○ 목표:

- 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집
- 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양
- 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축
- 유전자원 수집 160건, 유전자원 등록 160건

○ 실적:

- 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집 달성함
- 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양 달성함
- 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축

- 유전자원 수집 225건, 유전자원 등록 225건을 초과달성함
- 계획 외 우량계통 분양 31건 달성함

4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발

○ 목표:

- 수출 목표시장 주요 품종 (F1), 재래종 등 유전자원 수집
- F2 계통 전개 및 특성검정, 현장평가회, 분양
- F2 계통 전개 및 특성검정 후 정보 DB 구축
- 유전자원 수집 60건, 우량계통분양 240점, F₂ 계통전개 66점

○ 실적:

- 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집 달성함
- 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양 달성함
- 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축
- 유전자원 수집 63건, 우량계통분양 999점, F₂ 계통전개 111점

Ⅲ. 연구개발의 목적 및 필요성

1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발

- 수박 내병성(만할병, 흰가루병, 탄저병, 바이러스병, 만고병 저항성) 분자마커 개발
- 수박 변이염색체(웅성불임, 상호전좌) 분자마커 개발
- 목표형질(내병성, 변이염색체)에 대한 핵심유전자원(계통) 확보 및 이를 이용한 유전분석과 마커개발용 분리집단 (F2, BC, RIL, NIL) 육성
- 게놈 resequencing, RNA sequencing을 통한 핵심육종소재 SNP 및 IN/DEL 탐색
- BSA, 유전자지도작성, QTL 분석 등을 통한 SNP, IN/DEL에 기반한 목표형질 선발용(MAS) 분자마커 개발 및 여교잡용(MAB) 분자마커 개발
- 대량샘플자동분석(HT-genotyping) 시스템 활용이 가능한 MAS 및 MAB 체계 구축 필요
- 수박 수출종자 개발을 수행하는 육종회사의 내병성 및 변이염색체 연관분자마커 개발 요구도가 높았으며, 육종효율을 높이기 위한 시스템 확립의 필요
- SNP 기반 수박 분자마커 개발을 위한 생물정보학적 분석기반 시스템 확립 필요

2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발

- 수박 과특성 (과형, 과육색, 과피) 선발용 분자마커 개발
- 기능성 (과육경도, 라이코펜, 당도) 선발용 분자마커 개발
- 목표형질 선발과 여교잡 계통육성을 위한 GAB(genomics-assisted breeding) 시스템 구축
- 목표시장과 수출 대상국 소비자의 기호에 따라 다양한 과특성의 품종개발이 요구됨
- 건강에 대한 세계적 관심 고조로 수박의 라이코펜 등 기능성이 강조된 품종이 요구됨
- 전통육종에서 이루어지는 표현형 기반의 선발에 비해 목표형질과 연관된 분자표지를 활용할 경우, 보다 정확하고 신속하게 목표 형질을 지닌 개체를 선발함(MAS)으로서 육종연한 및 노동력, 비용을 급격히 절감할 수 있음
- 여교잡육종에 있어 분자마커이용여교잡(MAB)을 통해 신속하게 회복친의 유전자들을 선발함으로서 MAS와 함께 활용할 경우 목표형질의 우수 고정계통 개발 효율을 극대화 할 수 있음
- 따라서 분자마커와 같은 현대적 분자유종기술 적용으로 신속한 수출용 품종개발과 시장 경쟁력 제고를 위한 기반구축이 가능함

3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

- 목표 시장 국가의 주 생산 지역에서 재배되고 있는 현지 leading 품종(F₁ 품종)을 수집하고 국내에서 과형, 품질, 재배특성, 생태형 및 주요 병저항성 등 원예적 특성을 파악한 후 세대진전 작업 수행을 통하여 유용 형질을 보유한 개체를 분리 선발하며 이를 육종소재

로 활용하여 목표 시장에 적합한 수출 전용품종을 개발하는 것이 단시간 내에 가장 효과적으로 품종을 개발하는 방법으로 판단됨.

- 또한, 해외 목표시장의 주요 생산지에서 재배되는 주요 품종으로도 해결되지 못한 병저항성, 품질, 수송성 등의 개량을 요하는 특성들에 대해서는 국내·외 유전자원 수집 및 유전자원관리 기관으로 부터 도입 평가를 통하여 유용 육성재료로 활용할 필요성이 있음.

4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발

- 우수 F2 계통 전개 및 원예적 특성검정
- 생육시기별 과제 참여 회사 대상 현장 평가회 실시
- 주요 품종 F2, 유전자원 특성 DB 구축 및 민간종자회사에 육종소재 분양
- 국내 육종가들에게 해외 우수품종들의 F2 분리세대를 전개하고 현장평가회를 실시함으로써 수출 목표시장에서 요구되는 형질과 육성소재를 제공하는 중요성과 필요성이 있음
- 다양한 육종소재들이 갖고 있는 형질에 대한 현장 토론 기회를 제공하고, 육성경험을 공유하는 평가회의 필요성을 충족하기 위함

IV. 연구개발 내용 및 범위

1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발

- 내병성 검정을 위한 병원체 접종환경 및 저항성 지표를 개발
- 목표형질(내병성, 변이염색체)에 대한 핵심유전자원(계통) 확보 및 이를 이용한 유전분석과 마커개발용 분리집단 (F2, BC, RIL, NIL) 육성
- 게놈 resequencing, RNA sequencing을 통한 핵심육종소재 SNP 및 IN/DEL 탐색
- BSA, 유전자지도작성, QTL 분석 등을 통한 SNP, IN/DEL에 기반한 목표형질 선발용(MAS) 분자마커 개발 및 여교잡용(MAB) 분자마커 개발
- GBS 등을 위한 다양한 생물정보학적 분석시스템 개발
- 유전자 기능검정을 위한 바이러스벡터 시스템 개발
- 한국 엘리트 계통의 참조유전체 마련
- 대량샘플-자동분석(HT-genotyping) 시스템 활용이 가능한 MAS 및 MABC 체계 구축
- 육종회사 계통 SNP 탐색을 통한 F1 순도검정용 마커 개발 및 원연관계 데이터 제공

2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발

- 목표형질(과형, 과피형, 과육색, 과육경도, 라이코펜, 당도)에 대한 다양한 육종소재의 특성조사와 분석기술 개발
- 목표형질에 대한 핵심육종재료 선발 및 핵심육종재료 간 교잡을 통한 분자표지 개발용 분리집단 개발
- 부모본 계통의 resequencing, GBS, SNP-chip 등의 기술로 SNP를 대량 생산하고 유전자지도 작성, QTL 분석, GWAS 등을 통해 유전자의 게놈상 위치를 파악하고 연관 마커 탐색
- 목표 형질의 유전양상을 토대로 한 형질 선발용 분자마커 개발
- 개발된 목표형질 연관 마커를 다양한 육종소재 및 분리집단에 적용하여 마커의 실용성 검정 및 마커이용여교잡(MAB) 체계 구축

3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

- 협력과제의 목표시장인 중국, 열대/아열대 지역 재배용(중국남부, 동남아시아 등) 및 온대 지역 재배용(유럽, 북남미 등)을 중심으로 민간 육종회사의 우선 수요에 따라 연차별로 수박 생산현지의 품종 및 자원을 수집함
- 수집자원(과형, 과피형, 과육색, 과육경도, 당도)에 대한 원예 특성조사와 분석
- 수집자원(라이코펜, 시트룰린)에 대한 원예 기능성분 분석
- 수집자원에 대한 분리집단 채종 및 병저항성 검정
- 수집자원의 주요특성에 대한 database 구축

4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발

- 우수 F2 계통 전개 및 원예적 특성검정
- 생육시기별 과제 참여 회사 대상 현장 평가회 실시
- 주요 품종 F2, 유전자원 특성 DB 구축 및 민간종자회사에 육종소재 분양

V. 연구개발결과

1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발

- 목표형질(내병성, 변이염색체)에 대한 핵심유전자원(계통) 확보 및 이를 이용한 유전분석과 마커개발용 분리집단 (F2, BC, RIL, NIL) 육성 완료
- 내병성 연관분자마커 개발 (만할병, 탄저병, ZYMV, 흰가루병) 및 진단서비스
- 옹성불임 연관분자마커 개발, 상호전좌 서열 분석, 종자크기 마커개발 완료
- 유전체 재분석을 통한 BSA, 유전자지도작성, QTL 분석 수행 및 SNP 기반 MAS 마커 개발 기반 시스템 구축
- GBS 등을 위한 다양한 생물정보학적 분석기반 시스템 개발
- 유전자 기능검정을 위한 바이러스벡터 시스템 개발 및 실증
- 한국 엘리트 계통의 참조유전체 마련
- 대량샘플-자동분석(HT-genotyping) 시스템 활용이 가능한 MAS 및 MABC 체계 구축을 통한 ZYMV MABC 시스템 실증
- 육종회사 계통 SNP 탐색을 통한 F1 순도검정용 마커 개발 및 원연관계 데이터 제공

2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발

- 표현형 분석기술 개발과 프로토콜 구축을 위해 과특성 형질 (과형, 과색, 과피무늬) 측정 지표 표준화, Texture analyser를 이용한 과육경도, LC-MS를 이용한 라이코펜 측정 프로토콜 개발 및 판단 지표의 표준화를 수행
- 수박 EST-SSR 마커 중 박과작물에 공동 이용 가능한 마커를 선발하고 다양한 박과작물에 대한 유연관계를 분석하여 수박의 MAB에 활용(SCI 논문발표 완료)
- 과특성, 기능성 및 MABC용 마커개발을 위한 핵심육종소재(국내외 재배종, 야생종, 육성라인) 선발 및 분리집단 (NILs, RILs, F2) 개발
- 기 보고된 수박 과육색(황육/적육) 선발용 CAPS 및 SCAR 마커, 호피무늬 선발용 CAPS 마커, 과형 선발용 CAPS마커의 국내 육종소재 적용성 검정 및 이를 이용한 MAS 서비스 지원 (SCI 논문발표 및 특허 출원/등록 완료)
- Candidate gene approach를 통한 오렌지 과육색 선발용 신규 CAPS 마커 개발
- 라이코펜 함량 NILs의 전장유전체재분석(WGRS)을 통한 고라이코펜 함량 분자마커 개발 (논문게재 준비 중)
- 19개 품종의 전장유전체재분석(WGRS)을 통한 MABC 및 수박 타입별 특이적 SNP 마커 개발 (특허출원 완료, 논문게재 준비 중)
- 96개 품종의 과특성 표현형질 분석 및 genotype-by-sequencing(GBS)을 통한 MABC용 마커개발 및 과특성 연관형질에 대한 GWAS 분석 (특허출원 완료, 논문게재 준비 중)

3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

- 수출 목표시장별(중국, 인도네시아, 스페인, 그리스, 브라질, 미서부) 수박의 시판종 및 유전자원 225점 수집
- 수출 목표시장별(중국, 인도네시아, 스페인, 그리스, 브라질, 미서부) 수박의 시판종 및 유전자원 225점 등록
- 수집자원에 대한 병저항성 검정 190점, 원예적 특성 검정 및 기능성 분석 169점을 실시
- 수집자원의 F2 계통 대해 4개 민간종자회사 31계통 1,460립을 대해 분양
- 수집자원의 주요특성에 대한 database 구축

4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발
 - 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집 달성함
 - 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양 달성함
 - 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축
 - 유전자원 수집 63건, 우량계통분양 999점, F₂ 계통전개 111점

VI. 연구성과 및 성과활용 계획

1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발
 - 특허출원한 분자마커 5건 외에 추가 개발된 마커들은 특허출원 및 신규 기술이전을 통해 사업단을 비롯한 종자회사에서 활용 가능하도록 지원할 계획임 (탄저병 저항성 및 응성 불임 분자마커는 특허출원 진행 중임)
 - 분리세대 및 육종 현장에서 검증이 된 연구결과들은 논문으로 게재 예정임 (흰가루병, 탄저병, 만할병 저항성 및 응성불임, 상호전좌, 종자크기 관련 논문 작성을 진행 중임)
 - 1단계에서 개발된 마커들은 2단계에서 다양한 분리개체들에 대한 genotyping을 추가로 수행하여 좀 더 근접 연관마커로 개발하여 MABC에 활용할 수 있는 MAS용 마커로 활용할 예정임
 - 1단계에서 확보한 분리집단 및 우수 형질보유 계통들은 잎 샘플들을 최대한 보관하고 있어 DNA 서열정보와 같이 2단계에서 활용할 예정임
 - 1단계에서 확립한 생물정보학적 분석 프로그램 등의 기반시스템을 2단계에서 지속적으로 활용할 예정임
2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발
 - 특허출원한 분자마커 기술(과형, 호피무늬, MABC용 마커)에 대해서는 기술이전을 통해 사업단을 비롯한 종자회사에서 활용 가능하도록 지원할 계획임
 - 특허출원 후 연구결과를 국내외 SCI 논문에 게재하여 연구 성과를 홍보 함 (3편의 논문이 발표되었으며, 현재 2 편의 논문을 준비 중에 있으며 곧 국제 SCI 논문에 투고 예정)
 - 개발된 마커 중 과특성 연관 마커는 현재 MAS 지원에 활용 하고 있으며, 최근 개발된 MABC용 마커와 수박 타입간 판별 마커에 대해서는 특허출원이 완료되었고, 추후 사업단과의 기술이전을 협약하고 민간종자회사 MABC 지원에 활용하고자 함.
 - 1 단계에서 개발된 마커개발용 분리집단, 부모본 계통, 표현형 분석 기술, 게놈염기서열 정보 등은 2 단계 연구사업에서도 지속적으로 활용 될 수 있도록 지원할 계획임
3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가
 - 수출 목표시장별(중국, 인도네시아, 스페인, 그리스, 브라질, 미서부) 수박의 시판종 및 유전자원 225점에 대해 국립농업과학원 농업유전자원센터에 등록되어 있어 분양신청을 통한 국내 육종 연구에 활용
 - 1 단계에서 수집한 유전자원에 대해 2 단계 연구사업에서도 민간종자회사에 지속적으로 활용 될 수 있도록 지원할 계획임
4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발
 - 국내 종묘회사들의 수박 수출품종 육성을 위하여 우량형질을 보유한 F₂계통을 전개하여 여기에서 분리되어 다시 선발된 수출목표 시장별 적합한 우량 F₃계통을 4년간 999점을 분양함.
 - 이 계통들을 현재 육종회사에서 재선발, 고정, 교잡의 과정을 거쳐고 있으며, 향후 수출품종으로 활용될 계획이다. 그리고 해외에서 수집된 우점품종 63점은 국립농업유전자원센터에 기탁되어 있으며, 육종회사에서 필요 시 분양 요청에 의해서 활용될 예정임.

Summary

(영문요약문)

Title: Supporting System Development of Molecular Breeding and Germplasm Collection for Watermelon Seeds Export

Watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. et Nakai] is one of the most important fruit vegetables and largely cultivated crop in the world. Watermelon provides phytochemicals such as lycopene, citrulline, arginine, and glutathione, as well as water and minerals essential for human health. Watermelon production worldwide contributes to approximately 9.5% of the overall vegetable production (<http://faostat.fao.org>).

Major objectives of this project were to support watermelon seeds export of domestic breeding companies by by conducting molecular breeding based on developing molecular markers, collecting and evaluating watermelon germplasm world wide, and distributing segregated valuable plants of F2 generation varieties to domestic breeders. For these purposes, this project consisted of four sub-project: 1) supporting system development of molecular breeding for watermelon seeds export using pathogen resistance and chromosomal variants, 2) supporting system development of molecular breeding and germplasm collection for functional watermelon seeds export, 3) evaluation and collection of leading commercial variety and germplasm by target market for watermelon seeds export, 4) generation advancement and selection of leading commercial variety and germplasm of target market for watermelon seeds export.

In the first sub-project, pathogen-resistance linked SNP markers of watermelon have been developed. The target diseases were fusarium wilt (caused by *Fusarium oxysporum* ssp. *niveum*), powdery mildew (caused by *Podosphaera xanthii* race 2), potyvirus disease (caused by ZYMV), and anthracnose (caused by *Collectrichum lagenarium* race 1). In addition, male sterile and translocated watermelons were studied to develop linked markers and genome study. To support backcross breeding programs of breeders, we also established marker assisted breeding (MAB) based on discovering SNPs between watermelon commercial lines of breeders. In another direction to support molecular breeding of watermelon, we serviced to genotype watermelon (2,472 ea) and to detect pathogens (2,215 ea). As a result, in the first sub-project, we have developed 13 sets of molecular markers, submitted 5 patents, registered 1 patent, published 5 articles, transferred 4 technical intellectual properties commercially to commercial companies.

In the second sub-project, we developed several SNP markers linked fruit phenotypes such as fruit characteristics (fruit shape, color of flesh, and color of fruit skin) and functional characteristics of fruits (fruit firmness, contents of lycopene and total soluble solids). In

addition, to support backcross breeding programs of breeders, we also established marker assisted breeding (MAB) based on discovering SNPs between watermelon commercial lines of breeders. In another direction to support molecular breeding of watermelon, we serviced to genotype watermelons (1,637 ea). As a result, in the second sub-project, we have developed 4 sets of molecular markers, submitted 4 patents, registered 1 patent, published 5 articles.

In the third sub-project, we directly collected world-wide leading commercial varieties from local markets of all around the world to facilitate learning target traits for breeding and exporting watermelon seeds. Also, we evaluated the collected exotic watermelon seeds by cultivating in the fields to assess their phenotypic characteristics including pathogene resistance. The seeds and data were deposited and arranged as a public database for distributing the seeds to domestic breeders and the fourth sub-project. As as a result, in the third sub-project, we have collected 225 of valuable commercial foreign varieties, registered 225 seeds of germplasm, and distributed 31 kinds of seeds to domestic breeders.

In the fourth sub-project, we directly planted and self-crossed the collected valuable varieties and cultivars in domestic fields and evaluated the segregated progeny with breeders. The selected progeny were donated to breeders to facilitate developing new cultivars for exporting seeds. During executing this sub-project, we have collected 63 of valuable commercial foreign varieties, distributed 999 kinds of seeds to domestic breeders, and evaluated 111 F2 lines.

In summary, we have tried to establish the basis of watermelon breeding for seeds export to target markets of foreign countries by accomplishing four sub-projects. With this trial, we have developed many SNP-based linked molecular markers, provided many valuable germplam of foreign countries, and established genomic basis of watermelon breeding for facilitating development of new cultivars for exporting to targeted foreign seed-markets.

CONTENTS
(영 문 목 차)

| | |
|--|-----|
| Chapter 1. Overview of the project | 13 |
| Chapter 2. Domestic and worldwide trends in technology development | 53 |
| Chapter 3. Major results | 62 |
| Chapter 4. Level of achievement and contribution to industry | 322 |
| Chapter 5. Major products and schedule of application | 327 |
| Chapter 6. Collected technology and information | 329 |
| Chapter 7. References | 334 |

목 차

| | | |
|----------------------------|-----------------------------|-----|
| 제 1 장 | 연구개발과제의 개요 및 성과목표 | 13 |
| 제 2 장 | 국내외 기술개발 현황 | 53 |
| 제 3 장 | 연구개발수행 내용 및 결과 | 62 |
| 제 4 장 | 목표달성도 및 관련분야에의 기여도 | 322 |
| 제 5 장 | 연구개발 성과 및 성과활용 계획 | 327 |
| 제 6 장 | 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보 | 329 |
| 제 7 장 | 참고문헌 | 334 |
| <첨부> 특허, 논문 및 시장분석 보고서 | | |

제 1 장. 프로젝트의 개요 및 성과목표

제 1 절 연구개발의 목적, 필요성 및 범위

1. 연구개발의 목적

가. 연구개발의 목적

(1) 수출용 수박품종개발 목적에 따른 연구과제 시작시 현황 요약

- 수박의 국내 소비량에 대한 생산량 및 종자판매는 99%를 유지하고 있으나 연구개발 시작단계에서 종자수출량은 매우 미비한 상황이었음.
- 국내 재배형태는 주로 하우스 억제재배 및 비가림재배로서 해외의 주된 수박재배 형태인 노지재배용 품종을 개발하여야 하며, 동시에 고당도 크립슨계와 같은 해외 소비자의 수박 과실 선호도를 충족시켜야하는 상황이었음.
- 수출용 수박종자의 개발을 위한 선결조건으로 내병성계의 육성, 옹성불입 등의 활용, 과특성을 고려한 과실 형질위주의 육성, 기능성분 강화 품종 육성이 연구개발 시작단계에서 필요하였음.
- 국내 수박 육성가들의 수출용 수박종자 개발 경험이 미비한 상황으로 해외 시장의 리딩(leading) 품종에 대한 이해도를 높이고, 유전성 및 타겟형질 도입을 위한 기반과제 마련이 필요하였음.
- 해외 수출목표 지역의 리딩품종의 적극적 활용을 위하여 분리세대 전개와 육종가 선발이 가능한 지원체계의 육종가 요구도가 증가하였고, 단기간에 국내의 고당도 고경도 품종으로 목표형질 도입을 유도할 수 있는 기반과제 마련이 필요하였음.
- 신속한 품종개발을 위한 MAS용 분자마커개발이 필요하였으나, 연구개발 초기 국내 분자마커 개발은 극히 미비하였음. 2013년 수박 게놈 참조유전체 발표이후, 단일염기서열변이(Single Nucleotide Polymorphism: SNP)의 적극적 활용이 가능하여, 이에 따른 연관분자마커 개발의 적극적 활용이 가능해지기 시작하였음.

(2) 연구개발의 목적

○ 수박 분자마커 활용 품종 육성체계 확립

- 제1, 2세부과제에서는 내병성계통, 돌연변이계통, 과실형질 및 기능성계통 등을 대상으로 한 연관 분자마커 개발에 집중하여 MAS를 활용한 단기 육성체계 확립을 목적으로 하였으며, 나아가 MAS 마커 및 수박 유전체 염기서열정보를 활용한 여교잡 계통육성을 위한 MAB 시스템을 구축하고자 하였음.

○ 수박 내병계 육성 및 변이염색체 활용

- 제1세부과제는 국내 및 중국용 하우스재배 뿐만 아니라, 해외 목표시장들의 노지재배에서 요구되는 주요 수박병(만할병, 흰가루병race2, 탄저병, 만고병, 바이러스병) 내병성에 대한

연관분자마커 개발을 목표로 하였고, 이를 위한 다양한 병원체 동정 및 진단을 동시에 확립하고자 하였음

- 또한, 해외 시장에서 씨적은 수박의 요구도가 증가하고 있어 상호전좌된 돌연변이계통 활용성을 높이기 위한 분석 및 씨없는 수박 생산체계에 활용도가 높은 옹성불임(MS)계 선발용 마커 개발을 목적으로 하였음.

○ 수박 과특성 및 기능성계 육성

- 제2세부과제에서는 과특성 (과형, 과육색, 과피) 및 기능성 성분 (과육경도, 당도, 라이코펜) 연관분자마커 개발을 목표로 하였고, 이를 위한 다양한 표현형 검정 방법을 확립하고자 하였음

○ 수박 해외 우수 시판종 수집 및 평가

- 제3세부과제는 수박 종자수출 목표시장들인 중국, 동남아시아, 유럽, 미주 국가들의 현지 방문을 통한 시장정보 및 우수 품종들을 수집 및 분양하고자 하였으며, 수집 자원들의 내병성 검정 등을 통한 원예적 특성평가를 목표로 하였음.

○ 수박 해외 우수 시판종 분리세대 전개 및 선발 활용

- 제3세부과제의 수출 목표지역 수집 시판종 및 재래종에 대한 F2 전개를 수행하고, 특성평가를 수행하고자 하였으며, 과제 참여 육종가들의 다양한 목표형질별 요구도에 따른 선발 및 분양을 최소 연 2회 수행하여 육종가의 해외시장용 품종육성에 적극적인 기여를 목표로 하였음.

나. 연구개발의 성과목표

○ 제1세부 목표: 수박 내병성 및 변이염색체 형질 분자표지 9점이상 개발 및 MAB 지원체계 확립

- 목표형질 선발용 분자표지 개발
- 내병성 (만할병, 흰가루병race2, 탄저병, 만고병, 바이러스병) 분자표지 개발 (6종 이상)
- 변이염색체 (옹성불임, 상호전좌) 등 분자표지 개발 (3종 이상)
- 여교잡용 분자표지 개발 및 분자표지이용여교잡(MAB) 체계 구축

○ 제2세부 목표: 수박 과특성 및 기능성 형질 분자표지 6점이상 개발 및 MAB 지원체계확립

- 목표형질 선발용 분자표지 개발
- 과특성 (과형, 과육색, 과피) 분자표지 개발 (3종 이상)
- 기능성 성분 (과육경도, 당도, 라이코펜) 분자표지 개발 (3종 이상)
- 여교잡용 분자표지 개발 및 분자표지이용 여교잡 (MAB) 체계 구축

○ 제3세부 목표: 수출 목표시장별 주요 품종 수집/평가 자원 정보 DB화

- 수출 목표시장 주요 품종(F1) 수집 및 재래종 등 유전자원 수집 (360품종)
- 수집 유전자원 (F1 및 재래자원)의 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 및 분양 (100조합)

- 주요 시판품종 및 유전자원의 특성 database 구축 (500점)

○ 제4세부 목표: 수출 목표시장 우점품종 F2 전개 및 평가 자원 정보 DB구축

- 수출 목표시장 주요 품종 (F1), 재래종 등 유전자원 수집 (185점)
- F2 계통 전개 (150점) 및 특성검정, 현장평가회, 분양 (215점)
- F2 계통 전개 및 특성검정 후 정보 DB 구축 (300점)

다. 세부과제별 연구목표

(1) 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발

(가) 핵심육종재료 구축 및 마커개발용 분리집단 양성

○ 해외 노지재배에서 특히 문제가 되는 병들(만할병, 탄저병, 흰가루병race2, 만고병, 바이러스 병)에 대한 병원균 확보 및 지표개발

- 만할병, 탄저병, 흰가루병 (race 2W), 만고병, 바이러스병원체의 확보 및 race 판별방법 확립
- 병 접종방법, 내병성/감수성 변이지표, 판별식물 등 병접종 환경의 확립
- 육종포, 재배포 수준에서의 저항성 판별 정도 확립

○ 변이염색체 (옹성불임, 상호전좌) 유전 분석

- 옹성불임 및 상호전좌의 유전성 및 유전력 분석하고, 육종회사의 육성계통 진전과 병행함

○ 핵심 육종계통 및 유전분석용 집단의 확보

- 내병성 육종소재 확보 및 육종회사와의 긴밀한 협조체계 확립 및 유지
- 육종가 친화적인 분석집단 (IBC) 양성 및 BSA를 위한 분리세대 확보
- 목표형질들의 phenotyping이 가능한 분리집단 확보
- 품종개발용 우수 모부분 계통과 마커개발을 위한 고정집단에 대한 육종회사와 정보 공유
- 핵심계통에 대한 resequencing으로 F1종자 순도검정과 추가적인 QTL 및 MAB 분석체계 구축
- Shuttle breeding 체계 활용이 가능한 육종회사와의 연계로 분리집단의 빠른 세대진전을 추구함

(나) 내병성, 변이염색체 계통을 활용한 분자마커의 개발과 적용

○ 목표형질 및 유전집단에 따라 다양한 분자마커 개발방법 적용

- 목적하는 형질과 확보가능한 유전집단 (NIL, F2, RIL 등)의 상황에 따라서 가장 효율적으로 마커를 개발할 수 있는 시스템의 개발과 적용
- 기 발표된 표준유전체와 국내 육성계통 간의 대략적인 synteny 파악 및 sequencing depth 결정

- 5cM이내의 SNP 기반 혹은 IN/DEL 의 분자마커 개발 목표

○ 내병성 및 변이염색체 관련 분자마커 개발

- 빠르고 실용적인 내병성 연관 분자마커 개발을 위해 내병성 자원이 확보되어 있고, 동일 자원을 이용한 계통육성 목표를 가진 종자회사와 연계함
- 내병성 분자마커는 수박 만할병, 탄저병, 흰가루병race2, 바이러스병, 만고병에 연관된 마커 개발을 목표로 하며, 만고병은 2단계에서 수행함.
- 변이염색체 연관 분자마커는 응성불임성 및 상호전좌 계통을 대상으로 함. 4배체 모본의 응성불임성에 대한 연구는 2단계에서 진행함.
- 마커개발에서 요청될 수 있는 BAC library 및 FISH 검정 시스템을 확립함
- 분자마커 개발을 위한 계통육성, 분리집단전개, 표현형 검정 등은 본 연구팀의 육성포장 및 연계하는 육종회사의 포장에서 이루어질 예정임

○ 개발된 마커의 적용

- 개발된 마커들은 특허 및 기술이전으로 육종산업계 활용이 가능하도록 하며, 보편적 적용을 위해 지속적인 표현형 검증이 이루어지도록 추구함
- MAS용 마커는 대량샘플자동분석이 가능한 플랫폼에 맞도록 개발 또는 전환하여 분석지원이 가능하도록 구축함
- MAB용 마커는 여교잡 세대별로 적합한 마커갯수 및 목표 고정계통수를 결정하고, 대량자동분석이 가능한 시스템으로 구축함
- MAS 또는 MAB의 체계가 구축되면 기술이전, 특허이전 등을 통해 사업단에 정보를 양도하고 통합된 단일 채널을 통한 회사 육종프로그램 지원이 가능하도록 함

(다) 목표형질 선발과 여교잡 계통육성을 위한 GAB(genomics-assisted breeding) 시스템 구축

○ 대량샘플자동분석(High through put -genotyping, HT-genotyping)이 가능한 MAS 체계 구축

- 개발된 목표형질 선발용 마커(foreground selection marker)를 대량샘플자동분석이 가능한 HT-SNP platform (HRM, LightCycler 480, Hybprobe, Simple probe)으로 전환

○ 대량마커자동분석(multiplex marker genotyping)이 가능한 마커이용여교잡(MAB) 체계 구축

- 선발된 핵심육종소재 간 SNP variation 정보를 기반으로 여교잡 대상 부모계통간 SNP를 선발하고 염색체 선발이 효율적으로 가능한 마커세트(background selection marker set) 설정
- 500개 내외 식물샘플에 대해 SNP 마커세트(한 염색체당 10개 내외)를 동시 검정 가능한 MAB 시스템(beadXpress probe, SNP-chip), 또는 다량의 식물샘플을 genotyping 할 수 있는 검정시스템 (Fluidigm 등)의 활용을 위한 probe set의 개발

(2) 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발

(가) 과특성 (과형, 과육색, 과육경도, 과피) 선발용 분자마커 개발

- 목표형질(과형, 과피형, 과육색, 과육경도) 대한 다양한 육종소재의 특성조사와 분석기술 개발
 - 과형(장타원, 단타원, 원형), 과피형(무지, 흑피, 크림슨, 호피형), 과육색(붉은색, 분홍색, 오렌지색, 노란색), 과육경도(치감, crispiness)의 측정 프로토콜 개발 및 판단 지표의 표준화
- 목표형질에 대한 핵심육종재료 선발
 - 과특성 형질 유전양상과 분자마커 개발을 위한 분리집단 및 여교잡 육종프로그램을 위한 최적 부모본을 고려하여 선발
- 핵심육종재료 간 교잡을 통한 분자표지 개발용 분리집단(F1, F2, F3, BC, RIL, NIL) 개발
 - 과형 계통간 분리집단 양성: 장타원x원형
 - 과피형 계통간 분리집단 양성: 무지 x 크림슨, 무지 x 호피, 무지 x 흑피, 크림슨 x 호피
 - 과육색 계통간 분리집단 양성: 적색 x 오렌지, 오렌지 x 노랑
 - 과육경도 계통간 분리집단 양성: 아삭거림이 강한 육질계(만숙성) x 무른 육질계(조숙성)
- 분리집단의 표현형 검정 및 목표 형질의 유전양상 규명
- 목표 형질의 유전양상을 토대로 한 형질 선발용 분자마커 개발
 - 단인자 형질일 경우: bulked segregant analysis(BSA)를 통해 연관 마커를 탐색하고 draft genome sequence(ICuGI)로부터 마커의 게놈상 물리적 위치를 파악한 후 fine mapping으로 유전자의 위치를 보다 정밀하게 분석함
 - 양적 형질일 경우: 부모본 계통의 resequencing, SNP-chip 등의 기술로 SNP를 대량 생산하고 유전자지도 작성과 QTL 분석을 통해 유전자의 게놈상 위치를 파악하고 연관 마커를 탐색함
- 개발된 분자마커의 실용화
 - 개발된 목표형질 연관 마커를 다양한 육종소재 및 분리집단에 적용하여 마커의 실용성을 검정함
 - 검정된 마커에 대해 대량샘플 유전자형자동화분석 플랫폼에 적절한 공우성 마커로 전환하고 마커정보를 민간종자회사의 MAS를 지원할 수 있도록 기술이전 함

(나) 기능성 (라이코펜, 당도) 선발용 분자마커 개발

- 목표형질(라이코펜, 당도)에 대한 다양한 육종소재의 특성조사와 분석기술 개발
 - 라이코펜, 당도 측정 프로토콜 개발 및 판단 지표의 표준화(숙기, 재배환경, 과실의 샘플채취 부위 등에 의한 변이를 최소화 할 수 있는 측정 방법을 개발함)
- 목표형질에 대한 핵심육종소재 선발
 - 라이코펜, 당도 관련 유전양상과 분자마커 개발을 위한 분리집단 및 여교잡 육종프로그램을 위한 최적 부모본을 고려하여 선발
- 핵심육종재료 간 교잡을 통한 분자표지 개발용 분리집단(F1, F2, F3, BC, RIL, NIL) 개발

- 라이코펜 계통간 분리집단 양성: 고라이코펜 함량 x 저라이코펜 함량
- 당도 계통간 분리집단 양성: 고당도 x 저당도
- 분리집단의 표현형 검정 및 목표형질의 유전양상 규명
- 목표 형질의 유전양상을 토대로 한 형질 선발용 분자마커 개발
 - 부모본 계통의 resequencing, SNP-chip 등의 기술로 SNP를 대량 생산하고 유전자지도 작성과 QTL 분석을 통해 유전자의 계놈상 위치를 파악하고 연관 마커를 탐색함
- 개발된 분자마커의 실용화
 - 개발된 목표형질 연관 마커를 다양한 육종소재 및 분리집단에 적용하여 마커의 실용성을 검증함
 - 검정된 마커에 대해 대량샘플 유전자형자동화분석 플랫폼에 적절한 공우성 마커로 전환하고 마커 정보를 민간종자회사의 MAS를 지원할 수 있도록 기술이전 함

(다) 목표형질 선발과 여교잡 계통육성을 위한 GAB(genomics-assisted breeding) 시스템 구축

- 대량샘플자동분석(High through put-genotyping, HT-genotyping)이 가능한 MAS 체계 구축
 - 개발된 목표형질 선발용 마커(foreground selection marker)를 대량샘플자동분석이 가능한 HT-SNP platform (HRM, LightCycler 480, Hybprobe, Simple probe)으로 전환
- 대량마커자동분석(multiplex marker genotyping)이 가능한 마커이용여교잡(MAB) 체계 구축
 - 선발된 핵심육종소재 간 SNP variation 정보를 기반으로 여교잡 대상 부모계통간 SNP를 선발하고 염색체 선발이 효율적으로 가능한 마커세트(background selection marker set) 설정
 - 500개 내외 식물샘플에 대해 SNP 마커세트(한 염색체당 10개 내외)를 동시 검정 가능한 MAS 시스템(beadXpress probe, SNP-chip) 구축

(3) 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

(가) 목표시장별 주재배지역의 수박 leading 품종 현황 분석 및 우수품종/자원 수집

- 수박 종자 수출 대상국의 주요 수박 생산지를 중심으로 우점 시판품종의 특성정보, 재배상의 문제점을 파악하여 현지 적응형 품종을 개발하고, 품종의 트렌드 변화를 조사하여 장기적인 우량 품종육성 방향을 수립함
 - 목표 시장별 주 재배지역의 leading 품종/지역 재래종(유전자원) 및 국제연구기관 보유 자원수집 : 360품종
- 최단기간에 목표시장에 적합한 품종을 개발하기 위하여 현재 각국의 종자회사에서 주력품종으로 보급하고 있는 교배종(F₁) 종자를 수집하고 이를 전개하여 유용 육종재료를 선발하는 것이 효율성이 높을 것임
 - 수집 품종 및 유전자원에 대한 주요 원예적 특성평가 및 분리세대(F₂) 작성: 100조합 후대

- 이를 위하여 수집한 주요 품종의 특성을 파악하고 분리육종기술을 이용하여 유용한 육종재료를 선발할 필요성이 있음
 - 주요 품종 및 유전자원의 특성을 DB화하고 민간종자회사 및 세부프로젝트 기관에 육종소재로 이용할 자원을 분양 : DB 구축 500점
- 협력과제의 목표시장인 중국 시설재배용(중국 북중부), 열대/아열대 지역 재배용(중국남부, 인도, 동남아시아 등) 및 온대지역 재배용(유럽, 중동, 북중미 등)을 중심으로 민간 육종회사의 우선 수요에 따라 연차별로 수박 생산현지의 품종 및 자원을 수집함
- 현지 수집 대상 자원은 목표시장에서 주요도가 높은 시판 품종을 우선으로 수집하고 현지 재래종을 추가로 수집하며, 현지에서 개선되어야 할 병저항성 등 주요형질을 보유한 자원은 국내외 유전자원 관리기관을 활용하여 적극적으로 확보함

(4) 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발

(가) 수출 목표시장 우점품종 F₂ 전개 및 평가 자원 정보 DB구축

- 국내외 네트워크와 현지 전문인력을 활용하여 사전 정보를 확보하고 현지 출장을 통하여 유전자원을 수집
 - 목표시장: 중국시설재배지역(하남, 산둥, 안휘성 등), 중국남부, 동남아시아, 인도, 중동 열대/아열대지역 및 터키, 유럽, 북남미 등 온대지역
- 목표 시장별 주 재배지역의 leading 품종/지역 재래종(유전자원) 및 국제연구기관 보유 자원 수집
- 우수 F₂ 계통 전개 및 원예적 특성검정(종자회사에 의한 조사기준 설정 필요)
- 생육시기별 과제 참여 회사 대상 현장 평가회 실시
- 주요 품종 F₂, 유전자원 특성 DB 구축 및 민간종자회사에 육종소재 분양

(나) 국내외 숙련된 전문가 그룹 네트워크 형성 및 계통선발, 품종 육성

- 글로벌 종자회사, 국내외 육종인력, 목표시장 현지 전문가, 현지 마케팅 전문인력 등과의 협력을 통하여 포괄적이고 상세한 품종정보를 수집
 - 종자회사(한국종자협회 회원사)의 영업전문가, 육종가 및 국가기관(국립원예특작과학원, 수박시험장 등) 연구원으로 구성된 전문가 팀을 구성하고 해당지역의 채소육종 담당자와 정보 교류
- 농촌진흥청 해외협력사업 및 국제공동연구 파트너십을 활용한 국가적 차원의 해외협력 루트를 통하여 수출목표 국가의 구체적인 정보를 파악하고 지속적으로 현지의 품종 변화 추이를 모니터링함
- 국내외 숙련된 수박 육종전문가와 유전자원 관리자가 연계하여 수집된 자원 중 유용 계통선발, 계통 전개, 선발의 반복 과정을 통하여 목표시장 맞춤형 품종 육성

2. 연구개발의 필요성

가. 순환주기가 빠른 신품종 육성 및 글로벌시장 대응

- 수박은 대표적 글로벌 작물이며, 해외시장에서 글로벌 기업들의 신품종 주기는 2-4년으로, 매우 빠른 속도로 재배자, 소비자, 유통전략 등에 대응하고 있어, 수출경험이 일천한 국내 기업의 경우엔 더욱더 분자마커 적용을 통한 빠른 육성과정이 필요한 현실임

나. 육성목표형질의 신속한 도입 및 품종육성기간 단축

- 수출용 수박품종 육성을 위하여 육종가가 현실적으로 필요로 하는 육성 목표형질은 내병성, 교배효율성, 새로운 씨없는 수박 육성방법, 과특성, 기능성 등으로 요약될 수 있음
 - 복합내병성: 노지재배에서 재배안정성과 우수한 품종특성을 보여주기 위해서는, 균핵병, 흰가루병이 만연하는 시설재배용의 국내 육성과는 달리 만할병, 만고병, 탄저병, 흰가루병(race 2W), 바이러스병 등에 대한 복합내병성이 요구됨.
 - 교배효율성: 미국 등의 매우 넓은 재배지에서의 수박생산은 응성불임성과 같은 교배 효율성이 높은 품종생산이 요청됨
 - 씨없는 수박육성법: 현재 가장 성공적인 씨없는 수박품종의 생산법은 3배체 품종활용이나, 염색체 전좌가 일어난 돌연변이를 활용할 경우, 씨가 적은 수준에서 씨가 거의 없는 수준의 품종을 육성할 수 있음
 - 과특성: 과형, 과육색, 과피 등의 특성을 이용한 품종 육성은 수출시장에서 소비자의 선호도를 충족시키고, 신품종을 리딩할 수 있는 주요한 형질특성임
 - 기능성: 수박의 라이코펜, 베타카로틴, 시트룰린, 비타민 등 항산화 기능의 영양성분 강화 품종이 향후 세계시장에서 차별화된 품종군으로 등장할 것임

다. 수출현지 지향형 우수품종 육성

- 국외 우수품종 확보 및 도입 필요성
 - 국내 수박육종은 시설재배용으로 특화되어 왔기 때문에, 수출용 수박품종 육성을 위해서는 수출 대상지역의 우수한 leading 품종에 대한 자원도입, 특성연구, 분리세대 육성이 필요함

라. 수출용 우수품종 분리세대 선발 및 육종가 활용지원

- 목표 시장 국가의 주 생산 지역에서 재배되고 있는 현지 leading 품종(F₁ 품종)을 수집하고 국내에서 과형, 품질, 재배특성, 생태형 및 주요 병저항성 등 원예적 특성을 파악한 후 세대진전 작업 수행을 통하여 유용 형질을 보유한 개체를 분리 선발하며 이를 육종소재로 활용하여 목표 시장에 적합한 수출 전용품종을 개발하는 것이 단시간 내에 가장 효과적으로 품종을 개발하는 방법으로 판단됨
- 해외 목표시장의 주요 생산지에서 재배되는 주요 품종으로도 해결되지 못한 병저항성, 품질, 수송성 등의 개량을 요하는 특성들에 대해서는 국내·외 유전자원 수집 및 유전자원관리 기관으로 부터 도입 평가를 통하여 유용 육성재료로 활용할 필요성이 있음

3. 연구개발의 범위

○ 1단계 (2013~2016)의 연차별 연구개발의 범위 및 내용을 기술하였음.

| 구분 | 연도 | 연구개발의 범위 | 연구개발의 내용 |
|----------|------|---|---|
| 1차 년도 | 2013 | <1세부> ○ 병저항성 지표, 마커개발 시작 ○ 핵심유전자원집단 구축 ○ 마커개발용 분리집단 양성 ○ 핵심계통 SNP 탐색 시작 | - 목표형질의 우수 계통 수집, 평가 - 만할병, 탄저병 race 확보, 관별식물 및 접종방법, 내병성 지표 확립 - 응성불입성 관련 적용 지표 확립 및 마커개발 시작 - Potyvirus계열 바이러스 저항성 관련 마커 개발 시작 - 우수 계통과 최적 여교배 계통 중심으로 핵심유전자원 집단구축시작 - 핵심유전자원집단으로부터 F2, F2:3, RIL, NIL, BC 집단 양성 시작 - 핵심유종계통 resequencing, RNA seq.을 통한 SNP 대량 탐색 |
| | | <2세부> ○ 표현형 분석기술 개발과 프로토타입 구축 ○ 핵심유전자원집단 구축 ○ 마커개발용 분리집단 양성 | - 기능성(당도, 라이코펜, 과육경도) 형질분석기술 개발 - 과특성 형질 [과형(장타, 원형), 과색(오렌지, 노랑), 과피무늬(무지, 흑피, 크림슨, 호피) 측정 지표 표준화 - 국내 육종소재 수집 및 특성 분석하고 목표 형질(기능성 및 과특성)이 우수한 계통과 이를 이용한 최적 여교배 계통 (반복친)을 중심으로 핵심유전자원집단 구축 - 과특성 형질 분리집단(F1, F2, BC)양성 |
| | | <3세부> ○ 시설재배용 수박 품종 수집 : 중국 (중북부) - 하남성, 산둥성, 안휘성 | - 시관종 및 유전자원 수집 및 정보 수집 (하남성, 산둥성, 안휘성) - 현지 수집자원 원예적 특성조사 및 평가 (하우스 재배) - 우수 자원선발 및 분리집단(F ₂) 종자채종 - 수집 품종 및 자원 원예적 특성 D/B작성 |
| | | <4세부> ○ 중국 등 동남아시아권 품종 수집, F ₂ 전개, 선발, 분양 | - 유전자원 수집(10점) 및 현지 정보수집 (하남, 산둥, 안휘) - F ₂ 및 보유 유전자원 계통 전개(10점, 계통별 200주) - 원예적 특성 조사(양적 3, 질적 7, 이미지 3부위) - 유망계통 선발 및 분양 20점 |
| | | <1세부> ○ 병저항성 마커 후보 선발 ○ 핵심유전자원집단 구축 ○ 마커개발용 분리집단 양성 ○ 핵심계통 SNP 탐색 | - 환가루병 2W race의 적용 가능성, 내병성 지표 확립 - 바이러스병, 만할병, 탄저병에 대한 race별 일부 후보마커 개발 - 우수 계통과 최적 여교배 계통을 중심으로 핵심유전자원 집단구축 - 핵심유전자원집단으로부터 F2, F2:3, RIL, NIL, BC 집단 양성 진행 - 핵심유전자원집단 resequencing, RNA seq.을 통한 SNP 대량 탐색 |
| 2차 년도 | 2014 | <2세부> ○ 표현형 분석기술 개발과 프로토타입 구축 ○ 핵심유전자원집단 구축 ○ 마커개발용 분리집단 양성 | - 기능성형질 분석기술 개발 - 과특성 형질 측정 지표 표준화 - 핵심유전자원집단 구축 - 과특성 형질 분리집단 (F1, F2, BC1) 양성 |
| | | <3세부> ○ 열대/아열대 재배용 수박 품종 수집 : 중국 남부 - 호남성, 호북성, 운남성 등 | - 시관종 및 유전자원 수집 및 정보 수집 (호남성, 호북성, 운남성) - 현지 수집자원 원예적 특성조사 및 평가 (하우스 재배) - 우수 자원선발 및 분리집단(F ₂) 종자채종 - 수집 품종 및 자원 원예적 특성 D/B작성 |
| | | <4세부> ○ 중국 등 동남아시아권 품종 수집, F ₂ 전개, 선발, 분양 | - 유전자원 수집(20점) 및 현지 정보수집 (하남, 산둥, 안휘, 호남, 호북, 자바, AP, 이란 등) - F ₂ 및 보유 유전자원 계통 전개(15점, 계통별 200주) - 원예적 특성 조사(양적 3, 질적 7, 이미지 3부위) - 유망계통 선발 및 분양 25점 |

| 구분 | 연도 | 연구개발의 범위 | 연구개발의 내용 |
|--|---|--|---|
| 3차 년도 | 2015 | <1세부> | |
| | | ○마커개발용 분리집단 양성 ○핵심유전자원 집단의 SNP 대량분석 ○내병성 형질 MAS용 마커개발 ○용성불입성 마커 선발 | - 핵심유전자원집단으로부터 F2, F2:3, RIL, NIL, BC 집단 양성 진행 - 바이러스병, 만할병, 탄저병에 대한 race별 일부 후보마커 개발, 선별 - 용성불입 마커 선별, 흰가루병(race 2W)저항성 후보마커 개발 시작 - 염색체 상호전좌계통 마커개발 시작 - 핵심유전자원집단 resequencing, RNA seq.을 통한 SNP 대량 탐색 - In-silico SNP variation 분석 및 SNP genotyping 및 SNP 마커 도출 |
| | | <2세부> | |
| | | ○마커개발용 분리집단 양성 ○핵심유전자원 집단의 SNP 대량분석 ○과특성 형질 MAS용 마커개발 | - 기능성 형질 분석기술 및 지표 표준화 - 핵심유전자원 집단 구축 - 과특성 형질 분자표지 개발(분리집단 표현형 검정, 형질의 유전양상 분석, BSA, SNP mapping) |
| | | <3세부> | |
| | | ○ 열대/아열대 재배용 수박 품종 수집 : 동남아시아 - 인도네시아, 베트남, 미얀마 | - 시판종 및 유전자원 수집 및 정보 수집 (인도네시아, 베트남, 미얀마) - 현지 수집자원 원예적 특성조사 및 평가 (하우스 재배) - 우수 자원선발 및 분리집단(F ₂) 종자채종 - 수집 품종 및 자원 원예적 특성 D/B작성 |
| <4세부> | | | |
| ○ 중국 등 동남아시아권 품종 수집, F ₂ 전개, 선발, 분양 | - 유전자원 수집(20점) 및 현지 정보수집 (하남, 산둥, 안휘, 호남, 호북, 자바, AP, 이란 등) - F ₂ 및 보유 유전자원 계통 전개(15점, 계통별 200주) - 원예적 특성 조사(양적 3, 질적 7, 이미지 3부위) - 유망계통 선발 및 분양 25점 | | |
| 4차 년도 | 2016 | <1세부> | |
| | | ○마커개발용 분리집단 양성 ○핵심유전자원 집단의 SNP 대량분석 ○내병성, 용성불입성MAS용 마커개발 ○민간회사 MAS 지원 | - potyvirus, 만할병, 탄저병 마커의 표현형 연관분석 및 적용 - 용성불입성 마커의 개발 완료 - 흰가루병 (race 2W) 저항성 후보마커 개발 - 유전지도작성 및 QTL 분석 - 형질선발용 마커개발 (MAS), 여교잡용 마커개발(MAB) 시작 - In-silico SNP variation 분석 및 SNP genotyping 및 SNP 마커 도출 |
| | | <2세부> | |
| | | ○마커개발용 분리집단 양성 ○핵심유전자원 집단의 SNP 대량분석 ○과특성 형질 MAS용 마커개발 ○민간회사 MAS 지원 | - 핵심유전자원 집단 구축 - 기능성 형질 QTL 분석을 위한 분리집단 양성 - 과특성 형질 분자표지 개발 (HT-MAS용 공우성 마커 개발, 민간회사 MAS 지원) |
| | | <3세부> | |
| | | ○ 열대/아열대 재배용 수박 품종 수집 : 인도 (AP주 등), 중동(이란) | - 시판종 및 유전자원 수집 및 정보 수집 (인도 (AP주 등), 중동(이란)) - 현지 수집자원 원예적 특성조사 및 평가 (하우스 재배) - 우수 자원선발 및 분리집단(F ₂) 종자채종 - 수집 품종 및 자원 원예적 특성 D/B작성 |
| <4세부> | | | |
| ○ 중국 등 동남아시아권 품종 수집, F ₂ 전개, 선발, 분양 | - 유전자원 수집(10점) 및 현지 정보수집 (하남, 산둥, 안휘, 호남, 호북, 자바, AP, 이란 등) - F ₂ 및 보유 유전자원 계통 전개((10점, 계통별 200주) - 원예적 특성 조사(양적 3, 질적 7, 이미지 3부위) - 유망계통 선발 및 분양 20점 | | |

제 2 절 연구성과 목표 대비 실적

1. 프로젝트 총괄 연구성과 목표대비 실적

가. 연구개발 성과목표 대비 실적

(단위 : 건수)

| 성과목표 | 품종개발 | | | 특허 | | 논문 | | 분자 마커 개발 | 유전자원 | | | | 기술 이전 | 마케팅 전략 작성 보고서 | 인력 양성 |
|-----------------|--------------|----|----|----|----|-----|----------|----------------|------|-----|-----|----------|----------|------------------------|----------|
| | 생산수입 판매신고 | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비 SCI | | 수집 | 등록 | 분양 | F2 전개 | | | |
| 최종목표 (2단계포함) | | | | 14 | 9 | 21 | 6 | 21 | 545 | 545 | 575 | 150 | 12 | | 14 |
| 1차년도 | 목표 | | | - | - | - | 2 | - | 50 | 50 | 60 | 10 | - | | 1 |
| | 실적 | | | 1 | - | - | - | 2 | 154 | 45 | 289 | 22 | - | | 1 |
| 2차년도 | 목표 | | | 2 | - | 3 | 2 | 3 | 60 | 60 | 65 | 15 | - | | 2 |
| | 실적 | | | 2 | - | 2 | - | 3 | 26 | 50 | 209 | 20 | 1 | | 4 |
| 3차년도 | 목표 | | | 1 | - | 3 | - | 4 | 60 | 60 | 70 | 21 | - | | 1 |
| | 실적 | | | 3 | 1 | 5 | - | 8 | 49 | 70 | 144 | 26 | 3 | | 3 |
| 4차년도 | 목표 | | | 2 | 1 | 2 | 2 | 2 | 50 | 50 | 60 | 10 | 2 | | 2 |
| | 실적 | | | 3 | 1 | 3 | - | 4 | 60 | 60 | | | - | | 3 |
| 소계 (1단계) | 목표 | | | 3 | 1 | 6 | 6 | 7 | 170 | 170 | 195 | 46 | 2 | | 4 |
| | 실적 | | | 9 | 2 | 10 | 0 | 17 | 289 | 225 | 642 | 68 | 4 | | 11 |
| 종료 1차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 2차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 3차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 4차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 5차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 소 계 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 합 계 | | | | | | | | | | | | | | | |

| 성과목표 | DB구축 | DH계통개발 | 자원분양 | 서비스 | | | |
|-----------------|------|--------|------|------|------|-------|-------|
| | | | | 성분분석 | 분자미커 | 병리검정 | 표현형검정 |
| 최종목표 (2단계포함) | 2 | | | | | | |
| 1차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 500 | | |
| 2차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | 1 | | | 786 | 2,215 | |
| 3차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 1687 | | |
| 4차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 1436 | | |
| 5차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | |
| 6차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | |
| 7차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | |
| 8차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | |
| 9차년도 | 목표 | 2 | | | | | |
| | 실적 | | | | | | |
| 소계 (1단계) | 목표 | 0 | | | 0 | 0 | |
| | 실적 | 1 | | | 4409 | 2,215 | |
| 종료 1차년도 | | | | | | | |
| 종료 2차년도 | | | | | | | |
| 종료 3차년도 | | | | | | | |
| 종료 4차년도 | | | | | | | |
| 종료 5차년도 | | | | | | | |
| 소 계 | | | | | | | |
| 합 계 | | | | | | | |

2. 제1세부프로젝트 연구성과 목표대비 실적

가. 연구개발 성과목표 대비 실적

(단위 : 건수)

| 성과목표 | 품종개발 | | | 특허 | | 논문 | | 분자 마커 개발 | 유전자원 | | 국내 매출액 | 종자 수출액 | 기술 이전 | 마케팅 전략 보고서 | 인력 양성 |
|---------|--------------|----|----|----|----|-----|----------|----------------|--------|--------|-----------|-----------|----------|------------------|----------|
| | 생산수입 판매신고 | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비 SCI | | 수 집 | 등 록 | | | | | |
| 최종목표 | | | | 3 | 1 | 4 | 2 | 5 | | | | | 1 | | 3 |
| 1차년도 | 목표 | | | | | | 1 | | | | | | | | 1 |
| | 실적 | | | 1 | | | | 2 | | | | | | | 1 |
| 2차년도 | 목표 | | | 1 | | | 1 | 1 | | | | | | | 1 |
| | 실적 | | | | | 1 | | 1 | | | | | 1 | | 2 |
| 3차년도 | 목표 | | | 1 | | 2 | | 2 | | | | | | | |
| | 실적 | | | 3 | 1 | 2 | | 8 | | | | | 3 | | |
| 4차년도 | 목표 | | | 1 | 1 | 2 | | 2 | | | | | 1 | | 1 |
| | 실적 | | | 1 | 0 | 2 | | 2 | | | | | 0 | | 0 |
| 소계 | 목표 | | | 3 | 1 | 4 | 2 | 5 | | | | | 1 | | 3 |
| | 실적 | | | 5 | 1 | 5 | 0 | 13 | | | | | 4 | | 3 |
| 종료 1차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 2차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 3차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 4차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 5차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 소계 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 합계 | | | | | | | | | | | | | | | |

| 성과목표 | DB구축 | DH계통개발 | 자원분양 | 서비스 | | | |
|---------|------|--------|------|------|-------|-------|-------|
| | | | | 성분분석 | 분자미커 | 병리검정 | 표현형검정 |
| 최종목표 | | | | | | | |
| 1차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 500 | | |
| 2차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | 1 | | | 486 | 2,215 | |
| 3차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 500 | | |
| 4차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 986 | | |
| : | | | | | | | |
| | | | | | | | |
| 소계 | 목표 | 0 | | | 0 | 0 | |
| | 실적 | 1 | | | 2,472 | 2,215 | |
| 종료 1차년도 | | | | | | | |
| 종료 2차년도 | | | | | | | |
| 종료 3차년도 | | | | | | | |
| 종료 4차년도 | | | | | | | |
| 종료 5차년도 | | | | | | | |
| 소계 | | | | | | | |
| 합계 | | | | | | | |

* 단계별 연구성과 목표는 연차/중간/단계평가의 정량적 평가지표로 활용됨

** 연구성과는 연구개발계획에 맞춰 도출하고 예시와 같이 작성하되 사업단별로 수정하여 사용

나. 품종개발

해당없음

다. 특허

| 지식재산권[발명특허, 실용신안, 의장, 상표, 규격] 등으로 구분하고, 세부적으로 전부(건별로)기록하며, 국외인 경우 반드시 국명을 기록합니다 | | | | | | | | | |
|---|---|------|-------------|------------|-----------------|-------------|-----------|------------|-----|
| 구 분 | 지식재산권 등 명칭 (건별 각각 기재) | 국 명 | 출원 | | | 등 록 | | | 기 타 |
| | | | 출원인 | 출원일 | 출원번호 | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 발명특허 | 신규한 오이과실모틀모자이크바이러스 유래 서브 게놈 프로모터와 발현벡터 제작 및 이의 응용 | 대한민국 | 중앙대학교 산학협력단 | 2014.04.08 | 10-2014-0041785 | | | | |
| 발명특허 | 수박 흰가루병 저항성 개체 판별용 분자마커 및 이의 응용 | 대한민국 | 중앙대학교 산학협력단 | 2015.10.19 | 10-2015-0145359 | | | | |
| 발명특허 | 수박 종자 크기 판별용 분자 마커 및 이의 이용 | 대한민국 | 중앙대학교 산학협력단 | 2015.10.19 | 10-2015-0145360 | | | | |
| 발명특허 | 수박 종자 크기 판별용 분자 마커 및 이의 이용 | 대한민국 | 중앙대학교 산학협력단 | 2015.10.20 | 10-2015-0145853 | | | | |
| 발명특허 | 신규한 오이과실모틀모자이크바이러스 유래 서브 게놈 프로모터와 발현벡터 제작 및 이의 이용 | 대한민국 | | | | 중앙대학교 산학협력단 | 2016.1.26 | 10-1590404 | |
| 발명특허 | 수박 신규 육종소재를 이용한 흰가루병 저항성 개체 선발용 분자 마커 및 이의 이용 | 대한민국 | 중앙대학교 산학협력단 | 2016.04.29 | 10-2016-0053298 | | | | |

라. 논문

| 논문(국내외 전문학술지) 게재 | | | | | | | |
|------------------|---|--|-----------------------------|-------------------|----|----------------------|------------------|
| 번호 | 논문명 | 학술지명 | 주저자명 | 호 | 국명 | 발행기관 | SCI여부 (SCI/비SCI) |
| 1 | Infectivity and complete nucleotide sequence of cucumber fruit mottle mosaic virus isolate Cm cDNA | Arch Virol | Rhee, Sun-Ju, Lee, Gungpyo | 159 1807-1811 | 국외 | Springer | SCI |
| 2 | Construction of a genetic linkage map using a frame set of simple sequence repeat and high-resolution melting markers for watermelon (<i>Citrullus</i> spp.) | Hortic. Environ. Biotechnol. | Rhee, Sun-Ju, Lee, Gungpyo | 56(5) 669-676 | 국외 | Kor. J. Hortic. Sci. | SCI |
| 3 | Transcriptome profiling of differentially expressed genes in floral buds and flowers of male sterile and fertile lines in watermelon | BMC Genomics | Rhee, Sun-Ju, Lee, Gungpyo | 16: 914 | 국외 | Biomedcentral | SCI |
| 4 | Identification of the subgenomic promoter of the coat protein gene of cucumber fruit mottle mosaic virus and development of a heterologous expression vector | Arch Virol | Rhee, Sun-Ju, Lee, Gungpyo | 161: 1527-1538 | 국외 | Springer | SCI |
| 5 | Identification of a Causal Pathogen of Watermelon Powdery Mildew in Korea and Development of a Genetic Linkage Marker for Resistance in Watermelon (<i>Citrullus lanatus</i>) | Korean Journal of Horticultural Science & Technology | Han, Bal-Keum, Lee, Gungpyo | 34(6): 912-923 | 국외 | Kor. J. Hortic. Sci. | SCI |

마. 분자마커

| 분자마커 개발 | | | | |
|---------|-------------------------------------|------|--|-----------|
| 번호 | 특성 | 보유건수 | 주요내용 | 활용년도 |
| 1 | ZYMV 저항성 검정용 | 1 | PI595203의 eIF4E SNP에 기반한 HRM용 마커로 약 400여점의 육종회사 계통 genotyping에 활용함 | 2013-2014 |
| 2 | 수박 감염성 포티바이러스 저항성 검정용 | 1 | PI595203의 eIF4E SNP에 기반한 마커로 기존의 HRM마커를 개량하여, 3' blocked probe를 활용한 asymmetric PCR용 | 2014 |
| 3 | F1 순도검정용 | 1 | 42개 F1품종 순도검정용 마커 | 2014 |
| 4 | 수박 흰가루병 race 1 내병성 | 1 | 수박의 흰가루병 race1 저항성 판별용 HRM 마커 1세트 | 2015 |
| 5 | 수박 흰가루병 race 2 내병성 | 1 | 수박의 흰가루병 race2 저항성 판별용 HRM 마커 1세트 | 2015 |
| 6 | 수박종자크기 판별 | 1 | 수박 NS 종자크기 판별용 HRM 마커 1 세트 | 2015 |
| 7 | 수박종자크기 판별 | 1 | 수박 SS 종자크기 판별용 HRM 마커 1 세트 | 2015 |
| 8 | 수박종자크기 판별 | 1 | 수박 MS 종자크기 판별용 HRM 마커 1 세트 | 2015 |
| 9 | 수박종자크기 판별 | 1 | 수박 TS 종자크기 판별용 HRM 마커 1 세트 | 2015 |
| 10 | 수박 만할병 race0 내병성 | 1 | 수박 만할병 race0 저항성 판별용 HRM 마커 1세트 | 2015 |
| 11 | 수박 응성불임 ms-1 | 1 | 수박 응성불임(ms-1) 개체 판별용 HRM 마커 1세트 | 2015 |
| 12 | 수박 탄저병 저항성 검정용 마커 세트 | 1 | 탄저병 race0 저항성 개체 판별용 HRM 마커 1세트 | 2016 |
| 13 | 수박 국내 포티바이러스 저항성 검정용 마커 세트 | 1 | 국내 포티바이러스 저항성 개체 판별용 HRM 마커 1세트 | 2016 |

바. 유전자원
해당없음

사. 국내매출액
해당없음

아. 종자수출액/수입대체 효과
해당없음

자. 기술이전

| 기술이전 | | | | | |
|------|---------|--|-----------------|------------|----------------|
| 번호 | 기술이전 유형 | 기술실시계약명 | 기술실시 대상기관 | 기술실시 발생일자 | 기술료 (당해연도 발생액) |
| 1 | 기술통상실시권 | 신규한 오이과실모틀모 차이크바이러스 유래 서브 게놈 프로모터와 발현백터 제작 및 이의 이용(특허출원 번호 10-2014-004178 5) 통상실시권 허여 계약 | (주)엔비엠 | 2014.12.31 | 500만원 |
| 2 | 기술통상실시권 | 수박 흰가루병 저항성 개체 판별용 분자 마커 및 이의 용도(제10-2015-0145359호) 통상실시권 허여 | 농업회사법인 (주)파트너종묘 | 2015.11.10 | 800만원 |
| 3 | 기술통상실시권 | 수박 종자크기 판별용 분자 마커 및 이의 용도(제10-2015-0145360호) 통상실시권 허여 | 농업회사법인 (주)파트너종묘 | 2015.11.10 | 600만원 |
| 4 | 기술통상실시권 | 수박 종자크기 판별용 분자 마커 및 이의 용도(제10-2015-0145853호) 통상실시권 허여 | 농업회사법인 (주)파트너종묘 | 2015.11.10 | 600만원 |

차. 마케팅 전략수립 보고서
해당없음

카. 인력양성

| 연구인력 활용/양성 성과 | | | | | | | | | | | | | |
|---------------|------|------|---------|----|----|----|----|---|-----|-----|-----|-----|----|
| 번호 | 분류 | 기준년도 | 인력양성 현황 | | | | | | | | | | |
| | | | 학위별 | | | | 성별 | | 지역별 | | | | |
| | | | 박사 | 석사 | 학사 | 기타 | 남 | 여 | 수도권 | 충청권 | 영남권 | 호남권 | 기타 |
| 1 | 인력양성 | 2014 | 1 | 1 | | | 1 | 1 | 2 | | | | |
| 2 | 인력양성 | 2015 | | 1 | | | | 1 | 1 | | | | |

타. DB구축

| DB구축 | | | | |
|------|-----------------------------|--|------|----|
| 번호 | DB명 | 주요내용 | 구축년도 | 기타 |
| 1 | 수박 국내 우수 2계통 분석 및 blast용 서버 | 수박 SNP 분석 및 연구를 위한 자체 연구용 DB 서버를 구축, 수박 게놈서열 분석을 위한 국내 우수 2계통 및 상호진좌 계통에 대한 blast 및 게놈분석 기능 탑재 | 2014 | |

파. DH계통개발/자원분양

해당 없음

하. 서비스

| 서비스(성분분석, 분자마커, 병리검정, 표현형검정) | | | | |
|------------------------------|--------|------|---|-------|
| 번호 | 서비스 종류 | 점 수 | 주요내용 | 기타 |
| 1 | 분자마커 | 486 | 육종회사 포티바이러스 저항성 계통 육성시 분자마커의 HRM 적용을 통한 genotype 분석 서비스 (96well x 1 plate x 5건) | 2013년 |
| 2 | 병리검정 | 2215 | 육종회사 만할병 저항성 계통육성을 위한 race 0, 1, 2에 대한 저항성 검정 서비스 (50 well/tray x 10 tray x 2건), 육종회사 포티바이러스 저항성 계통 육성시 3종의 바이러스(ZYMV, WMV, PRSV) 접종후 저항성 계통 확인 서비스 (3종 바이러스 x 50개체 x 1건), 국내 및 태국에서 수집된 바이러스병 감염 수박에 대한 바이러스 진단 서비스 (진단프라이머 21종 x 10개체 x 5건) | 2014년 |
| 3 | 분자마커 | 500 | 육종회사 TS종자크기 계통육성을 위한 개체선별 및 흰가루병 저항성 도입을 위한 분자마커 - HRM 적용을 통한 genotype 분석 서비스 (96well / 1 plate x 5건) | 2015년 |
| 4 | 분자마커 | 986 | 육종회사 TS종자크기 계통육성을 위한 개체선별 및 흰가루병 저항성 도입을 위한 분자마커, HRM 적용을 통한 genotype 분석 서비스 (96well / 1 plate x 6건), F1 순도검정을 위한 genotyping 검정 서비스 (96well/plate x 5건) | 2016년 |

3. 제2세부프로젝트 연구성과 목표대비 실적

가. 연구개발 성과목표 대비 실적

(단위 : 건수)

| 성과목표 | 품종개발 | | | 특허 | | 논문 | | 분자 마커 개발 | 유전자원 | | 국내 매출액 | 중자 수출액 | 기술 이전 | 마케팅 전략 추진 보고서 | 인력 양성 |
|---------|--------------|----|----|----|----|-----|----------|----------------|--------|--------|-----------|-----------|----------|------------------------|----------|
| | 생산수입 판매신고 | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비 SCI | | 수 집 | 등 록 | | | | | |
| 최종목표 | | | | 4 | 3 | 5 | 4 | 8 | | | | | | | 7 |
| 1차년도 | 목표 | | | | | | 1 | | | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | | | | | | | | | |
| 2차년도 | 목표 | | | 1 | | | 1 | 2 | | | | | | | 1 |
| | 실적 | | | 2 | | 1 | | 2 | | | | | | | 1 |
| 3차년도 | 목표 | | | | | 1 | | | | | | | | | 1 |
| | 실적 | | | | | 3 | | | | | | | | | 3 |
| 4차년도 | 목표 | | | 1 | | | 1 | 2 | | | | | 2 | | 1 |
| | 실적 | | | 2 | 1 | 1 | | 2 | | | | | | | 3 |
| : | 목표 | | | | | | | | | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | | | | | | | | | |
| 소계 | 목표 | | | 2 | | 1 | 3 | 4 | | | | | 2 | | 3 |
| | 실적 | | | 4 | 1 | 5 | | 4 | | | | | 0 | | 7 |
| 종료 1차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 2차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 3차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 4차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 종료 5차년도 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 소계 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 합계 | | | | | | | | | | | | | | | |

| 성과목표 | DB구축 | DH계통개발 | 자원분양 | 서비스 | | | |
|---------|------|--------|------|------|-----------|------|-------|
| | | | | 성분분석 | 분자미커 | 병리검정 | 표현형검정 |
| 최종목표 | | | | | | | |
| 1차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | |
| 2차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 300점(4종) | | |
| 3차년도 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 1187(4종) | | |
| : | | | | | | | |
| : | | | | | 450(4종) | | |
| 소계 | 목표 | | | | | | |
| | 실적 | | | | 1637점(4종) | | |
| 종료 1차년도 | | | | | | | |
| 종료 2차년도 | | | | | | | |
| 종료 3차년도 | | | | | | | |
| 종료 4차년도 | | | | | | | |
| 종료 5차년도 | | | | | | | |
| 소 계 | | | | | | | |
| 합 계 | | | | | | | |

* 단계별 연구성과 목표는 연차/중간/단계평가의 정량적 평가지표로 활용됨

** 연구성과는 연구개발계획에 맞춰 도출하고 예시와 같이 작성하되 사업단별로 수정하여 사용

나. 품종개발

| 세부적으로 전부(건별로)기록하며, 국외인 경우 반드시 국명을 기록합니다 | | | | | | | | | |
|---|---------------------|-----|-----|-----|------|-----|-----|------|-----|
| 구 분 | 품종 명칭 (건별 각각 기재) | 국 명 | 출 원 | | | 등 록 | | | 기 타 |
| | | | 출원인 | 출원일 | 출원번호 | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |

다. 특허

지식재산권[발명특허, 실용신안, 의장, 상표, 규격] 등으로 구분하고, 세부적으로 전부(건별로)기록하며, 국외인 경우 반드시 국명을 기록합니다

| 구 분 | 지식재산권 등 명칭 (건별 각각 기재) | 국 명 | 출원 | | | 등 록 | | | 기 타 |
|-----|-----------------------------------|------|----------------------|------------|-----------------|----------------------|------------|------------|------|
| | | | 출원인 | 출원일 | 출원번호 | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | 쥬빌리게 수박 호피무늬 형질 선발용 DNA 마커 | 대한민국 | 부산대 산학협력단 (박영훈, 김용재) | 2015.01.31 | 10-2015-0015716 | | | | 발명특허 |
| 2 | 수박의 과형 구별용 DNA 마커 | 대한민국 | 부산대 산학협력단 (박영훈, 김용재) | 2015.01.31 | 10-2015-0015717 | 부산대 산학협력단 (박영훈, 김용재) | 2017.01.17 | 10-1699149 | 발명특허 |
| 3 | 쥬빌리 타입 또는 크립슨 타입 수박 품종 판별용 SNP 마커 | 대한민국 | 부산대 산학협력단 (박영훈, 박기림) | 2016.12.29 | 10-2016-0182676 | | | | 발명특허 |
| 4 | 수박 분자마커이용여교잡 선발용 SNP 마커 | 대한민국 | 부산대 산학협력단 (박영훈, 정재민) | 2016.12.29 | 10-2016-0182679 | | | | 발명특허 |

라. 논문

| 논문(국내외 전문학술지) 게재 | | | | | | | |
|------------------|--|--|--------------|--------------------------------------|------|--------|---------------------|
| 번호 | 논문명 | 학술지명 | 주저자명 | 호 | 국명 | 발행기관 | SCI여부 (SCI/비SCI) |
| 1 | Interspecific Transferability of Watermelon EST-SSRs Assessed by Genetic Relationship Analysis of Cucurbitaceous Crops | Korean Journal of Horticultural Science & Technology | Hyeogjun Kim | 33:93-105 | 대한민국 | 한국원예학회 | SCI |
| 2 | Sequence-Characterized amplified polymorphism markers for selecting rind stripe pattern in watermelon (<i>Citrullus lanatus</i> L.) | HORTICULTURE ENVIRONMENT AND BIOTECHNOLOGY | 김혁준 | 56(3) 341-349 | 대한민국 | 한국원예학회 | SCI |
| 3 | The CmACS-7 gene provides sequence variation for development of DNA markers associated with monoecious sex expression in melon (<i>Cucumis melo</i> L.) | HORTICULTURE ENVIRONMENT AND BIOTECHNOLOGY | 김나희 | 56(4) 535-545 | 대한민국 | 한국원예학회 | SCI |
| 4 | Major Quantitative Trait Loci and Putative Candidate Genes for Powdery Mildew Resistance and Fruit-Related Traits Revealed by an Intraspecific Genetic Map for Watermelon (<i>Citrullus lanatus</i> var. <i>lanatus</i>) | Plos One | 김광환 | DIO: 10.1371/journal.pone.0145665 | 미국 | PLOS | SCI |
| 5 | Evaluation of DNA Markers for Fruit-related Traits and Genetic Relationships Based on Single Sequence Repeats in Watermelon Accessions | 원예과학기술지 | 김병규 | 35(1) 108-120 | 대한민국 | 한국원예학회 | SCI |

마. 분자마커

| 분자마커 개발 | | | | |
|---------|---|------|--|-----------|
| 번호 | 특성 | 보유건수 | 주요내용 | 활용년도 |
| 1 | 수박과육색 검정용 PCR-based functional marker | 2 | 수박과육색 중 적육과 황육을 구분하는 마커로 라이코펜 생합성 유전자 LCYB의 promoter로부터 개발되어 보고된 것을 국내소재로 재검증한 후 HT-genotyping용 KASPar 마커로 전환되어진 마커와 SCAR 마커 | 2014-2015 |
| 2 | 수박과육색 검정용 PCR-based functional marker | 2 | 수박과육색 중 적육과 황육을 구분하는 마커로 라이코펜 생합성 유전자 LCYB의 exondm로부터 개발되어 보고된 것을 국내소재로 재검증한 후 HT-genotyping용 KASPar 마커로 전환되어진 마커와 CAPS 마커 | 2014-2015 |
| 3 | 쥬빌리계와 크립슨계 특이적 SNP 마커 세트 | 45 | 19개 수박 계통에 대한 전장유전체염기서열분석을 통해 쥬빌리계와 크립슨계 수박을 구분하는 마커세트를 개발하였으며, 향후 두 타입간 여교잡 등 MAS에 활용 가능 | 2017- |
| 4 | 수박 MABC용 SNP 마커 세트 | 55 | 96개 수박 계통의 GBS를 통해 발굴한 대량 SNP 중 각 11개 염색체를 대표하는 5개씩의 MABC용 마커를 개발함 | 2017- |

바. 유전자원

| 세부적으로 전부(건별)기록 | | | | | | |
|----------------|----|----|-----|-----|------|-----|
| 번호 | 특성 | 수집 | 등록 | | | 기 타 |
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| | | | | | | |
| | | | | | | |

사. 국내대출액

| 국내 종자 판매 실적 | | | |
|-------------|----|-----|-----|
| 번호 | 일자 | 판매처 | 대출액 |
| | | | |
| | | | |

아. 종자수출액/수입대체 효과

| 종자수출액(USD) | | | | |
|------------|------|-----|-----|------|
| 번호 | 수출품목 | 수출액 | | |
| | | 수출일 | 수출국 | 수출금액 |
| | | | | |
| | | | | |

자. 기술이전

| 기술이전 | | | | | |
|------|---------|---------|-----------|-----------|----------------|
| 번호 | 기술이전 유형 | 기술실시계약명 | 기술실시 대상기관 | 기술실시 발생일자 | 기술료 (당해연도 발생액) |
| | | | | | |
| | | | | | |

차. 마케팅 전략수립 보고서

| 기타 활용 및 홍보실적(단행본 발간, CD 제작 등) | | | |
|-------------------------------|----|------|------|
| 번호 | 일자 | 활용명칭 | 활용내역 |
| | | | |
| | | | |

카. 인력양성

| 연구인력 활용/양성 성과 | | | | | | | | | | | | | |
|---------------|----------------|--------------------|---------|----|----|----|----|---|-----|-----|-----|-----|----|
| 번호 | 분류 | 기준년도 | 인력양성 현황 | | | | | | | | | | |
| | | | 학위별 | | | | 성별 | | 지역별 | | | | |
| | | | 박사 | 석사 | 학사 | 기타 | 남 | 여 | 수도권 | 충청권 | 영남권 | 호남권 | 기타 |
| 1 | 학위취득 및 석사과정 진학 | 2015. 9 | | | 1 | | | 1 | | | 1 | | |
| 2 | 학위취득 및 취업 | 2015. 9 2016. 2 | | 3 | | | 1 | 2 | | | 3 | | |
| 3 | 학위취득 및 취업 | 2016. 8 2017. 2 | 1 | 2 | | | 2 | 1 | | | 3 | | |

타. DB구축

| DB구축 | | | | |
|------|-----|------|------|----|
| 번호 | DB명 | 주요내용 | 구축년도 | 기타 |
| | | | | |
| | | | | |

파. DH계통개발/자원분양

| DH계통개발 | | | | |
|--------|-----|------|-----|----|
| 구분 | 계통명 | 계통특성 | 분양처 | 기타 |
| | | | | |
| | | | | |

하. 서비스

| 서비스(성분분석, 분자마커, 병리검정, 표현형검정) | | | | |
|------------------------------|--------|------|-------------------|----|
| 번호 | 서비스 종류 | 점 수 | 주요내용 | 기타 |
| 1 | 분자마커 | 1637 | 수박 흰가루저항성, 과특성 마커 | |

4. 제3세부프로젝트 연구성과 목표대비 실적

가. 연구개발 성과목표 대비 실적

(단위 : 건수)

| 성과목표 | 품종개발 | | | 특허 | | 논문 | | 분자 마커 개발 | 유전자원 | | | DB 구축 | |
|------|--------------|--------|--------|--------|--------|-----|----------|----------------|------|-----|------------|----------|--|
| | 생산수입 판매신고 | 출 원 | 등 록 | 출 원 | 등 록 | SCI | 비 SCI | | 수집 | 등록 | 우량계 통분양 | | |
| 최종목표 | | | | | | | | | | | | | |
| 1차년 | 목표 | | | | | | | | | 40 | 40 | - | |
| | 실적 | | | | | | | | | 45 | 45 | - | |
| 2차년 | 목표 | | | | | | | | | 40 | 40 | - | |
| | 실적 | | | | | | | | | 50 | 50 | - | |
| 3차년 | 목표 | | | | | | | | | 40 | 40 | - | |
| | 실적 | | | | | | | | | 70 | 70 | - | |
| 4차년 | 목표 | | | | | | | | | 40 | 40 | - | |
| | 실적 | | | | | | | | | 60 | 60 | 31 | |
| 2단계 | 목표 | | | | | | | | | | | | |
| | 실적 | | | | | | | | | | | | |
| 소계 | 목표 | | | | | | | | | 160 | 160 | - | |
| | 실적 | | | | | | | | | 225 | 225 | 31 | |
| 소 계 | | | | | | | | | | | | | |
| 합 계 | | | | | | | | | | | | | |

* 단계별 연구성과 목표는 연차/중간/단계평가의 정량적 평가지표로 활용됨

** 연구성과는 연구개발계획에 맞춰 도출하고 예시와 같이 작성하되 사업단별로 수정하여
사용

나. 품종개발 : 해당없음

다. 특허 : 해당없음

라. 논문 : 해당없음

마. 분자마커 : 해당없음

바. 유전자원

<1년차 결과>

| 세부적으로 전부(건별로)기록 | | | | | | | | |
|-----------------|------------|--------|-----------------------|----|-----|-----------|---------|-----|
| 번호 | 특성* | 품종명 | | 수집 | 등록 | | | 기 타 |
| | | 한글명 | 영명 | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | 타원형 | 라한과왕 | Lanhan gua wang | | 이우문 | '14.1.24 | K229525 | |
| 2 | 타원형 | 라한록장롱 | Lanhan lu changlong | | 이우문 | '14.1.24 | K229526 | |
| 3 | 원형 | 대지뢰188 | Da dilei 188 | | 이우문 | '14.1.24 | K229527 | |
| 4 | 원형 | 쌍항대지뢰 | Shuang kang da dilei | | 이우문 | '14.1.24 | K229528 | |
| 5 | 원형 | 쌍성(정품) | Shuangxing | | 이우문 | '14.1.24 | K229529 | |
| 6 | 타원형 | 미관 | Mei guan | | 이우문 | '14.1.24 | K229530 | |
| 7 | 원형 | 황금보 | Huangjin bao | | 이우문 | '14.1.24 | K229531 | |
| 8 | 원형 | 항병풍원 | Kang bing feng yuan | | 이우문 | '14.1.24 | K229532 | |
| 9 | 원형 | 조가 | Zao jia | | 이우문 | '14.1.24 | K229533 | |
| 10 | 타원형 | 항병화금보 | Kang bing hua jinbao | | 이우문 | '14.1.24 | K229534 | |
| 11 | 타원형, 흑피 | 항병흑거패 | Kang bing hei ju ba | | 이우문 | '14.1.24 | K229535 | |
| 12 | 원형, 흑피황색반점 | 파리구서과 | Boli qiu xigua | | 이우문 | '14.1.24 | K229536 | |
| 13 | 타원형 | 대판흑미인 | Taiwan hei meiren | | 이우문 | '14.1.24 | K229537 | |
| 14 | 원형 | 명품 | Mingpin | | 이우문 | '14.1.24 | K229538 | |
| 15 | 타원형 | 조관거용 | Zao guan ju long | | 이우문 | '14.1.24 | K229539 | |
| 16 | 타원형 | 녹패왕 | Lu bawang | | 이우문 | '14. 1.24 | K229540 | |
| 17 | 원형 | 지뢰왕 | Dilei wang | | 이우문 | '14. 1.24 | K229541 | |
| 18 | 타원형, 흑피 | 미국흑장군 | Meiguo hei jiangjun | | 이우문 | '14. 1.24 | K229542 | |
| 19 | 원형 | 일품 | Yipin | | 이우문 | '14. 1.24 | K229543 | |
| 20 | 타원형 | 흑관 | Hei guan | | 이우문 | '14. 1.24 | K229544 | |
| 21 | 원형 | 양천뢰패 | Jingtian lei ba | | 이우문 | '14. 1.24 | K229545 | |
| 22 | 원형 | 만당홍 | Mantanghong | | 이우문 | '14. 1.24 | K229546 | |
| 23 | 원형 | 우관 | Fu guan | | 이우문 | '14. 1.24 | K229547 | |
| 24 | 원형 | 우세189 | Youshi 189 | | 이우문 | '14. 1.24 | K229548 | |
| 25 | 원형 | 천보 | Jipin hong yan | | 이우문 | '14. 1.24 | K229549 | |
| 26 | 원형 | 금제 | Jin di | | 이우문 | '14. 1.24 | K229550 | |
| 27 | 원형 | 철황후 | Tie huanghou | | 이우문 | '14. 1.24 | K229551 | |
| 28 | 원형 | 홍대 | Hong da | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243482 | |
| 29 | 원형 | 금학밀란 | Jin he mi lan | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243483 | |
| 30 | 타원형 | 소천사 | Xiao tiansh i | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243484 | |
| 31 | 원형 | 설봉조밀 | Xue feng zao mi | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243485 | |
| 32 | 원형 | 보관무자일호 | Baoguan wu zi 1 | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243486 | |
| 33 | 원형 | 금학미옥 | Jin he meiyu | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243487 | |
| 34 | 타원형 | 유우미기린 | Yu youmei qilin | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243488 | |
| 35 | 타원형 | 금학흑미롱 | Jin he hei mei long | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243489 | |
| 36 | 원형 | 금학옥봉 | Jinheyu feng | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243490 | |
| 37 | 타원형 | 진은가령 | Quan yin jia ling | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243491 | |
| 38 | 타원형 | 정품춘홍옥 | Zhengpin chun hong yu | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243492 | |
| 39 | 원형 | 아란 | Ya lan | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243493 | |
| 40 | 타원형 | 첩뉴 | Tian niu | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243494 | |
| 41 | 타원형 | 안생홍미인 | Ansheng hong meiren | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243495 | |
| 42 | 타원형 | 황금삼호 | Huangjin 3 | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243496 | |
| 43 | 원형 | 천정삼호 | Qian ding 3 | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243497 | |
| 44 | 원형 | 천정사호 | Qian ding 4 | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243498 | |
| 45 | 원형 | 국예이호 | Guo yu 2 | | 이우문 | '14. 3. 4 | K243499 | |

<2년차 결과>

| 세부적으로 전부(건별로)기록 | | | | | | | | |
|-----------------|-----|---------|---------------------------|----|-----|---------|---------|--------|
| 번호 | 특성 | 품종명 | | 수집 | 등록 | | | 기 타 |
| | | 한글명 | 영명 | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | 타원형 | 청피패한 | Qingpi ba han | | 박태성 | '15.01. | K247558 | |
| 2 | 원형 | 전복삼호 | Quan fu 3 | | 박태성 | '15.01. | K247559 | |
| 3 | 타원형 | 패성삼호 | Ba xing 3 | | 박태성 | '15.01. | K247560 | |
| 4 | 구형 | 전복008 | Quan fu 008 | | 박태성 | '15.01. | K247561 | |
| 5 | 타원형 | 패성구호 | Ba xing 9 | | 박태성 | '15.01. | K247562 | |
| 6 | 타원형 | 굉오칠호 | Hong ao 7 | | 박태성 | '15.01. | K247563 | |
| 7 | 구형 | 굉오106 | Hong ao 106 | | 박태성 | '15.01. | K247564 | |
| 8 | 구형 | 신세기흑패 | Xin shiji hei ba | | 박태성 | '15.01. | K247565 | |
| 9 | 구형 | 설봉신일호 | Xue feng xin 1 | | 박태성 | '15.01. | K247566 | |
| 10 | 타원형 | 흑마왕자 | Heima wangzi | | 박태성 | '15.01. | K247567 | |
| 11 | 구형 | 서농구호 | Xi nong 9 | | 박태성 | '15.01. | K247568 | |
| 12 | 구형 | 룡발88무자 | Long fa 88 wu zi | | 박태성 | '15.01. | K247569 | |
| 13 | 타원형 | 봉악오호 | Feng le 5 | | 박태성 | '15.01. | K247570 | |
| 14 | 원형 | 춘만원 | Chun man yuan | | 박태성 | '15.01. | K247571 | |
| 15 | 타원형 | 봉악상룡 | Feng le xiang long | | 박태성 | '15.01. | K247572 | |
| 16 | 원형 | 황밀일호 | Huang mi 1 | | 박태성 | '15.01. | K247573 | |
| 17 | 타원형 | 봉항팔호 | Feng kang 8 | | 박태성 | '15.01. | K247574 | |
| 18 | 구형 | 옥령룡 | Yu linglong | | 박태성 | '15.01. | K247575 | |
| 19 | 구형 | 신우보화 | Xin you bao hua | | 박태성 | '15.01. | K247576 | |
| 20 | 타원형 | 록보 천하 | Lu bao tianxia | | 박태성 | '15.01. | K247577 | |
| 21 | 구형 | 록보복과대우원 | Lu bao fu gua da you yuan | | 박태성 | '15.01. | K247578 | |
| 22 | 타원형 | 구주풍폭 | Ouzhou fengbao | | 박태성 | '15.01. | K247579 | |
| 23 | 타원형 | 신잡기팔호 | Xin kaqi 8 | | 박태성 | '15.01. | K247580 | |
| 24 | 타원형 | 예예2000 | Yu yi 2000 | | 박태성 | '15.01. | K247581 | |
| 25 | 타원형 | 예예조항삼호 | Yu yi zao kang 3 | | 박태성 | '15.01. | K247582 | |
| 26 | 타원형 | 특선조항이호 | Te xuan zao kang 2 | | 박태성 | '15.01. | K247583 | |

세부적으로 전부(건별로)기록

| 번호 | 특성 | 품종명 | | 수집 | 등록 | | | 기 타 |
|----|------|---------|---------------------------|----|-----|---------|---------|--------|
| | | 한글명 | 영명 | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 27 | 타원형 | 화미과패 | Hua mi gua ba | | 박태성 | '15.01. | K247584 | |
| 28 | 구형 | 련농신K8 | Lian nong xin K8 | | 박태성 | '15.01. | K247585 | |
| 29 | 구형 | 신우보가 | Xin you bao jia | | 박태성 | '15.01. | K247586 | |
| 30 | 타원형 | 신화왕 | Xin huawang | | 박태성 | '15.01. | K247587 | |
| 31 | 구형 | 쌍항경혼왕 | Shuang kang jing xin wang | | 박태성 | '15.01. | K247588 | |
| 32 | 타원형 | 중치흑패왕 | Chongcha hei bawang | | 박태성 | '15.01. | K247589 | |
| 33 | 원형 | 항병특대지퇴왕 | Kang bing teda dilei wang | | 박태성 | '15.01. | K247590 | |
| 34 | 원형 | 미국피투 | Meiguo pite | | 박태성 | '15.01. | K247591 | |
| 35 | 원형 | 초점지퇴왕 | Chao tian dilei wang | | 박태성 | '15.01. | K247592 | |
| 36 | 타원형 | 대화룡 | Da hua long | | 박태성 | '15.01. | K247593 | |
| 37 | 구형 | 중치지퇴왕 | Chongcha dilei wang | | 박태성 | '15.01. | K247594 | |
| 38 | 타원형 | 겹조숙21천 | Ji zaoshu 21 tian | | 박태성 | '15.01. | K247595 | |
| 39 | 구형 | 항렬경혼왕일호 | Kang lie jing xin wang 1 | | 박태성 | '15.01. | K247596 | |
| 40 | 구형 | 예해성구 | Yi hai xingqiu | | 박태성 | '15.01. | K247597 | |
| 41 | 타원형 | 중천이호 | Zhong tian 2 | | 박태성 | '15.01. | K247598 | |
| 42 | 정원형 | 귀비 | Guifei | | 박태성 | '15.01. | K247599 | |
| 43 | 타원형 | 섬향오호 | Shan kang 5 | | 박태성 | '15.01. | K247600 | |
| 44 | 장타원형 | 진홍209 | Qin hong 209 | | 박태성 | '15.01. | K247601 | |
| 45 | 타원형 | 흑수룡권풍 | Hei xiu longjuanfeng | | 박태성 | '15.01. | K247602 | |
| 46 | 타원형 | 신계우 | Xin jiyu | | 박태성 | '15.01. | K247603 | |
| 47 | 타원형 | 록보신흑수 | Lu bao xin hei shuai | | 박태성 | '15.01. | K247604 | |
| 48 | 타원형 | 흑천패 | Hei tian ba | | 박태성 | '15.01. | K247605 | |
| 49 | 타원형 | 과농삼호 | Ke nong 3 | | 박태성 | '15.01. | K247606 | |
| 50 | 타원형 | 과농구호 | Ke nong 9 | | 박태성 | '15.01. | K247607 | |

<3년차 결과>

| 번호 | 과형 | 품종명 | | 수집 | 등록 | | | 기타 |
|----|------|-------------|-----------------------------------|----|-----|--------|------|----|
| | | 한글명 | 영명 | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | 타원형 | 미국선봉 | Meiguo xianfeng | | 박태성 | '15.12 | | |
| 2 | 타원형 | 시대선봉 | Shidai xianfeng | | 박태성 | '15.12 | | |
| 3 | 원형 | 뇌신5호 | Leishen 5 hao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 4 | 타원형 | 미국오성상장 | Meiguo wuxing shang jiang | | 박태성 | '15.12 | | |
| 5 | 타원형 | 개선신일대 | Kaixuan xin yidai | | 박태성 | '15.12 | | |
| 6 | 타원형 | 뢰한흑패왕 | Lanhan hei bawang | | 박태성 | '15.12 | | |
| 7 | 원형 | 원예지성 | Yuanyi zhixing | | 박태성 | '15.12 | | |
| 8 | 원형 | 잡기(동경난귀인) | Kaqi (dongjing lan guiren F1) | | 박태성 | '15.12 | | |
| 9 | 원형 | 소애신 | Xiao ai shen | | 박태성 | '15.12 | | |
| 10 | 타원형 | 파비 | Ba pi | | 박태성 | '15.12 | | |
| 11 | 타원형 | 잡기극품흑미인 | Kaqi jipin hei meiren F1 | | 박태성 | '15.12 | | |
| 12 | 원형 | 흑지뢰 | Hei dilei | | 박태성 | '15.12 | | |
| 13 | 원형 | 뢰한경흔왕 | Lanhan jing xin wang | | 박태성 | '15.12 | | |
| 14 | 타원형 | 특대뢰한과왕 | Teda lanhan gua wang | | 박태성 | '15.12 | | |
| 15 | 타원형 | 중화국보 | Zhonghua guobao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 16 | 원형 | 신화(조가84-24) | Shen he (zao jia 84-24) | | 박태성 | '15.12 | | |
| 17 | 고원형 | 태국당기린 | Taiguo tang qilin (108-A) | | 박태성 | '15.12 | | |
| 18 | 타원형 | 특대신홍보 | Teda xin hong bao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 19 | 원형 | 강병지뢰왕 | Kang bing dilei wang | | 박태성 | '15.12 | | |
| 20 | 원형 | 조가 | Zao jia 84-24 | | 박태성 | '15.12 | | |
| 21 | 타원형 | 금색여인 | Jinse liren | | 박태성 | '15.12 | | |
| 22 | 타원형 | 부수 | Fu xiu | | 박태성 | '15.12 | | |
| 23 | 타원형 | 밀소보 | Mi xiao bao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 24 | 타원형 | 화강용봉 | Hua kang long feng | | 박태성 | '15.12 | | |
| 25 | 타원형 | 아주거용 | Yazhou ju long | | 박태성 | '15.12 | | |
| 26 | 원형 | 일본봉항팔 | Riben feng kang ba hao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 27 | 원형 | 가진 | Jia zhen | | 박태성 | '15.12 | | |
| 28 | 장타원형 | 서역성 | Xiyu xing | | 박태성 | '15.12 | | |
| 29 | 장타원형 | 가다보 | Jia duo bao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 30 | 원형 | 호봉대과흑미인인 | Hao feng da guo hei meiren ren | | 박태성 | '15.12 | | |
| 31 | 원형 | 초침항병경흔왕 | Chao tian kang bing jing xin wang | | 박태성 | '15.12 | | |

| | | | | | | | | |
|----|----------|-------------------|--------------------------------|--|-----|--------|--|--|
| 32 | 타원형 | 빙기림서과 | Bingqilin xigua | | 박태성 | '15.12 | | |
| 33 | 장타원형 | F1태만신태농팔호 | F1 taiwan xintai nong ba hao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 34 | 타원형 | 신선서농구호 | Xin xuan xi nong jiu hao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 35 | 장타원형 | 특대경봉흑침왕 | Teda jing feng hei tian wang | | 박태성 | '15.12 | | |
| 36 | 원형 | 경용보3호 | Jing long bao 3 hao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 37 | 타원형 | 흔영유 | Xin ling yu | | 박태성 | '15.12 | | |
| 38 | 타원형 | 국심홍관용 | Guo shen hong guan long | | 박태성 | '15.12 | | |
| 39 | 원형 | 왕자지존 | Wangzhe zhi zun | | 박태성 | '15.12 | | |
| 40 | 원형 | 금소봉 | Jinxiaofeng | | 박태성 | '15.12 | | |
| 41 | 타원형 | 첨왕기린과 | Tian wang qilin gua | | 박태성 | '15.12 | | |
| 42 | 원형 | 특대정잡오호 | Teda zheng za wu hao | | 박태성 | '15.12 | | |
| 43 | 장타원형 | 과용 | Ke long 208 | | 박태성 | '15.12 | | |
| 44 | 장타원형 | 항병서농팔 | Kang bing xi nong ba | | 박태성 | '15.12 | | |
| 45 | 타원형 | 산디아 슈가 베이비 | SANDIA SUGAR BABY | | 박태성 | '15.12 | | |
| 46 | 둥근 타원형 | 산디아 크림슨 스위트 | Sandia Crimson Sweet | | 박태성 | '15.12 | | |
| 47 | 원형 | 산디아 슈가 베이비 | Sandia Sugar Baby | | 박태성 | '15.12 | | |
| 48 | 둥근 타원형 | 크림슨 스위트 | Crimson Sweet | | 박태성 | '15.12 | | |
| 49 | 가늘고 긴 모양 | 워터멜론 머리디언 | WATERMELON MERIDIAN | | 박태성 | '15.12 | | |
| 50 | 둥근 타원형 | 산디아 에콜로지카 크림슨 스위트 | SANDIA ECOLOGICA CRIMSON SWEET | | 박태성 | '15.12 | | |
| 51 | 가늘고 긴 모양 | 산디아 클론다이크 RS57 | Sandia Klondike RS57 | | 박태성 | '15.12 | | |
| 52 | 타원형 | 멜란시아 라운드 | MELANCIA REDONDA | | 박태성 | '15.12 | | |
| 53 | 타원형 | 올림피아 | Olimpia | | 박태성 | '15.12 | | |
| 54 | 타원형 | 멜란시아 크림슨 | Melancia Crimson Sweet | | 박태성 | '15.12 | | |
| 55 | 장타원형 | 멜란시아 페어팩스 | Melancia Fairfax | | 박태성 | '15.12 | | |
| 56 | 원형 | 멜란시아 오마루 야마토 | MELANCIA OMARU YAMATO | | 박태성 | '15.12 | | |
| 57 | 장타원형 | 멜란시아 페어팩스 | MELANCIA FAIRFAX | | 박태성 | '15.12 | | |
| 58 | 원형 | 멜란시아 크림슨 플러스 | MELANCIA CRIMSON SELECT PLUS | | 박태성 | '15.12 | | |
| 59 | 장타원형 | 멜란시아 콩고 | MELANCIA CONGO | | 박태성 | '15.12 | | |
| 60 | 장타원형 | 멜란시아 찰스톤 그레이 | Melancia Charleston Gray | | 박태성 | '15.12 | | |
| 61 | 타원형 | 미니 이브리두 베니 마쿠라 | Mini Hibrido Beni Makura | | 박태성 | '15.12 | | |
| 62 | 장타원형 | 멜란시아 페어팩스 | Melancia Fairfax | | 박태성 | '15.12 | | |
| 63 | 장타원형 | 멜란시아 찰스톤 그레이 수페르 | Melancia CHARLESTON GRAY SUPER | | 박태성 | '15.12 | | |

| | | | | | | | | |
|----|-----|--------------|-------------------------|--|-----|--------|--|--|
| 64 | 원형 | 뉴 베니 코다마 | Hibrida New Beni Kodama | | 박태성 | '15.12 | | |
| 65 | 타원형 | 타이오 | Taiyo | | 박태성 | '15.12 | | |
| 66 | | 멜란시아 오마루 야마토 | Melancia OMARU YAMATO | | 박태성 | '15.12 | | |
| 67 | | 발도리아 | Valdoria | | 박태성 | '15.12 | | |
| 68 | | 9601HQ | 9601HQ | | 박태성 | '15.12 | | |
| 69 | | 프리미엄 | premium | | 박태성 | '15.12 | | |
| 70 | | ACX5117T | ACX5117T | | 박태성 | '15.12 | | |

<4년차 결과>

| No | 과형 | 품종명 | 등록인 | 등록일 | 등록번호 |
|----|-----|---|-----|--------|---------|
| 1 | 장타원 | 수박(Καρπουζι Charleston) | 박태성 | '16.12 | K260844 |
| 2 | 타원 | 수박(Καρπουζι Crimson Sweet) | 박태성 | '16.12 | K260845 |
| 3 | 구형 | 수박(ANGURIA Sugar Baby) | 박태성 | '16.12 | K260846 |
| 4 | 타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ CRIMSON SWEET) | 박태성 | '16.12 | K260847 |
| 5 | 장타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ ΒΑΡΕΛΑ BLUE RIBBON) | 박태성 | '16.12 | K260848 |
| 6 | 구형 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ ΜΑΥΡΟ SUGAR BABY) | 박태성 | '16.12 | K260849 |
| 7 | 구형 | 수박(Vilmorin Crimsom Sweet) | 박태성 | '16.12 | K260850 |
| 8 | 구형 | 수박(Vilmorin Sugar Baby) | 박태성 | '16.12 | K260851 |
| 9 | 구형 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ CRIMSON SWEET ΒΙΟΛΟΓΙΚΟ) | 박태성 | '16.12 | K260852 |
| 10 | 구형 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ CRIMSON SWEET Λαxavika) | 박태성 | '16.12 | K260853 |
| 11 | 장타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ Klondike) | 박태성 | '16.12 | K260854 |
| 12 | 타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ Sugar Baby) | 박태성 | '16.12 | K260855 |
| 13 | 타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ Crimson Sweet) | 박태성 | '16.12 | K260856 |
| 14 | 타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ ΣΤΡΟΓΓΥΛΟ SUGAR BABY) | 박태성 | '16.12 | K260857 |
| 15 | 장타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ ΒΑΡΕΛΑ CHARLESTON GRAY) | 박태성 | '16.12 | K260858 |
| 16 | 타원 | 수박(ΚΑΡΠΙΟΥΖΙ CRIMSON SWEET) | 박태성 | '16.12 | K260859 |
| 17 | 구형 | 수박(Bakker Brothers Crimson Sweet) | 박태성 | '16.12 | K260860 |
| 18 | 구형 | 수박(Baker Creek Heirloom Seeds(BCHS) Sugar Baby) | 박태성 | '16.12 | K260861 |
| 19 | 단타원 | 수박(BCHS Klondike Blue Ribbon Striped) | 박태성 | '16.12 | K260862 |
| 20 | 단타원 | 수박(BCHS Golden Honey) | 박태성 | '16.12 | K260863 |
| 21 | 타원 | 수박(BCHS Tendergold) | 박태성 | '16.12 | K260864 |
| 22 | 장타원 | 수박(BCHS Kleckley's Sweet) | 박태성 | '16.12 | K260865 |
| 23 | 장타원 | 수박(BCHS Charleston Gray) | 박태성 | '16.12 | K260866 |
| 24 | 장타원 | 수박(BCHS Jubilee Bush) | 박태성 | '16.12 | K260867 |
| 25 | 구형 | 수박(BCHS Dixie Queen) | 박태성 | '16.12 | K260868 |
| 26 | 단타원 | 수박(BCHS Daisy or Yellow Shipper) | 박태성 | '16.12 | K260869 |
| 27 | 장타원 | 수박(BCHS Irish Grey) | 박태성 | '16.12 | K260870 |
| 28 | 구형 | 수박(BCHS Colorado Preserving or Red Seeded Citron) | 박태성 | '16.12 | K260871 |

| | | | | | |
|----|-----|---|-----|--------|---------|
| 29 | 구형 | 수박(BCHS King and Queen of Winter) | 박태성 | '16.12 | K260872 |
| 30 | 단타원 | 수박(BCHS OSH Kirgizia) | 박태성 | '16.12 | K260873 |
| 31 | 장타원 | 수박(BCHS Ali BABA) | 박태성 | '16.12 | K260874 |
| 32 | 단타원 | 수박(BCHS Japanese Cream Fleshed Suika) | 박태성 | '16.12 | K260875 |
| 33 | 장타원 | 수박(BCHS Orangeglo) | 박태성 | '16.12 | K260876 |
| 34 | 타원형 | 수박(BCHS Orange Flesh Tendersweet) | 박태성 | '16.12 | K260877 |
| 35 | 타원형 | 수박(BCHS Moon & Stars) | 박태성 | '16.12 | K260878 |
| 36 | 장타원 | 수박(BCHS Strawberry) | 박태성 | '16.12 | K260879 |
| 37 | 장타원 | 수박(BCHS Ledmon) | 박태성 | '16.12 | K260880 |
| 38 | 장타원 | 수박(BCHS Georgia Rattlesnake) | 박태성 | '16.12 | K260881 |
| 39 | 구형 | 수박(BCHS Royal Golden) | 박태성 | '16.12 | K260882 |
| 40 | 구형 | 수박(BCHS Chilean Black-seeded) | 박태성 | '16.12 | K260883 |
| 41 | 장타원 | 수박(BCHS Moon & Stars Yellow Fleshed) | 박태성 | '16.12 | K260884 |
| 42 | 타원 | 수박(BCHS Desert King) | 박태성 | '16.12 | K260885 |
| 43 | 구형 | 수박(BCHS White Sugar lump) | 박태성 | '16.12 | K260886 |
| 44 | 구형 | 수박(BCHS White Wonder) | 박태성 | '16.12 | K260887 |
| 45 | 타원형 | 수박(BCHS Black Diamond) | 박태성 | '16.12 | K260888 |
| 46 | 구형 | 수박(BCHS Stone Mountain) | 박태성 | '16.12 | K260889 |
| 47 | 장타원 | 수박(BCHS Jubilee) | 박태성 | '16.12 | K260890 |
| 48 | 장타원 | 수박(BCHS Tom Watson) | 박태성 | '16.12 | K260891 |
| 49 | 타원 | 수박(BCHS Missouri Heirloom Yellow Flesh) | 박태성 | '16.12 | K260892 |
| 50 | 장타원 | 수박(BCHS Congo) | 박태성 | '16.12 | K260893 |
| 51 | 구형 | 수박(BCHS Wilson's Sweet) | 박태성 | '16.12 | K260894 |
| 52 | 구형 | 수박(BCHS Golden Russian) | 박태성 | '16.12 | K260895 |
| 53 | 장타원 | 수박(BCHS Ancient) | 박태성 | '16.12 | K260896 |
| 54 | 구형 | 수박(BCHS Black Seeded Ice Cream) | 박태성 | '16.12 | K260897 |
| 55 | 구형 | 수박(BCHS Blacktail Mountain) | 박태성 | '16.12 | K260898 |
| 56 | - | 수박(BCHS Sugar Baby Bush) | 박태성 | '16.12 | K260899 |
| 57 | 구형 | 수박(BCHS Sweet Dakota Rose) | 박태성 | '16.12 | K260900 |
| 58 | 구형 | 수박(BCHS Navajo Winter) | 박태성 | '16.12 | K260901 |
| 59 | 장타원 | 수박(BCHS Janosik) | 박태성 | '16.12 | K260902 |
| 60 | 구형 | 수박(BCHS Cream of Saskatchewan) | 박태성 | '16.12 | K260903 |

사. 국내매출액 : 해당없음

아. 종자수출액/수입대체 효과 : 해당없음

자. 기술이전 : 해당없음

차. 마케팅 전략수립 보고서 : 해당없음

카. 인력양성 : 해당없음

타. DB구축 : 해당없음

파. DH계통개발/자원분양 : 해당없음

하. 서비스 : 해당없음

5. 제4세부프로젝트 연구성과 목표대비 실적

가. 연구개발 성과목표 대비 실적

(단위 : 건수)

| 성과목표 | 품종개발 | | | 특허 | | 논문 | | 분자 마커 개발 | 유전자원 | | | DB 구축 |
|----------|--------------|--------|--------|--------|--------|-----|----------|----------------|----------------------------|--------------------|----------------------------|----------|
| | 생산수입 판매신고 | 출 원 | 등 록 | 출 원 | 등 록 | SCI | 비 SCI | | F ₂ 계통 전개 | 우 량 계통 분양 | 유 전 자 원 수 집 | |
| 최종목표 | | | | | | | | | | | | |
| 1차년 도 | 목표 | | | | | | | | 10 | 20 | 10 | |
| | 실적 | | | | | | | | 22 | 289 | 14 | |
| 2차년 도 | 목표 | | | | | | | | 15 | 50 | 20 | |
| | 실적 | | | | | | | | 20 | 209 | 16 | |
| 3차년 도 | 목표 | | | | | | | | 21 | 70 | 20 | |
| | 실적 | | | | | | | | 26 | 144 | 23 | |
| 4차년 도 | 목표 | | | | | | 1 | | 20 | 100 | 10 | |
| | 실적 | | | | | | - | | 43 | 357 | 10 | |
| 2단계 | 목표 | | | | | | 1 | | 100 | 125 | 125 | 1 |
| | 실적 | | | | | | | | | | | |
| 소계 | 목표 | | | | | | 2 | | 166 ^z | 365 ^z | 185 | 1 |
| | 실적 | | | | | | | | | | | |
| 소 계 | | | | | | | 2 | | 166 | 365 | 185 | 1 |
| 합 계 | | | | | | | 2 | | 166 | 365 | 185 | 1 |

z 3차 년도에 저온기선발시험을 추가하여 F₂계통전개 6점, 우량계통분양 20점을 추가하여 상향 조정함, 4차 년도에도 저온기선발시험을 추가하여 F₂계통전개 10점, 우량계통분양 50점을 추가하여 상향조정함

나. 품종개발

- 해당사항 없음

다. 특허

- 해당사항 없음

라. 논문

- 해당사항 없음

마. 분자마커

- 해당사항 없음

바. 유전자원

(1) 1년차 수집 유전자원

| 번호 | 생명자원(정보)명 | 국가 | 등 록 | | | 기 타 |
|----|------------------------|-------------|-----|------------|---------|------|
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | Zao kang li jia | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243628 | 1차년도 |
| 2 | Yu you teda hei meiren | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243629 | 1차년도 |
| 3 | Teda jing xin wang | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243630 | 1차년도 |
| 4 | Yu meiren | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243637 | 1차년도 |
| 5 | 네덜란드 시교 F2 | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243639 | 1차년도 |
| 6 | Hei pi jiangjun | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243633 | 1차년도 |
| 7 | Xintai nong ba hao | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243631 | 1차년도 |
| 8 | Sheng nu | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243635 | 1차년도 |
| 9 | Shuangxing F2 | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243638 | 1차년도 |
| 10 | 8424 F2 | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243640 | 1차년도 |
| 11 | Lu kang ju long | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243632 | 1차년도 |
| 12 | Taiwan teda hei meiren | NETHERLANDS | 노재중 | 2014-04-04 | K243634 | 1차년도 |
| 13 | 8424 F2 | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243641 | 1차년도 |
| 14 | Huang xiaoyu | CHINA | 노재중 | 2014-04-04 | K243636 | 1차년도 |

(2) 2년차 수집 유전자원

| 번호 | 생명자원(정보)명 | 국가 | 등 록 | | | 기 타 |
|----|-------------------|-----------|-----|------------|---------|------|
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | Amor | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250402 | 2차년도 |
| 2 | Angela | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250403 | 2차년도 |
| 3 | Aura Kuning | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250404 | 2차년도 |
| 4 | Baginda | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250405 | 2차년도 |
| 5 | Bangkok Flower | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250406 | 2차년도 |
| 6 | Black Sugar | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250407 | 2차년도 |
| 7 | Black Sweet | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250408 | 2차년도 |
| 8 | Garnis | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250409 | 2차년도 |
| 9 | Golden Bright | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250410 | 2차년도 |
| 10 | Innole Kuning 175 | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250411 | 2차년도 |

| 번호 | 생명자원(정보)명 | 국가 | 등록 | | | 기 타 |
|----|-------------------|-----------|-----|------------|---------|------|
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 11 | Kharisma | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250412 | 2차년도 |
| 12 | Nina | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250413 | 2차년도 |
| 13 | 311 Round Dragon | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250414 | 2차년도 |
| 14 | Sun Flower | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250415 | 2차년도 |
| 15 | Tm-King | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250416 | 2차년도 |
| 16 | Xinlu long bawang | INDONESIA | 노재중 | 2015-05-01 | K250417 | 2차년도 |

(3) 3년차 수집 유전자원

| 번호 | 생명자원(정보)명 | 국가 | 등록 | | | 기 타 |
|----|---------------|--------|-----|------------|---------|------|
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | 205 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256238 | 3차년도 |
| 2 | Abhishek | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256239 | 3차년도 |
| 3 | AFA-306 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256240 | 3차년도 |
| 4 | Ankur Kashish | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256241 | 3차년도 |
| 5 | Apoorva | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256242 | 3차년도 |
| 6 | Arun-0035 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256243 | 3차년도 |
| 7 | Badshah | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256244 | 3차년도 |
| 8 | Chirag | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256245 | 3차년도 |
| 9 | Charan 2 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256246 | 3차년도 |
| 10 | Devyani | TAIWAN | 임정현 | 2016-04-11 | K256247 | 3차년도 |
| 11 | Gulfam | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256248 | 3차년도 |
| 12 | H 20 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256249 | 3차년도 |
| 13 | JK Lekha | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256250 | 3차년도 |
| 14 | Kashmira | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256251 | 3차년도 |
| 15 | Maharaja | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256252 | 3차년도 |
| 16 | NS 295 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256253 | 3차년도 |
| 17 | Ozeki-777 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256254 | 3차년도 |
| 18 | Ramya | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256255 | 3차년도 |
| 19 | Ranjeet-52 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256256 | 3차년도 |

| 번호 | 생명자원(정보)명 | 국가 | 등 록 | | | 기 타 |
|----|-----------|--------|-----|------------|---------|------|
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 20 | SS 345 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256257 | 3차년도 |
| 21 | Suman-235 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256258 | 3차년도 |
| 22 | Suprit | TAIWAN | 임정현 | 2016-04-11 | K256259 | 3차년도 |
| 23 | Veda-0009 | INDIA | 임정현 | 2016-04-11 | K256260 | 3차년도 |

(4) 4년차 수집 유전자원

| 번호 | 생명자원(정보)명 | 국가 | 등 록 | | | 기 타 |
|----|---|----------|-----|------------|---------|------|
| | | | 등록인 | 등록일 | 등록번호 | |
| 1 | Hirock | TAIWAN | 임정현 | 2016-12-29 | K261311 | 4차년도 |
| 2 | Kinaree | TAIWAN | 임정현 | 2016-12-29 | K261312 | 4차년도 |
| 3 | Yellow Smile | TAIWAN | 임정현 | 2016-12-29 | K261313 | 4차년도 |
| 4 | Black | THAILAND | 임정현 | 2016-12-29 | K261314 | 4차년도 |
| 5 | Run Run | THAILAND | 임정현 | 2016-12-29 | K261315 | 4차년도 |
| 6 | Sonya | THAILAND | 임정현 | 2016-12-29 | K261316 | 4차년도 |
| 7 | Black red | THAILAND | 임정현 | 2016-12-29 | K261317 | 4차년도 |
| 8 | Aree | THAILAND | 임정현 | 2016-12-29 | K261318 | 4차년도 |
| 9 | DUA HAU FI RUOT VANG NO.1 HUONG NONG | VIETNAM | 임정현 | 2016-12-29 | K261319 | 4차년도 |
| 10 | O.P. 175 | THAILAND | 임정현 | 2016-12-29 | K261320 | 4차년도 |

사. 국내매출액

- 해당사항 없음

아. 종자수출액/수입대체 효과

- 해당사항 없음

자. 기술이전

- 해당사항 없음

차. 마케팅 전략수립 보고서

- 해당사항 없음

카. 인력양성

- 해당사항 없음

타. DB구축

- 해당사항 없음

파. DH계통개발/자원분양

| 구분 | 계통명 | 계통특성 | 분양처 | 기타 (분양 수(점)) |
|------|------------------|--------------|------------|-----------------|
| 자원분양 | HD-1 등 22종 | 장타원형, 흑피, 적육 | 농협종묘 등 7개사 | 289 |
| 자원분양 | 2014HD-171 등 20종 | 원형, 호피, 적육 | 농협종묘 등 6개사 | 209 |
| 자원분양 | 15HD-1 등 17종 | 원형, 황피, 적육 | 농협종묘 등 6개사 | 144 |
| 자원분양 | 3086 등 9종 | 원형, 호피, 적육 | 농협종묘 등 7개사 | 99 |
| 자원분양 | 마즈리바야시 등 16종 | 원형, 호피, 적육 | 농협종묘 등 7개사 | 86 |
| 자원분양 | 180 등 27종 | 단타원형, 호피, 황육 | 농협종묘 등 7개사 | 172 |

하. 서비스

- 해당사항 없음

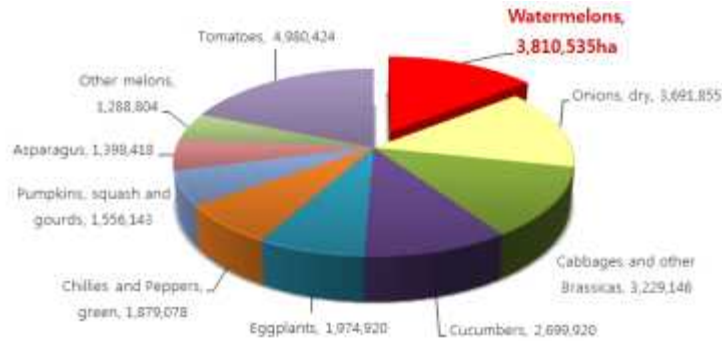
제 2 장. 국내외 기술개발 현황

제 1 절 전 세계 수박시장 현황

1. 전 세계 수박시장 현황

○ 수박은 대표적인 글로벌 작물임 (그림 2.1)

- 전세계 채소 재배 면적 17,534,940ha 중 3,810,535ha로 21.7% 차지
- 토마토 (28.4%) 다음으로 중요한 작물로 인식
- 전세계 대부분의 국가에서 재배 및 소비되는 글로벌 작물임



세계 10대 주요 채소 재배면적 (FAO, 2009)

그림 2.1. 전 세계 국가별 수박생산 현황 (FAO, 2009)

○ 수박 재배면적의 지속적 확대 (표 1)

- 전세계 수박 재배면적 3,200,257ha (2004) 대비하여, 2009년 20% 확대됨
- 특히 중국에서 급속히 확대되어 2004년 대비하여 32% 증가함
- 수박의 국가별 생산액은 중국, 터키, 이란, 브라질 순이며, 수박의 1인당 소비량이 뚜렷이 증가하는 추세임

표 2.1. 주요 국가별 수박재배 면적 (FAO, 2009)

| 국 가 | 1995 | 2000 | 2005 | 2006 | 2007 | 2008 |
|----------------------------|---------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| China | 883,123 | 1,634,545 | 1,719,802 | 1,797,446 | 1,748,183 | 2,162,456 |
| Turkey | 135,000 | 140,000 | 143,000 | 137,000 | 137,000 | 140,000 |
| Russian Federation | 94,000 | 126,000 | 102,660 | 117,410 | 107,344 | 133,760 |
| Iran (Islamic Republic of) | 109,000 | 83,073 | 131,455 | 119,096 | 146,686 | 102,839 |
| Brazil | 79,347 | 80,509 | 85,461 | 92,996 | 96,556 | 88,189 |
| Ukraine | 81,700 | 72,600 | 40,100 | 65,200 | 61,800 | 67,500 |
| Mexico | 30,816 | 46,139 | 41,966 | 43,298 | 47,038 | 50,859 |
| United States of America | 80,320 | 66,500 | 55,890 | 57,910 | 52,210 | 50,810 |
| Egypt | 51,418 | 67,890 | 62,000 | 69,100 | 64,000 | 49,790 |

| | | | | | | |
|-------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Algeria | 34,920 | 28,980 | 42,644 | 43,290 | 43,664 | 44,301 |
| World Total | 2,321,949 | 3,136,970 | 3,242,784 | 3,368,781 | 3,323,617 | 3,695,914 |

○ 전세계 및 아시아 시장에서 수박의 중요성 (그림 2.2)

- 전 세계 수박 생산량은 '08년 기준으로 98백만톤으로 매년 꾸준한 증가율을 보이고 있으며 최대 수박 생산국은 중국으로서 67백만톤을 기록하고 있음.
- 중국시장(2,212,456ha)이 전 세계 재배면적의 58.1% 점유
- 중국, 동남아, 인도 및 기타 아시아 시장에서 부가가치가 높은 F1종자시장으로 급격히 변화하고 있으며(80%까지), 특히 고품질 기능성 수박에 대한 인식과 요구도가 확대될 것으로 예상
- 특히 개도국에서 증가 추세가 뚜렷하며, 북미와 서유럽에서는 증가추세가 둔화되거나 현상 유지 상태임
- 최근 씨없는 수박, 고품량 라이코핀 수박, 다양한 과육색, 종자관련 기능성 수박 등 고 부가가치 F1시장으로 급속히 변화
- 선진국에서 수박에 함유된 라이코핀과 시트룰린 등 기능성 물질에 대한 연구 및 품종 개발에 대한 투자가 확대되고 있음 (미국 수박 생산자협회에서 라이코핀 함량이 다른 작물보다 높다는 것을 적극 홍보하여 재배와 소비를 확산시킴)
- 핵가족화됨에 따라 3~4kg 아이스박스형 소형계 수박이 전망 있을 것으로 보이며, 경제 성장에 따라 품질에 대한 요구도 상승으로 장기적으로 성장 가능성이 높음
- 미주, 서유럽은 일대 교잡종 종자가 우점하고 있으며, 증가품종에서 고가품종으로 이동함에 따라 가치상승이 기대됨
- 열대용 수박인 중국 남부, 동남아, 인도 등에서 OP에서 F1시장으로 빠르게 전환될 것으로 전망
- 유기농법에 대한 선호도 증가, 시설재배 증가, 지구온난화로 인한 흰가루병, 온실가루이 등의 발생이 많아지는 추세로 이러한 천연농약사용, 기후변화에 대응하기 위한 내병성, 내충성 육종에 대한 투자가 많아짐

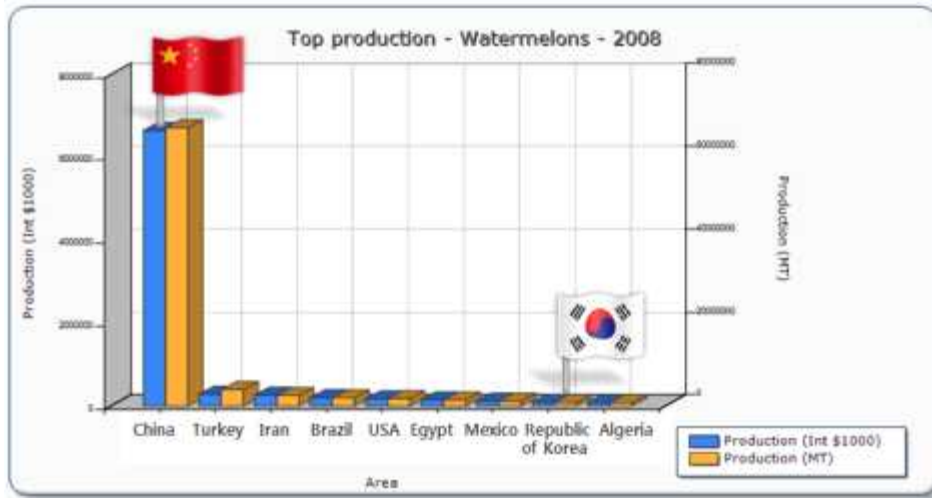


그림 2.2. 전 세계 국가별 수박생산 현황 (FAO, 2009)

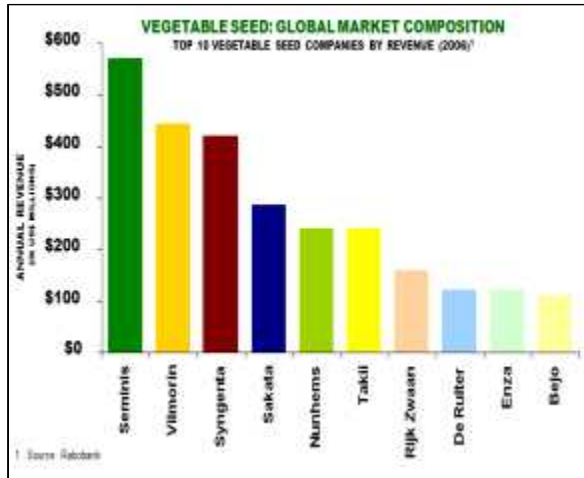
2. 세계 수박 종자시장 현황 및 규모

- 전 세계 상업용 수박 종자 시장의 규모는 2009년 기준으로 1.19억불 수준이며 일반계 수박(씨 있는 수박)이 8.5천만 달러이며 3배체 수박(씨 없는 수박)이 3.4천만 달러로 추정됨.
- 수박종자시장은 각 지역 소비자의 기호성의 차이로 다양한 형태가 존재하지만 전 세계적으로 활발하게 품종이 개발되고 있는 세그먼트는 호피 단타원형, 호피 원형, 호피단타원형(씨 없는 수박), 무지 원형 등 4가지로 구분할 수 있음.

표 2.2. 주요 세그먼트별 종자시장 규모 (자체조사)

| 세그먼트 | 시장규모 | 아시아 | 유럽 | 북중미 | 남미 |
|----------|-------|-----|----|-----|----|
| | 백만\$ | % | % | % | % |
| 호피 단타원형 | 34.5 | 67 | 20 | 7 | 6 |
| 호피 원형 | 24.7 | 54 | 39 | 1 | 6 |
| 단타원형(3n) | 24.0 | 1 | 1 | 98 | 0 |
| 무지원형 | 14.5 | 63 | 33 | 2 | 2 |
| 기타 | 21.2 | | | | |
| 총 계 | 118.9 | | | | |

- 수박 종자시장에 참여하는 주요 기업은 세미니스(몬산토), 빌모린, 신젠타, 사카타, 누넬, 등 글로벌 종자 기업들 뿐 아니라 각 지역의 중소규모 종자회사도 활발하게 참여하고 있다.



| Breeding Co. | Location | Principle |
|-------------------------|-----------|------------------------|
| Syngenta | Worldwide | Syngenta |
| Abbot & Cobb | USA | |
| Evergrow Seeds | Taiwan | |
| Seminis (Asgrow) | USA | Monsanto |
| Clause | France | Limagrain |
| Illinois Foundation | USA | |
| Crookham | USA | |
| Known-You Seeds | Taiwan | |
| Harris-Moran | USA | Limagrain |
| Golden (Advanta) | India | United Phosphorus Ltd. |
| Mahyco | India | |
| Sinnova | India | |
| Galilee Seeds | Israel | |
| HSR Seeds (Snowy River) | Australia | |

그림 2.3. 전 세계 채소종자 기업 현황 (Vegetable 2050)

3. 수박육종을 위한 분자마커 활용 국외 현황 및 전망

가. 해외 다국적 기업들의 육종전략과 방법

○ 세계적인 다국적 기업들의 육종목표는 브랜드 가치 개발을 통한 종자가치 향상과 농민에게의 기대치를 높여 전체적인 가격상승을 꾀하는데 있다.

- 품종명 혹은 품종을 제공하는 기업명의 브랜드 가치를 확보하기 위해서는 다양한 목적형질을 만족해야 하는데, 이는 생산, 마케팅, 소비, 수확후 가공 등 생산부터 소비단계에 요청되는 모든 기본 형질이 안정적으로 유지될 수 있어야 한다.
- 육종의 기술성은 육성회사의 경우 종자 가격 경쟁력 확보를 위한 종자생산성 뿐만 아니라, 목표 형질 수립에 있어서도 목표시장의 재배환경, 대상 농민, 대상 소비자, 대상 마케팅 방법, 가공형질 등 다양한 분야를 만족시킬 수 있어야 한다.
- 따라서, 세계적인 다국적 기업의 경우 목표시장에서 다음의 기본 형질을 안정적으로 제공한다.
 - 1) 농민이 요구하는 기본적인 높은 발아율, 수확시 작물의 균일성, 기본적인 내병성 등
 - 2) 생산물이 마케팅과정에서 요구되는 수송성 등
 - 3) 소비자가 요구하는 당도, 균일성, 기능성, 저장성 등
 - 4) 수확후 가공용 품질로서 가공 혹은 신선편이식품으로 이용가능한 모양의 균일도, 당도 등
- 특히, 소비자의 요구도는 매우 중요한데, 사례로 미국 Dulcinea 품종의 수박은 일반 씨없는 수박에 비하여 약 2.75배의 높은 소비자가를 받을 수 있었는데, 이는 중혼이 매우 적고 당도가 균일한 소과종의 기본 형질을 갖추었기 때문이다.

육종은 아래의 내용을 위해서 ...

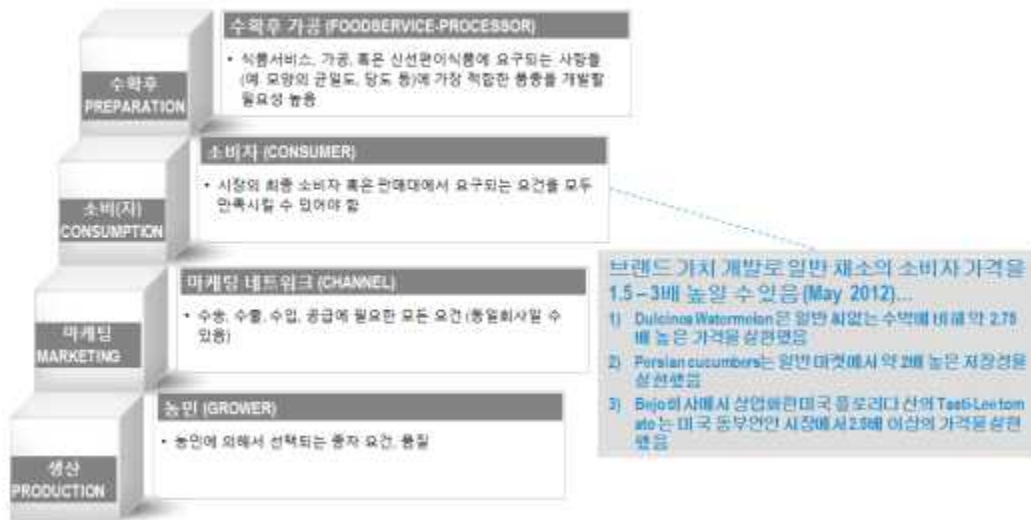


그림 2.4. 채소종자의 브랜드 가치를 높이기 위한 주요 육종요건들 (Vegetable 2050)

- 세계적인 다국적 기업들의 향후 수박육종 목표는 현재의 기본 형질 외에 기후변화에 따른 재배형질 개선, 소비자의 기호도 변화, 소비자 소비패턴 변화에 따른 수확후 가공방법 변화에 맞추는 방법으로 전환되고 있다.
 - 생산자 측면 : 농업용수 감소에 따른 내염성 작물 요구도 증대
 - 수확기에 과실의 균일도 및 일시 수확형 요구
 - 유기농산물 요구도 증대에 따른 내병성 형질들의 요청 증가
 - 세계적인 기후변화에 따른 작물의 안정적 생산성
 - 마케팅 측면 : 과실경도와 저장성 향상, 수송성 확보
 - 소비 최대화를 통한 폐기물 감소방안으로 지속농업에 대한 정책적 요구
 - 소비자 측면 : 핵가족화에 따른 icebox type 수박 증가
 - 영양학적 가치를 갖는 기능성 수박 (예. 라이코펜 등)
 - 홀푸드 (가공용 첨가물이 없는)에 대한 관심 증대
 - 고당도 씨없는 수박 선호도 증대
 - 수확후 측면 : 크기와 모양의 균일성으로 폐기물 감소 및 에너지 효율 증대
 - 저장성 및 fresh cut용의 과실경도 요구 증대



그림 2.5. 채소 종자 육종시 요청되는 주요 육종형질들 (Vegetable 2050)

나. 수박 분자마커에 대한 해외 기술 현황

○ 글로벌 기업들의 육종방법 변화

- 짧게는 2년, 길게는 3-4년 내에 시장을 선도하는 새로운 품종을 지속적으로 출하
- 최신 육종기법인 MAS (marker assistant selection)용의 분자마커 (molecular marker)의 활용도를 높여, 단기간에 경제적 비용으로 품종을 개발하고자 함
- 종자 순도검정을 위해서도 분자마커의 활용으로 높은 순도유지를 지향하고 있음
- 최근의 DNA서열분석 가격의 하락으로 MAB (marker assistant backcross breeding)을 효율적으로 사용하기 위한 SNP마커 활용방법들이 적용되고 있으며, 특히 신젠타의 경우, 하루 150,000점 이상의 genotyping이 가능한 시스템을 운용하고 있음.
- 기존의 분자마커로는 적용하기 힘들었던 QTL의 mapping 등을 통하여 단순형질 이외의 복합형질에 대한 적용 가능성을 높이는 투자를 지속하고 있음.

○ 최근 중국 BGI(Beijing Genome Institute)에서 수박 표준유전체 염기서열 분석 완료

- 2012년 중국 수박 계통 '97103' (Citrullus lanatus var. lanatus)의 유전체 염기서열에 대한 연구결과가 보고됨.
- 수박 게놈 425 Mb 중 353 Mb에 해당하는 염기서열이 분석되었으며 이를 이용한 고밀도 유전자 지도가 작성되어 표준 유전자지도로 활용됨
- 이들 게놈 염기서열 분석 결과와 정보는 Cucubitaceae Genome Database(CGD)에 공시되어 일반인들이 쉽게 접근하여 활용할 수 있도록 구축되어 있음

○ 최근 중국 BGI(Beijing Genome Institute)에서 수박 유전체 resequencing 완료

- 수박과 같이 유전적 배경이 좁아 분자적 다형성을 찾기 힘들었던 작물은 SNP마커의 활용으로 많은 다형성 확보와 마커개발이 가능할 것으로 파악됨. 특히, 2012년 미국 코넬대학교 USDA-ARS에서 공동연구한 전세계 20개 accession에 대한 염기서열 결정 및 유전학 연구 결과 (Nature Genetics, 2012)로 볼 때, 연구를 지원한 글로벌 기업인 신젠타의 분자

마커 활용은 급속도로 진행될 예정임

- 20개 계통 계통 염기서열간 다형성 비교 분석을 통해 중간 분화와 병저항성 유전자, 과실 기능성 관련 유전자 탐색 등이 이루어졌음
- 신젠타 등은 글로벌 기업 중에서도 가장 수박육성 능력이 뛰어난 것으로 알려져 있으며, 자사의 육종가들에게도 지속적인 분자마커 활용 강의 및 세미나를 제공하여, 품종개발의 효율성을 높이는 방안을 체계화시켜 나가고 있음.
- 스페인 등과의 공동연구를 통하여 과형, 당도, 과피두께, 접목 등에 대한 분자적 연구 (resequencing, transcriptome 분석, microRNA분석, methylation분석 등)들이 활발히 이루어지고 있어, 구미지역 및 글로벌 기업의 품종육성은 더욱 가속화 될 예정임.

- 따라서 수박의 유전체 연구는 중국과 미국의 주도하에 매우 활발히 진행되고 있으며 향후 이들 염기서열 정보를 이용한 분자마커 개발이 급속도로 이루어질 것이고, 공개된 정보를 바탕으로 국가간, 회사간 분자마커개발 경쟁이 치열할 것으로 전망
- 하지만, 아직까지는 MAS에 활용 가능한 공개된 분자마커 수가 해외에서도 매우 부족하며 단지 과육색, 시들음병, ZYMV 저항성에 대한 분자표지가 해외에서 개발되어 논문발표 된 바 있음



그림 2.6. 채소 육종에 활용되는 생명공학기법들 (Vegetable 2050)



그림 2.7. 채소 육종에 요구되는 기본 형질들 (Vegetable 2050)

3. 연구결과가 국내외 기술개발현황에서 차지하는 위치

가. 수박 육종 현황과 프로젝트의 중요성

- 그동안 수박 작물의 경제적 중요성에 비해 국내에서는 연구투자가 상당히 미흡한 실정이었음.
- 국내의 전통적 우수 유전자원과 다국적 기업 유래 유망 유전자원이 확보되어 전통육종기술은 세계 수준이며, 수박의 내수 종자시장은 95% 이상을 석권하고 있는 반면에, 해외 종자수출을 위한 육종 시도는 미비한 상황이었음. 본 연구과제를 통하여 내병성 검정 환경을 확립하는데 기여하였고, 다양한 과형에 대한 표현형 분석기술 및 표준화에 접근할 수 있었음.
- 또한, 해외 우수품종의 수집/등록/검정/분양 등을 통하여 수출 목표지역의 우수 품종 요건에 대한 이해도를 높일 수 있었음. 이에 더하여 해외 엘리트 품종의 분리세대 전개와 선발 및 분양과정을 통하여 국내 수박 육종가들의 형질에 대한 의견들을 나눌 수 있는 프로그램으로 발전할 수 있었음.

나. 수박 분자마커 연구결과의 중요성

- 제1, 2세부과제에서는 1단계 4년동안 특허출원 9건, 특허등록 2건, SCI 논문 10편, 분자마커 개발 17건으로 국내외 수박 분자육종관련 기술개발에 중요한 기여를 하였음.
- 본 프로젝트에서는 수박 분자마커 개발을 위하여 기존의 EST-SSR 마커 이외에도 수박 유전체 참조서열을 대상으로 유전체 서열 재분석을 수행하였으며, 다양한 분리집단, 핵심육종소재 및 계통들을 대상으로 SNP 마커를 발굴하는 접근방법을 적극적으로 수용하였음. 이를 통하여 아직 해외에서는 미발표되어있는 다양한 SNP 기반 분자마커를 개발하고 특허출원하

고 있으며, 관련 육종가들이 활용 가능하도록 지원할 계획임.

- 본 프로젝트에서는 육종현장에서 직접적인 활용이 가능한 MAS용 분자마커 개발과 동시에, 육종산업의 기반을 튼튼히 하기 위하여, 수박 품목을 대상으로 한국 우수계통 표준유전체 확보, 다양한 상업용 계통 및 목적형질을 갖는 야생계통들의 유전체 재분석, QTL 분석을 위한 GBS 방법 및 고밀도 유전자지도 작성법의 확립, MABC 적용을 위한 분석기반 확립, GWAS 분석기반 확립, 전사체 분석기법 확립, 유전자 및 유전자마커 기능검정을 위한 바이러스벡터 개발 등의 연구결과를 제시하였음.
- 이러한 기반과제로서의 노력과 결과는 향후 2단계 GSP채소종자사업에서 결실을 맺을 수 있을 것으로 기대하고 있으며, 해외 글로벌 육종산업과 비교할 때 절대 뒤떨어지지 않는 기반을 확충하여 세계적인 육종기술 및 지원 시스템 확립의 위치를 점하고 있다고 판단하고 있음.
- 구체적으로 본 프로젝트는 수박 육종효율 증진을 목표로 크게 2가지 세부과제로 진행하였는데, 제1세부과제는 내병성 및 변이염색체 연관분자마커 개발, 제2세부과제는 과형 및 기능성분 연관분자마커 개발 결과를 제시하였음.
- 제1세부과제에서는 수박에서 주로 발병하는 만할병, 탄저병, 흰가루병, 바이러스(ZYMV) 등의 병원체 동정부터 저항성 판별지표개발을 수행하였고, 상호전좌 분석을 통한 씨적은 수박의 개발 및 응성불임 연관분자마커 개발 등 내병성 및 변이염색체 육종체계를 확립하여 국내 육종회사에서 활용 가능한 결과를 확보하였고, 육종회사로 특허의 기술이전과 매년 진단 및 마커지원 서비스를 수행하였음.
- 제2세부과제에서는 수박의 과실 표현형 표준화부터 MABC용 마커개발에 이르기까지 다양한 SNP 기반 분자마커를 개발하였으며, 특허출원한 분자마커 기술들(과형, 호피무늬, MABC용 마커)에 대해서는 기술이전을 통해 사업단을 비롯한 종자회사에서 활용이 가능하도록 지원할 계획임.

다. 수박육종용 유전자원 확보 및 선발 현황

- 제3, 4세부과제에서는 수출용 수박품종 개발을 지원하기 위하여, 국내 육종가에게 생소한 해외 수출목표지역의 우수한 리딩품종들을 수집하고 분양하였음.
- 수출용 수박품종 개발에서 최대의 걸림돌은 수출 목표지역의 품종 선호도 및 해당 자원의 확보 여부인데, 1단계 4년간 수집된 해외 수박 우수품종 및 자원들은 289점, 등록된 자원은 225점, 분양된 자원은 642점에 이르며, 이중 육종가가 관심있어하는 자원의 교배후 분리세대 전개를 통하여 68점의 육종회사 분양이 이루어졌음.
- 수박 품목 기반과제로서 해외 우수 육종소재의 확보가 충실이 이루어졌으며, 1단계 동안 국내 수박 육종가들에게 큰 도움을 제공한 것으로 판단하고 있음.

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

제 1 절 제1세부프로젝트 연구내용 및 결과

1. 수박 감염성 병원균 동정 및 저항성 표현형 검정법 확립

가. 만할병(*Fusarium wilt*)균 및 저항성 지표 개발

(1) 만할병(*Fusarium wilt*)균 확보 및 동정

○ *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON)의 3종 race를 확보함

- 기탁균주 race 0 (KACC40902), race 1 (KACC40901), race 2 (KACC40905)

○ 기탁균주의 race 재확인을 위한 판별기주 확보

- 판별기주 4종 확보 및 증식중
- 아래 표 1.1과 같이 FON race를 판별할 수 있으며, USDA-GRIN에서 판별기주를 분양받아 증식하여 확보하였고, 국내 종자회사에 분양 진행함.

표 1.1 *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON)의 판별기주 및 race 구별

| 판별기주 | Race | | |
|-----------------|------|---|---|
| | 0 | 1 | 2 |
| Sugar baby | S | S | S |
| Charleston Gray | R | S | S |
| Calhoun Gray | R | R | S |
| PI271769 | R | R | R |

○ *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON)의 증식 및 접종법

- FON은 계대증식은 PDA에서 이루어졌으며, 4주 간격으로 계대 보관 중임
- Sporulation은 V8 배지를 활용하였고, 최적 접종농도는 1.0×10^6 conidia/mL 이었음
- 최적 접종농도를 유지하며, 본엽 1~2매의 유묘의 뿌리를 수세한 후, 15분간 접종액에 침지 후 다시 포트에 정식하여 1주 간격으로 병 진전도를 파악하였음
- 접종후 감수성 개체에서 활성균주를 재분리하여 보관함. race 2의 경우는 특히 sporulation이 잘 이루어지지 않아 접종된 개체에서 균주의 재분리가 필요하였음.
- race의 재확인은 판별기주 종자의 증식이 완료되어 곧 수행될 예정임.
- 확보한 FON은 만할병 저항성 유전자원의 저항성에 활용되었음 (그림 1.1)

○ *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON)의 저항성 지표

- FON의 접종 후, 2주 이내에 그림 1.3 와 같이 수박의 만할병 병징 스펙트럼 (0~9)이 나타

났으며, 저항성 유전자원인 PI296341-FR 및 분리세대에 대한 저항성을 고도저항성(HR; high resistance), 중도저항성(IR; intermediate resistance), 감수성(S: susceptible)로 구분함 (그림 1.3)

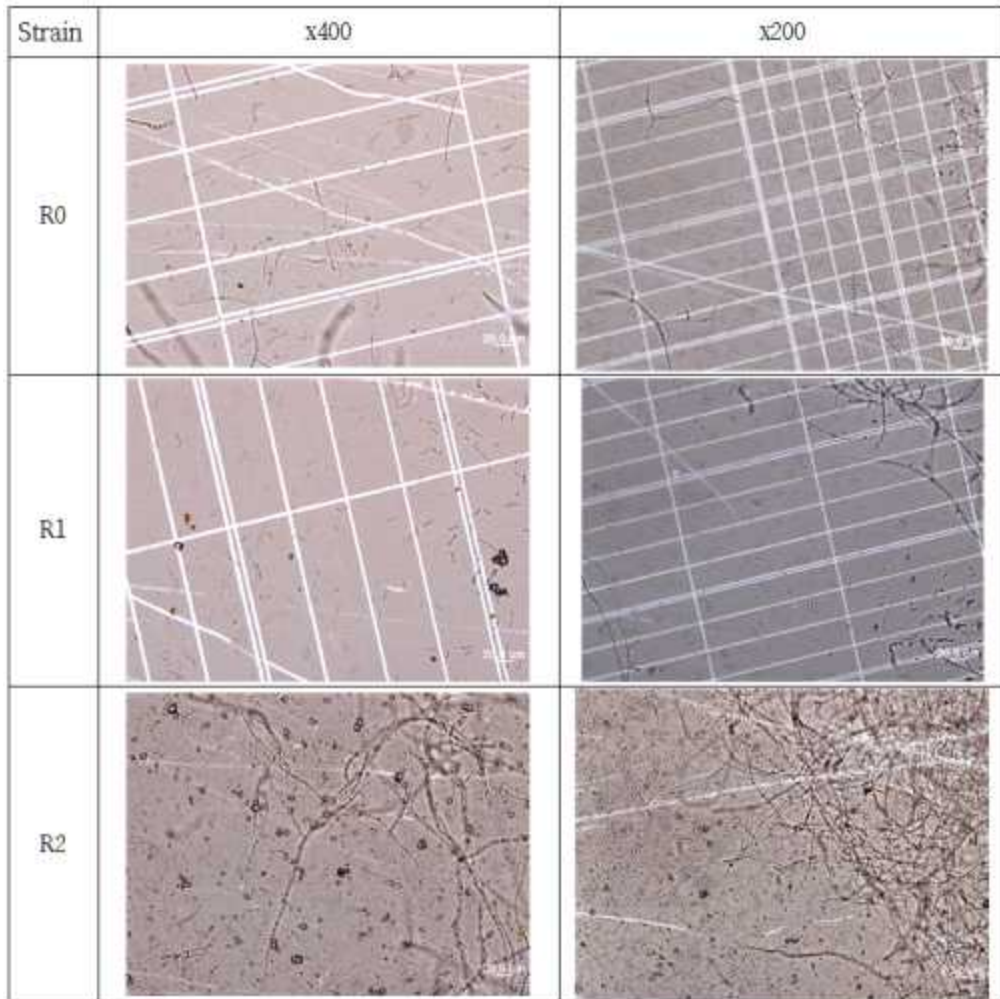


그림 1.1 Strain별 *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON)의 sporulation 모습

○ 만할병 실내/하우스 접종법 확립

- 만할병 실내 및 하우스에서 접종시 대량의 유묘 검정을 정확히 수행하기 위하여 최적 sporulation 및 접종방법을 확립
- 접종농도는 0.5×10^6 conidia/mL 로 결정



그림 1.2 만할병 접종법 확립







| Strain | Re-isolated plate (FDA) | Infected root and hypocotyl |
|--------|---|--|
| R0 |  |  |
| R1 |  |  |
| R2 |  |  |

그림 1.3 Strain별 *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON)의 균사체 형성 및 감염증상



그림 1.4 FON 접종모습과 접종 후 저항성 정도에 대한 지표 개발 (HR: high resistance, IR: intermediate resistance, S: susceptible)

○ 만할병 균주 및 판별기주 분양

- 2년차부터 육종회사들에게 만할병 균주의 분양이 이루어 졌으며, 특히 최근 육종현장에서는 만할병 race의 판별 및 저항성 계통육성 병리검정에서 race 0과 1의 구분이 어렵고, 기존 보고된 판별품종의 동명이종들이 존재하여 증식한 판별품종도 육종회사들에게 분양 수행 하였음.
- 또한, 육종회사들의 경우 race1의 접종을 위한 sporulation에 어려움을 겪고 있어, 이에 대한 컨설팅을 수행하였음.

나. 탄저병(Anthracnose disease)균 및 저항성 지표 개발

(1) 탄저병(Anthracnose disease)균 확보 및 동정

○ *Colletotricum lagenarium* (Cl or Col)의 race를 확보

- Cl의 계대증식은 PDA에서 이루어졌으며, 4주 간격으로 계대 보관 중임(그림 1.5)
- KACC40903(기탁균주) 분양 및 수박 재배포장에서 2종의 isolate 균주를 확보함
- race 판별 진행 중이며, 표 1.2와 같이 판별식물을 소량 확보하였으며, 2년차부터 종자를 증식하여 현재 대량의 판별기주 종자를 확보함.



그림 1.5 수집된 *Colletotricum lagenarium* (Cl or Col) isolate

표 1.2 *Colletotricum lagenarium* (Cl or Col)의 판별기주 및 race 구별

| 판별기주 | Seedling | | |
|----------------------|----------|-------|-------|
| | race1 | race2 | race3 |
| Charleston Gray | R | S | R |
| Congo | R | S | R |
| Fairfax | R | S | R |
| Garrison | S | S | S |
| New Hampshire Midget | S | S | S |

○ 최적 포자형성 및 발병환경 확립

- 대상 균주는 KACC40903 였으나, sporulation 및 발병율이 매우 낮은 문제를 갖음
- 발병율이 높은 균주 CL14-27을 자체적으로 수집하여 확립함
- CL14-27의 sporulation 및 발병 효율이 높아 저항성 육종 및 마커 분석에 사용
- 발병의 높은 재현성을 위하여 접종환경을 최적화 함
- CL14-27의 최적 접종농도는 0.5×10^6 conidia/mL 로 결정 (4가지 접종 농도 실험 결과)

○ 수집균주의 병징 확인

- 수집균주 CL14-27은 수박에서 전형적인 자엽과 잎에 부정형 결각의 necrosis 병반 및 전형적인 “shot-hole” 을 나타내며, 감염이 진행되어 접종후 약 3일이면 감수성 개체들에서 하배측의 수침현상이 시작되어 5일째에는 damping off 현상이 시작됨.

○ 수집 isolate의 분자적 동정

- 수집된 isolate들의 분자적 동정을 위하여 DNA를 추출하고, 진균류용 universal ITS primer로 증폭된 PCR 서열을 결정함
- 결정된 서열들과 NCBI에 보고된 *Collectotricum orbiculare* 서열을 비교 분석한 결과, 동일한 탄저병 균주임을 확인함



그림 1.6 탄저병 접종법 확립 및 포자 발생



그림 1.7 수박 유묘의 탄저병 병징 (잎, 하배축, 줄기 등)

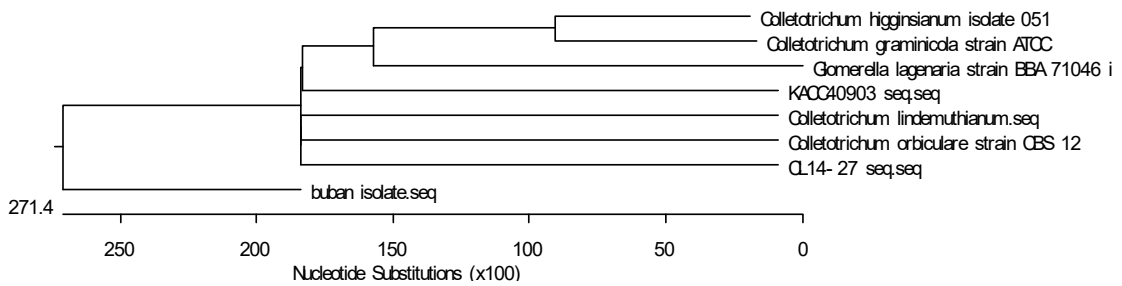


그림 1.8 동정된 탄저병 균주의 유연관계

○ 확보된 탄저병 균주의 race 판별

- 현재까지 race 1과 3은 판별기주에서 동일한 생리적 반응을 나타내며, race 2는 판별기주 모두에서 감수성을 보이는 것으로 문헌상 알려져 있음.
- 대상 균주인 KACC40903 및 CL14-27은 모두 race1 또는 3으로 결정되었음.

○ ITS 서열 분석 결과

- **KACC40903**

>Glomerella lagenaria 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 71046, Sequence ID: embiAJ301965.1|Length: 1836Number of Matches: 1

```
CATCCAACGCGTTGGGAGCTCTCCCATATGGTCG-ACCTGCAGGCGGCCGGAATTCCTAGTGATTACCCGC
CCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTCAGTGAGGCTTTCGGACTGGCCCAGAGAGGTGGGCAACTACCACTCA
GGGCCGAAAGTTATCCAAACTCGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACC
AGCGGAGGGATCATTACTGAGTTTACGCTCTATAACCCTTTGTGAACATACCTAACCGTTGCTTCGGCGGGCG
GGAGGTCCGCCTCCCCCGGCCCGCTCGCGGGGCGCCCGCGGAGGAAAAACCAACTCTTATTTTAAACGA
CGTCTCTTCTGAGTGGCACAAGCAAATAATCAAAACTTTTAAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAA
GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTG
CGCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAGCACCGCTTGGCGTTGGGG
CTTCCACGGCTGACGTGGGCCCTCAAAGACAGTGGCGGACCCTCGCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACATAACC
ACCTCGCACCGGGACCCGCAGGGCACTCCTGCCGTAACCCCAATTTTACAAGGTTGACCTCGGATCAG
GTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCCAGTAA
CGGCGAGTGAAGCGGCAAATCGAATTCGCGCGGCCGCATGGCGGCCGGGAGCATGCGACGTCG
```

- **CL14-27**

> blast result : Glomerella lagenaria 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 71046 Sequence ID: embiAJ301965.1|Length: 1836Number of Matches: 1

```
GATTCACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTCAGTGAGGCTTTCGGACTGGCCCAGAGAGGTGGGCA
ACTACCACTCAGGGCCGAAAGTTATCCAAACTCGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCG
TTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTTACGCTCTATAACCCTTTGTGAACATACCTAACCGTTGCT
TCGGCGGGCGGGAGGTCCGCCTCCCCCGGCCCGCTCGCGGGGAGCCCGCCGGAGGAAAAACCAACTCT
TATTTTAAACGACGTCTTCTGAGTGGCACAAGCAAATAATCAAAACTTTTAAACAACGGATCTCTTGTTCTG
ACATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTG
AACGCACATTGCGCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAGCACCGCT
TGGCGTTGGGGCTTCCACGGCTGACGTGGGCCCTCAAAGACAGTGGCGGACCCTCGCGGAGCCTCCTTTGCG
TAGTAACATAACCACCTCGCACCGGGACCCGCAGGGCACTCCTGCCGTAACCCCAATTTTACAAGGTTG
ACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGA
TTGCCCCAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAAAT
```

Glomerella lagenaria 18S rRNA gene (partial), 5.5S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2), strain BBA 71048
 Sequence ID: [GG96J301965.1](#) Length: 1850 Number of Matches: 1

Range 1: 564 to 1315 [GenBank](#) [GenBank](#) [FASTA](#) [HTML](#) [Download](#)

| Score | Expect | Identities | Gaps | Strand |
|---------------|--|--------------|-----------|-----------|
| 1384.969(749) | 0.0 | 751/752(99%) | 0/752(0%) | Plus/Plus |
| Query 5 | DACCBCDCTCCTACTTACGATTCGATGCGTTCGACTGCGCCAGAG | 64 | | |
| Subject 564 | DACCBCDCTCCTACTTACGATTCGATGCGTTCGACTGCGCCAGAG | 629 | | |
| Query 85 | GGTGGGAACTCCGCTCAGGCGGAGGCTTCTCAACTCGGCTTACGAGGA | 124 | | |
| Subject 624 | GGTGGGAACTCCGCTCAGGCGGAGGCTTCTCAACTCGGCTTACGAGGA | 600 | | |
| Query 125 | AAATGTTAAAGAGTCTCTTGTGACCGAGGAGGATCTTACTGATTTACGGT | 184 | | |
| Subject 664 | AAATGTTAAAGAGTCTCTTGTGACCGAGGAGGATCTTACTGATTTACGGT | 743 | | |
| Query 185 | CTATAAGCTTTGTGACGATACCTTACTTGTCTGGGCGGCGGAGGCTGCTCT | 244 | | |
| Subject 704 | CTATAAGCTTTGTGACGATACCTTACTTGTCTGGGCGGCGGAGGCTGCTCT | 800 | | |
| Query 245 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 304 | | |
| Subject 804 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 863 | | |
| Query 305 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 364 | | |
| Subject 864 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 923 | | |
| Query 365 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 424 | | |
| Subject 924 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 983 | | |
| Query 425 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 484 | | |
| Subject 984 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 1043 | | |
| Query 485 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 544 | | |
| Subject 1044 | CTCTGCTGAGTGGGCAAGCAATTAACAAGCTTTAAGCAAGATCTCTTGGTCT | 1103 | | |
| Query 545 | AAAGAGGCTGGGCGGCTGGGCGGCTTGTGGTGTAGATATGACCTGGCAGCG | 604 | | |
| Subject 1104 | AAAGAGGCTGGGCGGCTGGGCGGCTTGTGGTGTAGATATGACCTGGCAGCG | 1163 | | |
| Query 605 | GGACCGGAGGCACTCTGCGTAAACCGCCAAATTTACAGGTTGACCTGGGTC | 664 | | |
| Subject 1164 | GGACCGGAGGCACTCTGCGTAAACCGCCAAATTTACAGGTTGACCTGGGTC | 1223 | | |
| Query 665 | GGACCGGAGGCACTCTGCGTAAACCGCCAAATTTACAGGTTGACCTGGGTC | 724 | | |
| Subject 1224 | GGACCGGAGGCACTCTGCGTAAACCGCCAAATTTACAGGTTGACCTGGGTC | 1283 | | |
| Query 725 | GATTCGCGAGGAGGCGGATTAAGGCGGAA | 785 | | |
| Subject 1284 | GATTCGCGAGGAGGCGGATTAAGGCGGAA | 1315 | | |

○ 수집 탄저병원균 CL14-27의 접종원을 이용 판별기주 스크리닝

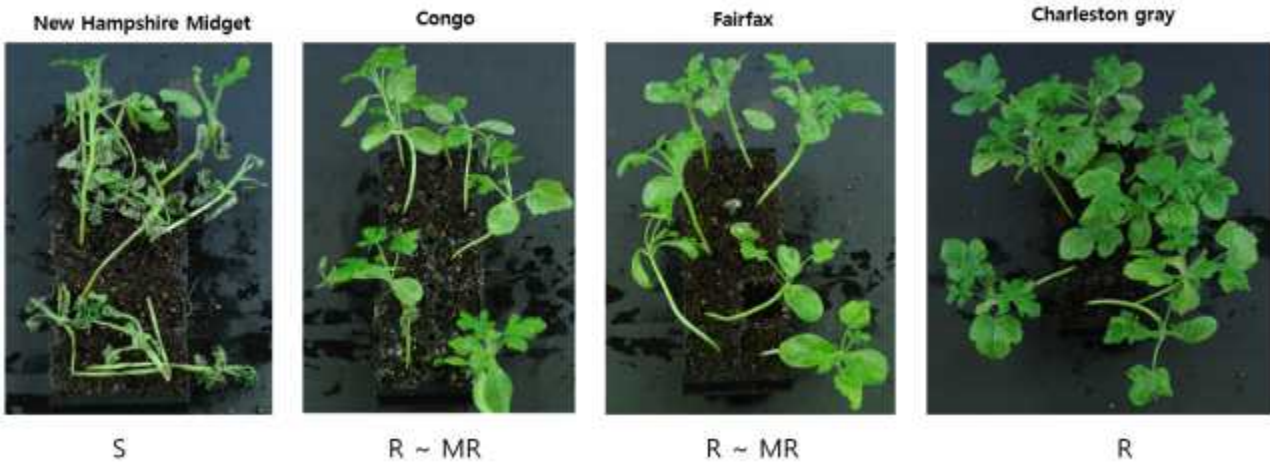


그림 1.9 판별기주를 이용한 탄저 병원균 CL14-27 접종원의 Race 재확인.

- 수집된 탄저병원균 CL14-27을 이용하여 Race를 검정 하였을 때 Race 1으로 판별됨. New Hampshire Midget의 경우 접종한 모든 개체에서 감수성을 보였으며, Congo에서는 10개체 중 3개체가 감수성으로 판단되었으며 나머지 7개체는 저항성을 보임. fairfax의 경우 분엽 및 엽병에 접종흔이 관찰되어 완전한 저항성이 아니라 중도저항성으로 판단 됨. 그러나 charleston gray의 경우 모두 저항성으로 관찰됨. 결과적으로 위 결과를 토대로 Race 1,3라고 판단되어짐.

○ 탄저병 저항성 계통 선발 및 내병성 지표 확립

- 판별기주를 통하여 Race1으로 확인 된 탄저병 CL14-27를 이용하여 접종하고 저항성 계통 선발을 진행.
- 수박의 경우, 탄저병 접종 후 감수성계통에서는 3dpi에서부터 초기 감염증상이 보여지며, 5dpi에서부터 하배축에 수침현상이 관찰 되며(그림 1.10), 본엽 1,2매에서는 불규칙적인 형태로 갈변되며, 고사되는 현상을 보여준다. 또한 5dpi에서부터 저항성 계통과 감수성계통을 확실히 구분할 수 있으며, 저항성 계통의 경우 5dpi 이후에도 본엽 1,2매 및 하배축 모두 감염성을 보이지 않았다.
- 위 결과를 토대로 탄저병 CL14-27균주에 저항성을 보이는 계통 Charleston Gray, DrHS4105, DrHS7250을 선발하였으며, 추후 선발 된 저항성 계통을 공동연구하고 있는 파트너 종묘에 의뢰하여 분리집단을 확보 후 유전분석에 실시하기로함.

표 1.3. 수박 탄저병 CL14-27균주를 이용한 저항성 계통선발

| 계통명 | 표현형 검정 |
|----------------------|--------|
| 216A | MR |
| Charleston Gray | R |
| Charleston Gray 133 | R |
| Congo | MR |
| Fairfax | R~MR |
| New Hampshier Midget | S |
| PI189225 | S |
| Arka Manic | MR |
| PI296341-FR | S |
| Td108 | MR |
| Tdf100 | MR |
| BH4X415(2X) | S |
| DrHS4105 | R |
| DrHS7250 | R |
| SN3615(2X) | S |
| PMTd108(76) | MR |
| PMTdf100(88) | MR |



그림 1.10 탄저병균 CL14-27 Race 1,3를 이용하여 계통분석 시 나타난 표현형.

다. 흰가루병(Powdery mildew)균 및 저항성 지표 개발

(1) 흰가루병(Powdery mildew)균 확보 및 동정

○ *Podosphaera xanthii* race2 균주 확보

- 흰가루병균 race2는 국내에서 발견되지 않고 있으나, 국외에서는 매우 문제시 되는 레이 슴임.

- 흰가루병 race2 저항성 수출용 수박품종 육성을 위하여 국외에서 확보하였으며, 소량 증식을 실내에서 수행하였고, 수박에서의 발병 및 race 재확인을 위하여 동결건조후 보관 중임

○ 판별식물을 이용한 흰가루병 race 동정

- 흰가루병균의 race 동정은 다음 표 1.3과 같은 멜론기주를 이용하여 판별함.

표 1.4. *Podosphaera xanthii* 의 판별기주 및 race 구별

| 판별기주 | Seedling | | |
|----------|----------|-------|-------|
| | race1 | race2 | race3 |
| Top Mark | S | S | S |
| PMR45 | R | S | S |
| PMR6 | R | R | S |
| PMR5 | R | R | S |
| MR-1 | R | R | S |

- 흰가루병균 race2의 기주식물을 이용한 판별 (그림 1.11)

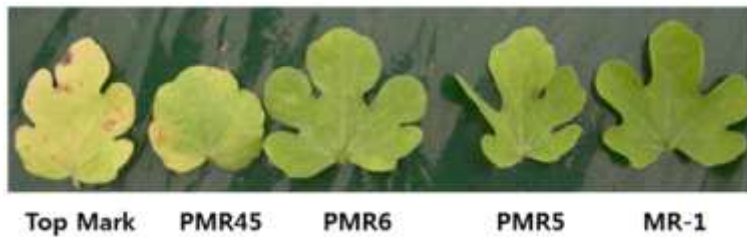


그림 1.11 흰가루병균 race2의 판별기주에서의 병징 결과

○ 흰가루병 2W race 내병성 지표 확립

- 흰가루병균 접종시 판별기주식물의 자엽과 본엽 1매 시기에서 감수성/저항성의 판단이 가능하며, 조기에 race 판별이 가능하였다.

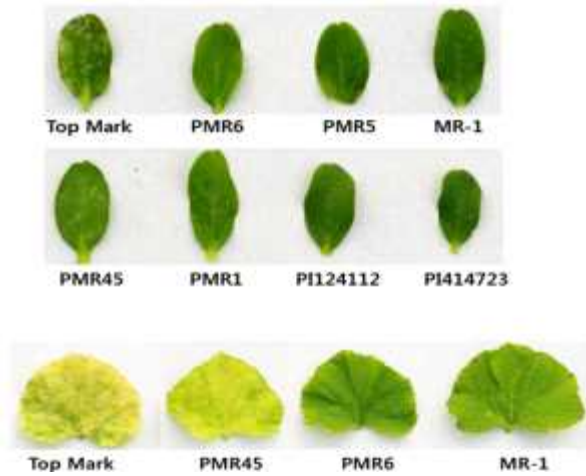


그림 1.12 흰가루병균 race2에 대한 판별기주의 자엽 및 본엽 1매에서의 병징 비교

- 수박의 경우, 흰가루병 접종시 초기 감염증상으로 자엽에 흰가루가 도포되며, 줄기 및 상위엽으로 병징이 진전되는 모습을 보이게 된다. 일부 저항성으로 알려진 수박 계통의 경우, 자엽 외에 상위 줄기에도 흰가루병균의 진행이 이루어지고, 본엽 1-2매에서도 병징이 관찰되는 경우가 있어, 현재 일반적으로 수행되는 자엽에서의 병징 및 병반으로 판단하는 저항성 기준으로는 지표를 작성하기 매우 힘들다.
- 따라서, 수박의 흰가루병 저항성은 시기 및 부위별 (자엽, 본엽 1-2매, 상배축 및 줄기)로 흰가루병의 진전을 관찰하여 판단하여야 하며, 본엽 1매기에 접종되었을 경우, 감수성 수박계통은 완전히 고사하는 모습을 보였으나, 저항성의 경우 본엽 2매 이상에서는 흰가루병이 관찰되지 않는 것으로 볼 때, 저항성 지표는 본엽 4-5매기까지 관찰하여야 할 것으로 판단되었다.

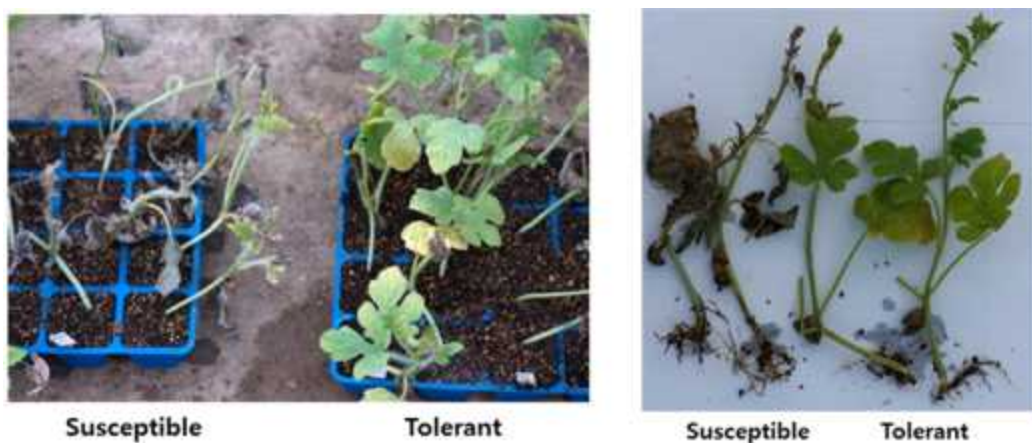


그림 1.13 흰가루병균 접종후 수박의 감수성 및 저항성

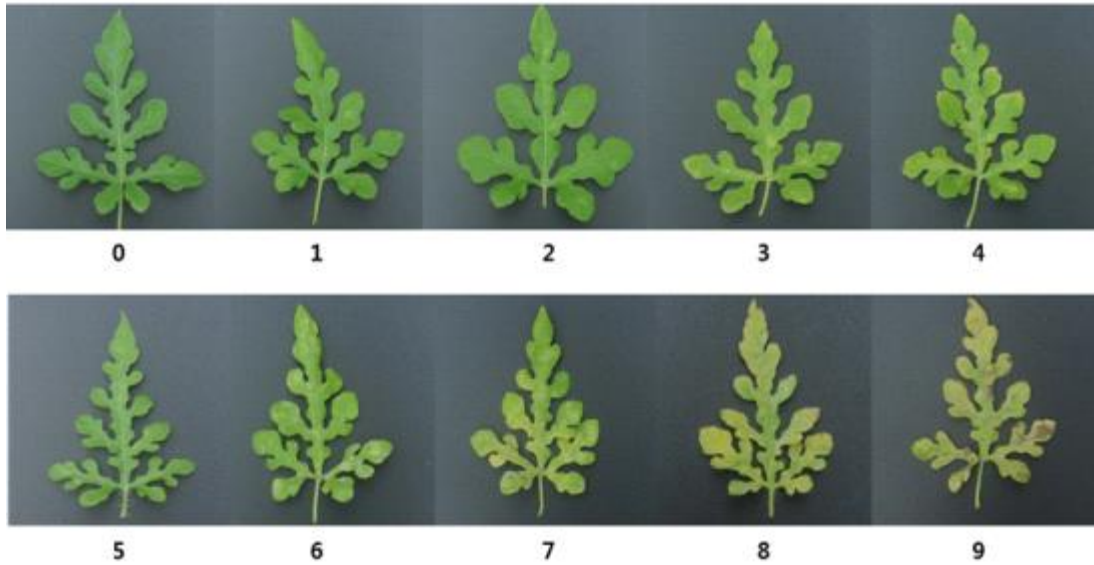


그림 1.14 수박 본엽 4매에서의 흰가루병 저항성의 판단지표 수립

- 0 : no symptoms, 1 : faint yellow specks on leaves,
 2 : chlorotic lesions on leaves, 3 : chlorotic lesions covering 20% of leaves,
 4 : yellow chlorotic lesions on leaves turned to brown necrotic areas,
 5 : two to three healthy colonies of mycelium on leaves,
 6 : less than 20% mycelium coverage on leaves,
 7 : 20 to 50% mycelium coverage on leaves,
 8 : 50 to 70% mycelium coverage with large necrotic areas,
 9 : all leaves fully covered with powdery mycelium or plant dead.

라. 바이러스병(ZYMV) 및 저항성 지표 개발

(1) 바이러스 병원체 확보 및 동정

○ 바이러스원의 수집

- 수박 감염성 바이러스로 5개 과에 이르는 10종의 바이러스원을 수집하여 접종후 병징을 확인함.

표 1.5 수집, 확인, 증식, 보관된 수박감염성 바이러스 (총 10종)

| 과 (Viridae) | 바이러스종(species) | 확보 바이러스 수 | 바이러스 |
|---------------|--------------------------------|-----------|---|
| Potyviridae | Potyvirus | 3종 | ZYMV (Zucchini yellow mosaic virus), WMV2 (Watermelon mosaic virus 2), PRSV-W (Papaya ringspot virus W) |
| Comoviridae | Comovirus | 1종 | SqMV (Squash mosaic virus) |
| Tobamoviridae | Cucurbit-infecting tobamovirus | 4종 | CGMMV (Cucumber green mottle mosaic virus), KGMMV (Kyuri green mottle mosaic virus), ZGMMV (Zucchini green mottle mosaic virus), CFMMV (Cucumber fruit mottle mosaic virus) |
| Bromoviridae | Bromovirus | 1종 | CMV (Cucumber mosaic virus) |
| Tobusviridae | Carmovirus | 1종 | MNSV (Melon necrotic spot virus) |

○ 수집 바이러스의 증식, 진단 및 보관

- 수집한 박과 감염성 바이러스의 증식은 *N. benthamiana*, Squash ('Black Beauty'), Cucumber ('White Wonder'), Watermelon ('Charleston Gray') 등에서 이루어졌으며, 각 바이러스원은 국내에서 수집되었음. 또한, 필요시 local host에서 단일병반 분리접종을 통하여 순수분리 하였으며, RT-PCR을 통하여 확인 및 동정을 수행하였음.
- 확인된 바이러스들은 동결건조를 통하여 -80C에서 보관 중임.
- 필요시 육종회사의 바이러스 저항성 육종을 위하여 분양 보급이 가능한 상태임.

○ 다양한 박과식물(수박)감염성 바이러스 진단을 위한 PCR primer set 및 ELISA kit 확보

- 수출용 수박종자 개발을 위한 각 육종회사에 대한 바이러스 진단 지원을 위하여, 전 세계적으로 문제시 되며, 게놈서열이 보고되어 있는 21종의 수박감염성 바이러스 진단을 위한 RT-PCR 및 PCR primer set을 합성하였으며, 파트너종묘 등을 대상으로 육성 중인 수박들의 바이러스 유사 생리적 장애 및 바이러스 감염 의심개체들의 진단을 수행하였음 (표 1.5).
- 수박종자 검역시 주로 문제되는 바이러스인 CGMMV와 SqMV는 ELISA kit을 활용하여 추가 진단을 수행하였음.
- 진단(RT-PCR, PCR)을 수행한 바이러스 21종 및 확보한 primer 서열은 아래와 같음.

표 1.6 수박감염성 바이러스 진단(RT-PCR, PCR)을 수행한 바이러스 21종 및 확보 primer 서열

| 번호 | 바이러스명 | 프라이머명 | 서열 |
|----|-------------------------------------|------------|----------------------------------|
| 1 | SqVYV (Squash vein yellowing virus) | SqVYV-P1aF | 5'-ATGGCTCAAGTTTACGACTTTAAA-3' |
| | | SqVYV-P1aR | 5'-GTATTCATCAATGCAAGTAATTCTCT-3' |
| 2 | CuLCrV (Cucurbit leaf | CuLCrV-F | 5'-CCCCCACGTGGAGAATAGTTAGCA-3' |

| | | | |
|----|---|--------------|--------------------------------------|
| | crumple virus) *DNA virus | CuLCrV-R | 5'-CTTCTAGCTCGCACTGGCCGCGCA-3' |
| 3 | ToLCPMV (Tomato leaf curl Palampur virus) | ToLCPMV01-F | 5-catccaacattcaggagc-3 |
| | | ToLCPMV01-R | 5-gtcttatgagcaacgcatg-3 |
| 4 | ZLCV (Zucchini lethal chlorosis virus) | ToCV-CP01-F | 5-tctccagttgggctttgtt-3 |
| | | ToCV-CP01-R | 5-cggctgcttaactgaggtc-3 |
| 5 | CuMoV (Cucumber mottle virus) | CuMoV-CP01-F | 5-acaggattggagccactgac-3 |
| | | CuMoV-CP01-R | 5-gcctcacagactttgcatca-3 |
| 6 | GRSV (Groundnut ringspot virus) | GRSV-NP01-F | 5-ggcagatgcaaatctgtga-3 |
| | | GRSV-NP01-R | 5-ttttgagcactgtgcagacc-3 |
| 7 | CYSDV (Cucurbit yellow stunting disorder virus) | CYSDV01-F | 5-GCTTAATGTGGGAGAAGTTCTCCTA-3 (SYBR) |
| | | CYSDV01-R | 5-TCTGGATATAACCTTCAGACACTCCTT-3 |
| 8 | SLCV (Squash leaf curl virus) *DNA virus | SLCV-F | 5-GTCTCACGCTCTGCTAAC-3 |
| | | SLCV-R | 5-GTTCTCCGTATGATTCTCGTA-3 |
| 9 | CVYV (Cucumber vein yellowing virus) | CVYV01-F | 5-CGAAGGTCTCGAATAAGCGTC-3 (SYBR) |
| | | CVYV01-R | 5-GAATACCCACACCGAACTTCA-3 |
| 10 | WmCSV (Watermelon Chlorotic Stunt Virus) *DNA virus | WmCSV01-F | 5-CGGCCTCAGACTGGTCGTTTCTTAA-3 |
| | | WmCSV02-R | 5-GCGATCGTTTCCAAGTTATGCGAA-3 |
| 11 | WBNV (Watermelon bud necrosis virus) | BM55-F | 5-AGAGCAATCGGTGCGCCAATT-3 |
| | | BM56-R | 5-ATGCTTCAATYARAGCAGCAGATT-3 |
| 12 | ZYMV (Zucchini yellow mosaic virus) | ZYMV01-F | 5-CCGCCCTCGGAAAAGCT-3 (SYBR) |
| | | ZYMV01-R | 5-TGTCTTGGTGGAGGGCTTGT-3 |
| 13 | SqMV (Squash mosaic virus) | SqMV-F | 5-CAAGCTTGTGCAGTTTGCTGA-3 |
| | | SqMV-R | 5-GGCAATTTCCAAATACCATGT-3 |
| 14 | PRSV-W (Papaya ringspot virus W) | PRSVW01-F | 5-CTAGTGACGGAAACGATGTGTCAACTAGC-3 |
| | | PRSVW01-R | 5-CTAGCGGAGTATTCAATTGCGCATAACC-3 |
| 15 | WMV2 (Watermelon mosaic virus 2) | WMV2CP01-F | 5-GGCTTCTGAGCAAAGATG-3 |
| | | WMV2CP01-R | 5-CCCAYCAACTGTYGGAAG-3 |
| 16 | CMV (Cucumber mosaic virus) | CMV-SY-F | 5'-ATGGGCAATGCGTTTCGTTA-3' |
| | | CMV-SY-R | 5'-CCGCTTACGATTCCCAACTGT-3' |
| 17 | MNSV (Melon necrotic spot virus) | MNSV-SY-F | 5'-GCCCCAGGGAAATCCTAGAAT-3' |
| | | MNSV-SY-R | 5'-CCGCTGTCACCACGTTCTTTA-3' |
| 18 | CGMMV (Cucumber green mottle mosaic virus) | CG-CP-F | 5'-ATGGCTTACAATCCGATCACA-3' |
| | | CG-CP-R | 5'-CTAAGCTTTCGAGGTGGTAGC-3' |

| | | | |
|----|--|---------|----------------------------------|
| 19 | KGMMV (Kyuri green mottle mosaic virus) | KG-CP-F | 5'-ATGCTTACTCAACCAGTGGTATT-3' |
| | | KG-CP-R | 5'-TCACTTTGAGGAAGTAGCGCT-3' |
| 20 | ZGMMV (Zucchini green mottle mosaic virus) | KG-CP-F | 5'-ATGCTTACTCAACCAGTGGTATT-3' |
| | | KG-CP-R | 5'-TCACTTTGAGGAAGTAGCGCT-3' |
| 21 | CFMMV (Cucumber fruit mottle mosaic virus) | CF-CP-F | 5'-ATGTCTTACTCTACTTTCTGGTTTGC-3' |
| | | CF-CP-R | 5'-TCACTTCGAGGTAGACGACGA-3' |

○ 국내 및 국외에서 수집된 바이러스 감염 수박 잎에 대한 검정 서비스

- 국내 및 국외(태국)에서 육성계통들에서 바이러스병으로 의심되는 샘플들에 대한 바이러스 진단 서비스를 수행함 (그림 1.15)
- 보유한 21종의 바이러스병 진단 프라이머로 시기별로 5회에 걸쳐 50여 개체에 대한 RT-PCR 검정을 수행하였으나, ZYMV와 CFMMV 외에 진단되지 않아 국내 및 태국의 육종회사 육성포에서는 실제 potyvirus 외에는 바이러스가 발견되지 않았음을 알 수 있었음.
- 국내에서 수박을 비롯한 박과작물에서 지속적으로 발병하였던 Tobamovirus인 CGMMV, ZGMMV의 경우는 사업단 연구를 시작하면서 모니터링한 결과 거의 발견되지 않아 종자 전열소독을 통한 방제가 잘 이루어지고 있었음
- 국외의 경우, 육종회사들의 바이러스 진단시 많은 경우 ZYMV 이거나, 혹은 DNA virus로 알려져 있어 이에 대한 고려가 필요함.



그림 1.15 태국에서 수집된 바이러스병 추정 수박 잎 샘플 사례

○ 신규 ZYMV, PRSV-W 바이러스원 확보

- 해외 재배포장에서 ZYMV 및 PRSV-W의 신규 바이러스 isolate를 확보 및 수집
- 수박에서의 병징이 매우 혼란스러운 potyvirus 들이며, ZYMV 저항성 마커 개발시 참조 바이러스원으로 사용하기 위하여 strain을 유지함.



그림 1.16 신규 분리, 증식된 ZYMV

○ 수박종자 바이러스검정 서비스 실시

- 수박의 육성과정에서 최근 국외채종을 많이 실시하고 있으며, 국내 반입시 식물검역원에서 임의 샘플에 대한 CGMMV 및 SqMV를 대상으로한 바이러스 검정을 하고 있어 종자회사의 요청에 따라 SqMV에 대한 ELISA를 수행하였음.
- 육종회사 수박종자를 대상으로 2회에 걸쳐 182개체에 대한 SqMV 감염 진단결과 대부분 종자감염은 없었으며 (그림 1.16), ELISA 결과에 대한 신뢰도를 높이고자 임의 선발하여 RT-PCR을 수행하였으나 동일한 결과를 얻을 수 있었음.

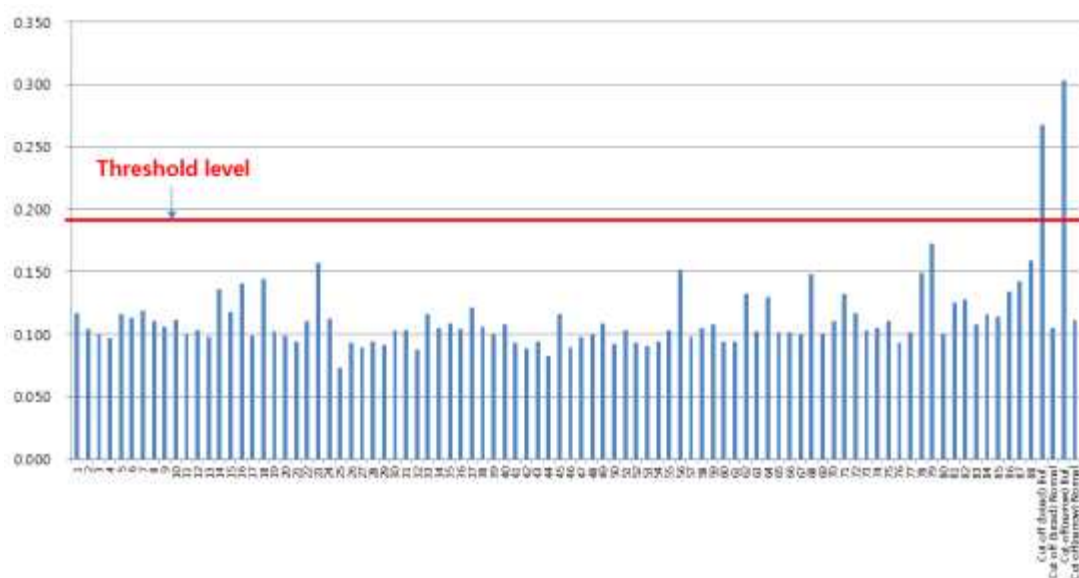


그림 1.17 수박종자의 SqMV 검정을 위한 ELISA 결과 사례

마. 만고병(Gummy stem blight)균 국내 수집균주 확보 및 저항성 자원 스크리닝

(1) 만고병(Gummy stem blight)균 병원체 확보 및 동정

○ *Didymella bryoniae* (Db)의 race를 확보

- Db의 계대증식은 PDA에서 이루어졌으며, 4주 간격으로 계대 보관 중임
- KACC40669(기탁균주) 분양 및 수박 재배포장에서 1종의 isolate 균주를 확보함
- 해외 노지수박에서 만고병의 발병증가가 보고됨에 따라, 1단계 계획에는 포함되지 않았으나, 2단계에서 실시 예정인 만고병 저항성분석 및 마커개발을 위하여 수집 유전자원 약 300여 종에 대한 병 스크리닝을 4년차까지 완료함

○ 확보된 만고병 균주 KACC40669의 병징 및 서열분석

- ITS sequencing consensus sequence 결과를 토대로 NCBI에 Blast결과 *Stagonosporopsis cucurbitacearum* strain CBS 233.52 small subunit ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence에서 identity 99%, E-value 0.0으로 나타났다.



그림 1.18 만고병 균주 ITS 검정 결과

[보관 균주 KACC40669 에서 분석된 ITS consensus sequence]

```
TCCAACGCGTTGGGAGCTCTCCCATATGGTCG-ACCTGCAGGCGGCCGCGAATTCAGTAGTGATTCACCGCCC
GTCGCTACTACCGATTGAATGGCTCAGTGAGGCCTCCGACTGGCTCGGAGAGGTTGGCAACGACCACTCCG
AGCCGAAAGCTCGTCAAACCTCGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTG
CGGAAGGATCATTACCTAGAGTTGCGGGCTTTGCCTGCCATCTCTTACCCATGTCTTTTGTAGTACCTTCGTTTCC
TCGGCGGGTTTCGCCC GCCGATTGGACAAAACCTTAAACCTTTGTAATTGAAATCAGCGTCTGAAAAAACATA
ATAGTTACAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAG
TGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTCCATGGGGCATG
CCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTTTGCTTGGTGTGGGTGTTTGTCTCGCCTCTGCGCGCAGACTCG
CCTCAAAACGATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTTCGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCACAACGACG
ACGTCCGAAAAGTACATTTTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACCTTAAAGCATATCA
ATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAAAATCGAATTCCC
GCGGCCCGCCATGGCGGCCGGGAGCATGCGA
```

○ 확보된 만고병 균주의 최적 포자형성법 확립 및 접종법 확립

- 최적 병원성 포자형성 방법 및 접종농도 수립함
- 포자형성시 일반적으로 사용하는 광조건 중 UV와 형광등 처리는 conidia의 병원성에는 영향을 주지 않았으며, 형광등 처리시 2-4배의 conidia를 확보할 수 있었음

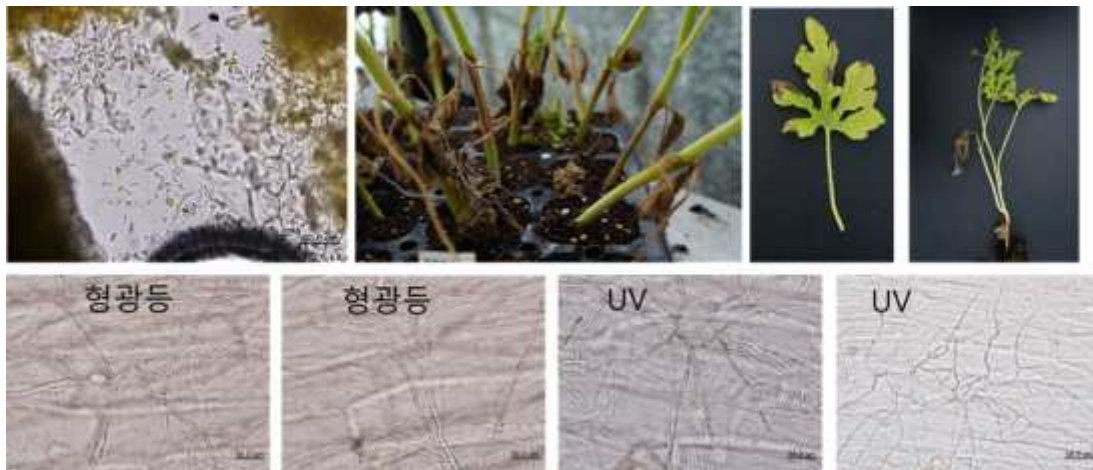


그림 1.19 만고병 conidia, 균사체 및 병징

- 덩굴마름병의 포자를 형성하기 위하여 UV처리를 하거나 형광등을 이용하여 광처리를 하여 포자를 유도한다. 이에 본 실험에서는 광원에 따른 포자수를 확인하고, 덩굴마름병원체의 포자 활성을 확인하였다.

- 실험방법

PDA 배지에 덩굴마름병 조각을 올리고 72시간 암배양 후 12시간씩 4일간 광암주기를 준다. 그 후 24-48시간동안 암배양을 한다.

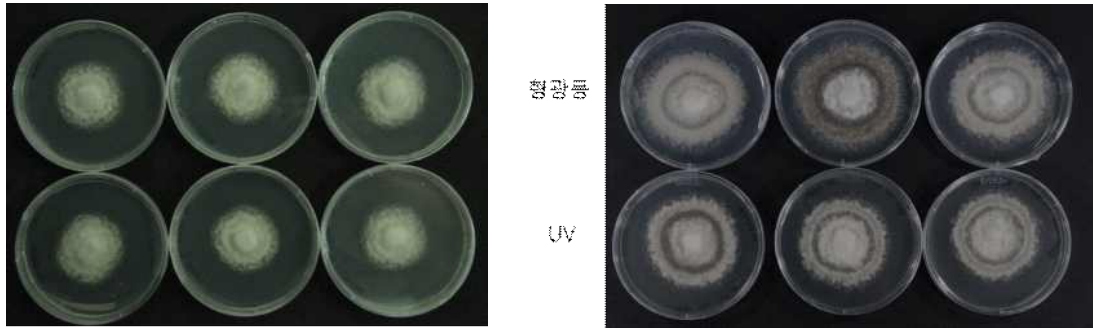
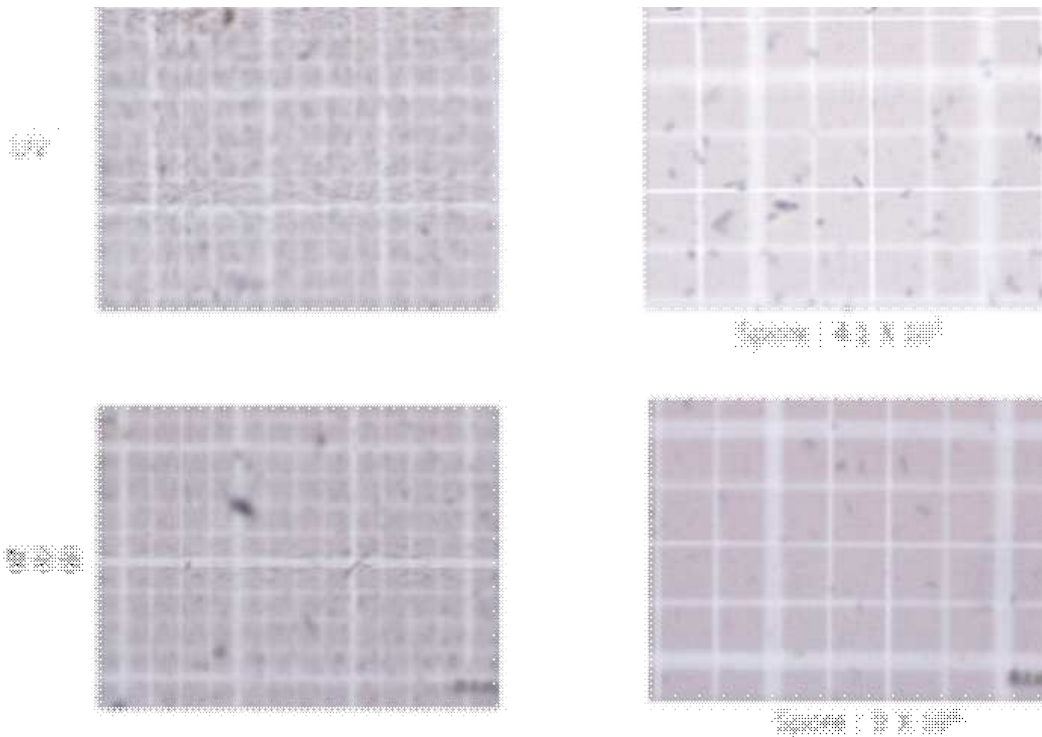


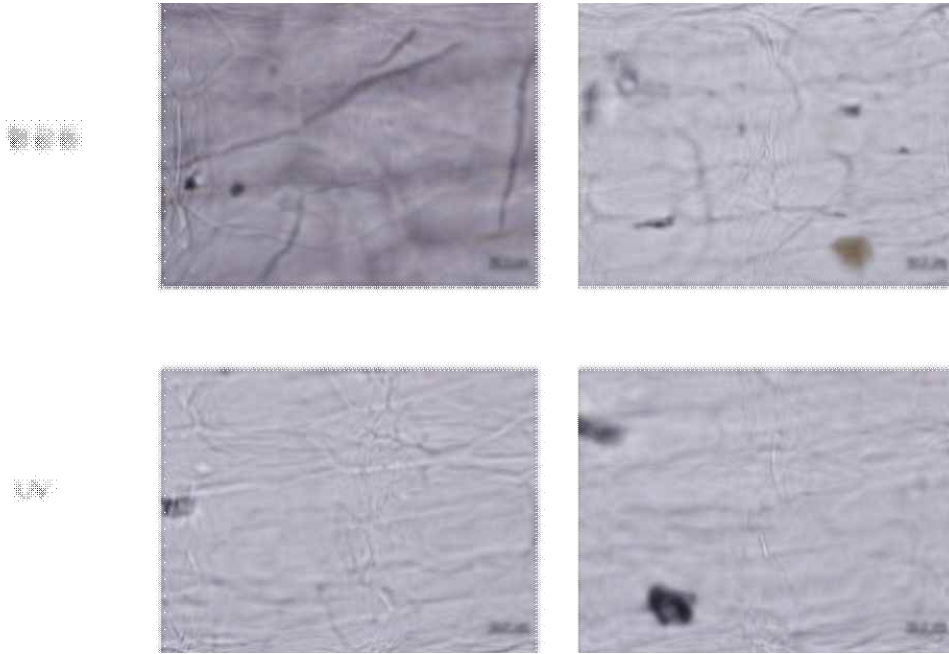
그림 1.20 PDA 배지에서 증식된 만고병균 균사체

암배양 72시간

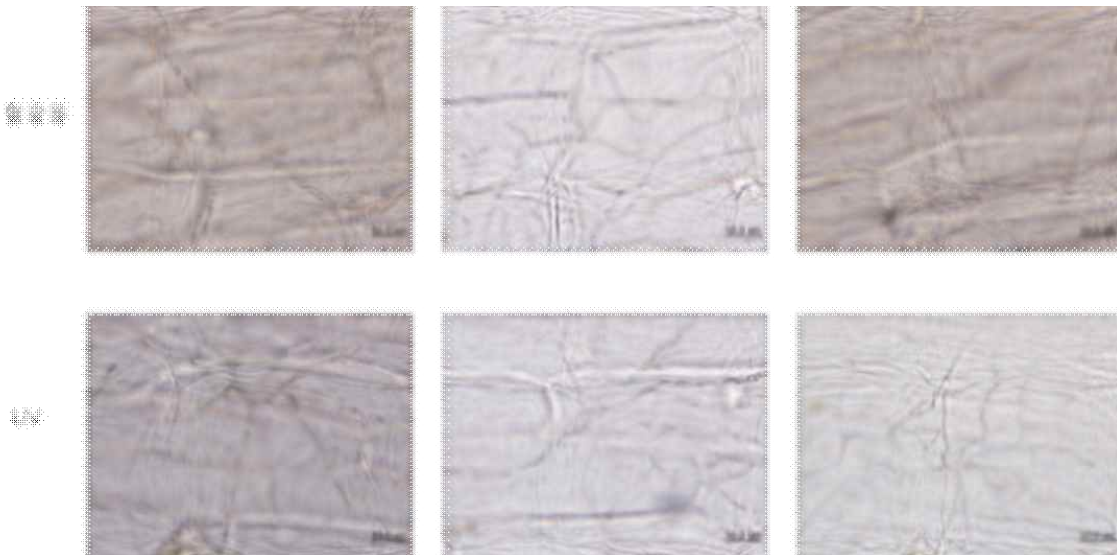


- Germination of Pycnidiospore 포자 발아력 검사 결과, 형광등과 UV 처리 사이에 정상적인 포자 형성능에는 차이가 없었음

[16시간 후 관찰]



[48시간 후 관찰]



○ 확보된 만고병 균주의 최적 포자형성법 확립 및 접종법 확립

- 만고병 저항성 스크리닝은 실외 접종시 발병 확인이 매우 어려우며, 이로 인해 유전성 분석시 해석이 쉽지 않은 문제점을 갖음
- 기내 접종방법 및 감수성/저항성 해석방법 수립함

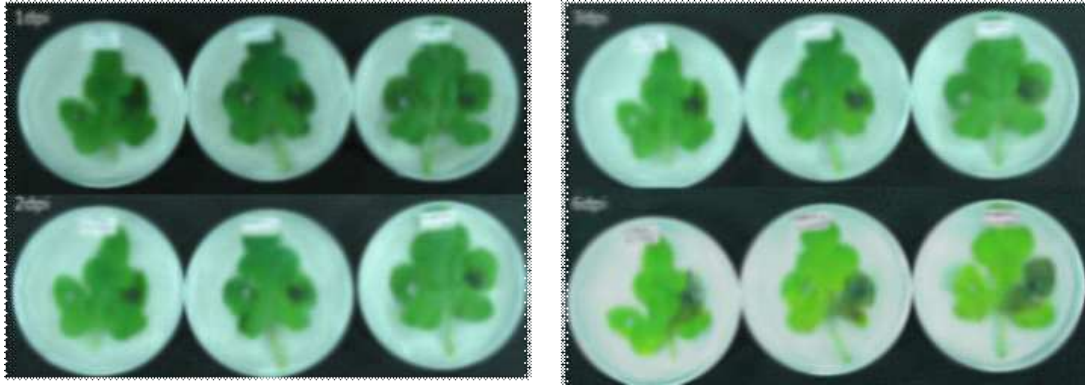


그림 1.21 만고병 기내 접종방법 확립

2. SNP 기반 수박 고밀도 유전자지도 작성

가. 수박 고밀도 유전자지도 작성

- (1) 분석배경: 전 세계적으로 채소작물중 토마토 다음으로 많은 재배면적을 차지하고 있는 수박은 매우 좁은 유전적 배경을 갖고 있고, 마커들의 segregation distortion이 매우 심하여, 기존 분자마커들 (RAPD, AFLP, SSR 등)을 통한 유전자지도 작성이 힘들었음 (연관그룹 형성조차 어려웠음). 특정 형질에 대한 연관분자마커 개발의 경우도 전 세계적으로 연구가 많이 이루어지지 못하였음.
- 2013년 표준유전체서열 분석결과가 발표된 이후로, 다양한 SNP 변이 비교, 분석이 가능해졌고, 본 연구에서는 표준유전체서열에 대한 유전체 재분석 및 연관유전자지도 작성을 통하여 표준유전체의 scaffold 사이의 gap에 대한 위치를 보완하였고, 심도있는 QTL 파악이 가능한 고밀도 지도를 작성하였음.

(2) 서열분석

- 분석집단: PI189225(야생종; *C. lanatus* ssp. *citroides*) x Ts(재배종; *C. lanatus* ssp. *lanatus*) 및 F2 분리세대
- 서열분석 및 유전자형 결정방법: Genotyping by Sequencing (GBS)
- 모부분 및 165개체의 F2 분리세대의 DNA를 추출하였고, 각 개체 DNA를 ApeKI으로 자른 후, 바코드 어댑터를 동일한 제한효소로 잘라 ligation 하였음. 이후 PCR을 이용하여 library를 제작하고 정제하여 Illumina Hi-Seq GAII를 이용하여 96-plex로 resequencing을 수행하였음.

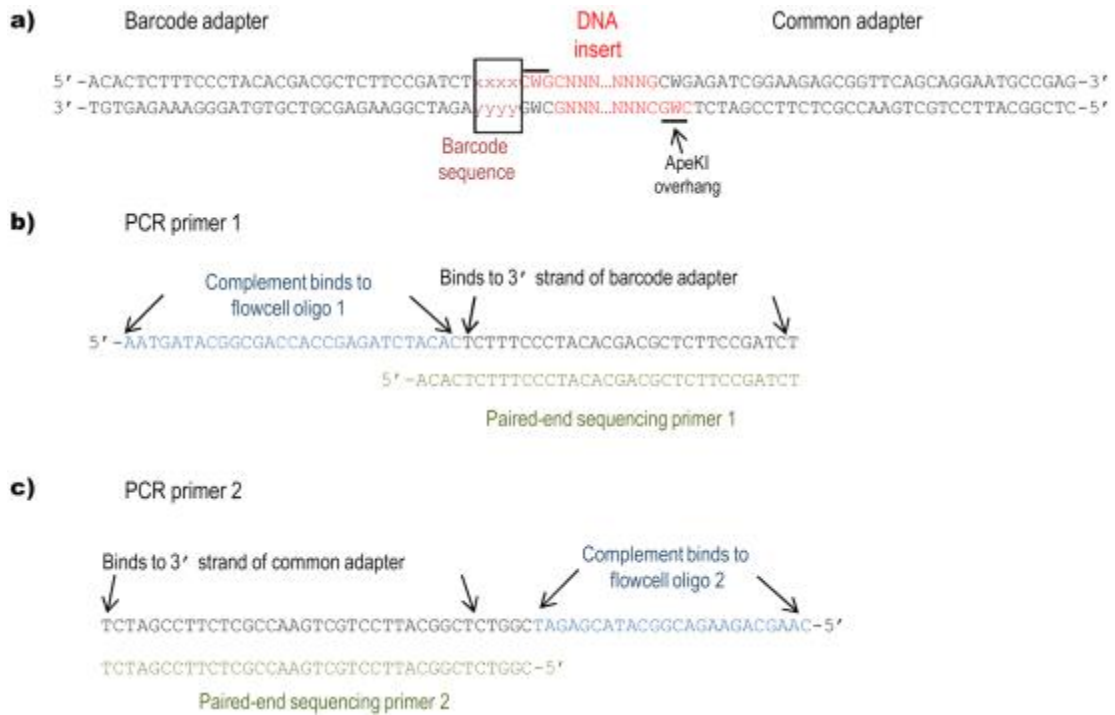


그림 2.1. GBS를 위하여 제작된 바코드 어댑터서열 위치 및 PCR primer 서열

| | | | | | |
|-------|-------|--------|----------|----------|----------|
| CTCC | TTCTC | TCGTT | CTATTA | AATATGC | TGCAAGGA |
| TGCA | AGCCC | GGTTGT | GCCAGT | ACGTGTT | TGGTACGT |
| ACTA | GTATT | CCAGCT | GGAAGA | ATTAATT | TCTCAGTC |
| CAGA | CTGTA | TTCAGA | GTACTION | ATTGGAT | CCGGATAT |
| AACT | ACCGT | TAGGAA | GTTGAA | CATAAGT | CGCCTTAT |
| GCGT | GCTTA | GCTCTA | TAACGA | CGCTGAT | AACCGAGA |
| CGAT | GGTGT | CCACAA | TGGCTA | CGGTAGA | ACAGGGAA |
| GTAA | AGGAT | CTTCCA | TATTTTT | CTACGGA | ACGTGGTA |
| AGGC | ATTGA | GAGATA | CTTGCTT | GCGGAAT | CCATGGGT |
| GATC | CATCT | ATGCCT | ATGAAAC | TAGCGGA | CGCGGAGA |
| TCAC | CCTAC | AGTGGA | AAAAGTT | TCGAAGA | CGTGTGGT |
| TGCGA | GAGGA | ACCTAA | GAATTCA | TCTGTGA | GCTGTGGA |
| CGCTT | GGAAC | ATATGT | GAACTTC | TGCTGGA | GGATTGGT |
| TCACC | GTCAA | ATCGTA | GGACCTA | ACGACTAC | GTGAGGGT |
| CTAGC | TAATA | CATCGT | GTCGATT | TAGCATGC | TATCGGGA |
| ACAAA | TACAT | CGCGGT | AACGCTT | TAGGCCAT | TTCTTGGA |

그림 2.2. GBS 분석시 96-plex 서열분석을 위하여 사용된 바코드 서열

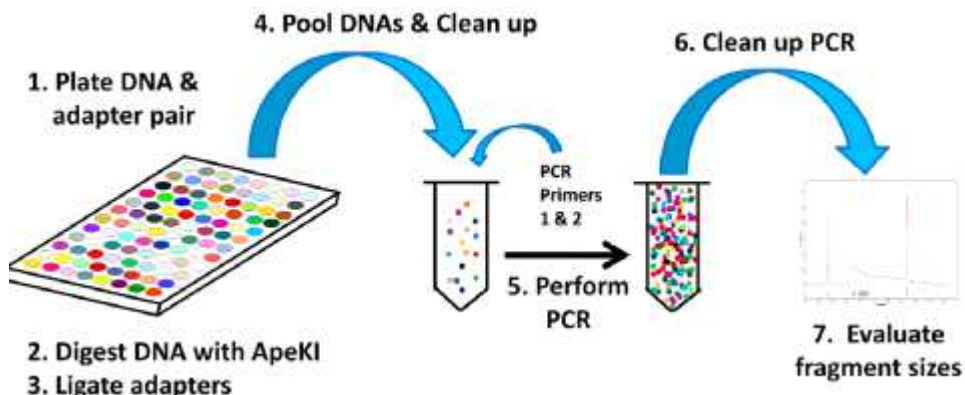


그림 2.3. GBS 분석을 위한 library 제작과정

- Read tag들은 BWA algorithm을 이용하여 reference 서열에 align하였고, 그 결과 총 2,010,036tag이 얻어졌으며, 977,168tag이 특이위치에 align 되었음 (48.6%), 한편 103,217 tag (5.1%)은 여러 위치에 align 되었고, 46.3%는 위치를 결정하지 못하였음.
- 획득한 총 VCF SNP는 98,958개이며, filtering을 한 28,058 HapMap SNPs와 filtering이 안되었을 때 60,625 HapMap SNPs로 나타나 대량의 SNP marker가 얻어짐
- VCF를 참조하여 얻어진 sequencing mean depth는 13.6 ± 2.6 이었으며, missing은 0.26 ± 0.09 로 나타나 96-plex로서는 매우 높은 수준의 read depth를 보여줌
- 대부분에 대한 SNP 개수는 filtering을 하지 않은 경우 30,725로 나타남

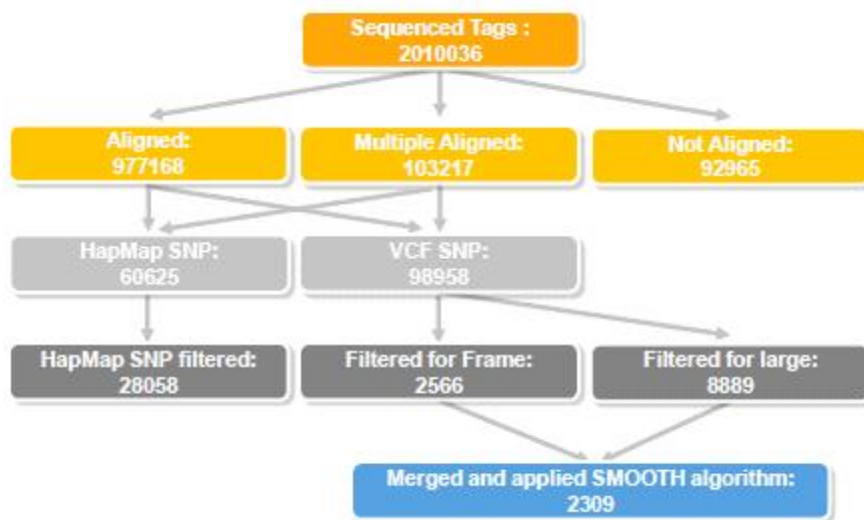


그림 2.4. GBS를 이용한 165개체 F2집단에 대한 유전자형 결정과정. Sequence read는 표준염기서열에 위치시켰고, HapMap 파일을 제작함 (왼쪽 첫 번째열). A, B, H의 유전자형은 VCF에서 도출하여 filtering과 Smoothing과정을 통하여 총 2,309개의 SNP 마커를 획득함.

(3) 고밀도 연관유전자지도 작성 (그림 2.5)

- 98,958 VCF SNP들을 filtering (MAF, 0.1)하여 8,889 SNP를 얻었으며, 이중에서 heterotype에 대한 MAF를 결정하여 2,309개의 SNP를 얻어 이들을 frame mapping에 사용함
- 다양한 MAF를 적용하여 frame mapping을 수행하였고, JoinMap 4.1을 사용하여 연관유전자지도를 작성함.
- 각 유전자형에서 singleton들은 SMOOTH 알고리즘을 적용하여 imputation을 수행하였음.
- 작성된 유전자지도는 2,309개의 공우성 마커로 활용할 수 있었으며, 1,159의 genetic bin으로 구성된 총 1,394cM의 11개의 연관그룹을 형성하였음 (Haldane mapping function; $LOD > 10$, Chr05, 10은 예외)
- 유전자지도의 마커간 거리는 평균 1.2cM으로 나타남.

표 2.1. mAF filtering후 염색체별 VCF SNP 및 Genetic bin의 개수와 map length(cM).

| Chr | No of VCF SNPs | No of Genetic Bins | Map Length (cM) |
|-----|----------------|--------------------|-----------------|
| 1 | 232 | 123 | 177.1 |
| 2 | 223 | 114 | 154.8 |
| 3 | 201 | 85 | 121.9 |
| 4 | 155 | 69 | 86.8 |
| 5 | 279 | 144 | 126.7 |
| 6 | 261 | 106 | 115.7 |
| 7 | 95 | 62 | 130.2 |
| 8 | 169 | 97 | 100.3 |
| 9 | 285 | 138 | 159.4 |
| 10 | 212 | 125 | 101.3 |
| 11 | 197 | 95 | 119.6 |
| Sum | 2309 | 1150 | 1393.8 |

(4) 작성된 연관유전자지도의 검증 (그림 2.5)

- VCF의 mAF를 기준으로 filtering한 SNP들은 mAF조합별로 JoinMap 4.1을 이용하여 유전자 지도를 작성하였고, 작성된 frame locus들의 서열은 MSTMAP 프로그램을 이용하여 도출된 frame marker들과 비교하여 서열의 견고함을 확인함.
- 또한 최종적으로 위치가 결정된 SNP 마커들은 CheckMatrix(py_matrix_2D.py)로 분석하였으며, 각 염색체별로 2차원 heat plot으로 visualization하여 검증하였음.

(5) 작성된 연관유전자지도의 SNP 분포

- 그림과 같이 최종 filtering된 SNP의 총량과 발견된 SNP의 incidence를 각 염색체의 위치별로 plot을 그려보면, SNP가 매우 적게 발견된 지역은 표준유전체에서도 동원체 지역으로 파악되는 위치와 거의 일치함을 알 수 있음.

표 2.2. 염색체별 exon, intron, intergenic region에서 발견된 SNP 개수

| Chr | Frame | | | All | | |
|-----|-------|--------|------------|------|--------|------------|
| | Exon | Intron | Intergenic | Exon | Intron | Intergenic |
| 1 | 163 | 38 | 68 | 402 | 273 | 282 |
| 2 | 177 | 27 | 57 | 421 | 201 | 192 |
| 3 | 126 | 29 | 63 | 337 | 198 | 228 |
| 4 | 106 | 23 | 55 | 238 | 153 | 210 |
| 5 | 181 | 25 | 73 | 482 | 251 | 260 |
| 6 | 184 | 36 | 71 | 404 | 233 | 260 |
| 7 | 68 | 11 | 35 | 175 | 96 | 178 |
| 8 | 117 | 17 | 53 | 300 | 140 | 207 |
| 9 | 205 | 47 | 62 | 450 | 218 | 297 |
| 10 | 153 | 38 | 47 | 382 | 211 | 104 |
| 11 | 126 | 27 | 58 | 412 | 252 | 233 |

(6) 작성된 연관유전자지도의 활용

- 작성된 수박 연관유전자지도는 향후 PI189225를 부계로 사용하는 경우, F₂₋₃ 후대집단의

병저항성 검정을 통한 표현형 검정이 이루어지면 면밀한 QTL 분석과 후보 마커들을 도출할 수 있을 것으로 기대하고 있음.

- 분석집단에 대한 직접적인 marker genotyping (HRM 또는 Fluidigm platform) 보다는 GBS를 활용할 경우, sequencing 자체가 바로 SNP marker를 보여 주므로, 더욱 경제적인 분석비용으로 형질연관 SNP marker를 도출할 수 있음.

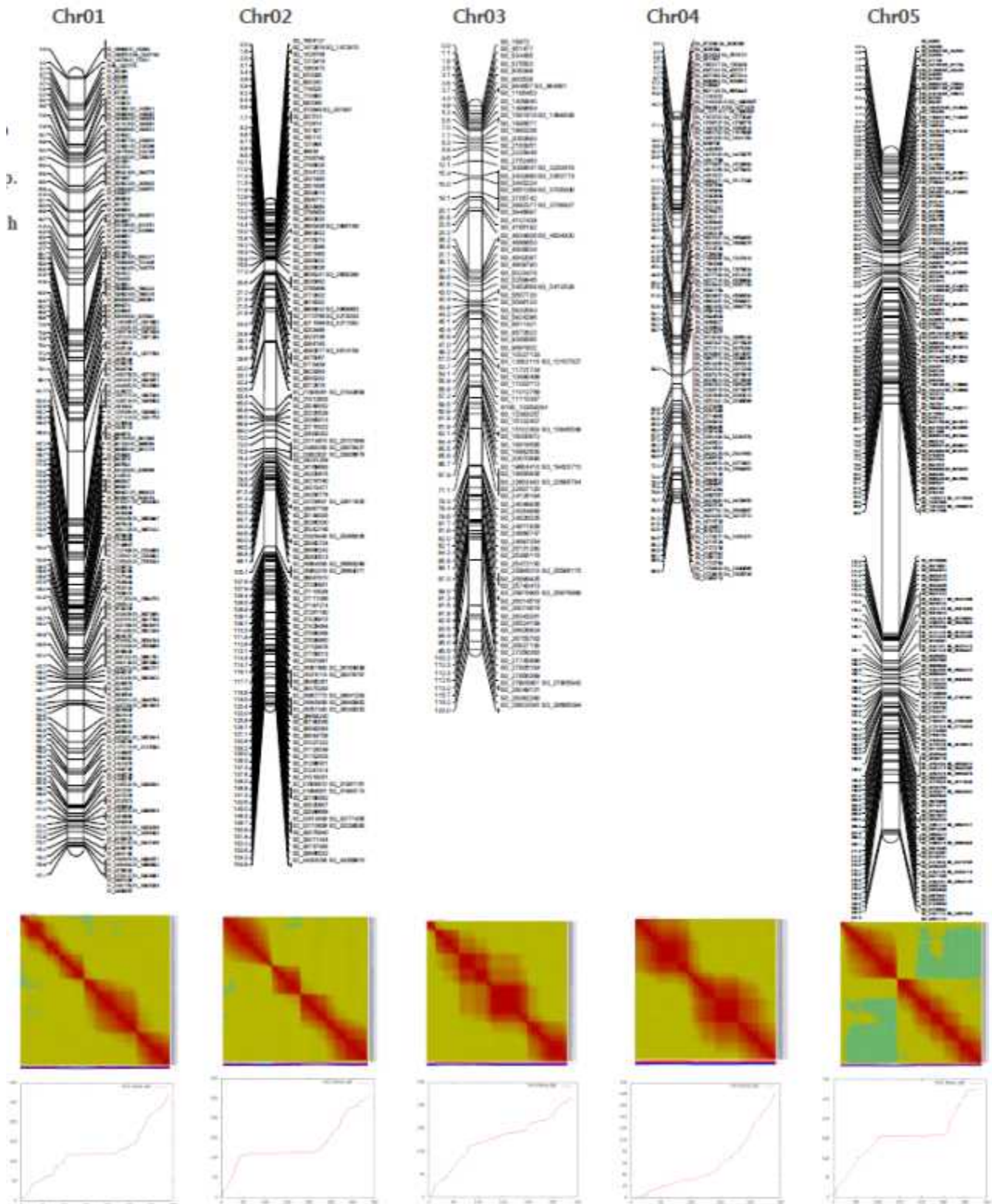


그림 2.5. GBS를 이용한 SNP기반의 수박(PI189225 x TS) 고밀도 유전자지도 (계속).

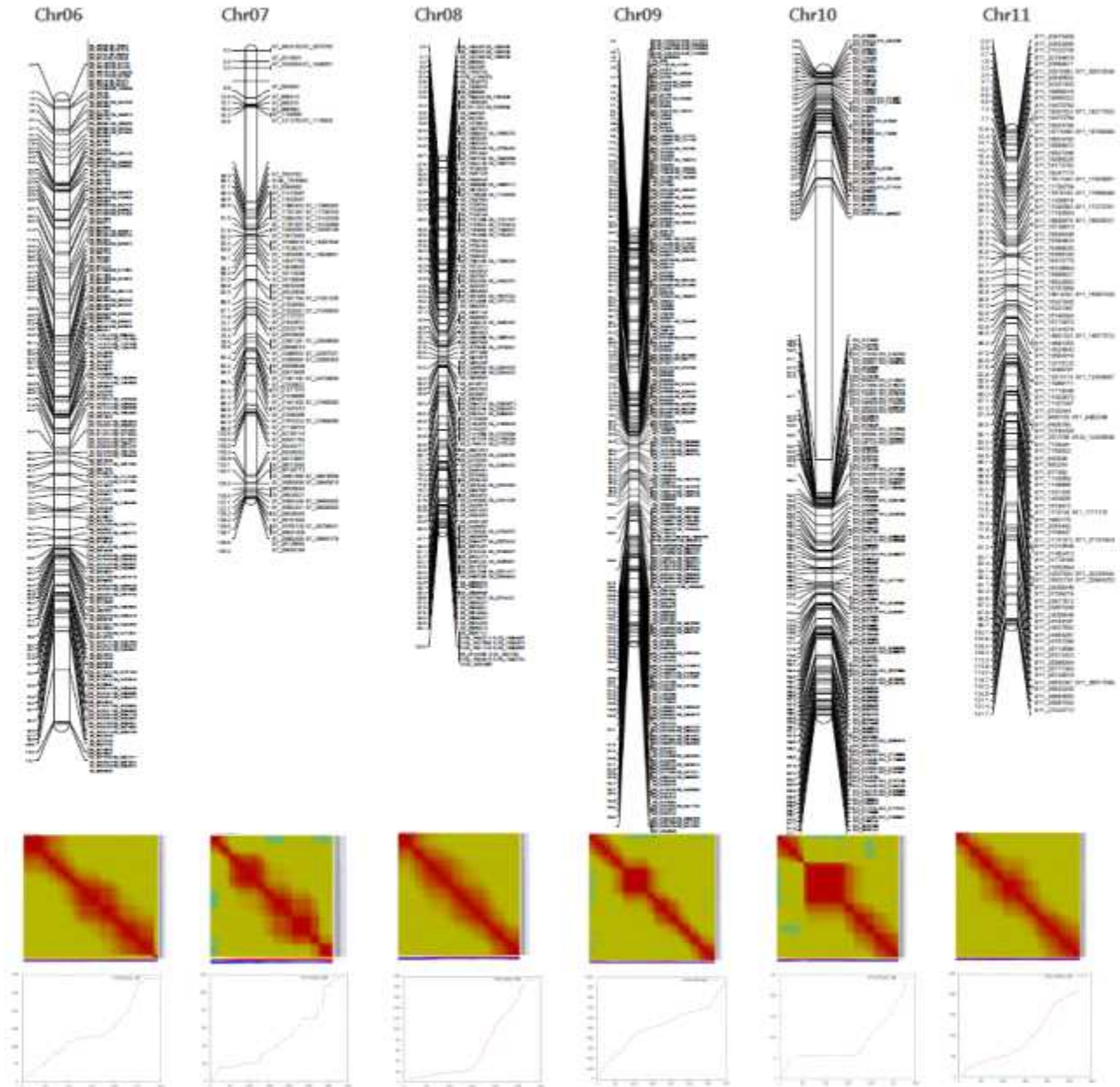


그림 2.5. GBS를 이용한 SNP기반의 수박(PI189225 x TS) 고밀도 유전자지도. 각 염색체별로 pymatrix 2D chart를 작성하여 유전자지도를 검증하였으며, 염색체별로 축적된 SNP의 위치별 개수를 plotting하였음.

나. 수박 고밀도 유전자지도 작성의 최적화

(1) 최적화 분석배경

- GBS방법적 적용을 통한 고밀도 수박 유전자 지도의 작성은 GBS의 특성상 sequencing read depth 및 염색체 coverage가 다양해지기 때문에, 매번 많은 시간이 소요되는 여러 가지 filtering 조건을 적용하여 최적의 genetic mapping을 수행해야함.
- 작성된 genetic map은 참조유전체의 서열정보를 기반으로 하기 때문에 물리적으로 SNP 마커의 순서가 어느 정도는 동일하게 나타나야 하나, 실제 작성된 genetic map에 위치

한 SNP 마커가 참조유전체 대비 물리적으로 불일치하는 부위가 많이 나타남.

- 이러한 이유로 genetic map의 유전체에서의 실제 위치를 확실히 할 필요가 있었으며, 이를 위한 physical bin 기반의 imputation 및 scaffold 기준의 ordering이 추가된 검증작업이 요구되었음.

(2) GBS 데이터의 일괄변환 분석 소프트웨어

- GBS 및 genetic map 분석의 최적화를 위하여 우선 염기서열 정보를 F2집단 유전분리를 나타내는 A, H, B의 유전자형으로 변환하는 web기반 분석툴을 제작하여 실시간 변형이 가능하도록 하였음.
- 일괄분석시 고려해야하는 cutoff value, homo-range, hetero-range, minimum read depth, max read depth 등의 filtering 조건을 갖춘 web기반 소프트웨어 개발

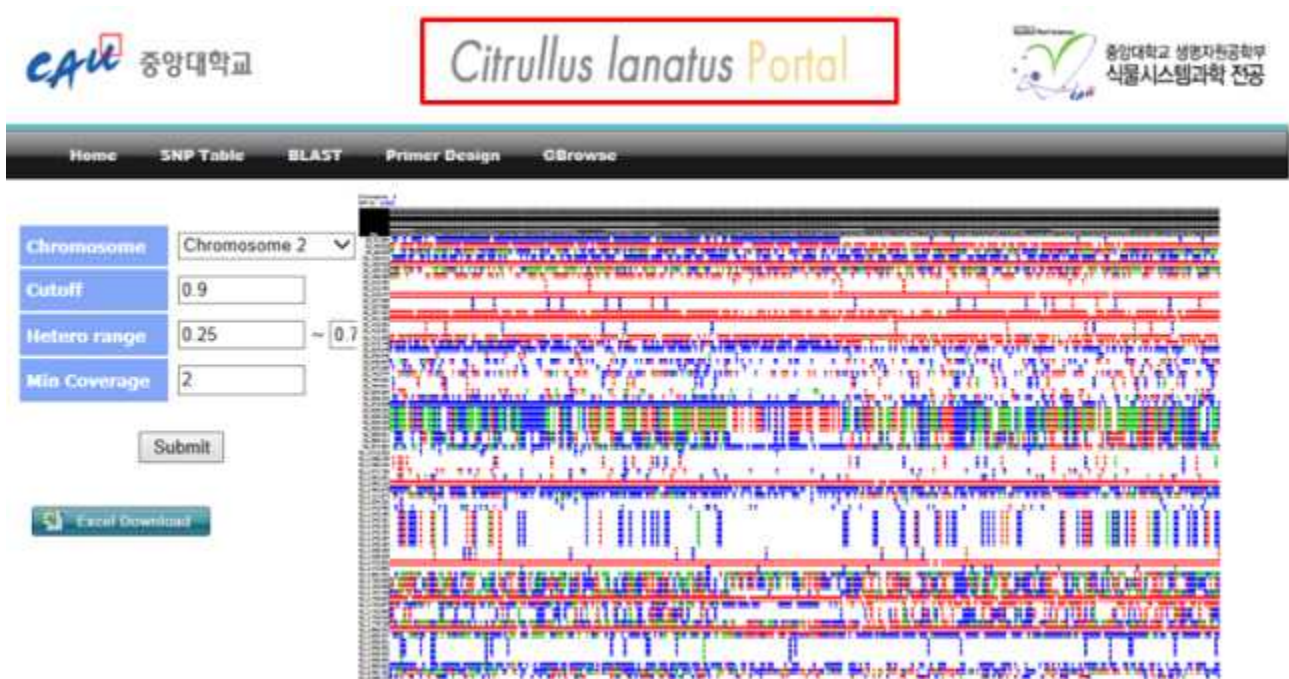


그림 2.6 GBS 분석후 얻어진 VCF 정보를 F2집단의 유전자형으로 일괄변환 시키는 web기반 분석 소프트웨어

(3) GBS raw 데이터의 재분석

- 1차년도에 수행하였던 서열분석은 미국 코넬대학에 의뢰하여 서열분석, hapmap file 도출, vcf 도출 등을 수행하였으나, 결과의 최적화에는 다시 생물정보학적 분석이 이루어져야 했기 때문에 raw FastQ file의 데이터부터 재분석을 실시함.
- 재분석 결과는 그림 2.7과 같으며, 평균 mapping rate은 약 40%, 평균 coverage는 약 22%로 나타났다.

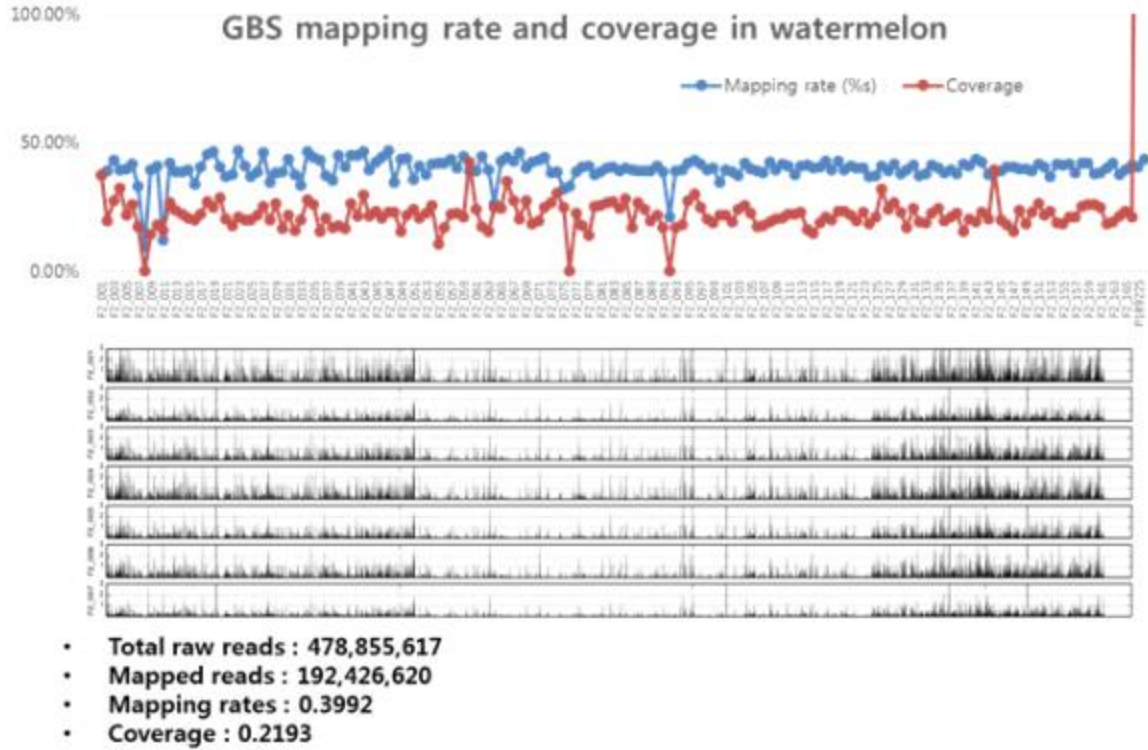


그림 2.7 수박에서 분석된 GBS mapping rate과 coverage

(4) GBS raw 데이터의 재분석을 통한 bin map 작성

- 초기 VCF 데이터의 적절한 imputation을 위해서 물리적 거리를 50K 및 100K 로 산정하여 bin으로 결정하고, bin의 genotype을 결정하고자 다양한 옵션을 주어 실제 유전자형을 가장 잘 반영할 수 있는 조건을 찾고자 함
- 물리적 위치를 반영하는 bin을 선별하였기 때문에, 동원체 주변에서는 서열의 mapping이 잘 이루어지지 않는 현상을 볼 수 있으며 (그림 2.8), 기존 참조유전체의 scaffold를 같이 고려하여 imputation 하고자 하였음.

(5) BIN map을 기준으로 결정된 genotype을 활용한 genetic map

- 다양한 조건의 기준으로 작성된 physical bin에서 도출된 genotype을 이용하여 다양한 genetic map을 작성하고 이들의 marker order를 비교함.
- GBS 분석시 사용한 physical bin 및 추가로 이때 사용된 각 SNP의 read depth를 filtering을 수행

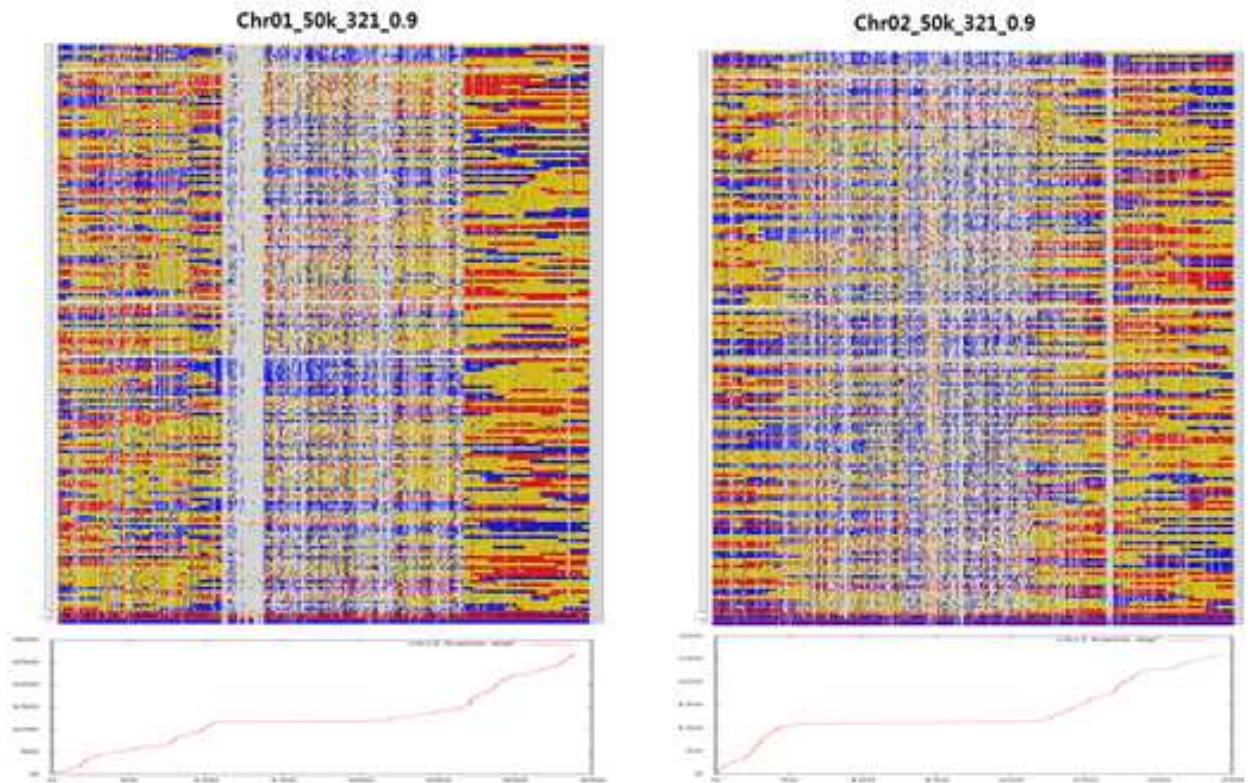


그림 2.8. 수박의 VCF를 physical bin으로 해석하여 결정된 유전자형의 사례

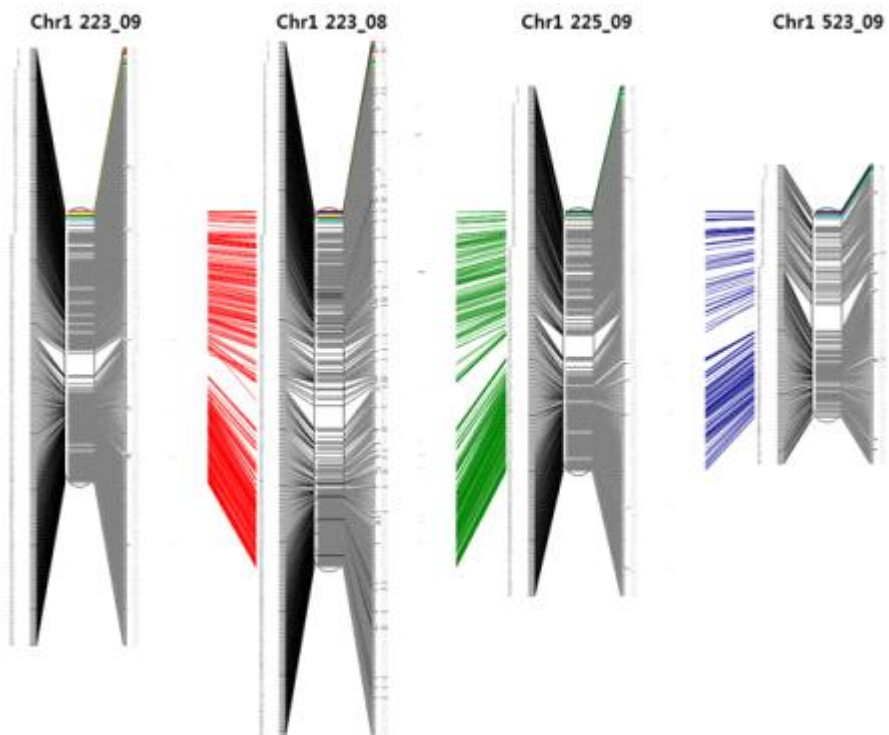


그림 2.9. 수박에서 bin map을 기준으로 결정된 genotype을 활용한 genetic map

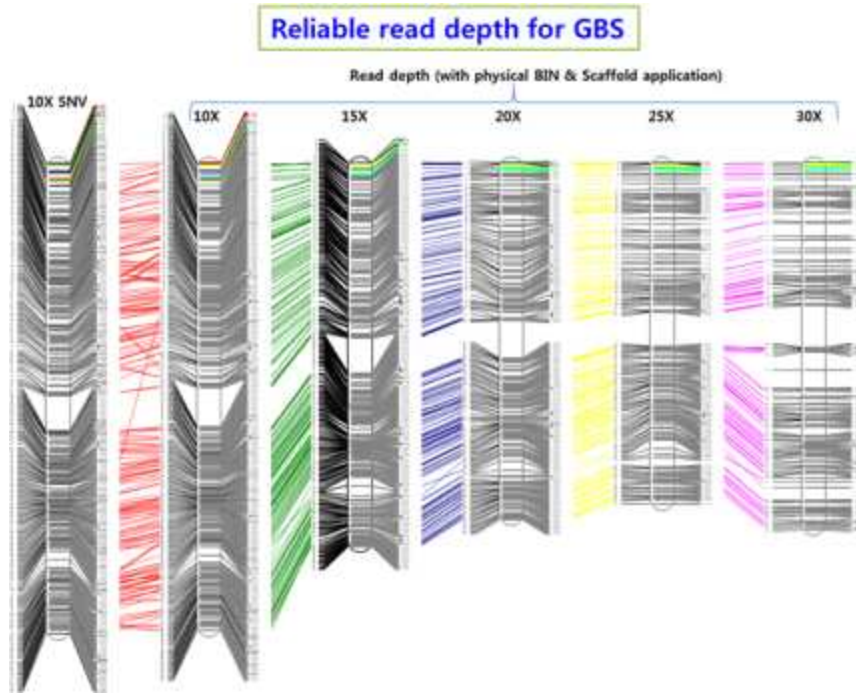


그림 2.10. 수박에서 GBS분석시 재현성 있는 map결과도출을 위한 read depth filtering

| GBS Read depth | 10X | 15X | 20X | 25X | 10X (pre-filtering) | 10X (post-filtering) |
|-----------------|-----|-----|-----|-----|---------------------|----------------------|
| Genetic bin No. | 334 | 232 | 180 | 147 | 223 | 185 |
| Distance (cM) | 320 | 262 | 243 | 233 | 216 | 192 |
| Marker No. | 527 | 380 | 289 | 220 | 334 | 223 |

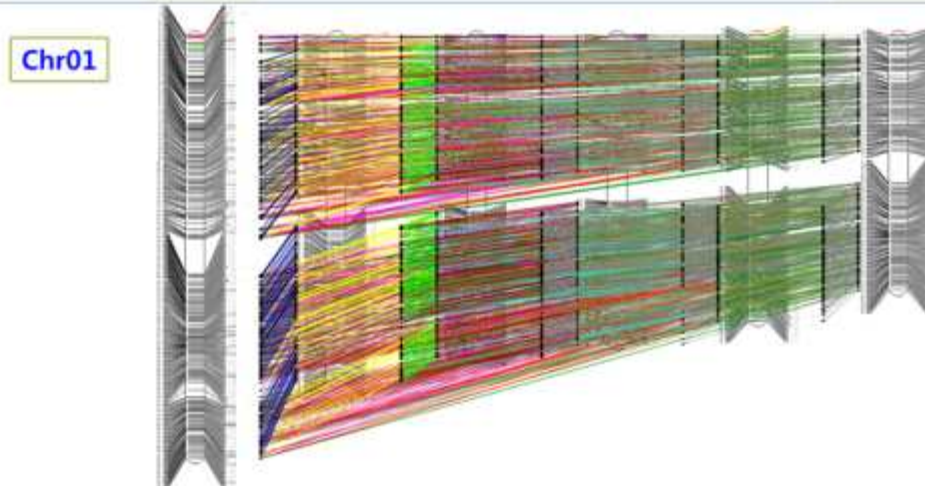


그림 2.11. GBS분석시 재현성 있는 결과도출을 위한 read depth, bin, scaffold 필터링 조건

- GBS분석에서 각 SNP에서의 read depth가 10X ~ 30X의 범위에서 최적화 방법으로 추출된 genotype을 사용할 경우는 marker의 순서가 항상 일정함.
- 전체적인 filtering 조건이 모두 고려되는 경우, SNP read depth 10X 조건에서 pre-filtering 및 post-filtering을 통한 singleton 제거후 genetic map은 매우 높은 품질의 고밀도 유전자지도로 작성될 수 있었음.

(6) 참조 유전체의 scaffold re-ordering

- 현재 세계적으로 공유되고 있는 참조 유전체는 BGI를 중심으로 발표된 중국 엘리트 97103 계통이나, 본 연구결과로 전체 염색체의 scaffold order가 상당 수준으로 재배열되어야 하는 것으로 나타났음.
- 참조유전체 대비 새롭게 scaffold의 재배열이 나타나야 하는 부분을 표현함.

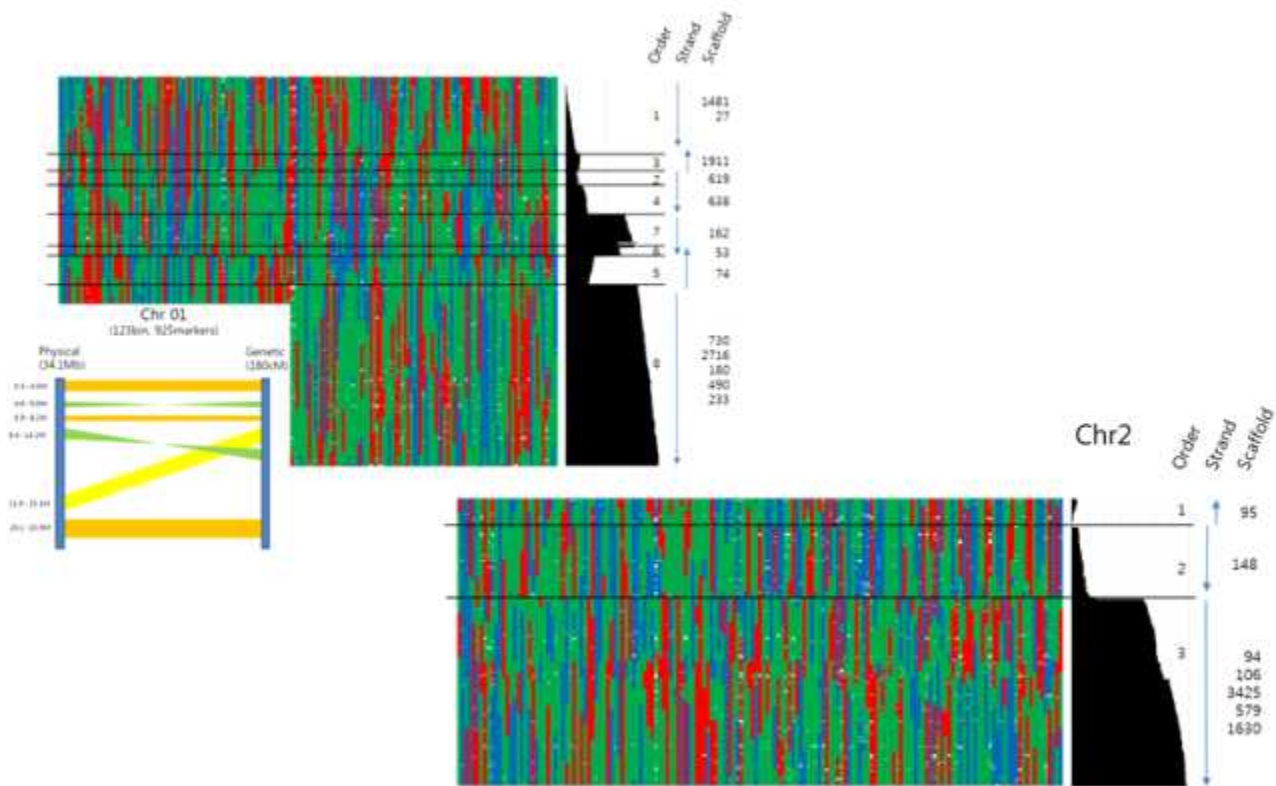


그림 2.12. GBS 분석을 통한 genetic map을 기준으로 참조유전체의 scaffold order 수정 표시

(7) 수박 염색체별 recombination block의 결정

- 수박의 최종적인 genetic map의 작성에 있어 각 염색체별로 recombination hot-breaking point를 찾아보았다. 이 결과는 추후 MABC 과정에서 중요한 데이터로 활용될 예정이다.

| Chro | All Breakpoints | | Singleton excluded | |
|-------|-----------------|---------|--------------------|---------|
| | total | Average | total | Average |
| Chr1 | 273 | 5 | 226 | 3.9 |
| Chr10 | 217 | 5.2 | 132 | 2.7 |
| Chr11 | 63 | 3.5 | 118 | 2.9 |
| Chr2 | 167 | 3.6 | 93 | 2.2 |
| Chr3 | 158 | 4 | 291 | 5.1 |
| Chr4 | 129 | 2.9 | 175 | 2.8 |
| Chr5 | 377 | 7.3 | 149 | 3.2 |
| Chr6 | 223 | 3.6 | 143 | 2.8 |
| Chr7 | 199 | 4.4 | 55 | 2.7 |
| Chr8 | 182 | 4.2 | 172 | 3.5 |
| Chr9 | 60 | 3 | 58 | 3.3 |

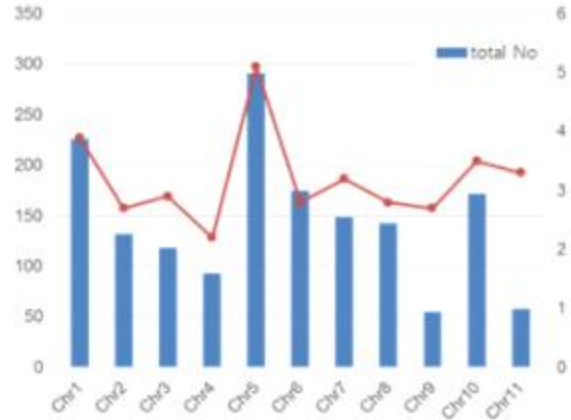
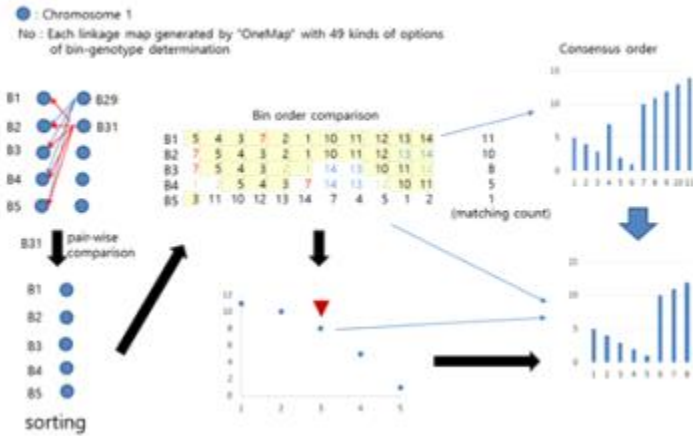


그림 2.13. 수박의 염색체별 recombination block 분석

(8) 재조합 블록 (genetic bin)을 이용한 skeletal marker 설정 및 genetic mapping

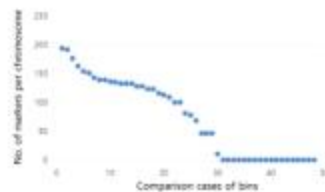
- SNP 기반의 high-dense genetic map 작성을 위해서는 신뢰할 수 있는 마커의 선정과 mapping이 필요함
- 본 연구에서는 SNP의 quality 및 인접한 SNP genotype에 따라 가장 신뢰할 수 있는 조건으로 일괄 map 작성을 수행하고자 하는 알고리즘으로 접근하였으며, 염색체 별로 약 100여개의 신뢰도 높은 마커(skeletal marker)를 확보할 수 있었음

Bin genotyping for skeletal marker

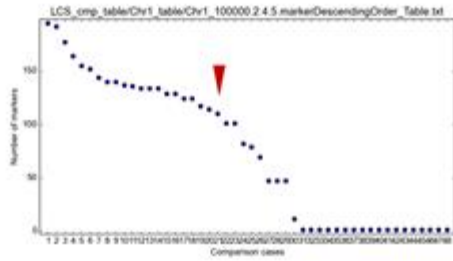


e.g. Chr2: pair-wise comparison by 2.4.5 (bin genotyping option)

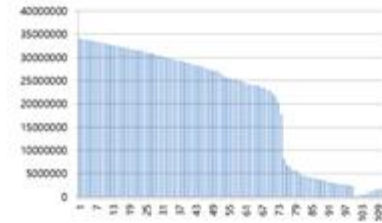
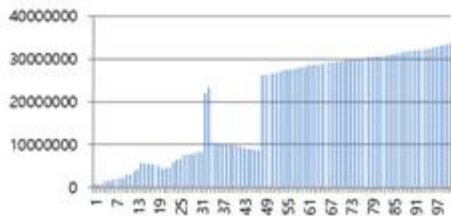
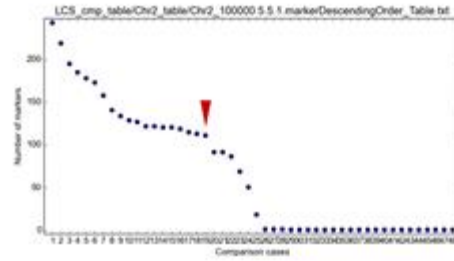
| | Matching count | | Matching count |
|---------------|----------------|---------------|----------------|
| 1) 4.3.5.cmp | 195 | 24) 3.5.5.cmp | 82 |
| 2) 4.2.5.cmp | 192 | 25) 3.4.1.cmp | 79 |
| 3) 3.4.5.cmp | 177 | 26) 4.5.3.cmp | 69 |
| 4) 3.3.5.cmp | 164 | 27) 5.5.1.cmp | 47 |
| 5) 2.3.5.cmp | 155 | 28) 5.4.3.cmp | 47 |
| 6) 2.2.5.cmp | 152 | 29) 5.3.3.cmp | 47 |
| 7) 4.4.3.cmp | 144 | 30) 3.5.3.cmp | 11 |
| 8) 5.2.1.cmp | 140 | 31) 2.2.3.cmp | 1 |
| 9) 5.5.3.cmp | 140 | 32) 3.2.3.cmp | 1 |
| 10) 2.3.3.cmp | 137 | 33) 4.5.1.cmp | 1 |
| 11) 2.2.1.cmp | 136 | 34) 3.2.5.cmp | 1 |
| 12) 4.3.1.cmp | 134 | 35) 2.4.3.cmp | 1 |
| 13) 3.5.1.cmp | 134 | 36) 3.3.3.cmp | 1 |
| 14) 3.2.1.cmp | 134 | 37) 4.2.1.cmp | 1 |
| 15) 5.4.1.cmp | 129 | 38) 4.3.3.cmp | 1 |
| 16) 2.5.1.cmp | 129 | 39) 2.5.5.cmp | 1 |
| 17) 3.4.3.cmp | 124 | 40) 2.4.1.cmp | 1 |
| 18) 2.3.1.cmp | 124 | 41) 2.5.3.cmp | 1 |
| 19) 4.5.5.cmp | 117 | 42) 4.2.3.cmp | 1 |
| 20) 5.2.5.cmp | 114 | 43) 4.4.1.cmp | 1 |
| 21) 5.5.5.cmp | 110 | 44) 5.3.5.cmp | 1 |
| 22) 3.3.1.cmp | 101 | 45) 3.2.7.cmp | 1 |
| 23) 5.2.3.cmp | 101 | 46) 4.4.5.cmp | 1 |
| | | 47) 5.3.1.cmp | 1 |
| | | 48) 5.4.5.cmp | 1 |



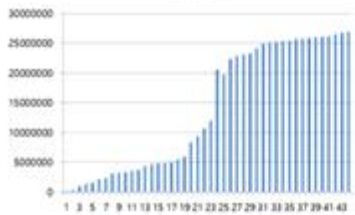
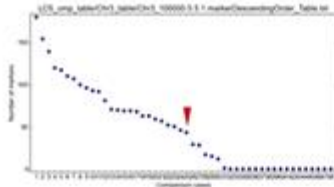
Chromosome 1_100000



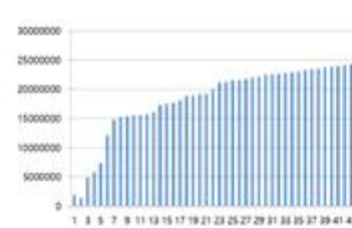
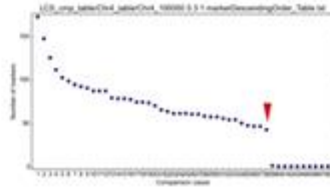
Chromosome 2_100000



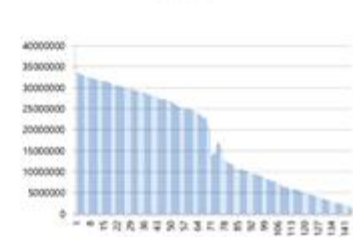
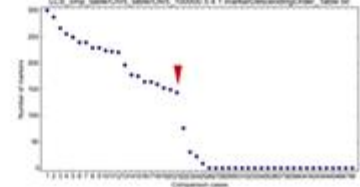
Chromosome 3_100000



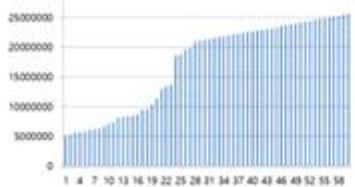
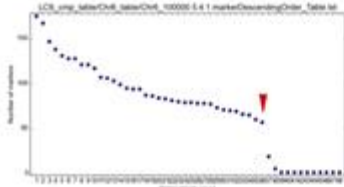
Chromosome 4_100000



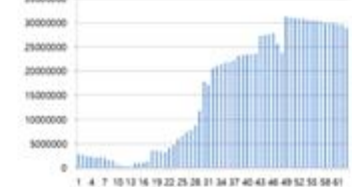
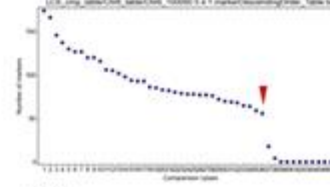
Chromosome 5_100000



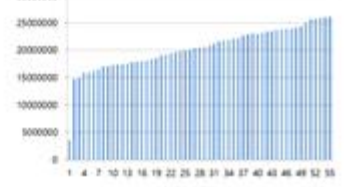
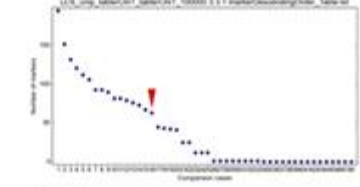
Chromosome 6_100000



Chromosome 7_100000



Chromosome 8_100000



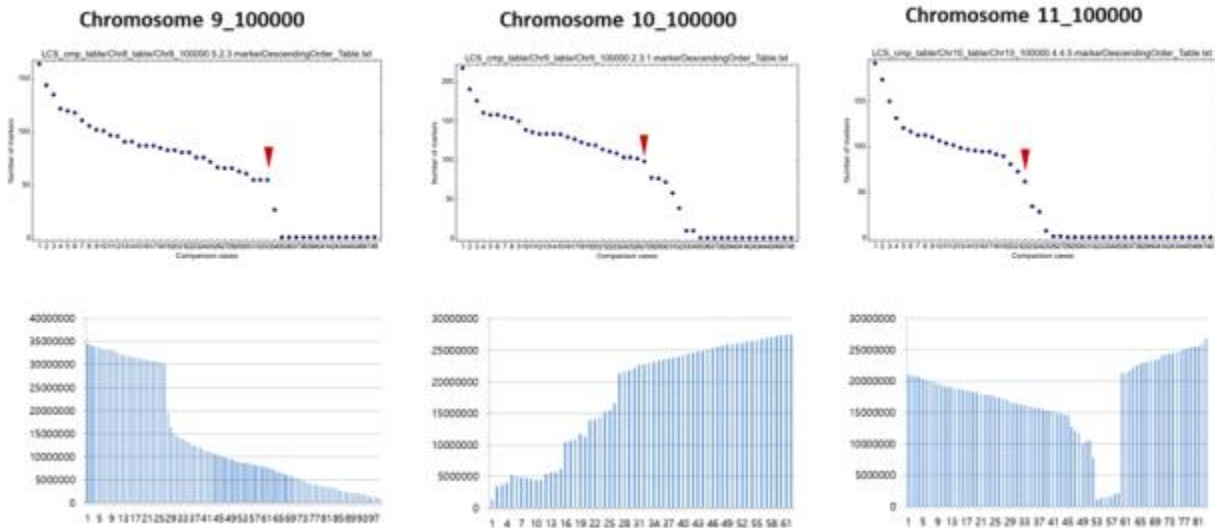


그림 2.14 Scaffold 및 marker의 ordering을 위한 genetic bin의 분석

(9) 수박 야생종과의 분리집단에서의 유전자지도 작성

○ 수박 유전자지도용 frame marker set의 개발 및 활용

- 야생종 수박과의 교배는 매우 많은 수의 SNP 마커를 발굴할 수 있고 이를 통해 고밀도의 유전자지도를 작성할 수 있으나, segregation distortion이 급격하게 증가할 경우, mapping에 매우 많은 노력이 필요함
- 이에 따라, 모본과 부분의 whole genome sequencing을 통해 직접 발굴한 SNP를 HRM을 통하여 genotyping하고, 기 개발된 EST-SSR과 같이 mapping을 수행하였음

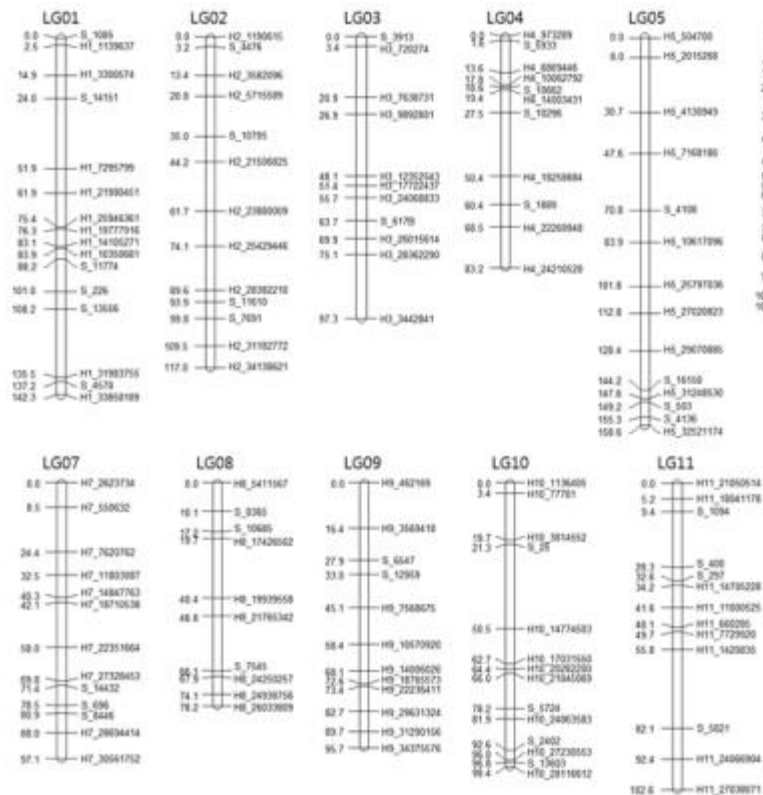


그림 2.15 HRM markers 및 EST-SSR을 활용한 수박의 frame marker map 작성

3. 분자마커 개발용 분리집단 구축 및 MAS용 마커 개발

가. 유전분석 및 마커개발용 분리집단 양성

(1) 유전분석 및 분자마커 개발용 분리집단의 작성현황은 아래의 표와 같으며, 개발된 마커들을 표시하였음

표 3.1 목표형질 유전분석 및 분자마커 개발용 분리집단 개발 현황

| 모부분 | 특성 | 세대진전 | 분석 및 마커 개발 |
|-----------------------------|---------------------------------|----------------------|---|
| PI296341-FR x PMTd108(상업계통) | 만할병 저항성 | F3 BC1 | -GBS용 F2세대 시퀀싱 완료, genotype 분석 진행중 -R0 race F3 저항성 표현형 분석 |
| PI189225 x TS(상업계통) | 탄저병, 흰가루병race2, 만고병 저항성, 종자크기변이 | F3 BC1 | -탄저병 race판별, 발병환경 확립, 분리세대 작성중 -흰가루병 저항성 race1, 2 연관마커 2종 개발 -만고병 race판별, 발병환경 확립, 분리세대 작성중 -종자크기 QTL 분석 |
| MS-1 x 상업계통 | 웅성불임성 | BC1 F3 NIL | -F3세대 표현형 검정 완료 -Sequencing을 통한 QTL 분석 -QTL-seq을 통한 후보 유전자좌 분석 및 연관마커 1종 개발 -RNA-seq을 통한 관련 transcriptome 분석 |
| 상호전좌계통 | 상호전좌, 씨적음 | NIL F3 | -시퀀싱을 통한 분석. 협력회사 품종특허 출원 -현재 새로운 상호전좌 분석 방법 개발 |
| SBA x TS NIL | 종자크기변이 NILs | BC4F9 | -NIL의 whole genome sequencing을 통한 종자크기 연관 SNP 발굴 및 종자크기별 마커 4종 개발 |
| 포티바이러스 저항성 (PI592203 x SBB) | Potyvirus저항성 | F2 BC1F1 BC2F1 | -F2 세대에서 GBS 분석 및 QTL진행 중 |

나. 병저항성 형질별 유전분석 및 연관 분자마커개발

(1) 만할병 저항성 유전분석 및 연관 분자마커개발

(가) 만할병 저항성 유전분석

○ 만할병 저항성 마커를 개발하기 위한 핵심육성자원 수집 및 고정 확인

- 만할병 저항성 마커 개발을 위해 수집한 계통은 PI296341-FR이며, 이 계통은 전 세계적으로 대표적인 만할병 저항성 자원으로 활용하고 있음. 만할병을 유발하는 것으로 알려진 진균 race 0, 1, 2에 모두 저항성을 보이는 자원으로 각 race별로 저항성 유전자의 위치가 다른 것으로 파악되고 있음.
- USDA-ARS GRIN에서 분양받은 PI296341-FR의 고정정도를 알기위하여 후대 표현형 분리가 일어나는지 확인한 바, 잘 고정되어 있음을 확인하였음. 또한, 국내 일부 연구자의 경우 PI296341-FR에 대한 만할병 저항성 테스트에서 저항성 발현이 일정하지 않다는 사례에 따라, 본 연구에서 활용하는 PI296341-FR 계통에 대하여 기 확보한 race 0, 1, 2에 모두 대하여 저항성 발현여부를 테스트한 바, race 0, 1에는 강한 저항성, race 2에는 중간 정도의 저항성 표현형을 보이고 있음을 확인하였음.



그림 3.1 만할병균 race별 저항성 검정 전경 및 대비 계통에 대한 저항성 표현형

○ 만할병 저항성 자원을 이용한 후대 F2 분리집단 및 NIL의 양성

- 본 연구의 분리집단 양성은 태국의 shuttle breeding이 가능한 육종회사의 도움을 받아 최대 1년 3회의 종자를 받아 빠른 집단양성 및 NIL의 육성을 목표로 하였음.
- 만할병 저항성 마커 개발을 위하여, 1년차부터 F1 및 F2 분리집단을 양성하였으며, 2년차

현재 F3 집단을 양성하여 F2:3의 유전자형 및 표현형 검정을 수행하고 있음.

- 저항성 여부에 대한 scoring은 앞서 확립한 0-9 scale을 활용하고 있으며, 접종후 3, 10, 23일째에 표현형을 관찰하여 저항성을 기록하고 있음.



그림 3.2 만할병균 race에 따른 F3세대 저항성 검정 전경

- 전체적인 분리비 검정 결과 R0 (단인자 우성), R1 (단인자 열성), R2 (다인자 복합)의 저항성 분리양상을 보였음.

○ 3년차에는 저항성 분리여부를 재검정하고자 하였으며, 만할병 race 0에 대한 F2 분리세대의 GBS(genotyping by sequencing) 분석을 수행하여, 표현형과 연관된 QTL 분석을 수행하고자 하였음.

○ 접종 race의 확인

- 확보 및 증식한 race 판별용 기주식물의 종류와 판별을 위한 저항성 반응은 다음과 같음

표 3.2 *Fusarium oxysporum* f.sp. Niveum (Fon)의 race 판별기주 및 결정

| 판별기주 | Race | | |
|-----------------|------|---|---|
| | 0 | 1 | 2 |
| Sugar baby | S | S | S |
| Charleston Grey | R | S | S |
| Calhoun Grey | R | R | S |
| PI271769 | R | R | R |



그림 3.3 만할병 race 0의 확인을 위한 판별기주 접종 결과

○ F2:3 분리세대의 저항성/감수성 검정

- F2:3 분리세대의 저항성/감수성 검정은 식물생육실에서 이루어졌으며, PMTd108 x PI296341-FR 교배조합에서 유래한 F3를 대상으로 수행되었음.



그림 3.4 F2:3 분리세대의 저항성/감수성 검정 전경



그림 3.5 접종 후 감염성 여부 및 감염정도를 확인한 결과

○ 저항성/감수성 검정 및 유전분석

- 감수성 모계인 상업계통 PMTd108과 저항성 계통 PI296341-FR 및 F1, BC1P1, BC1P2, F1, F2에 대한 유전분석 결과, 만할병 저항성은 비대립유전자 간의 상호작용인 보족유전자의 영향으로 9:7의 분리비를 보여주고 있다.

표 3.3. PI296341-FR x PMTd108 분리집단의 만할병 저항성 유전분석

| 집단 | 개체수 | 관측 표현형 | | 기대 표현형 | | 자유도 | 카이제곱 | P-value |
|----------------|-----|--------|----|--------|----|-----|--------|---------|
| | | R | S | R | S | | | |
| P1(PMTd108) | 24 | 0 | 24 | | | | | |
| P2(PI296341FR) | 45 | 45 | 0 | | | | | |
| F2 | 122 | 77 | 45 | 69 | 53 | 1 | 2.3362 | 0.1264 |

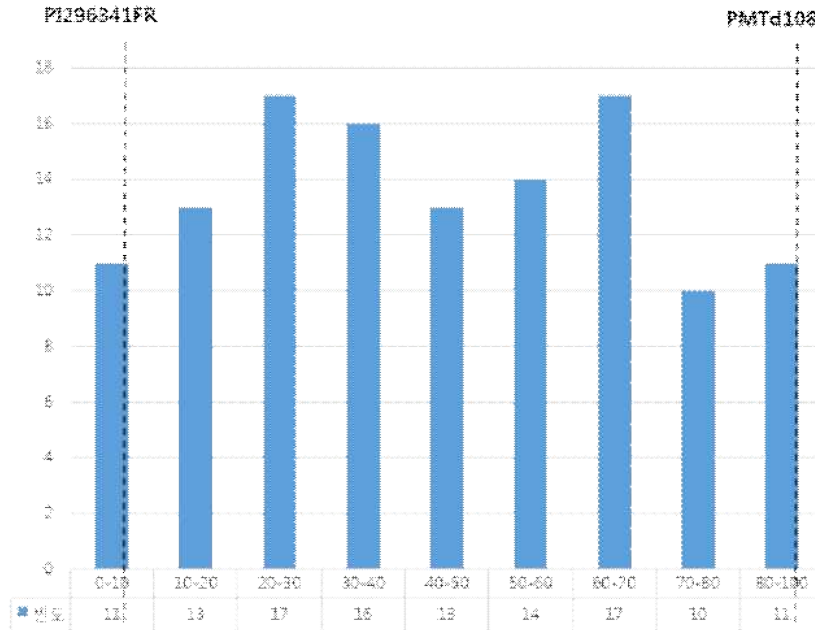


그림 3.6 만할병 Race 0 집단 F2:3세대의 표현형 분포도

○ F2:3 분리세대의 저항성/감수성 검정 방법

- 감수성 모계인 상업계통 PMTd108과 저항성 계통 PI296341-FR 및 F1, BC1P1, BC1P2, F2:3 집단을 대상으로 검정
- 접종구는 F2:3의 경우 2개의 plot으로 plot별 24개체 반복으로 검정을 수행

○ 만할병 Race 0 저항성 연관 분자마커 개발

- F2:3 표현형분석 결과를 토대로 만할병 Race0 분자마커 개발을 진행함.
- 최종적으로 Race0를 구분 할 수 있는 HRM 후보 4개를 개발하였으며, 이 마커를 이용하여 2

단계시 분석 예정.

표 3.4 만할병 Race 0 판별을 위한 HRM 마커 정보

| | Primer | Sequence | mer |
|-------|-----------|-----------------------|-----|
| Set 1 | FonR0-1 F | TAXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| | FonR0-1 R | CAXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| Set 2 | FonR0-2 F | ACXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| | FonR0-2 R | CAXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| Set 3 | FonR0-3 F | CAXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 20 |
| | FonR0-3 R | CCXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| Set 4 | FonR0-4 F | GCXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 20 |
| | FonR0-4 R | ATXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |

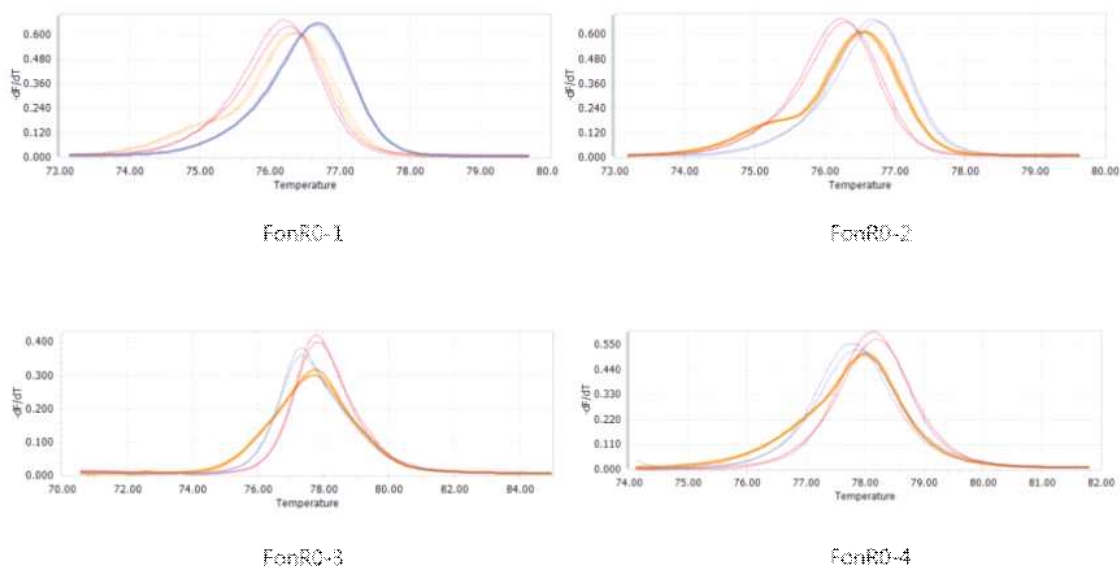


그림 3.7 만할병 Race 0 유전분석 결과를 통해 개발한 HRM 후보마커

(2) 바이러스병(ZYMV) 저항성 유전분석 및 연관 분자마커개발

(가) ZYMV 저항성 유전분석

○ 연구배경

- 수박에 만연하는 것으로 알려진 바이러스병은 potyvirus (ZYMV, WMV2, PRSV-W 등), tobamovirus (CGMMV, ZGMMV, KGMMV 등), CMV, MNSV, gemini virus 등.
- Tobamovirus는 기계적 전염 (가지정리 등을 통한 상처를 통한 전염)이 가장 일반적이기 때문에 종자 건열소독만 잘 이루어지면 발생을 매우 효과적으로 억제시킬 수 있음.
- 반면, potyvirus들은 진딧물을 매개로 전반(transmission)되며, 종자의 건열소독이 이루어져도 포장 주변의 기주식물들에서 옮겨오는 진딧물에 의해 감염되기 때문에 효과적인 방제가 어려움. 최근 동남아의 채종/증식 포장에서 주로 발병하는 바이러스병은 ZYMV에 의한 것으로 파악되고 있으며, 저항성 품종육성이 매우 필요함.
- 본 연구과제에서는 potyvirus에 대한 저항성 소재인 PI595203을 확보하여, 이에 대한 분자마커 개발을 우선 대상으로 하였음.

○ 포티바이러스 저항성 마커를 개발하기 위한 핵심자원 수집 및 고정 확인

- 국내 육종회사에서 확보하여 계통분리한 동 유전자원의 ZYMV 저항성을 검정하였으며, 저항성이 확인된 개체의 eIF4E 서열변이를 확인하였음.
- Potyvirus 저항성 계통 및 후대에 대한 genotyping 및 저항성 검정
분석집단: PI595203(저항성 모계), SBA, SBB (감수성 부계), PI595203 x SBA(F1), PI595203 x SBB(F1), PI595203 x SBB x SBB (BC1P2), PI595203 x SBA(F2), PI595203 x SBB(F2)
- 후대 분리세대에 대한 저항성 분리비 결과는 단인자 열성으로 기보고된 eIF4E의 열성들 연변이에 의한 저항성임을 간접적으로 증명함.

표 3.5 PI595203 x SBA 교배조합 F2 후대의 저항성 검정을 위한 genotyping 결과 카이검정

| | | |
|-----------|----|--|
| R(aa) 저항성 | 26 | P value and statistical significance: Chi squared equals 0.383 with 2 degrees of freedom. The two-tailed P value equals 0.8257 By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant. |
| S(Aa) 감수성 | 46 | |
| S(AA) 감수성 | 22 | |
| | 94 | |

| | S(AA, Aa) | R (aa) |
|--|------------|------------|
| Observed (O) | 68 | 26 |
| Expected (E) | 70.5 | 23.5 |
| Deviation (O-E) | -2.5 | 2.5 |
| Deviation ² (d ²) | 6.25 | 6.25 |
| d ² /E | 0.08865248 | 0.26595745 |
| X ² | | 0.35460993 |

표 3.6 PI595203 x SBB 교배조합 F2 후대의 저항성 검정을 위한 genotyping 결과 카이검정

| | | |
|-----------|----|--|
| R(aa) 저항성 | 25 | P value and statistical significance: Chi squared equals 1.048 with 2 degrees of freedom. The two-tailed P value equals 0.5923 By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant. |
| S(Aa) 감수성 | 40 | |
| S(AA) 감수성 | 19 | |
| | 84 | |

| | S(AA, Aa) | R (aa) |
|--|-----------|-------------|
| Observed (O) | 59 | 25 |
| Expected (E) | 63 | 21 |
| Deviation (O-E) | -4 | 4 |
| Deviation ² (d ²) | 16 | 16 |
| d ² /E | 0.2539683 | 0.761904762 |
| X ² | | 1.015873016 |

표 3.7 PI595203 x SBB x SBB (BC1) 저항성 검정을 위한 genotyping 결과 카이검정

| | | |
|-----------|----|--|
| S(Aa) 감수성 | 22 | P value and statistical significance: Chi squared equals 0.022 with 1 degrees of freedom. The two-tailed P value equals 0.8815 By conventional criteria, this difference is considered to be not statistically significant. |
| S(AA) 감수성 | 23 | |
| | 45 | |

- 상기의 Potyvirus 저항성 계통 및 후대에 대한 genotyping 후 후대분리 분석결과, 매우 안정적으로 열성저항성으로 분리하고 있음을 확인하였으며, 육안검정 및 ELISA 방법을 통하여 저항성 표현형의 genotyping 결과의 연관성을 확인함

- Potyvirus에 해당하는 ZYMV, WMV2, PRSV-W 각각의 바이러스 접종은 RT-PCR을 통해 바이러스원 및 복합감염 여부 등을 확인한 후에 이루어졌음
- F1세대까지는 정확한 일치도를 보였으며, F2 후대들은 ZYMV, WMV2, PRSV-W 각각의 바이러스를 7일 간격 2회 접종후 20, 26일째 육안검정으로 1차 확인하였으나, 바이러스 병징의 확인, ELISA 검정 및 RT-PCR의 경우 분리후대에서는 생리장애에 의한 유사병징과 저항성 파악을 위한 threshold level 결정시 주의가 필요한 것으로 나타남.



















| | ZYMV | WMV2 | PRSV-W |
|-------------------------|---|--|---|
| PI595203 (저항성) |  |  |  |
| SBA (감수성 계통) |  |  |  |
| SBB (감수성 계통) |  |  |  |
| PI595203xSBA(F1) (감수성) |  |  |  |
| PI595203xSBB F2 (저항성 예) |  |  |  |
| PI595203xSBB F2 (감수성 예) |  |  |  |

그림 3.8 교잡세대별 ZYMV, WMV2, PRSV-W 감수성, 저항성 병징 사진

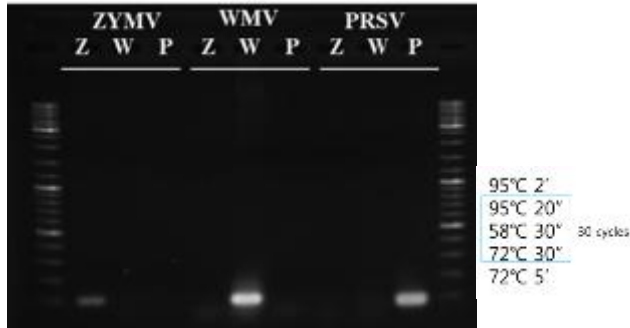


그림 3.9 바이러스접종원의 RT-PCR 확인

○ 포티바이러스 저항성 계통 육성 및 SNP 기반 검정법 (HRM) 확립

- PI595203은 열성저항성으로 eIF4E 유전자의 point mutation을 진단하는 CAPS marker가 보고된 바 있으나, 본 연구팀에서는 보유자원의 직접 시퀀싱을 통하여 서열의 비교를 수행하였음.
- HRM(high resolution melt) 방법은 PCR 후에 amplicon을 melting temperature에 따라 SNP를 판별할 수 있는 방법으로, point mutation의 진단에 매우 효과적임.
- 이에 따라 과제에서 지원된 Loche사의 LC96 real-time PCR machine을 이용하여, 협력육종회사의 ZYMV 저항성 계통육성 genotyping을 서비스를 수행하였음.

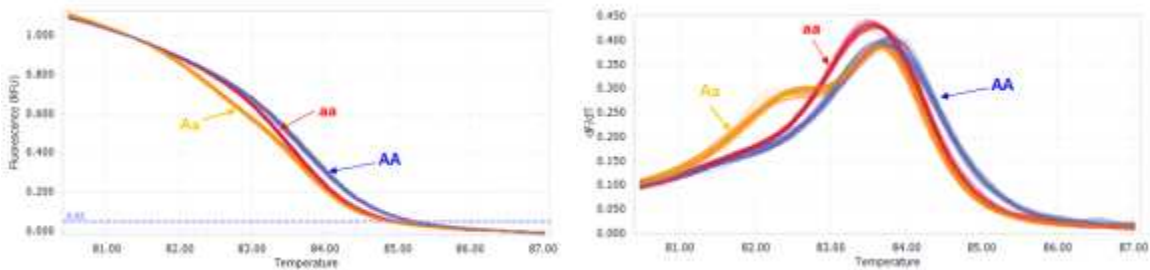


그림 3.10 Normalized melting Curves (96-plex)

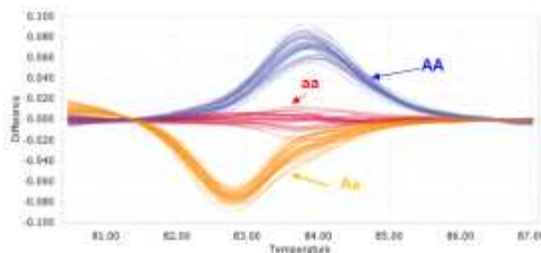


그림 3.11 Normalized melting peaks (96-plex)

○ PI595203 자원 유래 포티바이러스 저항성 마커의 육종현장 검정

- 3년차 연구에서 개발된 HRM 마커와 CAPS 마커의 재분석 결과를 분석한 바, genotype 검정에서 HRM과 CAPS에서 동일한 결과를 보여줌
- HRM과 CAPS의 결과는 동일하나, 육종 현장의 표현형 검정에서 약 10 cM 떨어진 결과를

보여줌.

- 이는 육종현장에서 감염되는 ZYMV 및 PRSV-W 등 potyvirus들의 변이 strain에 따라 저항성 양상이 달라질 수 있음을 의미하며, 추가적인 strain specific 연관마커의 개발이 대두되었음.

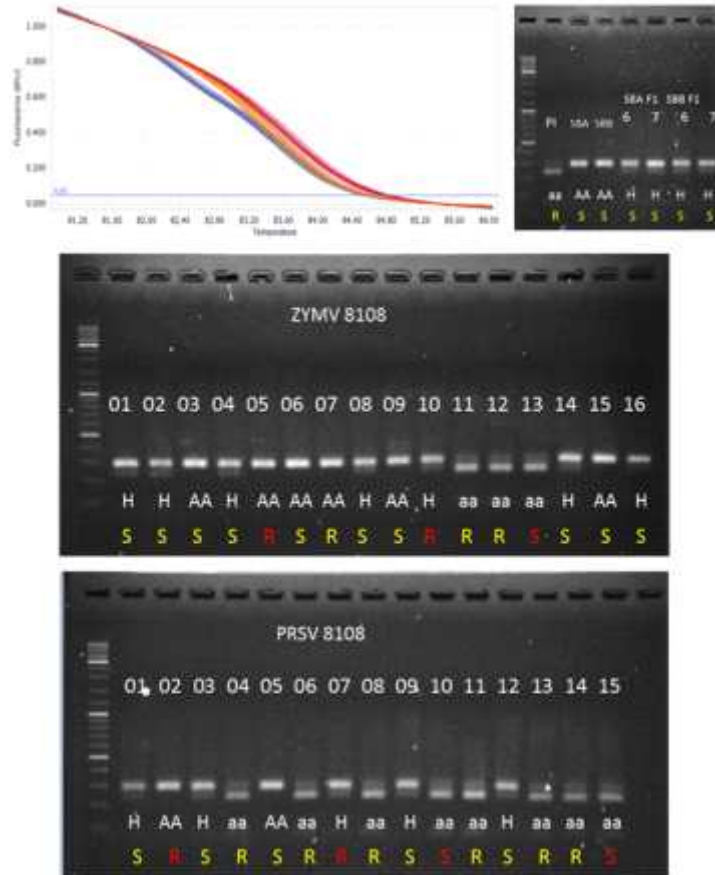


그림 3.12 ZYMV와 PRSV 접종후, HRM 및 CAPS마커의 비교 결과. 흰색의 캡션은 HRM과 CAPS에서 나타난 유전자형. 노란색과 적색은 실제 바이러스병 발생 조사 결과임.

- 2단계에서는 ZYMV의 strain 특이적 저항성 마커개발이 필요할 것으로 사료됨.

(3) 탄저병 저항성 유전분석 및 연관 분자마커개발

(가) 탄저병 저항성 유전분석

○ 연구배경

- 수박에 큰 피해를 주고 있는 탄저병의 경우 국외의 일부 종묘회사 외에는 현재까지 저항성 육종이 제대로 진행되고 있지 않은 실정임.
- 탄저병 저항성 집단양성을 위한 저항성 판별 프로그램의 일환으로 판별기주를 확보하여 증식하였고, 수집된 탄저병균 isolate별로 race를 판별하였음
- 수집된 탄저병 isolate들은 현재 race 1 또는 3으로 판단되며, CL14-27을 접종원으로 결정하였음.

- 현재 race 2에 해당하는 isolate가 감염성을 잃은 상태이며, 감염성 균주의 재확보가 매우 어려워 양성한 PI189225의 분리세대에 대한 검정은 미루어진 상태임
- 또한, 저항성 부계로 216A 및 Charleston Gray-133 등을 사용하는 F2 및 F3 세대진전을 진행하였으며 분리세대 검정을 수행하였음.

○ 선발계통을 통한 유전분석 및 표현형 검정

- 본 연구에서는 공동연구를 진행하고있는 파트너종묘에서 분양받은 DrHs7250 탄저병 저항성 계통의 분리집단을 분양받아 실험에 사용하였음.
- 식물의 접종 stage는 본엽 2매가 전개되었을 때 접종을 진행하였다.
- 수박 탄저병 CL14-27 균주를 이용하여 멸균수로 현탁 후 접종 농도 0.5×10^6 conidia/mL로 희석하여 스프레이 접종을 실시 함.
- 본 실험에 사용된 계통은 저항성계통 DrHs7250, 감수성계통 Oto949 및 DrHs7250 분리세대 F1, reciprocal F1, BC1P1, BC1P2에서 유전분석을 실시하였으며, 각 표현형결과를 토대로 chisq. test를 실시하였다.
- 분석 결과 P1의 경우 탄저병 Race1에 저항성을 보였으며, P2의 경우 접종 개체 모두 감수성인 것을 확인 할 수 있었고, 접종결과를 토대로 해당 모부본 계통들의 표현형이 분리하지 않는 것을 할 수 있었음.
- 탄저병 접종을 통한 유전분석 결과를 토대로 단인자 우성을 확인 후 분리집단 F2, F3 집단을 대상으로 검정한 결과 탄저병 저항성의 경우 F2, F3에서도 단인자 우성 유전되는 것을 확인 할 수 있었음
- 접종 환경에 따라 scale의 차이가 생길 수 있기 때문에 F2, F3접종 시 severity scale을 다시 확립 후 탄저병 개체별 scoring을 수행함



그림 3.13 DrHs7250 x oto949를 이용한 유전분석 및 표현형 검정.

표 3.8 DrHs7250 x oto949 분리집단의 탄저병 유전분석 결과.

| 집단 | 세대 | 개체수 | 관측 표현형 | | 기대 표현형 | | 자유도 | 카이제곱 | P-value |
|-----------------------------------|-------|-----|--------|----|--------|-------|-----|---------|---------|
| | | | R | S | R | S | | | |
| DrHs 7250 | P1 | 25 | 25 | 0 | | | | | |
| Oto 949 | P2 | 25 | 0 | 25 | | | | | |
| DrHs 7250 x Oto 949 | F1 | 8 | 8 | 0 | | | | | |
| Oto 949 x DrHs 7250 | F1 | 25 | 25 | 0 | | | | | |
| DrHs 7250 x Oto 949 x DrHs7250 | BC1P1 | 25 | 25 | 0 | 25 | 0 | 1 | 0 | 1 |
| DrHs 7250 x Oto 949 x Oto 949 | BC2P2 | 25 | 17 | 8 | 12.5 | 12.5 | 1 | 3.24 | 0.07186 |
| DrHs 7250 x Oto 949 | F2 | 119 | 85 | 34 | 89.25 | 29.75 | 1 | 0.80952 | 0.3683 |
| DrHs 7250 x Oto 949 | F3 | 190 | 132 | 55 | 140.25 | 46.75 | 1 | 1.9412 | 0.1635 |



그림 3.14 DrHs7250 x oto949 F2, F3 분리세대 표현형 검정을 위한 접종 환경.

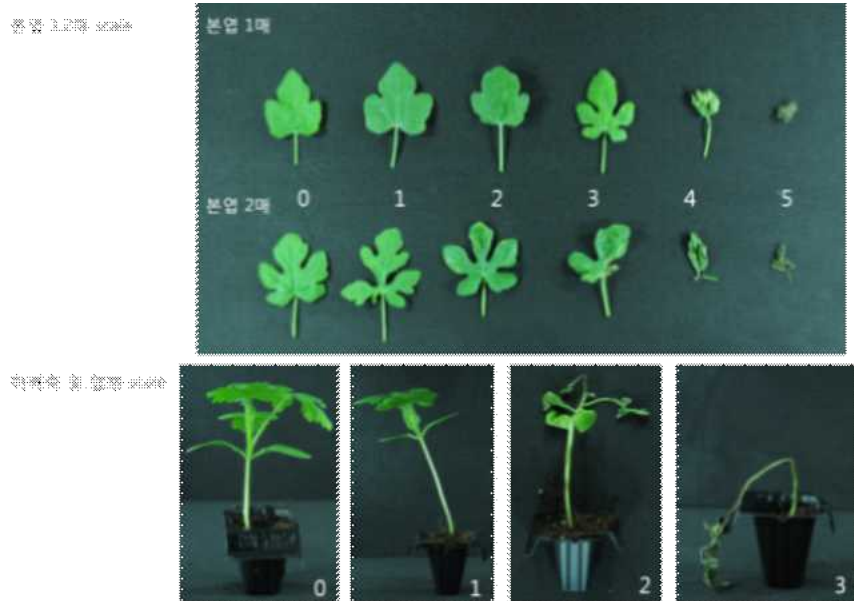


그림 3.15 F2, F3 표현형 육안 검정 시 분리집단에서 나타난 병징 scale

(나) 탄저병 저항성 연관 분자마커의 개발

○ BSA-NGS를 통한 연관마커 개발

- DrHs7250 x Oto949 F2집단에서 탄저병 CL14-27 접종 후 표현형이 명확한 개체들을 이용, 저항성 30개체 감수성 30개체를 각각 DNA 추출 후 동량으로 pooling하여 Illumina Hiseq 2500을 이용한 NGS를 수행함.
- 수박 reference genome을 이용하여 각 염색체별 VCF를 생산하고, 이후 SNP-index를 구하여 발굴된 SNP와 표현형과의 연관성을 파악하여 해당 저항성 유전자 지역을 확인한 결과 다른 염색체상에는 유의미한 peak가 도출되지 않았으며, 8번 염색체에서 2.5M~3.2M, 8.8M~12.8M 지역을 후보 유전자좌로 결정하였음.
- 후보 유전자좌 지역에서 HRM marker를 개발하고, F2, F3 분리세대에서 HRM 마커 검정을 실시 함.
- F3의 경우 실험 당시 F2:3집단을 양성하기 어려운 관계로 Muller(1923) and Sedcole(1977)에 의해 도출된 minimum population size를 구하는 공식($N = \log(1-P)/\log(1-f)$, N은 최소집단의 크기, P는 도출된 집단을 반영할 수 있는 확률, F는 발생빈도수)를 통해 F3 10개체가 F2의 유전자형을 반영 할 수 있는 개수를 구하였고, 이 수치를 기반으로 F3계통당 10개체씩 동량으로 본엽을 pooling하여 sampling하여 DNA를 추출 함.

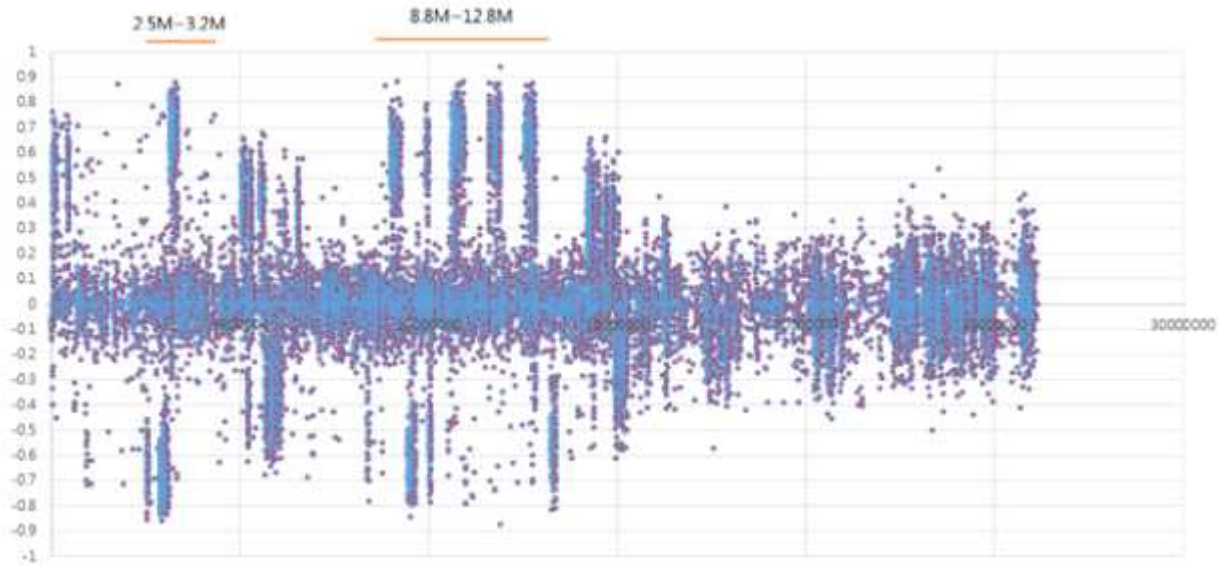


그림3.16 탄저병 저항성 연관유전자 선발을 위한 delta-SNP 분석결과

표 3.9 탄저병 저항성 판별을 위한 HRM 마커 정보

| | Primer | Sequence | mer |
|-------|--------------|------------------------|-----|
| Set 1 | CL14-27-7 F | TGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| | CL14-27-7 R | GAXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 24 |
| Set 2 | CL14-27-9 F | TTXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 22 |
| | CL14-27-9 R | TGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 23 |
| Set 3 | CL14-27-40 F | TGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| | CL14-27-40 R | TTXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| Set 4 | CL14-27-47 F | CAXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 27 |
| | CL14-27-47 R | CAXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| Set 5 | CL14-27-50 F | TTXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 20 |
| | CL14-27-50 R | AGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| Set 6 | CL14-27-60 F | AGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 21 |
| | CL14-27-60 R | TGXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX | 22 |

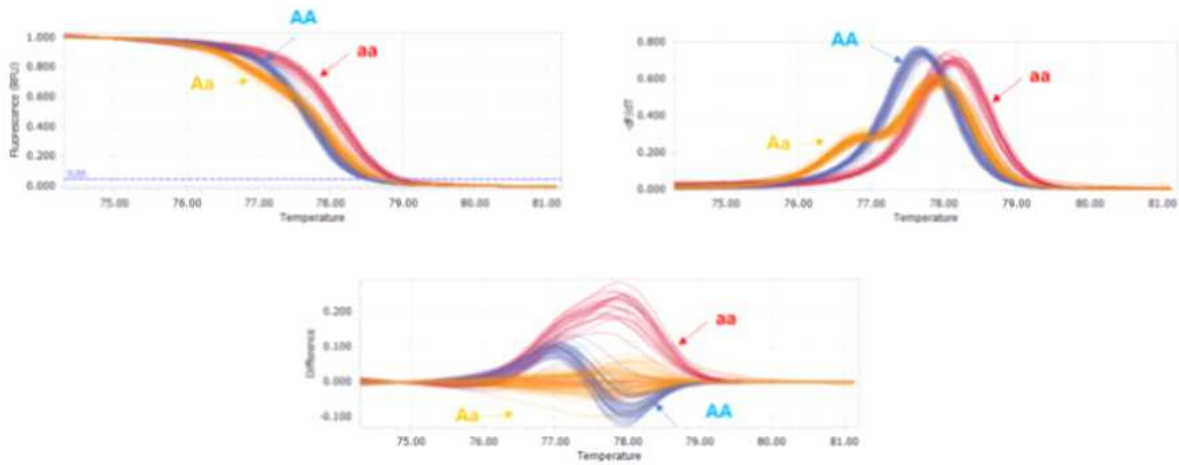


그림 3.16 HRM을 이용한 탄저병 저항성 마커 분석 결과 대표사례

(4) 흰가루병 저항성 유전분석 및 연관 분자마커개발

(가) 흰가루병 저항성 유전분석

○ 연구배경

- 수박에 피해를 주는 대표적인 활물기생 진균류인 흰가루병은 해외 수출종자 개발을 목표로 국내에는 현재까지 존재하지 않는 것으로 알려져 있으나, 해외에서는 다수 발생하는 race2에 대한 저항성 품종개발 목표로 협력육종회사가 계통육성을 진행하고 있음.
- 현재까지의 실험결과 국내에서 마커가 개발된 저항성 소재인 Alka Manic (인도 고정종)은 불완전 우성 유전을 하고 있는 것으로 알려져 있어 F1 종자 개발시 양친 모두가 저항성 인자를 갖고 있어야 하는 문제가 있음.
- Race 1에 대해서는 Alka Manic과 PI254744가 저항성으로 알려져 있으며, PI254744는 단인자 우성으로 보고된 바 있음.
- Race 2에 대해서는 PI189225가 단인자 우성으로 알려져 있음.
- 본 과제에서는 PI189225에 대한 흰가루병 race2 저항성 분자마커 개발을 목표로 하고 있으며, 2년차에 F3 세대를 확보하였음

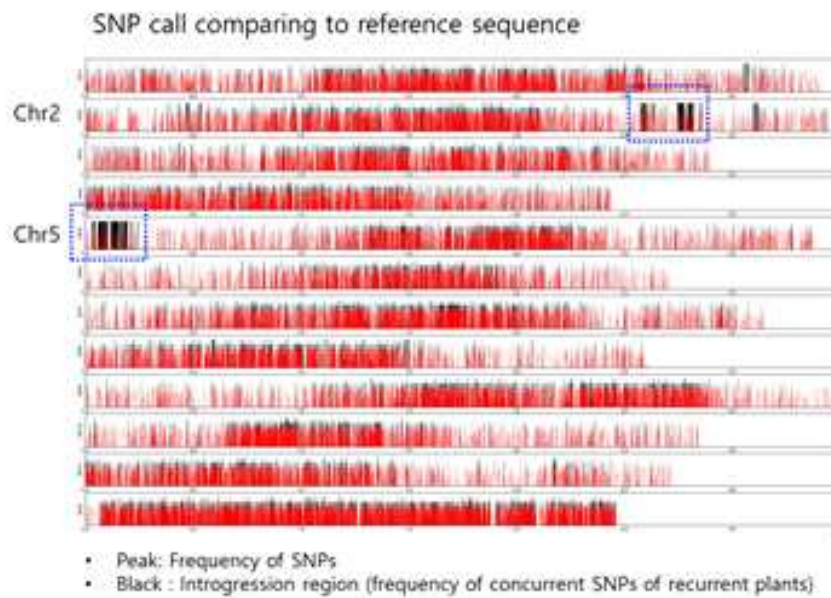
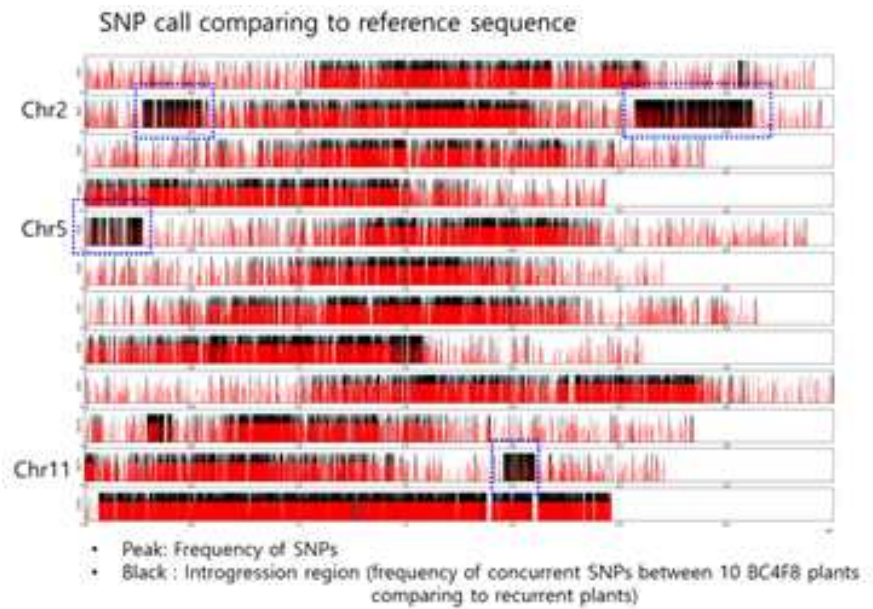
1) 흰가루병 race 2에 대한 저항성 유전자좌 분석

○ 수박 흰가루병 저항성 NIL 분석

- PI189225를 일회친으로 하고, 상업계통 SBB가 반복친으로 사용된 BC4F8 세대의 NIL을 작성하였고, 6개체 NIL에 대한 whole genome resequencing을 수행함
- NIL의 작성은 흰가루병 표현형 검정을 통하여 선발되었고, 각 NIL에 Introgression 된 흰가루병 저항성 부위를 추정하고자 하였음
- 각 NIL에 대한 resequencing으로 얻어진 SNPs의 비교분석 결과, 염색체 2번, 5번, 11번에

저항성 유전자좌가 도입되었을 것으로 추정되었으며, 각 저항성 추정영역에 대한 SNP marker를 탐색할 수 있는 HRM marker를 제작하였음

- 각 location 별로 제작된 HRM marker로 분리세대에서 genotyping을 수행하였고, 각 개체의 흰가루병 저항성 표현형과의 연관도를 조사하였음



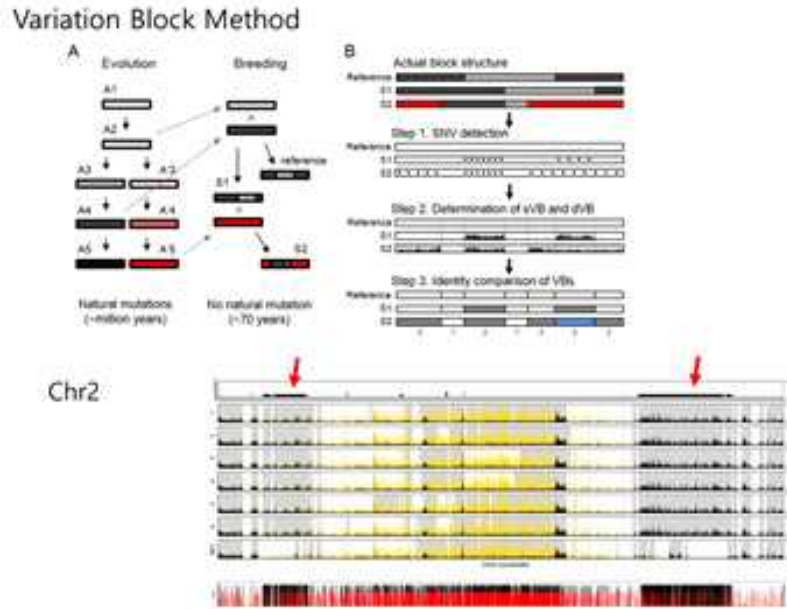


그림 3.17 NIL을 이용한 3가지 WGS-SNP 분석 방법

○ 수박 흰가루병 저항성 QTL 분석

- 수박 흰가루병 race 2에 대한 PI189225 x Ts 집단에서의 QTL 분석 결과 2번 염색체의 위치에서 major QTL을 나타냄
- Single factor analysis 에서도 동일한 결과를 보임
- qC2PMR1-1의 경우, LOD 68.55이며, 약 76.5%의 높은 해석력을 나타내었음.
- 또한, 본 결과는 NIL에서 개발된 저항성 영역의 추정 유전자좌와 매우 높은 유사성을 나타내고 있음

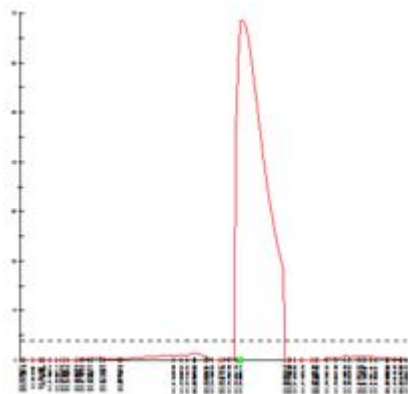


그림 3.18 PI189225 x Ts 집단에서의 QTL 분석 결과

표 3.10 PI189225 x Ts 집단에서 흰가루병 race 1 및 2 저항성 QTL 분석 결과 (2014-2015)

| Yr / Pop. | Race | QTL name | Marker | LOD | Var. | % Expl. | Add. | Dom. |
|---------------------------|------|------------|--------------|-------|-------|---------|-------|-------|
| 2014-2015/ PI189225xTS | 1 | qC2PMR1-1 | S2_XXXXXXXX | 68.55 | 0.105 | 76.5 | -1.92 | -0.64 |
| | 1 | qC11PMR1-1 | S11_XXXXXXXX | 3.88 | 0.09 | 0.8 | 0.01 | -0.26 |
| | 1 | qC5PMR1-1 | S5_XXXXXXXX | 2.55 | 0.10 | 0.6 | -0.16 | -0.01 |
| | 2 | qC2PMR2-1 | S2_XXXXXXXX | 47.47 | 0.24 | 69.6 | -1.83 | -0.52 |

○ 수박 흰가루병 저항성 연관마커 개발

- 수박 흰가루병 race 1과 2에 대한 PI189225 x Ts 집단에서의 QTL 분석 결과를 토대로 얻어진 저항성 추정영역 내에서 나타나는 SNP를 기반으로 HRM 마커를 작성
- QTL 영역 내에서 6 loci에 대한 후보 마커들의 적용을 통하여 최종적으로 2 loci를 대별하는 SNP를 결정하였으며, MAS용으로 활용가능한 2가지 HRM용 primer set을 개발함
- 작성된 HRM 마커들을 활용하여, PI189225 유래 타 교배집단에서 유전자형 및 표현형 검정을 수행한 결과 매우 높은 일치도를 얻을 수 있었음

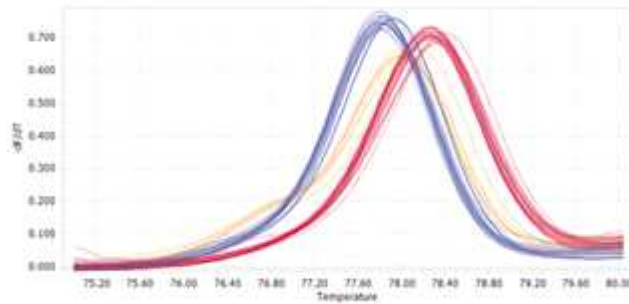


그림 3.19 PI189225 유래 흰가루병 저항성연관 HRM용 분자마커 개발 및 적용 사례

(5) 만고병 저항성 유전자원 탐색

(가) 만고병 저항성 스크리닝

○ 만고병 저항성 유전자원 스크리닝 목적

- KACC40669(기탁군주) 확보함
- 만고병 저항성 유전자원은 매우 희귀하며, PI189225가 저항성을 보유하고 있음이 발표되어 있음
- 3년차부터 접종법을 확립하고, PI189225의 저항성 정도 분석 및 해외유전자원의 스크리닝을 통하여 저항성 재료를 확보하고자 함
- 해외 노지수박에서 만고병의 발병증가가 보고됨에 따라, 1단계 계획에는 포함되지 않았으나, 2단계에서 실시 예정인 만고병 저항성분석 및 마커개발을 위하여 수집 유전자원 약 300여 종에 대한 병 스크리닝을 4년차까지 완료하고자 함

○ 만고병 저항성 판별을 위한 스크리닝

- 420개의 야생종 자원을 활용하여 만고병 접종후 rating을 수행하였음



그림 3.20 수박 야생자원을 대상으로 만고병 접종후 결과

- 만고병 접종후 rating을 위한 기준은 다음과 같음



- 0점 : 도관 수침 없음, 자엽 무병징, 본엽 무병징
- 2점 : 20% 미만의 병징이 자엽 및 본엽 앞에만 보임.
- 4점 : 45%이상의 심각한 병징이 보이기 시작 하고, 도관의 수침이 관찰되지 않음.
- 4.9점 : 줄기에는 수침현상이 없으나, 잎자루에 수침현상이 관찰. 잎자루가 부러진 현상과 비슷하게 보일 수 있기 때문에 손가락 1마디 정도 수침현상이 있으면 scorin함.
- 6점 : 본엽에 20% 미만의 병징이 관찰 되어도, 줄기에 수침현상이 관찰 되면 6점으로 scorin함.
- 8점 : 본엽에 45%이상의 심각한 병징이 보이고, 줄기 및 잎자루에 수침현상이 관찰.
- 9점 : 고사한 식물.

그림 3.21 수박 만고병 rating을 위한 병징지표 개발

- 만고병 접종후 rating 결과는 다음 표에 작성하였음

표 3.12 수박 수집야생종에 대한 만고병 접종후 병징 rating 결과

| Plot No. | line | score average | Plot No. | line | score average |
|----------|---------|---------------|----------|---------|---------------|
| 7231 | 부라보꿀 | 2.54 | 7337 | 14-2085 | 3.48 |
| 7301 | 14-2032 | 2.3 | 7338 | 14-2086 | 5.4 |
| 7302 | 14-2033 | 2.1 | 7339 | 14-2087 | 4.3 |
| 7303 | 14-2034 | 3.2 | 7340 | 14-2088 | 3.6 |
| 7304 | 14-2035 | 2.5 | 7341 | 14-2089 | 6.2 |
| 7305 | 15-0064 | 2.5 | 7342 | 14-2093 | 4.58 |
| 7306 | 14-2036 | 4.4 | 7343 | 14-2094 | 4.8 |
| 7307 | 14-2037 | 3.6 | 7344 | 14-2095 | 5.7 |
| 7308 | 14-2038 | 4.8 | 7345 | 14-2096 | 4.8 |
| 7309 | 14-2039 | 5.8 | 7346 | 14-2097 | 4.76 |
| 7310 | 14-2040 | 5.3 | 7347 | 14-2098 | 5.16 |
| 7311 | 14-2041 | 4.4 | 7348 | 14-2099 | 5.7 |
| 7312 | 14-2042 | 2.56 | 7349 | 14-2100 | 4.68 |
| 7313 | 14-2043 | 3.04 | 7350 | 15-0067 | 4.4 |
| 7314 | 14-2044 | 3.3 | 7351 | 14-2101 | 4.5 |
| 7315 | 14-2045 | 2.94 | 7352 | 14-2102 | 4.9 |
| 7316 | 14-2046 | 2.4 | 7353 | 14-2103 | 3.6 |
| 7317 | 14-2047 | 5.86 | 7354 | 14-2104 | 5.78 |
| 7318 | 14-2048 | 5.3 | 7355 | 14-2105 | 5.76 |
| 7319 | 14-2049 | 3.96 | 7356 | 14-2106 | 5.44 |
| 7320 | 14-2050 | 3.38 | 7357 | 14-2107 | 4.86 |
| 7321 | 14-2051 | 3.6 | 7358 | 14-2108 | 3.58 |
| 7322 | 14-2052 | 4.4 | 7359 | 14-2109 | 5.4 |
| 7323 | 14-2053 | 3.06 | 7360 | 14-2110 | 5.4 |
| 7324 | 14-2054 | 4.58 | 7361 | 14-2111 | 3.78 |
| 7325 | 14-2055 | 5.2 | 7362 | 14-2112 | 4.28 |
| 7326 | 14-2069 | 5.38 | 7363 | 14-2113 | 4.76 |
| 7327 | 14-2070 | 5.34 | 7364 | 14-2114 | 3.38 |
| 7328 | 14-2073 | 6 | 7365 | 14-2115 | 4.5 |
| 7329 | 14-2074 | 4.34 | 7366 | 14-2116 | 5.7 |
| 7330 | 14-2075 | 4.8 | 7367 | 14-2117 | 4.8 |
| 7331 | 14-2076 | 2 | 7368 | 14-2118 | 5.2 |
| 7332 | 14-2079 | 2 | 7369 | 14-2119 | 6 |
| 7333 | 14-2080 | 2.8 | 7370 | 14-2120 | 4.58 |
| 7334 | 14-2082 | 4.4 | 7371 | 14-2121 | 5.9 |
| 7335 | 14-2083 | 4.5 | 7372 | 14-2122 | 4.6 |
| 7336 | 14-2084 | 4.5 | 7373 | 14-2123 | 6.3 |

| Plot No. | line | score average | Plot No. | line | score average |
|----------|---------|------------------|----------|---------|------------------|
| 7374 | 14-2124 | 4.68 | 7411 | 14-2161 | 6.1 |
| 7375 | 14-2125 | 4.48 | 7412 | 14-2162 | 4.7 |
| 7376 | 14-2126 | 5.68 | 7413 | 14-2163 | 4.7 |
| 7377 | 15-0068 | - | 7414 | 14-2165 | 5.3 |
| 7378 | 14-2127 | 5.58 | 7415 | 15-0069 | 4.7 |
| 7379 | 14-2128 | 5.88 | 7416 | 14-2166 | 2 |
| 7380 | 14-2129 | 5.78 | 7417 | 14-2167 | 5.58 |
| 7381 | 14-2130 | 7.38 | 7418 | 14-2168 | 6.1 |
| 7382 | 14-2131 | 4.8 | 7419 | 14-2169 | 3.1 |
| 7383 | 14-2132 | 4.18 | 7420 | 14-2170 | 3.7 |
| 7384 | 14-2133 | 4.9 | 7421 | 14-2171 | 6.1 |
| 7385 | 14-2134 | 6.28 | 7422 | 14-2172 | 6.48 |
| 7386 | 14-2135 | 5.38 | 7423 | 14-2173 | 3.56 |
| 7387 | 14-2136 | 5.16 | 7424 | 14-2175 | 4.4 |
| 7388 | 14-2138 | 2.9 | 7425 | 14-2176 | 5.38 |
| 7389 | 14-2139 | 5.2 | 7426 | 14-2177 | 5.18 |
| 7390 | 14-2140 | 4.54 | 7427 | 14-2178 | 5.18 |
| 7391 | 14-2141 | 2.6 | 7428 | 14-2179 | 4 |
| 7392 | 14-3037 | 4.2 | 7429 | 14-2181 | 6.28 |
| 7393 | 14-2143 | 4.3 | 7430 | 14-2183 | 3.88 |
| 7394 | 14-2144 | 3.6 | 7431 | 15-0070 | 3.3 |
| 7395 | 14-2145 | 4.9 | 7432 | 15-0071 | 3.3 |
| 7396 | 14-2146 | 6.1 | 7433 | 14-2192 | 2.9 |
| 7397 | 14-2147 | 5.9 | 7434 | 14-2193 | 2.58 |
| 7398 | 14-2148 | 5.08 | 7435 | 14-2194 | 3.58 |
| 7399 | 14-2149 | 6.26 | 7436 | 14-2195 | 6 |
| 7400 | 14-2150 | 3.9 | 7437 | 14-2200 | 3.98 |
| 7401 | 14-2151 | 2.72 | 7438 | 14-2202 | 6 |
| 7402 | 14-2152 | 4.94 | 7439 | 14-2204 | 3.98 |
| 7403 | 14-2153 | 4.98 | 7440 | 14-2205 | 4.76 |
| 7404 | 14-2154 | 4.98 | 7441 | 14-2206 | 4.34 |
| 7405 | 14-2155 | 2.76 | 7442 | 14-2207 | 5.16 |
| 7406 | 14-2156 | 6.16 | 7443 | 14-2208 | 6 |
| 7407 | 14-2157 | 4.8 | 7444 | 14-2209 | 5.16 |
| 7408 | 14-2158 | 4 | 7445 | 14-2210 | 5.08 |
| 7409 | 14-2159 | 5.12 | 7446 | 15-0074 | 5.6 |
| 7410 | 14-2160 | 5.38 | 7447 | 14-2214 | 5.96 |

| Plot No. | line | score average | Plot No. | line | score average |
|----------|-----------|------------------|----------|---------|------------------|
| 7448 | 14-2216 | 6.36 | 7485 | 14-2723 | 4.47 |
| 7449 | 14-2217 | 6 | 7486 | 4963 | 3.34 |
| 7450 | 14-2222 | 5.88 | 7487 | 4964 | 6.78 |
| 7451 | 14-2228 | 5.96 | 7488 | 4965 | 5.98 |
| 7452 | 14-2229 | 6.18 | 7489 | 15-1036 | 5.16 |
| 7453 | 14-2233 | 6.04 | 7490 | 14-2724 | 6.16 |
| 7454 | 14-2234 | 5 | 7491 | 14-2725 | 5.36 |
| 7455 | 14-2235 | 5.12 | 7492 | 11-1106 | 5.3 |
| 7456 | 14-2245 | 4.72 | 7493 | 14-2726 | 3 |
| 7457 | 14-2246 | 6.7 | 7494 | 14-2727 | 5.08 |
| 7458 | 14-2249 | 6.5 | 7495 | 15-1037 | 5.85 |
| 7459 | 14-2250 | 5.66 | 7496 | 4966 | 8.1 |
| 7460 | 14-2252 | 6.26 | 7497 | 4967 | 2.7 |
| 7461 | 14-2280 | 2 | 7498 | 4968 | 3.08 |
| 7462 | 14-2282 | 4 | 7499 | 4969 | 3.1 |
| 7463 | 14-2283 | 3.46 | 7500 | 14-2728 | 5.18 |
| 7464 | 14-2289 | 3.58 | 7501 | 14-2795 | 2.8 |
| 7465 | 11-1083 | 3.5 | 7502 | 14-2729 | 2.88 |
| 7466 | 11-1084 | 6.2 | 7503 | 15-1038 | 4.24 |
| 7467 | 11-1085 | 2.4 | 7504 | 14-2730 | 5.56 |
| 7468 | 11-1086 | 4.38 | 7505 | 15-1039 | 5.98 |
| 7469 | 11-1088 | 5.48 | 7506 | 14-2731 | 5.2 |
| 7470 | 11-1089 | 8.1 | 7507 | 14-2732 | 5.96 |
| 7471 | 11-1090 | 5.16 | 7508 | 4970 | 4.14 |
| 7472 | 11-1091 | 5.76 | 7509 | 4971 | 6.2 |
| 7473 | 11-1093 | 4 | 7510 | 4972 | 4.72 |
| 7474 | 11-1094 | 3.74 | 7511 | 14-2733 | 6.06 |
| 7475 | 11-1095 | 3.74 | 7512 | 15-1040 | 4.78 |
| 7476 | 11-1098 | 4.14 | 7513 | 15-1041 | 5.56 |
| 7477 | 11-1099 | 4.18 | 7514 | 15-1042 | 5.38 |
| 7478 | 11-1101 | - | 7515 | 14-2734 | 5.3 |
| 7479 | 11-1102 | 3.84 | 7516 | 14-2735 | 2.36 |
| 7480 | 11-1103 | 4.54 | 7517 | 14-3150 | 2.94 |
| 7481 | 14-2722 | 6.28 | 7518 | 15-0063 | 2.4 |
| 7482 | no sowing | - | 7519 | 14-2839 | 2.98 |
| 7483 | no sowing | - | 7520 | 15-1043 | 2.8 |
| 7484 | 15-1035 | 4.82 | 7521 | 14-2736 | 1 |

| Plot No. | line | score average | Plot No. | line | score average |
|----------|---------|------------------|----------|-----------|------------------|
| 7522 | 4973 | 4.5 | 7559 | 11-1079 | 5.45 |
| 7523 | 14-2737 | 3.28 | 7560 | 15-1048 | 4.94 |
| 7524 | 4974 | 4.48 | 7561 | 14-2832 | 4.82 |
| 7525 | 4975 | 3.84 | 7562 | 14-3157 | 2.58 |
| 7526 | 4976 | 6.1 | 7563 | 14-2808 | 5.24 |
| 7527 | 14-2738 | 5.58 | 7564 | 11-1080 | 4 |
| 7528 | 14-2739 | 4.7 | 7565 | 14-3158 | 2.5 |
| 7529 | 15-1044 | 5.4 | 7566 | 14-3159 | 5.98 |
| 7530 | 14-2796 | 4.4 | 7567 | 14-3160 | 5.4 |
| 7531 | 14-2740 | 6.18 | 7568 | 14-3161 | 6 |
| 7532 | 15-1045 | 2.58 | 7569 | 14-2745 | 6.28 |
| 7533 | 14-2741 | 4.98 | 7570 | no sowing | - |
| 7534 | 11-1073 | 7.475 | 7571 | 15-1050 | 5.08 |
| 7535 | 4977 | 3.225 | 7572 | 14-2746 | 4.9 |
| 7536 | 4978 | 5.6 | 7573 | 14-2747 | 6.975 |
| 7537 | 4979 | 6.58 | 7574 | 15-1051 | 5.18 |
| 7538 | 14-2831 | 6 | 7575 | 15-1052 | 5.72 |
| 7539 | 14-2742 | 5.34 | 7576 | 14-2828 | 4.68 |
| 7540 | 4980 | 5.96 | 7577 | no sowing | - |
| 7541 | 4981 | 4.18 | 7578 | 4985 | 5.06 |
| 7542 | 15-1046 | 3.56 | 7579 | 14-2749 | 5.7 |
| 7543 | 14-2743 | 3.2 | 7580 | 15-1053 | 6.1 |
| 7544 | 15-1047 | 3.48 | 7581 | 14-2750 | 7.8 |
| 7545 | 14-0076 | 5.2 | 7582 | 14-2825 | 6.4 |
| 7546 | 14-2744 | 8.3 | 7583 | 4986 | 5.36 |
| 7547 | 12-0448 | 4.26 | 7584 | 4987 | 5.66 |
| 7548 | 12-0449 | 6.3 | 7585 | 4988 | 6.28 |
| 7549 | 12-0450 | 6.6 | 7586 | 14-2751 | 5 |
| 7550 | 4982 | 6.4 | 7587 | 14-2752 | 5.38 |
| 7551 | 4983 | 6.5 | 7588 | 15-1054 | 6.9 |
| 7552 | 4984 | 6.38 | 7589 | 14-2753 | 5.6 |
| 7553 | 14-2802 | 4.92 | 7590 | 14-2798 | 3.6 |
| 7554 | 14-2820 | 3.16 | 7591 | 4989 | 4 |
| 7555 | 14-2797 | 4.94 | 7592 | 4990 | - |
| 7556 | 14-0078 | 4.06 | 7593 | 11-1721 | 7.25 |
| 7557 | 14-2803 | 5.625 | 7594 | 15-0168 | 9 |
| 7558 | 14-2804 | 2.76 | 7595 | 14-2799 | 5.375 |

| Plot No. | line | score average | Plot No. | line | score average |
|----------|-----------|------------------|----------|---------|------------------|
| 7596 | 4994 | 3.96 | 7633 | 14-2801 | 5.38 |
| 7597 | 4993 | 5.16 | 7634 | 14-2819 | 3.88 |
| 7598 | no sowing | - | 7635 | 14-2760 | 4.06 |
| 7599 | 15-1055 | 3.92 | 7636 | 14-2761 | 5.2 |
| 7600 | 15-1056 | 5.44 | 7637 | 14-2762 | 2.54 |
| 7601 | 14-2754 | 7 | 7638 | 12-0669 | 5.125 |
| 7602 | 4995 | 2.58 | 7639 | 14-2812 | 5.18 |
| 7603 | 14-2755 | 4.36 | 7640 | 5003 | 4.14 |
| 7604 | 14-2822 | 5.16 | 7641 | 5004 | 3.48 |
| 7605 | 14-2756 | 5.98 | 7642 | 5005 | 3.44 |
| 7606 | 13-0845 | 2.8 | 7643 | 15-1061 | 5.34 |
| 7607 | 14-2307 | 5.6 | 7644 | 14-2763 | 5.38 |
| 7608 | 14-3162 | 3.4 | 7645 | 14-2764 | 5.4 |
| 7609 | 14-3163 | 2.5 | 7646 | 14-2765 | 4.94 |
| 7610 | 14-3164 | - | 7647 | 14-2766 | 5.2 |
| 7611 | 14-2757 | 5.78 | 7648 | 5006 | 6.68 |
| 7612 | 15-1057 | 6.16 | 7649 | 5007 | 5.25 |
| 7613 | 15-1058 | 5.04 | 7650 | 5008 | 3.6 |
| 7614 | 14-3165 | 5.68 | 7651 | 5009 | 4 |
| 7615 | 14-1339 | 4.18 | 7652 | 5010 | 3.78 |
| 7616 | 4996 | 4.36 | 7653 | 5011 | 2.98 |
| 7617 | 4997 | 6.25 | 7654 | 5582 | 3.76 |
| 7618 | 4998 | 2.725 | 7655 | 11-1726 | 2.5 |
| 7619 | 13-0836 | 3.725 | 7656 | 11-1727 | 2.8 |
| 7620 | 15-1059 | 3.96 | 7657 | 14-2768 | 4.46 |
| 7621 | 11-1105 | 4.14 | 7658 | 14-2769 | 7.8 |
| 7622 | 14-2809 | 2.54 | 7659 | 14-2770 | 5.5 |
| 7623 | 14-2758 | 6.3 | 7660 | 14-2771 | 3.7 |
| 7624 | 11-1081 | 6.88 | 7661 | 15-1062 | 4.7 |
| 7625 | 15-1060 | 2.9 | 7662 | 11-1082 | 4 |
| 7626 | 14-2810 | 2.8 | 7663 | 14-2827 | 5.58 |
| 7627 | 5019 | 1.6 | 7664 | 14-2772 | 6.1 |
| 7628 | 5000 | 3.9 | 7665 | 14-2773 | 5.56 |
| 7629 | 14-2759 | 4.98 | 7666 | 14-2813 | 3.88 |
| 7630 | 14-2811 | 3.78 | 7667 | 14-2830 | 5.46 |
| 7631 | 5001 | 2.5 | 7668 | 14-2774 | 5.12 |
| 7632 | 5002 | 2.6 | 7669 | 14-2775 | 6.16 |

| Plot No. | line | score average | Plot No. | line | score average |
|----------|---------|------------------|----------|---------|------------------|
| 7670 | 14-2776 | 6.6 | 7707 | 15-0316 | 2.94 |
| 7671 | 15-1063 | 6.7 | 7708 | 15-1066 | 5.966667 |
| 7672 | 14-2829 | 6.5 | 7709 | 14-2794 | 4.54 |
| 7673 | 14-2777 | 5.16 | 7710 | 5018 | 6 |
| 7674 | 14-2824 | 6.16 | 7711 | 15-1067 | 5.34 |
| 7675 | 14-2778 | 4.16 | 7712 | 14-2324 | 5.74 |
| 7676 | 14-2814 | 4.5 | 7713 | 14-3151 | 3.88 |
| 7677 | 14-2815 | 6 | 7714 | 2116 | 4.06 |
| 7678 | 14-2779 | 3.4 | 7715 | 2126 | 5.48 |
| 7679 | 14-2780 | 2 | 7716 | 11-1720 | 3.88 |
| 7680 | 15-1064 | 5.14 | 7717 | 14-3155 | 4.15 |
| 7681 | 14-2781 | 6.18 | 7718 | 14-3152 | 2.22 |
| 7682 | 14-2782 | 4.18 | 7719 | 45NC | 3 |
| 7683 | 15-1065 | 4.64 | 7719 | 13-2660 | - |
| 7684 | 14-2783 | 6.08 | 7720 | 14-3035 | 4.29 |
| 7685 | 14-2784 | 4.76 | | | |
| 7686 | 14-2785 | 6.24 | | | |
| 7687 | 14-2823 | 6.14 | | | |
| 7688 | 5012 | - | | | |
| 7689 | 14-2800 | 5 | | | |
| 7690 | 14-2786 | 4.94 | | | |
| 7691 | 14-2787 | 4.4 | | | |
| 7692 | 14-2788 | - | | | |
| 7693 | 14-2816 | 5.166667 | | | |
| 7694 | 14-2789 | 4 | | | |
| 7695 | 14-2790 | 6.75 | | | |
| 7696 | 5013 | 4.8 | | | |
| 7697 | 5014 | 6.28 | | | |
| 7698 | 14-2309 | 3.6 | | | |
| 7699 | 14-3166 | 6.2 | | | |
| 7700 | 14-3167 | 4 | | | |
| 7701 | 14-3168 | 5 | | | |
| 7702 | 14-3169 | 2.9 | | | |
| 7703 | 14-2792 | 4.96 | | | |
| 7704 | 14-2793 | 5.5 | | | |
| 7705 | 5015 | 6.98 | | | |
| 7706 | 5016 | 7.68 | | | |

(6) 수박 종자크기 연관 QTL 분석

○ 흰가루병 저항성 마커 개발에 사용한 야생종 PI189225는 종자크기가 매우 큰 giant seed에 해당하여, 동 분리집단을 활용하여 종자크기 QTL 분석을 수행함

○ 수박 종자크기 연관 QTL 분석

- 수박 유전자원의 종자크기의 스펙트럼은 아래 그림과 같으며, 가장 큰 giant seed (GS)에서부터 가장 작은 tomato seed (TS)의 크기로 분류가 가능함.
- 전체 분류는 6가지로 구분하고 있으며, 각 크기에 해당하는 유전자원은 재배조건을 달리 하여도 다른 크기의 종자로 변경되지 않음.
- 따라서, 앞서 제작된 GBS를 이용한 고밀도 유전자지도 작성의 모부본인 PI189225 (GS 크기) 및 Ts34 (TS 크기)를 모부본으로 한 F2 분리세대 및 F3세대인 종자의 크기에 대한 QTL 분석이 가능하였음

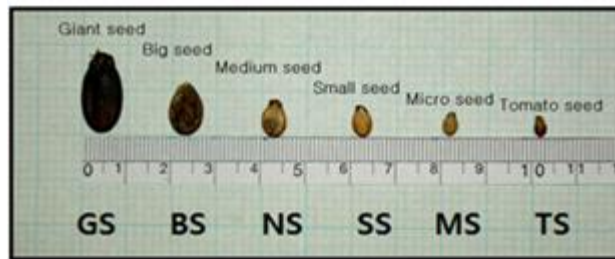


그림 3.22 수박 종자크기의 분류 (김, 박사학위논문, 2012)

- F2 종자의 크기는 100립중 및 사진이미지를 ImageJ 소프트웨어로 분석하여 각 크기 그룹별 및 전체적으로 정규분포를 이루고 있는지 검증하였음.
- Genetic map 작성에 사용된 각 개체의 유전자형과 종자크기 표현형을 입력하고 MapQTL 6.0을 이용하여 interval mapping을 수행하여 연관그룹 2와 6에 major QTL이 존재함을 확인함.
- Bootstrapping을 통하여 LOD 3.8을 적용하였으며, 다양한 연관그룹의 위치에 대한 control 보정을 통하여 MQM 분석(composite interval mapping과 유사)을 수행하였음.
- 분석결과 2번 염색체에서 1cM 이내, 6번 염색체에서 0.8cM 이내의 위치에 SNP 마커가 존재함을 확인하였음.

○ 수박 종자크기 NIL 계통 SNP 분석 및 마커 개발

- 종자크기 중 normal-seed size, small-seed size, micro-seed size, tomato-seed size로 구분하여 각 종자크기에 대한 NILs(BC4F9)을 작성하였으며, whole genome sequencing을 통하여 각 QTL 범위에서의 SNP를 탐색하였음
- 최종적으로 4종류의 HRM용 primer set을 개발하였음
- 현재, 협력육종회사의 종자크기가 작은 수박품종 개발을 위해 분리계통 선발 및 계통육성에 사용되고 있음 (특히 3건, 기술이전 3건 실적)

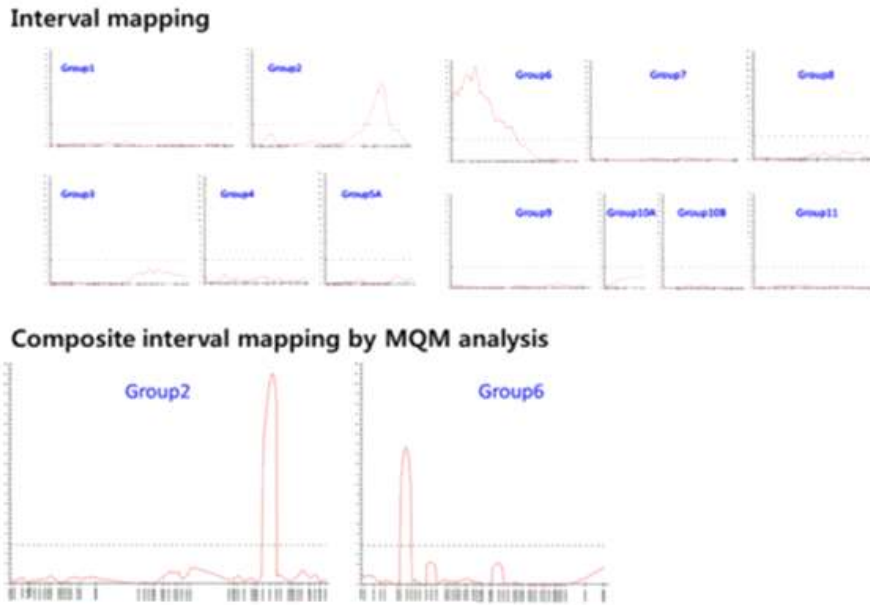


그림 3.23 수박 종자크기 연관 QTL 분석

표 3.13 종자크기 선별을 위한 HRM primer set

| | Primer | Sequence | mer |
|-------|---------------|-------------------------|-----|
| Set 1 | WSize-Ch2-1aF | GGxxxxxx xxxxxxxxxx xx | 22 |
| | WSize-Ch2-1aR | CTxxxxxxx xxxxxxxxxx | 20 |
| Set 2 | WSize-Ch6-1F | ACxxxxxxx xxxxxxxxxx | 20 |
| | WSize-Ch6-1R | AGxxxxxxx xxxxxxxxxx xx | 22 |
| Set 3 | WSize-Ch6-2aF | AGxxxxxxx xxxxxxxxxx | 20 |
| | WSize-Ch6-2aR | AGxxxxxxx xxxxxxxxxx | 20 |
| Set 4 | WSize-Ch6-4F | ATxxxxxxx xxxxxxxxxx | 20 |
| | WSize-Ch6-4R | ACxxxxxxx xxxxxxxxxx | 20 |



그림 3.24 협력육종회사의 씨작은 수박품종 개발 현황

다. 변이염색체 형질별 유전분석 및 연관 분자마커개발

(1) 응성불임성 연관 유전분석 및 연관 분자마커개발

(가) 응성불임성 자원수집 및 분리집단 양성

○ 확보한 응성불임성 자원의 특성

- 수박은 암꽃과 수꽃을 따로 갖고 있으며, F1 채종시 응성불임성은 타 작물과 마찬가지로 제웅없이 목적하는 부계의 재식만으로 화분친을 사용할 수 있어 매우 경제적인 종자생산이 가능함.
- 확보한 응성불임성은 genic male sterile (GMS)이며, 후대에서 1:1 분리가 일어나 실제 채종에 사용하기에는 매우 불리한 응성불임성임. 따라서, 본 과제에서 개화 전에 응성불임 개체의 판단이 가능한 마커의 개발은 현장적용시 매우 유용할 것으로 기대함.



그림 3.25 정상표현형의 수꽃과 유전자적 응성불임형의 수꽃 (2n, 4n)

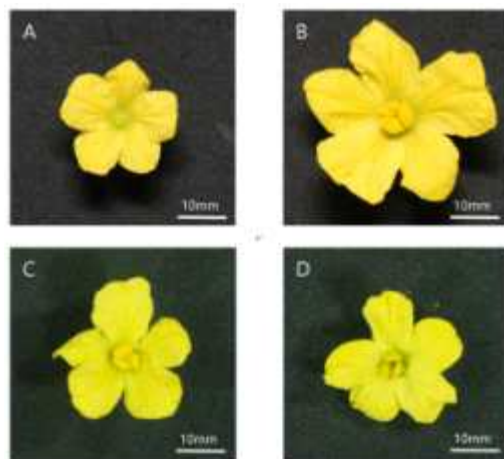


그림 3.26 응성불임 및 응성가임계통의 표현형 비교. (A) Male sterility of sib cross population, (B) Male fertility of sib cross population, (C) Male fertility of SN3615, (D) Male fertility of DAH

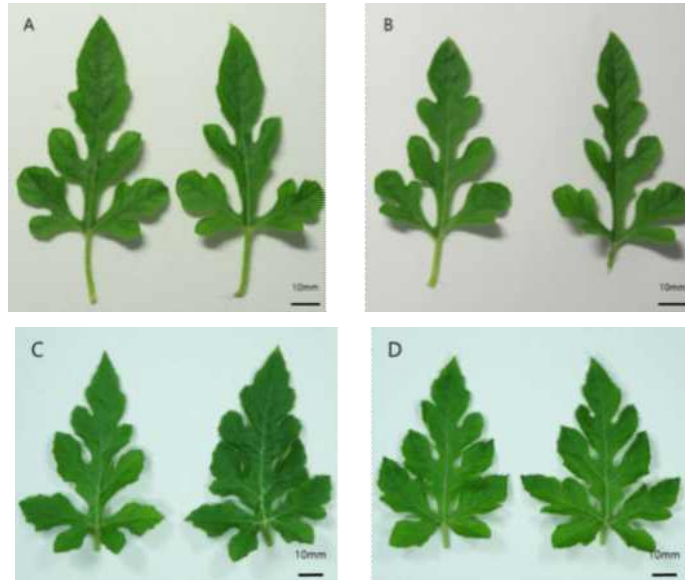


그림 3.27. 응성불임 및 응성가임계통의 엽형 비교. (A) Male sterility of sib cross population, (B) Male fertility of sib cross population, (C) Male fertility of SN3615, (D) Male fertility of DAH

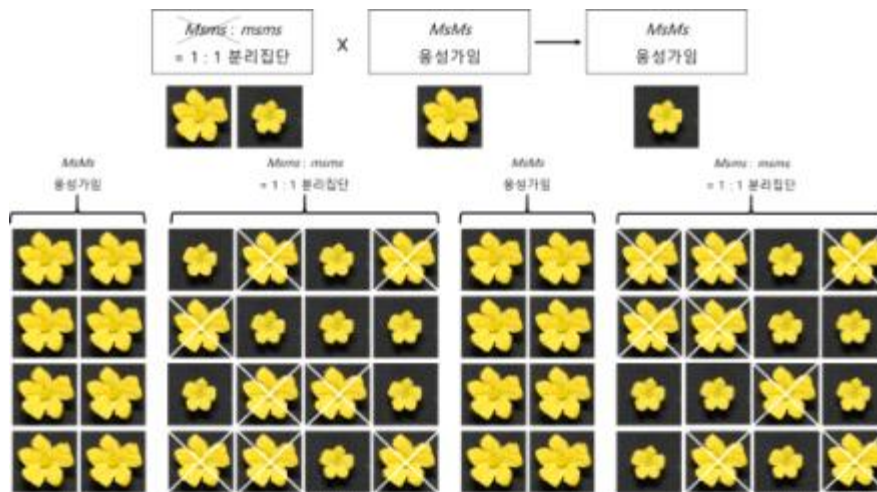


그림 3.28 GMS를 이용한 수박 응성불임 F1 선발 모식도

○ 확보한 응성불임성 자원의 분리집단 양성

- 확보한 응성불임성 자원의 분리집단 양성을 통한 genetic mapping 및 마커의 개발을 위하여 NIL을 이용한 1:1 분리 집단 및 F2 분리세대를 양성하였음

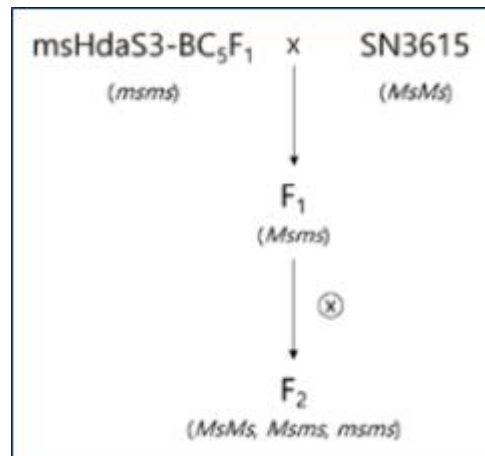
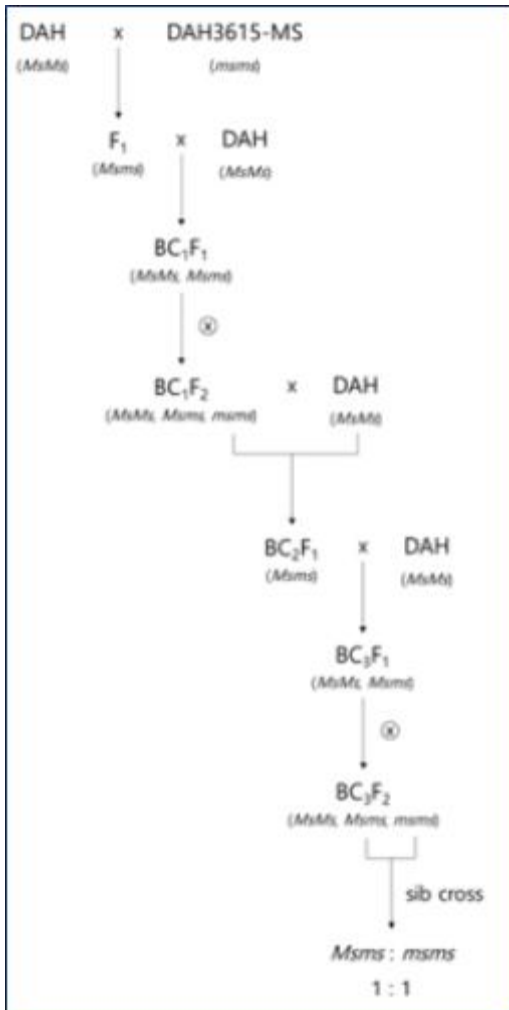


그림 3.29. 응성불임 1:1 분리세대 및 F2 세대 양성 pedigree

(나) 응성불임성 연관마커 개발

○ 응성불임 표현형 분리 검정

- 표현형 분석 결과

표 3.14. 응성불임 1:1 분리집단의 표현형 검정결과

| MF-bulk1 | | MS-bulk1 | |
|------------------|----------------|------------------|-------|
| sample name | 표현형 | sample name | 표현형 |
| 4601 DAH x MS 1 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 2 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 10 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 3 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 12 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 4 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 14 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 7 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 17 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 15 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 20 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 16 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 21 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 18 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 25 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 22 | ms/ms |

| | | | |
|------------------|----------------|------------------|-------|
| 4601 DAH x MS 32 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 24 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 34 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 26 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 35 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 27 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 38 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 28 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 41 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 33 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 49 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 36 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 51 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 37 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 52 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 39 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 53 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 40 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 62 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 45 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 67 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 46 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 68 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 48 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 69 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 50 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 71 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 66 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 75 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 70 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 77 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 72 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 78 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 74 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 82 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 76 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 84 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 80 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 86 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 81 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 87 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 83 | ms/ms |
| 4601 DAH x MS 88 | MS/MS or MS/ms | 4601 DAH x MS 85 | ms/ms |

- 유전분석 결과 Sib-cross 집단인 경우는 1:1로 분리하였고, F2 집단인 경우는 열성단인자로 3:1의 분리비를 충족하였음.

표 3.15 4601DAH x MS sib-cross 집단의 표현형 및 카이제곱검정 결과

| | 개체수 | |
|--|--------|-----|
| | MF | MS |
| Observed (o) | 51 | 39 |
| Expected (e) | 45 | 45 |
| Deviation (o - e) | 6 | -6 |
| Deviation ² (d ²) | 36 | 36 |
| d ² /e | 0.8 | 0.8 |
| X ² | 1.6 | |
| p-value | 0.2059 | |

표 3.16 msHdaS3-BC5F1(ms/ms) x SN3615(Ms/Ms) 유래 F2집단의 표현형 및 카이제곱검정 결과

| | 개체수 | |
|-------------------|--------|--------|
| | MF | MS |
| Observed (o) | 57 | 25 |
| Expected (e) | 61.5 | 20.5 |
| Deviation (o - e) | -4.5 | 4.5 |
| Deviation2 (d2) | 20.25 | 20.25 |
| d2/e | 0.3293 | 0.9878 |
| X2 | | 1.3171 |
| p-value | | 0.2511 |

○ BSA-NGS를 활용한 유전분석 및 연관마커 개발

- 음성불임성에 대한 형매교배 및 F2 분리집단 개체들의 phenotyping과 NGS용 DNA를 개체별로 확보함
- 음성가임과 불임의 DNA pool을 확보하고 Illumina NextSeq을 이용한 NGS를 수행함

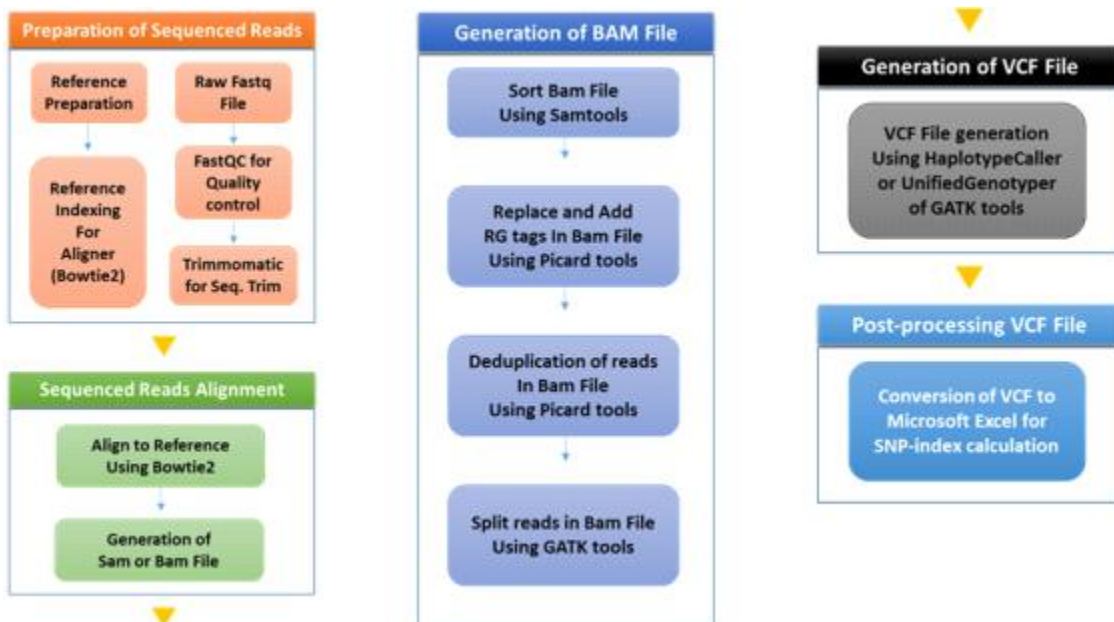


그림 3.30 MF-bulk와 MS-bulk를 분석하기 위한 NGS 분석 파이프라인 구성

- BSA 방법을 이용하여 pooling한 MS-bulk1과 MF-bulk1의 염기서열을 분석한 뒤에는 각각의 alternative sequence를 기준으로 하여 Δ (SNP-index) 분석을 진행하였고, 이 때 각 후

보 chromosome에서 원으로 표시한 부분이 음성불임성 유전자좌일 것으로 추론하였음. 하지만 이 분석 결과에서는 candidate region이 너무 광범위했고, 적은 수의 variant 밖에 확인할 수 없어, 2차 분석에서는 이 부분을 더 명확히 제시하기 위해 alternative sequence와 reference genome이 모두 반영되도록 Δ (SNP-index) 분석을 실시하였음.

- 형매 교배(sib cross) 집단에서는 음성불임 개체는 aa의 유전형을 가지고 음성가임개체는 Aa 유전형을 가지기 때문에 이론적으로는 Δ (SNP-index) 값이 -0.5 이하로 떨어질 수 없다. 따라서 2차 분석 결과를 토대로 하여 -0.5 값을 기준으로 SNP가 집중적으로 분포하는 지역을 탐색한 결과, 여전히 그 범위가 너무 넓었음. 또한 형매 교배(sib cross) 집단에서는 음성가임 개체의 유전형이 이형접합(heterozygous)인 상태로 음성불임 개체의 유전형과의 극단적인 차이를 비교하기 어려울 것으로 판단되어, 새로운 분리집단인 F₂분리집단을 이용하여 재분석을 실시하였음.

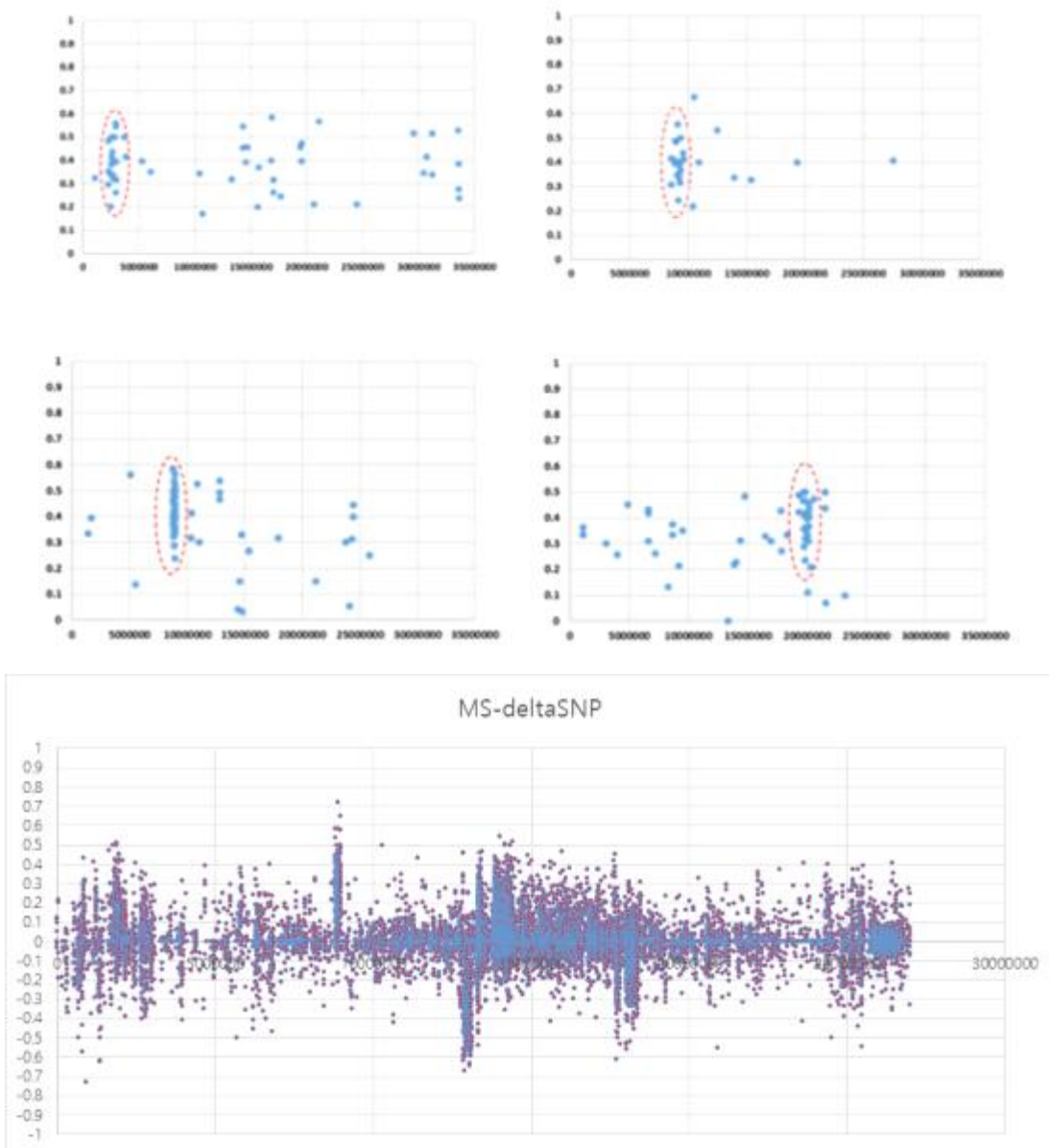


그림 3.31 형매교배 집단에서의 BSA-SNP 분석 결과

- 2차 F2 분리집단에서의 BSA-SNP 분석 결과 아래 그림과 같이 delta SNP가 극단적으로 차이가 나타나는 구간을 결정할 수 있었으며, 이에 따라 후보 지역에 대한 HRM genotyping을 수행하였음.

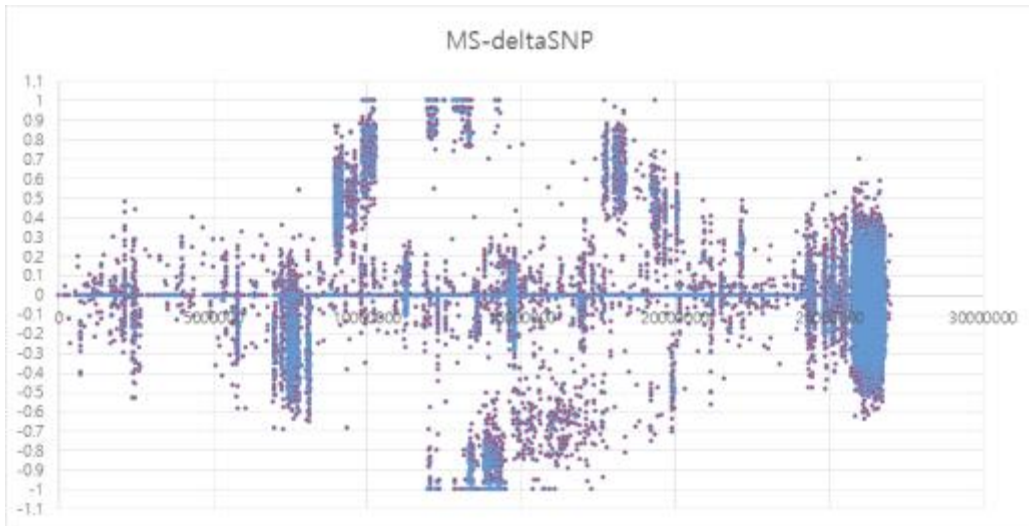


그림 3.32 F2 분리집단에서의 BSA-SNP 분석 결과

표 3.17 음성불임 genotyping을 위한 HRM primer sequence

| Primer | Sequence | mer |
|---------|-----------------------------|-----|
| MS1-1-F | CCTGCAATTTAGAAGAGGGAAG | 22 |
| MS1-1-R | ATCGGTGGCCCTCAAATTCT | 20 |
| MS1-2-F | CATTTTTCTCTTCTTCTTAGTGTGC | 26 |
| MS1-2-R | TCAATGCCCTGTCACTACCC | 20 |
| MS1-3-F | CGCAAGTTCATAATCGATGG | 20 |
| MS1-3-R | AGCCTCCGATCTCCATATT | 20 |
| MS1-4-F | TGGAGTGAGATGATTTTGTTAAGC | 24 |
| MS1-4-R | CCACGCCCAAGGACCATA | 18 |
| MS1-5-F | TCATCTTTAAATCTTGTAATTGCTTCA | 27 |
| MS1-5-R | CCCCTACATCGAGATTTTCAGTAA | 24 |
| MS1-6-F | GCATAACAATAGCGGAAAGTTTG | 23 |
| MS1-6-R | ATCCCCTAATCACCGTTGTA ACT | 23 |

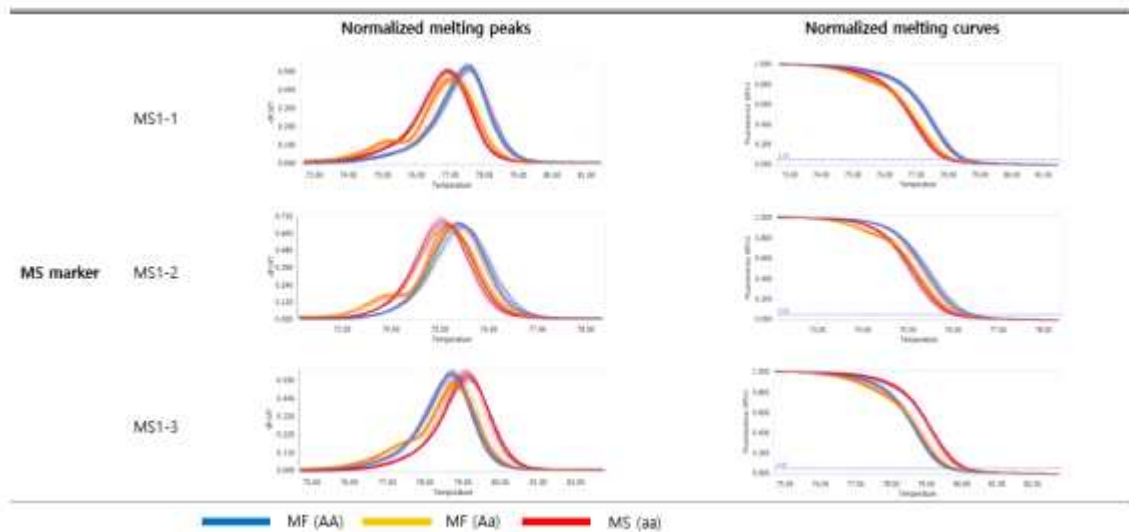


그림 3.33 옹성불임 판별용 HRM 마커 개발을 위한 primer 적용

- SNP-index를 구하여 pooling plot 별로 phenotype의 연관성을 파악하였고 이에 따라 염색체별로 후보 유전자좌를 결정하였음
- 후보 유전자좌들에 대한 분리세대 표현형에 대한 genotyping을 수행하였으며, 옹성불임 개체 판별용 HRM 마커를 개발함
- 개발된 마커는 육종회사의 유묘기에서 옹성불임 개체판별용으로 활용될 예정임

(다) 옹성불임성 후보유전발굴을 위한 RNA-seq

- 옹성불임 자원 수꽃의 특이 RNA 발현결과를 얻고자 꽃눈과 개화기에 RNA를 분리하고 MiSeq을 이용하여 RNA-seq을 진행함.

○ 옹성불임성 특이발현 유전자 정보획득을 위한 reference-based transcriptome의 분석 접근

- 옹성불임성 분리집단이 양성되는 동안, 옹성불임을 보이는 화기에서 정상화기와 특이적 발현양상이 나타나는지 그리고, 이들의 유전정보를 획득하고자 RNA-Seq을 수행
- 샘플링은 화아와 개화한 꽃을 대상으로 옹성불임개체와 정상개체에서 이루어졌음.
- 분석 접근방법은 그림 1.54와 같이 크게 3가지의 방법으로 이루어졌음
- 현재 수박의 유전자지도 및 annotation의 현황을 보면, 유전자지도는 scaffold의 순서가 좀더 보완이 필요한 상황이며, annotation은 아직 충분히 이루어지지 않음 상태임.
- 따라서, reference genome에 바로 mapping하는 방법 또는 발현 RNA 정보를 통한 gene_id의 파악은 매우 힘든 상황이며, Trinity 알고리즘을 이용한 de novo assemble approach를 이용한 결과도 필요하였음.

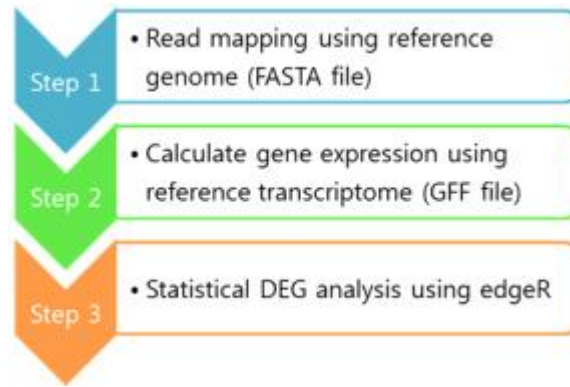


그림 3.34. 옹성불임성 관련 transcriptome 분석을 위한 개념도

- 특히 본 연구에서는 옹성불임성에 관련한 유전자의 정보를 파악하려는 목적을 갖고 있었기 때문에 DEG (differential expressed genes) 관련 분석을 통하여 통계적 유의성이 있는 후보 유전자를 파악하고자 하였음.

표 3.18. 꽃눈 및 꽃의 RNA 서열이 reference genome에 mapping된 비율

| | # of surviving paired-reads | rate of surviving paired-reads | Overall read mapping rate | Concordant pair alignment rate |
|----------------------|-----------------------------|--------------------------------|---------------------------|--------------------------------|
| Mf_Bud (가임 수꽃 눈) | 11834220 | 93.55% | 62.2% | 54.7% |
| Mf_Flower (가임_수꽃) | 13845808 | 93.90% | 60.3% | 52.9% |
| Ms_Bud (불임 수꽃 눈) | 12411872 | 94.64% | 61.1% | 53.7% |
| Ms_Flower (불임_수꽃) | 12489412 | 94.25% | 58.3% | 51.0% |

표 3.19. 꽃눈 및 꽃의 RNA 서열이 Trinity에 의해 assemble된 결과

| | |
|----------------------------------|---------------|
| Total trinity genes | 94496 |
| Total trinity transcripts | 138811 |
| Percent GC | 38.47 |
| Contig N10 | 4670 |
| Contig N20 | 3615 |
| Contig N30 | 2971 |
| Contig N40 | 2476 |
| Contig N50 | 2032 |

| | |
|------------------------------|------------------|
| Median contig length | 586 |
| Average contig | 1099.54 |
| Total Assembled bases | 152627890 |

○ 응성불임성 특이발현 유전자 정보 분석을 위한 통계적 모델

- DEGs 분석을 위하여 Fisher-exact test와 ANODEV (analysis of deviance)모델의 테스트를 수행하고자 했으며, ANODEV는 general linear model(GLM)을 기반으로 다음의 함수로 통계적 계산이 이루어졌음.

$$\text{Log}(E(Y)) = \mu + \text{Fertility}_i + \text{Tissue}_j$$

○ 응성불임성 특이발현 유전자 분석 결과

- Total FDR-adjusted P-values를 기반으로 한 Fisher-exact test와 GLM test의 비교를 수행한 결과, GLM분석이 매우 유의미한 결과를 보여주었음



그림 3.35 Total FDR-adjusted P-values를 기반으로 한 Fisher-exact test와 GLM test의 비교

- 전체 유의미한 DEG의 개수를 보면 그림 1.56과 같이 GLM 분석에서 682개의 transcripts가 신뢰도 있게 나타난 것을 알 수 있음.

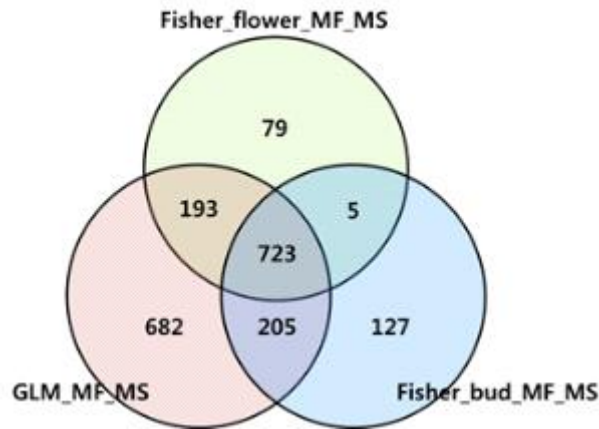


그림 3.36 Fisher-exact test와 GLM test에서 나타난 DEGs의 벤다이어그램

- 전체 유의미한 gene set들은 enrichment score에 따라 분류하였고, 이들 각각에 대한 de novo assemble에 대한 결과 및 isoform에 대한 결과 분석은 생략함.

표 3.20 전체 유의미한 gene set들의 enrichment score에 따른 분류 (일부 결과)

| Annotation Cluster | Enrichment Score | Count | P-Value | Response |
|-----------------------|---|-------|---------|----------|
| Annotation Cluster 9 | Enrichment Score: 9.28 | | | |
| GOTERM_BP_FAT | cell maturation | 4 | 1.7E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | cellular component maturation | 4 | 1.7E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | resolution of cellular component size | 4 | 1.8E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | developmental growth involved in maturation | 3 | 2.4E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | endothelial cell growth | 3 | 2.4E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | developmental growth | 3 | 3.0E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | cell growth | 3 | 3.7E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | resolution of cell size | 3 | 4.0E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | growth | 3 | 4.4E-1 | 1.000 |
| Annotation Cluster 10 | Enrichment Score: 6.4 | | | |
| GOTERM_BP_FAT | stem maturation | 3 | 1.3E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | stem development | 3 | 5.1E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | stem system development | 3 | 5.2E-1 | 1.000 |
| Annotation Cluster 11 | Enrichment Score: 6.37 | | | |
| GOTERM_BP_FAT | response to cell stress | 4 | 3.9E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to genetic stress | 4 | 4.4E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to abiotic stimulus | 3 | 4.9E-1 | 1.000 |
| Annotation Cluster 12 | Enrichment Score: 6.1 | | | |
| GOTERM_BP_FAT | response to endogenous stimulus | 6 | 3.9E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to hormone stimulus | 7 | 4.0E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to genetic stimulus | 6 | 5.8E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to toxic stimulus | 3 | 6.1E-1 | 1.000 |
| Annotation Cluster 13 | Enrichment Score: 6.26 | | | |
| GOTERM_BP_FAT | response to abiotic stimulus | 5 | 4.4E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to light stimulus | 4 | 5.4E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | response to radiation | 3 | 5.6E-1 | 1.000 |
| Annotation Cluster 17 | Enrichment Score: 6.24 | | | |
| GOTERM_BP_FAT | cellular component maturation and cell maturation | 4 | 3.9E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | stem development | 4 | 4.0E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | stem development | 4 | 5.0E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | stem structure development | 4 | 6.3E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | translational developmental process | 5 | 7.0E-1 | 1.000 |
| GOTERM_BP_FAT | translational structure development | 4 | 8.2E-1 | 1.000 |

- 전체적으로 임성에 관련한 유전자들은 크게 3가지 접근방법과 2가지 통계적 접근방법을 통하여 성공적으로 정리되었으며, 그림 1.57과 같이 특이 발현 유전자에 대한 발현량 비교를 살펴보면, 웅성불임의 꽃눈 및 꽃에서는 전혀 발현되지 않는 수술특이 유전자들이 발굴되었음.

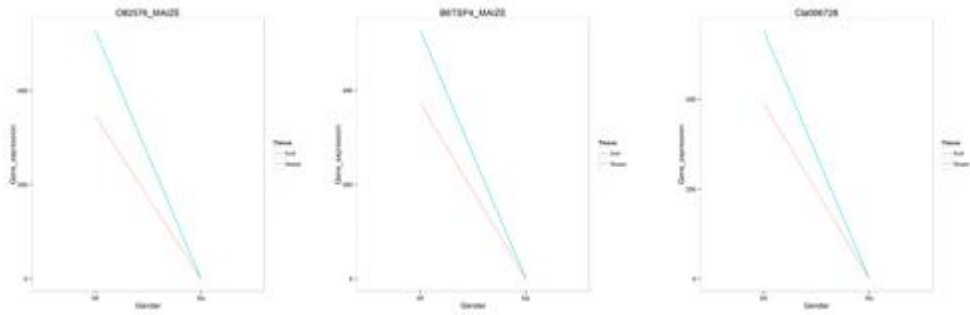


그림 3.37 응성가임과 응성불임에서 나타난 특이발현 유전자들의 사례

- 이에 따라, 전체적으로 응성불임에 대하여 응성가임에서 통계적 유의성이 있으며, 특이 발현하고 있는 유전자의 발현양상은 응성불임에서는 전혀 발현하고 있지 않은 유전자들이 응성가임에서 발현하고 있는 유전자의 개수가 최대 300여개에 이르고 있음을 알 수 있음.

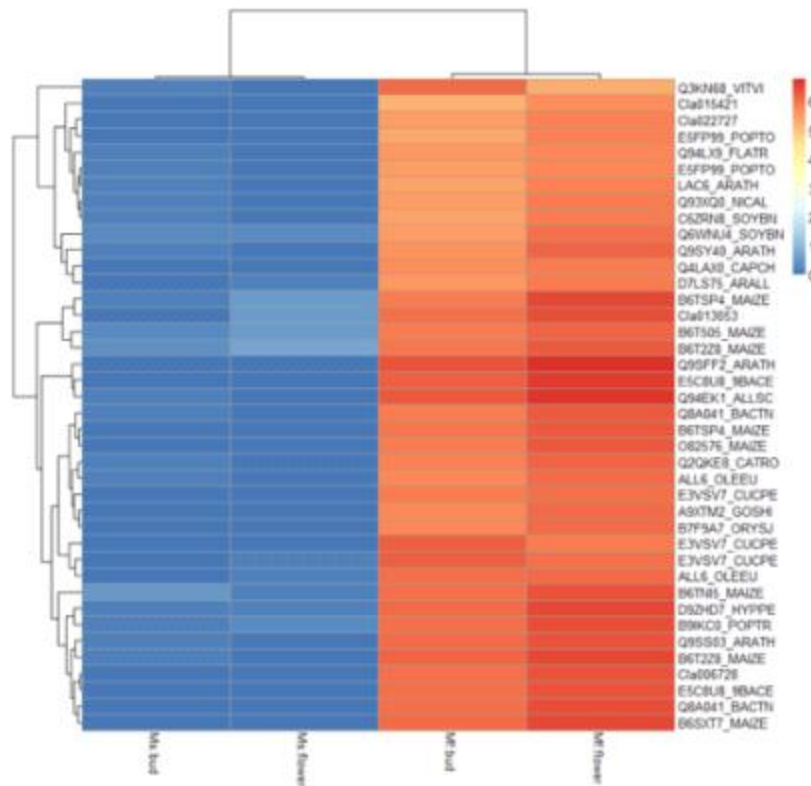


그림 3.38 대표적인 40개의 DEG의 heat map (진한 적색은 발현정도가 높음)

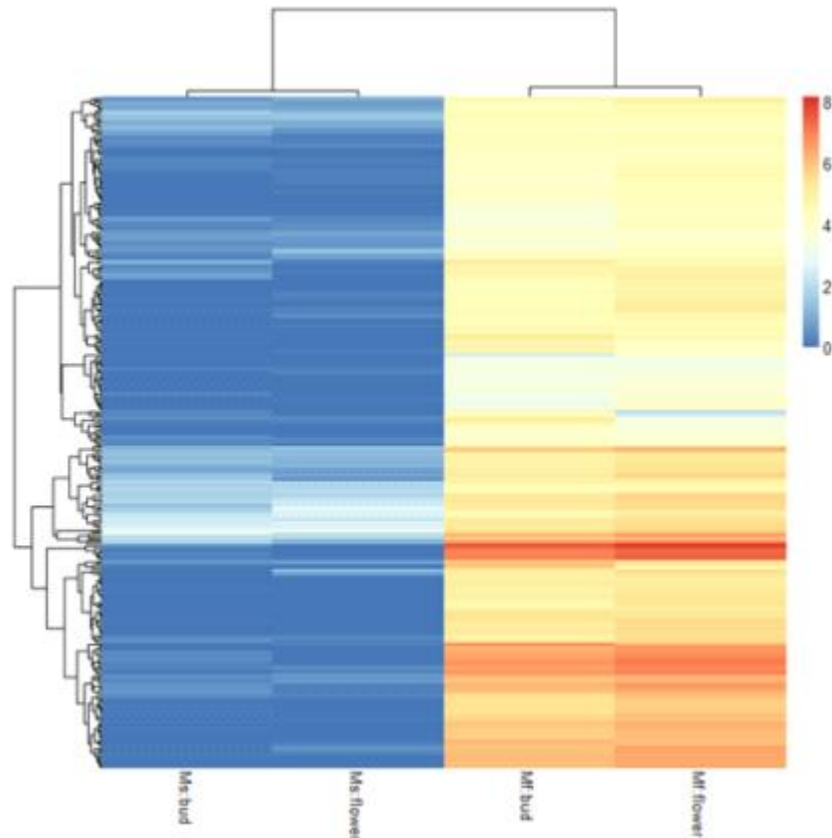


그림 3.39 대표적인 400개의 DEG의 heat map (진한 적색은 발현정도가 높음)

- 현재 DEG들에 대한 gene description 및 functional annotation을 진행하고 있으며, real-time RT-PCR을 통하여 발현을 확증할 예정임. 본 결과는 BMC Genomics (Rhee et al., 2015)에 출판되었음.
- 음성불임성 특이발현 유전자 정보획득을 위한 de novo-based transcriptome의 분석 접근
 - 음성불임과 관련한 수꽃에서 신규 유전자의 발굴을 위하여 Trinity를 통하여 de novo transcriptome assembly를 수행함
 - Swissprot database를 이용한 BlastP를 통하여 10,007 개의 protein-coding 유전자가 검출되었음
 - 신규로 발굴된 유전자는 1,263개의 유전자였으며, 음성불임과 가임에서 751개의 유전자가 DEG로 나타났음
 - 이들 novel gene들의 예측되는 생물학적 기능은 ion binding, stimulus responses and sexual reproduction으로 분석되었으며, qPCR을 통하여 확인되었음
 - 본 연구결과는 Scientific Reports에 투고되어 현재 revision 진행 중임.
 - 향후 DEG들에 대한 유의미한 transcription factor들을 찾고자 하며, 가능한 수준에서 이들의 기능을 확인할 수 있는 VIGS용 바이러스벡터의 적용성을 확인해볼 예정임. 확인되면 유전자적 분자마커 개발이 가능할 것으로 판단됨.

Table 3.22 Summary of sequencing results. Each sample is shown in first column. MS signifies DAH3615-MS line and MF signifies DAH3615 line. Bud represents floral bud and flower represents mature flower

| Sample name | Total number of base pairs (nt) | Total number of read | GC (%) | Q30 (%) |
|-------------|---------------------------------|----------------------|--------|---------|
| MS_flower | 3,645,580,719 | 26,501,490 | 42.52 | 79.52 |
| MS_bud | 3,607,451,311 | 26,232,292 | 42.48 | 79.89 |
| MF_flower | 4,025,519,345 | 29,490,814 | 43.04 | 79.67 |
| MF_bud | 3,438,481,342 | 25,299,088 | 42.87 | 79.77 |

Table 3.23 Summary of assembly Information of total transcripts and genes *de novo* assembled using Trinity. Gene represents the longest isoform of each transcript.

| | |
|------------------------------------|-------------|
| Total number of reads | 50,581,312 |
| GC percentage | 38 |
| Transcript | |
| Total assembled transcripts | 138,811 |
| Total assembled bases (nt) | 152,627,890 |
| Average length of transcripts (nt) | 1,100 |
| contigs N50 (nt) | 2,032 |
| Genes | |
| Total assembled genes | 94,496 |
| Total assembled bases (nt) | 73,012,104 |
| Average length of genes (nt) | 773 |
| contigs N50 (nt) | 1,327 |

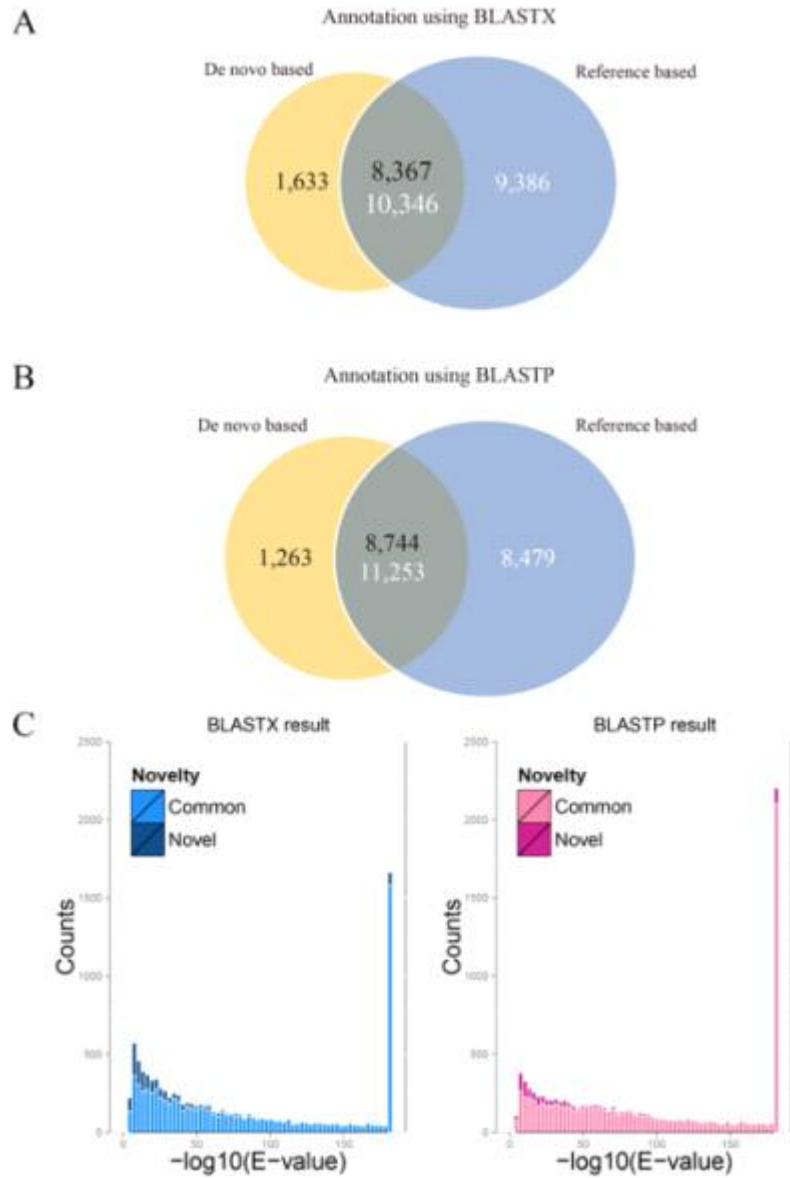


Figure 3.40 Results of *de novo* assembly using Trinity. The comparison of annotations based on both approaches using (A) BLASTX and (B) BLASTP against the Swissprot database. Both approaches used identical Swissprot database and BLAST options. (C) Histogram of E-values of annotation () for each BLAST search, darker color in each plot indicates novel genes. BLASTP shows better performance with larger number of unique annotation.

Table 3.24 Top 20 novel gene candidates for validation. Genes exclusively detected in *de novo* assembly are selected by descending order of total counts.

| Contig ID | Uniprot ID | Average Count | Strand | Length | Sequence |
|-----------|-------------|---------------|----------|--------|------------|
| c21178_g1 | RT03_PETHY | 1909 | Forward | 1689 | GCACGAAAAG |
| c23277_g1 | G3PC_ANTMA | 1281.8 | Forward | 684 | GCTGCTCATT |
| c24422_g1 | ORYA_ORYSJ | 1839.6 | Forward | 1629 | AACGGCGAAA |
| c25038_g1 | GDL9_ARATH | 1583.8 | Forward | 1176 | ATGGGTTCTT |
| c25338_g1 | SUS5_ARATH | 2007 | Backward | 2505 | ATGGCTTCTT |
| c26468_g1 | PSBD_SOLTU | 43785.6 | Forward | 1422 | ATGAAAACCT |
| c26735_g1 | DPE2_ARATH | 1750 | Backward | 2907 | ATGGTGAATT |
| c27130_g1 | METE_MESCR | 6226 | Backward | 2298 | ATGGCATCTC |
| c27728_g1 | UPL2_ARATH | 1373 | Forward | 6492 | ATGACTACGC |
| c27776_g1 | HMGL_IPONI | 1460.8 | Backward | 534 | ATGGAAGCGG |
| c28073_g1 | YMF19_HELAN | 17635.6 | Forward | 645 | TTCTTGCTTT |
| c28078_g1 | PGK2_METKA | 1233.488 | Backward | 1455 | AATACACGGA |
| c28325_g1 | CYB_ARATH | 13864 | Backward | 1173 | ATGACTAAAA |
| c28564_g1 | ECA4_ARATH | 1258 | Backward | 3198 | ATGGGTAGAG |
| c29215_g2 | TPIS_ARATH | 1602.4 | Forward | 828 | CATTTTGAAT |
| c30204_g4 | RR2_CUCSA | 6539.6 | Forward | 2049 | AAAAAAAAAA |
| c30669_g1 | NU4C_CUCSA | 9341.8 | Backward | 1410 | ATGAGATGGT |
| c30720_g2 | ATPA_CUCSA | 29646.8 | Backward | 1524 | ATGGTAACCA |
| c31499_g1 | UBQ11_ARATH | 4217.4 | Forward | 1029 | CAACAAAGAC |
| c32529_g1 | PMA3_NICPL | 3088.6 | Backward | 2880 | ATGGAAGAAA |

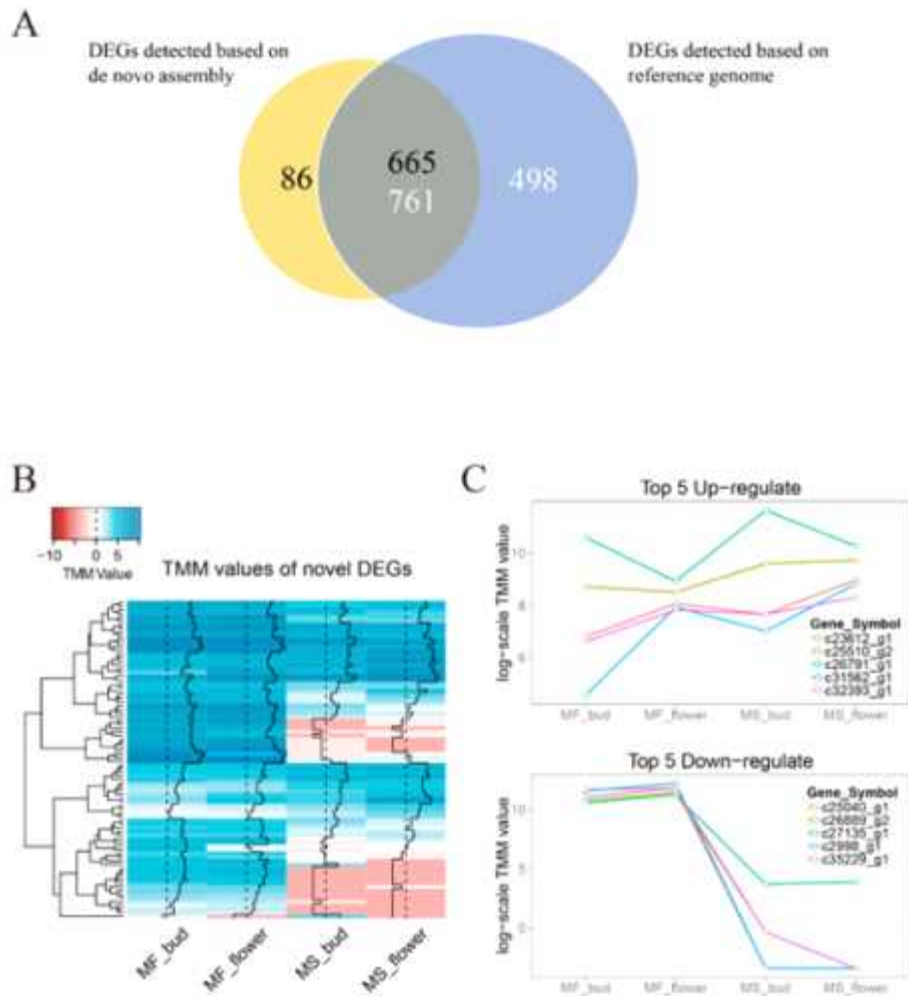


Figure 3.41 Summarized results of comparative DEG analysis between *de novo* assembly and reference. (A) The Venn diagram displays the number of DEGs included in each section. Identification of DEGS were using edgeR based on BLASTP annotation against the Swissprot database. (B) Patterns of expression using TMM values by each gene in 86 novel DEGs. Color indicator is suggested on the left top. (C) The line graph of TMM values in top 5 up-regulated genes (top) and top 5 down-regulated genes among 86 novel DEGs (bottom) shows apparent difference

Table 3.25 Significantly enriched clusters of Gene-set enrichment analysis. Each cluster showed functions of genes included in the cluster. Only clusters with an EASE score 1.5 are shown.

| Cluster | Enrichment Score | Terms |
|-----------|------------------|---|
| Cluster 1 | 3.03 | response to red or far red light, response to abiotic stimulus, response to radiation, red or far red light signaling pathway, response to light stimulus |
| Cluster 2 | 2.54 | cation binding, ion binding, metal ion binding, transition metal ion binding, zinc ion binding |
| Cluster 3 | 1.99 | di-, tri-valent inorganic cation transport, transition metal ion transport, di-, tri-valent inorganic cation transmembrane transporter activity, inorganic cation transmembrane transporter activity, ion transport, metal ion transport, transition metal ion transmembrane transporter activity, cation transport, iron ion transport, metal ion transmembrane transporter activity |
| Cluster 4 | 1.94 | nucleoside binding, adenyly nucleotide binding, purine nucleoside binding, purine nucleotide binding, adenyly ribonucleotide binding, ATP binding, nucleotide binding, purine ribonucleotide binding, ribonucleotide binding |
| Cluster 5 | 1.83 | red or far red light signaling pathway, regulation of photomorphogenesis, regulation of post-embryonic development |

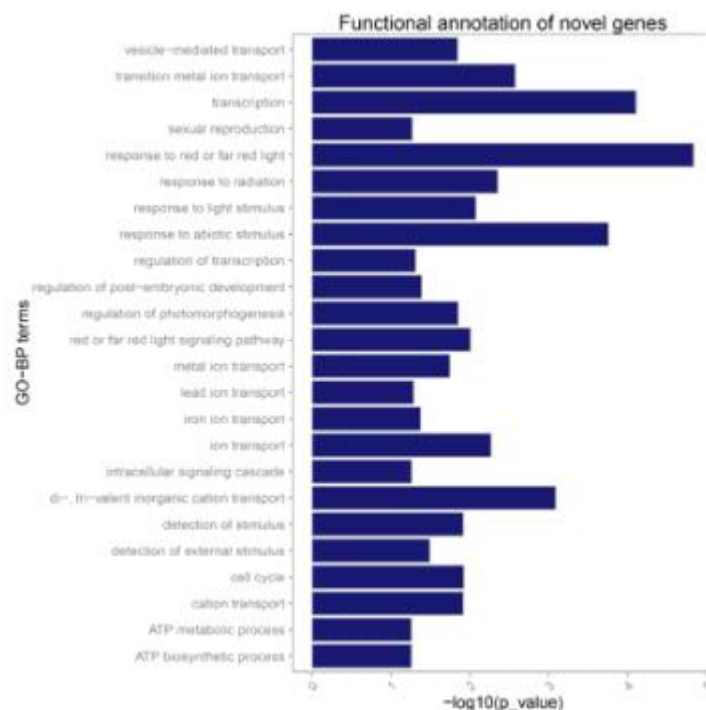


Figure 3.42 GO terms of biological process and molecular function. GO Biological Process terms of 1,263 novel genes with p-values under 0.05

(2) 상호전좌 연관유전분석

(가) 상호전좌 계통 및 분석

○ 확보한 응성불임성 자원의 특성

- 확보하고 있는 상호전좌성 자원은 방사선 조사를 통하여 염색체 변이(translocation)가 일어난 육종소재로 감수분열시 염색체 대합에 문제가 발생하여 임성이 없는 화분이 다수 발생하며, 씨가 50%이하로 씨 적은 수박과실이 생산됨
- 육종소재이므로 공동연구를 수행하는 육종회사에서는 개화기에 판별하였음
- 1년차에 공동연구하는 육종회사는 상호전좌성 계통을 활용한 씨 적은 수박의 품종보호출원이 이루어졌음

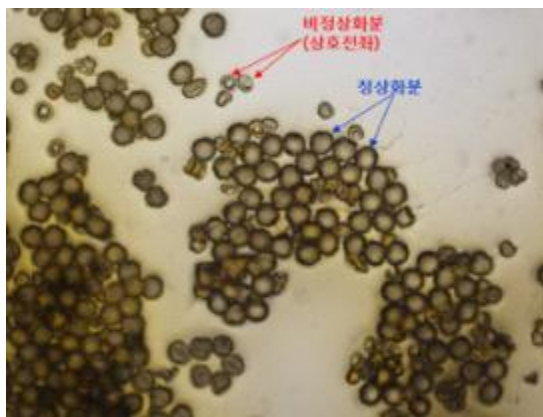


그림 3.43 화분(꽃가루) 형태를 통한 상호전좌성의 확인



그림 3.44 공동연구를 진행 중인 육종회사에서 품종보호출원한 상호전좌이용 씨 적은 수박

○ 상호전좌 계통의 기대 분리비에 대한 유전분석 및 검정

- 상호전좌에 대한 후대 분석은 교호배치와 인접배치가 1:1의 비율로 일어날 수 있으며, 감수분열시 배우자 형성은 동원체를 기준으로 양쪽 혹은 한쪽씩만 전좌가 일어날 수 있음. 따라서 상호전좌가 일어난 개체와의 정상개체의 수정으로 만들어지는 F1의 염색체는 모두 전좌이형접합자형태로 존재하는 것으로 추정함. 여기에 과실생성을 위한 정상동형접합자와 교배시 수정후 종자의 생성은 정상:전좌이형접합자가 1:1로 나타나, 50%는 수정되지 못하고 종자가 형성되지 않아 씨가 적은 수박과실을 만들 수 있음.

- 본 연구에서는 정상계통 x 상호전좌계통으로 형성된 F1의 화분생성 분리비를 관찰하였으며, 상호전좌는 결론적으로 두 개의 염색체 사이에서만 일어난 것으로 판단함

표 3.26 상호전좌계통을 부계로 얻어진 F1세대의 화분생성 유전분리비

| | 관찰치 | 기대치 |
|-------|-----|-------|
| 정상화분 | 124 | 134.5 |
| 비정상화분 | 145 | 134.5 |
| 합계 | 269 | 269 |

- 상기의 결과에서 검정결과의 X^2 는 1.64이고, 자유도는 1이므로 $P > 0.05$ 로 귀무가설을 받아들인다면, 관찰치와 기대치가 차이가 없음을 알 수 있어, 기대치인 1:1로 분리되는 것으로 결론지을 수 있음

○ 상호전좌 부위 확인 방법

- 상호전좌 부위는 게놈서열 재분석으로 도출되는 단순한 variable SNP 비교로는 확인하기 불가능하므로, 상호전좌 NIL과 사용된 반복친 간의 전체 게놈서열을 비교하고, scaffold 수준에서 염색체간 이동이 이루어졌는지의 확인이 필요함
- 상호전좌 분석은 반복친으로 사용한 SBA 계통에 대한 전 게놈 염기서열 재분석을 통해 pseudo chromosome을 완성하고, 여기에 Fsd_SBA(상호전좌된 SBA의 NIL)의 scaffold 서열을 서로 비교하는 방법을 시도함
- Fsd_SBA의 특성 scaffold가 SBA pseudo chromosome의 다른 두 곳에 synteny를 보이는 영역을 확인하여 분석함
- 두 유전체 간의 비교는 LastZ V 1.03.34 프로그램을 이용하였으며, 기본적인 옵션은 default 값을 사용.

○ 상호전좌 확인을 위한 반복친 pseudo chromosome의 작성

표 3.27. 한국 엘리트계통 SBA의 pseudo chromosome 작성 결과

| | SBA Length |
|---------------|-------------|
| Chromosome 1 | 31,786,742 |
| Chromosome 2 | 28,862,207 |
| Chromosome 3 | 25,177,964 |
| Chromosome 4 | 22,034,844 |
| Chromosome 5 | 31,776,903 |
| Chromosome 6 | 24,813,238 |
| Chromosome 7 | 26,854,750 |
| Chromosome 8 | 22,724,765 |
| Chromosome 9 | 31,457,799 |
| Chromosome 10 | 25,579,559 |
| Chromosome 11 | 24,550,564 |
| Unmapped | 59,313,539 |
| Total | 354,932,874 |

○ 상호전좌계통인 Fsd_SBA의 scaffold 작성을 위한 분석

- SBA와의 비교를 위해서는 상호전좌계통인 Fsd_SBA의 resequencing을 수행후 scaffold를 완성하는 과정이 필요했음
- Illumina사의 HiSeq을 이용하여 서열을 읽었으며, 분석 pipeline은 raw data를 최종적으로 de novo assembly 하기 위하여 quality filtering과정을 수행하였고, 이때 사용한 프로그램은 BGI에서 개발된 SOAPfilter v 2.0이었으며, 옵션은 low quality 20이하는 제거하도록 하였다. 또한 duplicated reads 들은 제거되도록 하였고, 프로그램에서 제공하는 error correction 기능을 최대한 이용하였다.
- Raw data의 기본적인 내용을 요약하면 다음과 같다
 전체적인 read No는 약 60M 수준이었고, read length는 18Gb 정도로 read coverage는 33X의 수준을 충족하였다. 또한, mate-pair를 3kb로 활용하여 전체적인 physical coverage는 약 480X의 수준이 되었다.

표 3.28. Fsd_SBA의 raw data summary

| Fsd_SBA | |
|-------------------------------|----------------|
| Illumina PE 180 (101cycle) | |
| Reads No | - |
| Reads Length (bp) | - |
| Clear No | - |
| Clear Length (bp) | - |
| Read Coverage (X) | - |
| Illumina PE 500 (300cycle) | |
| Reads No | 60,244,026 |
| Reads Length (bp) | 18,070,257,097 |
| Clear No | 48,489,454 |
| Clear Length (bp) | 13,165,400,143 |
| Read Coverage (X) | 33 |
| Illumina Mate-Pair (101cycle) | |
| Reads No | 205,712,346 |
| Reads Length (bp) | 20,776,946,946 |
| Clear No | 127,988,488 |
| Clear Length (bp) | 6,271,435,912 |
| Physical Coverage (X) | 480 |

○ 상호전좌계통인 Fsd_SBA의 de novo assembly 결과

- de novo assembly는 Allpath-LG v48777 프로그램을 사용하였으며, 옵션은 default 값을 적용하였다.
- contigs 및 scaffolds 개수 및 N50를 보면 표 1.15와 같다. 3kb mate pair를 사용한 결과로는 매우 우수한 scaffold 수 (2,761) 및 N50 (593kb)를 보여주고 있다.

표 3.29 Fsd_SBA의 de novo assembly 결과

| Fsd_SBA | |
|--------------|-------------|
| Contigs | |
| No | 24,248 |
| Length (bp) | 345,924,914 |
| N50 (bp) | 28,248 |
| Largest (bp) | 228,518 |
| Average (bp) | 14,266 |
| GC ratio | 33.38 % |
| Scaffolds | |
| No | 2,761 |
| Length (bp) | 354,239,428 |
| N50 (bp) | 593,504 |
| Largest (bp) | 4,432,910 |
| Average (bp) | 128,301 |
| GC ratio | 33.38 % |

○ 상호전좌부위 파악을 위한 synteny 영역 확인

- Lastz 프로그램으로부터 얻은 결과는 상호전좌 영역을 일일이 확인하여 비교하였고, 분석결과 scaffold_140에서 상호전좌로 보이는 것을 확인할 수 있었음
- 다른 scaffold에서는 확인하기 어려웠는데, 특히나 길이가 작은 scaffold에서는 이 부분을 명확하게 확인하기 어려웠음.

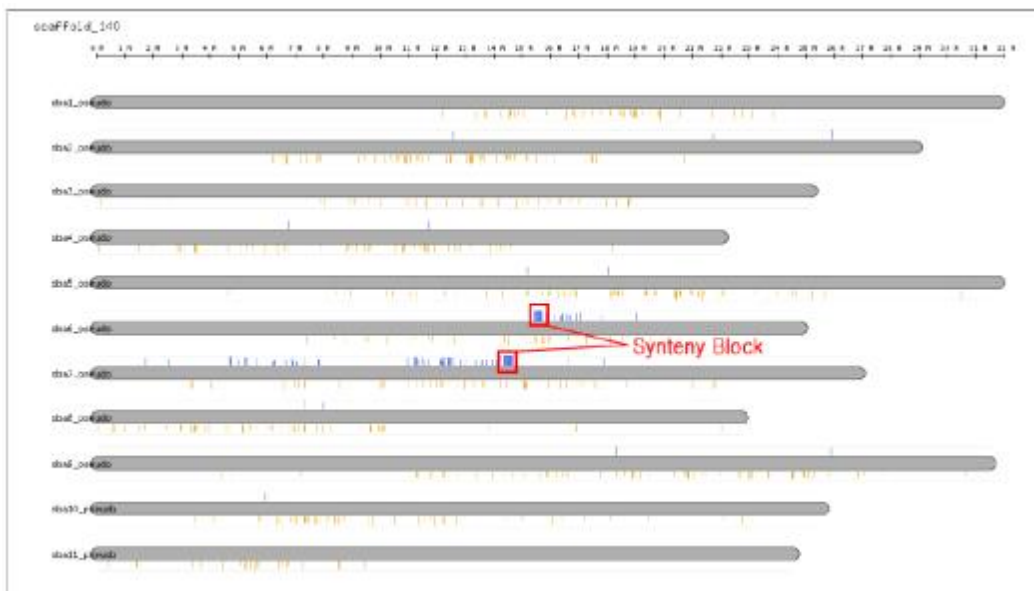


그림 3.45 Fsd_SBA scaffold_140의 synteny 영역 확인

○ 한국 SBA reference와 Fsd_SBA scaffolds 간의 비교

- 다음 표는 scaffold_140과 synteny를 보이는 SBA의 영역을 나타낸 것이다. scaffold 140

의 7,198 ~ 249,312 영역은 SBA의 chromosome 6번의 15,412,948 ~ 15,653,932의 영역과 synteny를 보이며, scaffold_140의 381,065 ~ 667,774 영역은 SBA의 chromosome 7번의 14,333,624 ~ 14,615,709의 영역과 synteny를 보이는 것을 확인할 수 있음.

표 3.30. Scaffold_140과 synteny를 보이는 SBA영역의 Lastz 분석 결과

| #score | name1 | strand1 | size1 | zstart1 | end1 | name2 | strand2 | size2 | zstart2 | end2 | identity | idPct | coverage | covPct |
|---------|-------------|---------|----------|-----------------|-----------------|--------------|---------|--------|---------------|---------------|-------------|---------|--------------|--------|
| 196628 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15412948 | 15415056 | scaffold_140 | + | 670135 | 7198 | 9297 | 2092/2098 | 99.70% | 2099/670135 | 0.30% |
| 741433 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15415409 | 15423306 | scaffold_140 | + | 670135 | 9792 | 17707 | 7869/7897 | 99.60% | 7915/670135 | 1.20% |
| 49056 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15425767 | 15426294 | scaffold_140 | + | 670135 | 17181 | 17707 | 525/526 | 99.80% | 526/670135 | 0.10% |
| 1839258 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15426585 | 15446262 | scaffold_140 | + | 670135 | 18082 | 37667 | 19567/19574 | 100.00% | 19585/670135 | 2.90% |
| 75811 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15446603 | 15447409 | scaffold_140 | + | 670135 | 37916 | 38722 | 804/806 | 99.80% | 806/670135 | 0.10% |
| 484703 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15448027 | 15453187 | scaffold_140 | + | 670135 | 39361 | 44523 | 5158/5160 | 100.00% | 5162/670135 | 0.80% |
| 722884 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15453443 | 15461128 | scaffold_140 | + | 670135 | 44834 | 52514 | 7672/7680 | 99.90% | 7680/670135 | 1.10% |
| 322769 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15460672 | 15464126 | scaffold_140 | + | 670135 | 52530 | 55985 | 3433/3454 | 99.40% | 3455/670135 | 0.50% |
| 3919517 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15462208 | 15503988 | scaffold_140 | + | 670135 | 55986 | 97996 | 41722/41774 | 99.90% | 42010/670135 | 6.30% |
| 6689826 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15504431 | 15575922 | scaffold_140 | + | 670135 | 98992 | 170241 | 71219/71228 | 100.00% | 71249/670135 | 10.60% |
| 3443554 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15576976 | 15613471 | scaffold_140 | + | 670135 | 171310 | 207847 | 36483/36494 | 100.00% | 36537/670135 | 5.50% |
| 443114 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15613766 | 15618484 | scaffold_140 | + | 670135 | 208265 | 212983 | 4709/4717 | 99.80% | 4718/670135 | 0.70% |
| 955750 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15618442 | 15628863 | scaffold_140 | + | 670135 | 211100 | 221539 | 10308/10337 | 99.70% | 10439/670135 | 1.60% |
| 231789 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15629345 | 15631822 | scaffold_140 | + | 670135 | 222118 | 224595 | 2475/2477 | 99.90% | 2477/670135 | 0.40% |
| 1977231 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15632941 | 15653923 | scaffold_140 | + | 670135 | 225661 | 246639 | 20977/20978 | 100.00% | 20978/670135 | 3.10% |
| 222393 | sba6_pseudo | + | 24813238 | 15653932 | 15656280 | scaffold_140 | + | 670135 | 246964 | 249312 | 2347/2348 | 100.00% | 2348/670135 | 0.40% |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| 1555400 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14333624 | 14350306 | scaffold_140 | + | 670135 | 381065 | 397752 | 16583/16584 | 100.00% | 16687/670135 | 2.50% |
| 765937 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14350519 | 14358647 | scaffold_140 | + | 670135 | 397957 | 406085 | 8128/8128 | 100.00% | 8128/670135 | 1.20% |
| 565043 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14359172 | 14365180 | scaffold_140 | + | 670135 | 406745 | 412753 | 6008/6008 | 100.00% | 6008/670135 | 0.90% |
| 919977 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14365995 | 14375778 | scaffold_140 | + | 670135 | 413883 | 423664 | 9781/9781 | 100.00% | 9781/670135 | 1.50% |
| 2182067 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14376603 | 14399880 | scaffold_140 | + | 670135 | 424504 | 447787 | 23276/23277 | 100.00% | 23283/670135 | 3.50% |
| 2745974 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14399881 | 14429206 | scaffold_140 | + | 670135 | 446104 | 475328 | 29203/29205 | 100.00% | 29224/670135 | 4.40% |
| 973914 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14430162 | 14440531 | scaffold_140 | + | 670135 | 476273 | 486605 | 10331/10332 | 100.00% | 10332/670135 | 1.50% |
| 4026948 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14441531 | 14484362 | scaffold_140 | + | 670135 | 483548 | 526355 | 42801/42807 | 100.00% | 42807/670135 | 6.40% |
| 78475 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14485272 | 14486104 | scaffold_140 | + | 670135 | 527281 | 528113 | 832/832 | 100.00% | 832/670135 | 0.10% |
| 602993 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14487224 | 14494326 | scaffold_140 | + | 670135 | 529356 | 536149 | 6665/6790 | 98.20% | 6793/670135 | 1.00% |
| 1949543 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14494236 | 14515134 | scaffold_140 | + | 670135 | 536575 | 557425 | 20771/20777 | 100.00% | 20850/670135 | 3.10% |
| 682132 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14513336 | 14520568 | scaffold_140 | + | 670135 | 557426 | 564658 | 7230/7232 | 100.00% | 7232/670135 | 1.10% |
| 2218835 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14520960 | 14544479 | scaffold_140 | + | 670135 | 564960 | 588477 | 23513/23517 | 100.00% | 23517/670135 | 3.50% |
| 439908 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14542577 | 14547251 | scaffold_140 | + | 670135 | 589612 | 594287 | 4671/4674 | 99.90% | 4675/670135 | 0.70% |
| 1255970 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14547985 | 14561399 | scaffold_140 | + | 670135 | 595046 | 608570 | 13388/13389 | 100.00% | 13524/670135 | 2.00% |
| 1705200 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14559312 | 14577877 | scaffold_140 | + | 670135 | 609535 | 627924 | 18251/18274 | 99.90% | 18339/670135 | 2.70% |
| 638804 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14578877 | 14585636 | scaffold_140 | + | 670135 | 632699 | 639458 | 6758/6759 | 100.00% | 6759/670135 | 1.00% |
| 2746303 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14585637 | 14615005 | scaffold_140 | + | 670135 | 637614 | 667013 | 29321/29331 | 100.00% | 29399/670135 | 4.40% |
| 38318 | sba7_pseudo | + | 26854750 | 14615303 | 14615709 | scaffold_140 | + | 670135 | 667368 | 667774 | 405/406 | 99.80% | 406/670135 | 0.10% |

○ 중국 97103 reference와 Fsd_SBA scaffolds 간의 비교

- 보다 정확한 결과를 확인하기 위해서 Fsd_SBA의 scaffold_140에 대해서 중국 97103 reference 와 비교를 하였다. scaffold_140과 synteny를 보이는 중국 reference의 영역을

나타낸 것이다. scaffold 140의 11,175 ~ 259,170 영역은 중국 reference의 chromosome 6 번의 17,076,917 ~ 17,318,324의 영역과 synteny를 보이며, scaffold_140의 325,452 ~ 667,009 영역은 중국 reference의 chromosome 7번의 16,517,433 ~ 16,846,227의 영역과 synteny를 보이는 것을 알 수 있음.

표 3.31. Scaffold_140과 synteny를 보이는 중국 97103 reference 영역의 Lastz 분석 결과

| #score | name1 | strand1 | size1 | zstart1 | end1 | name2 | strand2 | size2 | zstart2 | end2 | identity | idPct | coverage | covPct |
|---------|-------|---------|----------|----------|----------|--------------|---------|--------|---------|--------|-------------|---------|--------------|--------|
| 294603 | Chr6 | + | 27018480 | 17076917 | 17080337 | scaffold_140 | + | 670135 | 11175 | 14641 | 3280/3312 | 99.00% | 3466/670135 | 0.50% |
| 153570 | Chr6 | + | 27018480 | 17081142 | 17082959 | scaffold_140 | + | 670135 | 15503 | 17305 | 1708/1739 | 98.20% | 1802/670135 | 0.30% |
| 1284204 | Chr6 | + | 27018480 | 17083863 | 17098177 | scaffold_140 | + | 670135 | 18435 | 32660 | 13889/13893 | 100.00% | 14225/670135 | 2.10% |
| 37082 | Chr6 | + | 27018480 | 17098459 | 17098853 | scaffold_140 | + | 670135 | 33226 | 33620 | 393/394 | 99.70% | 394/670135 | 0.10% |
| 439533 | Chr6 | + | 27018480 | 17099397 | 17104245 | scaffold_140 | + | 670135 | 33838 | 38722 | 4764/4769 | 99.90% | 4884/670135 | 0.70% |
| 479767 | Chr6 | + | 27018480 | 17104901 | 17110058 | scaffold_140 | + | 670135 | 39312 | 44523 | 5144/5156 | 99.80% | 5211/670135 | 0.80% |
| 168035 | Chr6 | + | 27018480 | 17110314 | 17112112 | scaffold_140 | + | 670135 | 44834 | 46627 | 1790/1793 | 99.80% | 1793/670135 | 0.30% |
| 315438 | Chr6 | + | 27018480 | 17113026 | 17116416 | scaffold_140 | + | 670135 | 47668 | 51055 | 3366/3387 | 99.40% | 3387/670135 | 0.50% |
| 145735 | Chr6 | + | 27018480 | 17117571 | 17119171 | scaffold_140 | + | 670135 | 52698 | 54298 | 1564/1600 | 97.80% | 1600/670135 | 0.20% |
| 309280 | Chr6 | + | 27018480 | 17120267 | 17123543 | scaffold_140 | + | 670135 | 57409 | 60685 | 3270/3276 | 99.80% | 3276/670135 | 0.50% |
| 685741 | Chr6 | + | 27018480 | 17123787 | 17131597 | scaffold_140 | + | 670135 | 60872 | 68796 | 7556/7633 | 99.00% | 7924/670135 | 1.20% |
| 351350 | Chr6 | + | 27018480 | 17132794 | 17136548 | scaffold_140 | + | 670135 | 70072 | 73855 | 3750/3754 | 99.90% | 3783/670135 | 0.60% |
| 53178 | Chr6 | + | 27018480 | 17137587 | 17138151 | scaffold_140 | + | 670135 | 74932 | 75496 | 564/564 | 100.00% | 564/670135 | 0.10% |
| 152254 | Chr6 | + | 27018480 | 17140154 | 17141767 | scaffold_140 | + | 670135 | 76014 | 77627 | 1611/1613 | 99.90% | 1613/670135 | 0.20% |
| 213518 | Chr6 | + | 27018480 | 17142241 | 17144685 | scaffold_140 | + | 670135 | 78218 | 80709 | 2371/2427 | 97.70% | 2491/670135 | 0.40% |
| 1448678 | Chr6 | + | 27018480 | 17145800 | 17161725 | scaffold_140 | + | 670135 | 81961 | 97786 | 15602/15618 | 99.90% | 15825/670135 | 2.40% |
| 42149 | Chr6 | + | 27018480 | 17151613 | 17153794 | scaffold_140 | + | 670135 | 87847 | 89954 | 1364/1910 | 71.40% | 2107/670135 | 0.30% |
| 97311 | Chr6 | + | 27018480 | 17160686 | 17161725 | scaffold_140 | + | 670135 | 97997 | 99038 | 1034/1039 | 99.50% | 1041/670135 | 0.20% |
| 476593 | Chr6 | + | 27018480 | 17162689 | 17167840 | scaffold_140 | + | 670135 | 99990 | 105153 | 5136/5151 | 99.70% | 5163/670135 | 0.80% |
| 4459748 | Chr6 | + | 27018480 | 17169666 | 17218245 | scaffold_140 | + | 670135 | 107001 | 155170 | 47844/47881 | 99.90% | 48169/670135 | 7.20% |
| 1236972 | Chr6 | + | 27018480 | 17219337 | 17232624 | scaffold_140 | + | 670135 | 156316 | 169753 | 13214/13244 | 99.80% | 13437/670135 | 2.00% |
| 461723 | Chr6 | + | 27018480 | 17234830 | 17239767 | scaffold_140 | + | 670135 | 172094 | 177122 | 4926/4937 | 99.80% | 5028/670135 | 0.80% |
| 703988 | Chr6 | + | 27018480 | 17240995 | 17248783 | scaffold_140 | + | 670135 | 178322 | 186172 | 7607/7620 | 99.80% | 7850/670135 | 1.20% |
| 313331 | Chr6 | + | 27018480 | 17249965 | 17253448 | scaffold_140 | + | 670135 | 187346 | 190842 | 3391/3394 | 99.90% | 3496/670135 | 0.50% |
| 18384 | Chr6 | + | 27018480 | 17253253 | 17253448 | scaffold_140 | + | 670135 | 192420 | 192615 | 195/195 | 100.00% | 195/670135 | 0.00% |
| 175937 | Chr6 | + | 27018480 | 17255510 | 17257382 | scaffold_140 | + | 670135 | 194781 | 196653 | 1867/1872 | 99.70% | 1872/670135 | 0.30% |
| 833066 | Chr6 | + | 27018480 | 17258033 | 17266903 | scaffold_140 | + | 670135 | 197216 | 206099 | 8863/8870 | 99.90% | 8883/670135 | 1.30% |
| 318428 | Chr6 | + | 27018480 | 17269309 | 17272736 | scaffold_140 | + | 670135 | 208778 | 212336 | 3426/3427 | 100.00% | 3558/670135 | 0.50% |
| 1007458 | Chr6 | + | 27018480 | 17273295 | 17284626 | scaffold_140 | + | 670135 | 212886 | 224313 | 11067/11169 | 99.10% | 11427/670135 | 1.70% |
| 41294 | Chr6 | + | 27018480 | 17285851 | 17286355 | scaffold_140 | + | 670135 | 225911 | 226385 | 459/474 | 96.80% | 474/670135 | 0.10% |
| 19284 | Chr6 | + | 27018480 | 17287044 | 17287248 | scaffold_140 | + | 670135 | 226737 | 226941 | 204/204 | 100.00% | 204/670135 | 0.00% |

| | | | | | | | | | | | | | | |
|---------|------|---|----------|----------|----------|--------------|---|--------|--------|--------|-------------|--------|--------------|-------|
| 72034 | Chr7 | + | 31477646 | 16717288 | 16718075 | scaffold_140 | + | 670135 | 528673 | 529461 | 773/787 | 98.20% | 788/670135 | 0.10% |
| 59297 | Chr7 | + | 31477646 | 16721190 | 16721862 | scaffold_140 | + | 670135 | 534954 | 535609 | 646/655 | 98.60% | 655/670135 | 0.10% |
| 90353 | Chr7 | + | 31477646 | 16722585 | 16723613 | scaffold_140 | + | 670135 | 536669 | 537679 | 992/1007 | 98.50% | 1010/670135 | 0.20% |
| 52978 | Chr7 | + | 31477646 | 16725167 | 16725889 | scaffold_140 | + | 670135 | 537984 | 538708 | 628/649 | 96.90% | 724/670135 | 0.10% |
| 1395658 | Chr7 | + | 31477646 | 16727149 | 16742131 | scaffold_140 | + | 670135 | 540109 | 555082 | 14916/14965 | 99.70% | 14973/670135 | 2.20% |
| 404909 | Chr7 | + | 31477646 | 16743887 | 16748332 | scaffold_140 | + | 670135 | 558437 | 563151 | 4413/4444 | 99.30% | 4714/670135 | 0.70% |
| 164807 | Chr7 | + | 31477646 | 16749938 | 16751761 | scaffold_140 | + | 670135 | 564679 | 566475 | 1783/1795 | 99.30% | 1796/670135 | 0.30% |
| 975473 | Chr7 | + | 31477646 | 16752909 | 16762813 | scaffold_140 | + | 670135 | 566772 | 577491 | 10450/10493 | 99.60% | 10719/670135 | 1.60% |
| 692272 | Chr7 | + | 31477646 | 16766325 | 16773767 | scaffold_140 | + | 670135 | 580766 | 588215 | 7389/7440 | 99.30% | 7449/670135 | 1.10% |
| 148643 | Chr7 | + | 31477646 | 16772136 | 16773767 | scaffold_140 | + | 670135 | 589612 | 591252 | 1600/1631 | 98.10% | 1640/670135 | 0.20% |
| 256555 | Chr7 | + | 31477646 | 16774006 | 16776929 | scaffold_140 | + | 670135 | 591495 | 594308 | 2788/2812 | 99.10% | 2813/670135 | 0.40% |
| 464093 | Chr7 | + | 31477646 | 16778231 | 16783469 | scaffold_140 | + | 670135 | 595753 | 601004 | 5064/5094 | 99.40% | 5251/670135 | 0.80% |
| 8327 | Chr7 | + | 31477646 | 16783459 | 16783552 | scaffold_140 | + | 670135 | 601630 | 601723 | 90/93 | 96.80% | 93/670135 | 0.00% |
| 89483 | Chr7 | + | 31477646 | 16784203 | 16785170 | scaffold_140 | + | 670135 | 602180 | 603146 | 956/966 | 99.00% | 966/670135 | 0.10% |
| 49039 | Chr7 | + | 31477646 | 16785444 | 16785965 | scaffold_140 | + | 670135 | 603673 | 604194 | 519/521 | 99.60% | 521/670135 | 0.10% |
| 192217 | Chr7 | + | 31477646 | 16786484 | 16788575 | scaffold_140 | + | 670135 | 604681 | 606768 | 2066/2086 | 99.00% | 2087/670135 | 0.30% |
| 24388 | Chr7 | + | 31477646 | 16788287 | 16788575 | scaffold_140 | + | 670135 | 609535 | 609820 | 271/285 | 95.10% | 285/670135 | 0.00% |
| 100523 | Chr7 | + | 31477646 | 16790076 | 16791212 | scaffold_140 | + | 670135 | 611340 | 612487 | 1098/1111 | 98.80% | 1147/670135 | 0.20% |
| 119088 | Chr7 | + | 31477646 | 16792083 | 16793452 | scaffold_140 | + | 670135 | 613461 | 614763 | 1289/1302 | 99.00% | 1302/670135 | 0.20% |
| 348399 | Chr7 | + | 31477646 | 16794194 | 16798264 | scaffold_140 | + | 670135 | 615638 | 619691 | 3868/3909 | 99.00% | 4053/670135 | 0.60% |
| 61079 | Chr7 | + | 31477646 | 16799200 | 16799923 | scaffold_140 | + | 670135 | 622079 | 622812 | 685/691 | 99.10% | 733/670135 | 0.10% |
| 55628 | Chr7 | + | 31477646 | 16800148 | 16800742 | scaffold_140 | + | 670135 | 623596 | 624190 | 591/594 | 99.50% | 594/670135 | 0.10% |
| 250359 | Chr7 | + | 31477646 | 16801884 | 16804289 | scaffold_140 | + | 670135 | 624751 | 627654 | 2765/2782 | 99.40% | 2903/670135 | 0.40% |
| 322982 | Chr7 | + | 31477646 | 16805018 | 16808714 | scaffold_140 | + | 670135 | 628186 | 631955 | 3587/3687 | 97.30% | 3769/670135 | 0.60% |
| 10641 | Chr7 | + | 31477646 | 16809397 | 16809520 | scaffold_140 | + | 670135 | 632813 | 632937 | 121/123 | 98.40% | 124/670135 | 0.00% |
| 228556 | Chr7 | + | 31477646 | 16809527 | 16811969 | scaffold_140 | + | 670135 | 634394 | 636836 | 2430/2442 | 99.50% | 2442/670135 | 0.40% |
| 27659 | Chr7 | + | 31477646 | 16813023 | 16813334 | scaffold_140 | + | 670135 | 637895 | 638206 | 299/311 | 96.10% | 311/670135 | 0.00% |
| 1517367 | Chr7 | + | 31477646 | 16814224 | 16830783 | scaffold_140 | + | 670135 | 639071 | 655632 | 16436/16491 | 99.70% | 16561/670135 | 2.50% |
| 38197 | Chr7 | + | 31477646 | 16819837 | 16829584 | scaffold_140 | + | 670135 | 644699 | 654457 | 5511/8524 | 64.70% | 9758/670135 | 1.50% |
| 175047 | Chr7 | + | 31477646 | 16835012 | 16836995 | scaffold_140 | + | 670135 | 655622 | 657647 | 1930/1949 | 99.00% | 2025/670135 | 0.30% |
| 31423 | Chr7 | + | 31477646 | 16837366 | 16837768 | scaffold_140 | + | 670135 | 658004 | 658376 | 357/372 | 96.00% | 372/670135 | 0.10% |
| 532223 | Chr7 | + | 31477646 | 16838143 | 16843860 | scaffold_140 | + | 670135 | 658934 | 664651 | 5696/5712 | 99.70% | 5717/670135 | 0.90% |
| 174082 | Chr7 | + | 31477646 | 16844266 | 16846227 | scaffold_140 | + | 670135 | 665055 | 667009 | 1904/1935 | 98.40% | 1954/670135 | 0.30% |

- SBA의 chr6의 15,410,001 ~ 15,660,000 영역의 서열과 chr7의 14,330,001 ~ 14,620,000 영역의 서열을 각각 추출하여 BLASTZ 프로그램을 이용하여 비교하고 viewer 프로그램으로 drawing 하였다. 또한, 보다 정확한 비교를 위하여 중국 reference도 같은 방법으로 chr6의 17,070,001 ~ 17,320,000 영역의 서열과 chr7의 16,515,001 ~ 16,850,000 영역의 서열을 추출하여 비교하였고, 그 결과를 같이 표현하였다.

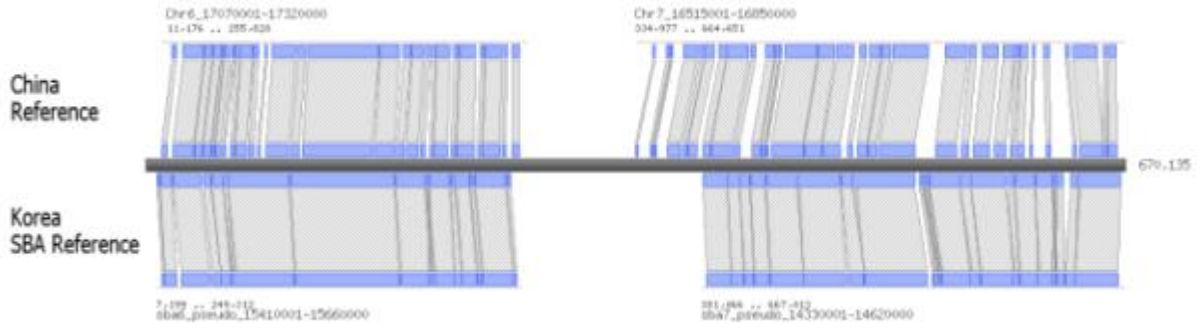


그림 3.46 Fsd_SBA의 scaffold_140과 synteny를 보이는 영역

○ 상호전좌 연관마커 개발

- 분석하였던 상호전좌 계통에서 전좌계통 판별용 마커를 작성하고자 하였으나, 주변 서열의 반복성 문제로 마커개발이 어려워 재분석을 시도하였음
- 재분석한 전체 contig 및 scaffold를 다시 reference genome을 대상으로 blast를 수행하였으나, 전좌된 것으로 판단되는 지역은 동일하였으며, junction의 정확한 추정이 어렵고, 전좌 추정지역 주변에 반복서열이 너무 많아 판별용 마커의 확보가 어려운 상태임.
- 분석된 상호전좌 계통은 협력 육종회사에서 특허출원 진행 중임.

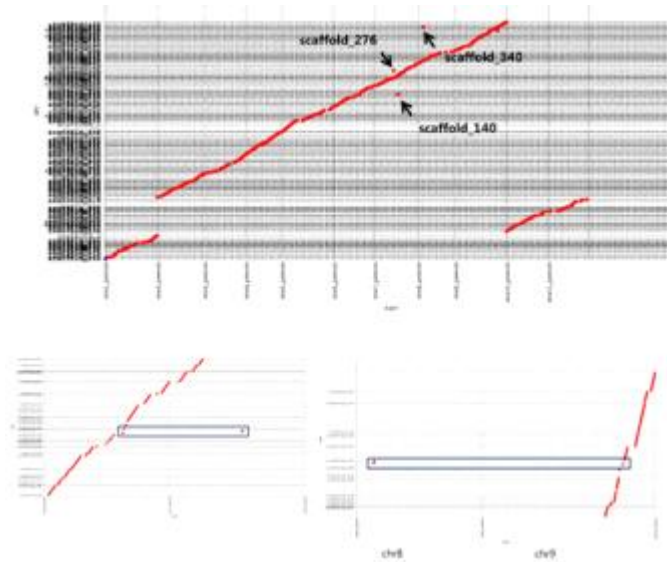


그림 3.47 전좌위치에 대한 3가지 후보 scaffold에 대한 재분석 결과

4. 수출용 육종계통 분자마커 분석기반 및 GBS 분석방법 확립

가. 한국 수박육종용 표준유전체 준비

(1) BAC 라이브러리 개발

- 수박 map-based cloning에 필요한 BAC 라이브러리 개발
 - 전계놈 염기서열 재분석 만으로는 연관마커를 유전자 마커로 확보하거나 매우 근접한 마커를 제작하기에는 어렵기 때문에, BAC library가 필요함.
 - 국내 수박에서는 아직 확보한 연구팀이 없기 때문에, 국내 육종회사의 엘리트 계통중 하나인 45NC에 대한 BAC library를 제작 시도

- 수박의 국내 우수계통을 확보하여 약 6.3X의 클론을 확보함
 - 수박계놈 표준유전체 서열이 보고되었으며, resequencing의 기반은 확보되었으나, 물리적인 gap은 여전히 다량 존재하고 있어 map-based cloning에 필요한 BAC 라이브러리를 준비함
 - insert의 크기는 약 105kb 정도이며, empty율은 4.6%로 일반적인 라이브러리 기준인 100kb이상의 insert 크기 및 empty 비율 5% 미만의 조건을 만족함
 - 확보한 클론은 bacteria에 transformation하여 glycerol stock으로 보관중 임
 - 본 BAC 라이브러리 클론은 map-based cloning 등이 필요할 경우, 플레이트에 spreading 후 picking하여 활용가능한 library로 준비할 예정이며, BAC-end sequencing 보다는 96 또는 384-plate에 옮긴 후 pooling 방법으로 3D-tracking을 통하여 목적클론을 발굴에 활용될 예정임.

표 4.1. 수박 BAC 라이브러리 준비 현황

| | BAC library | Genome size | Number of clones(No.) | Average insert size | Genome equivalent coverage | Empty ratio(%) |
|--------------------------|-------------|-------------|---------------------------------------|---------------------|----------------------------|----------------|
| <i>C. lanatus</i> '45NC' | CLBACH1 | ~500Mb | 30000colony/25ml (120colony/100ul) | 105kb | 6.3X | 4.6% |

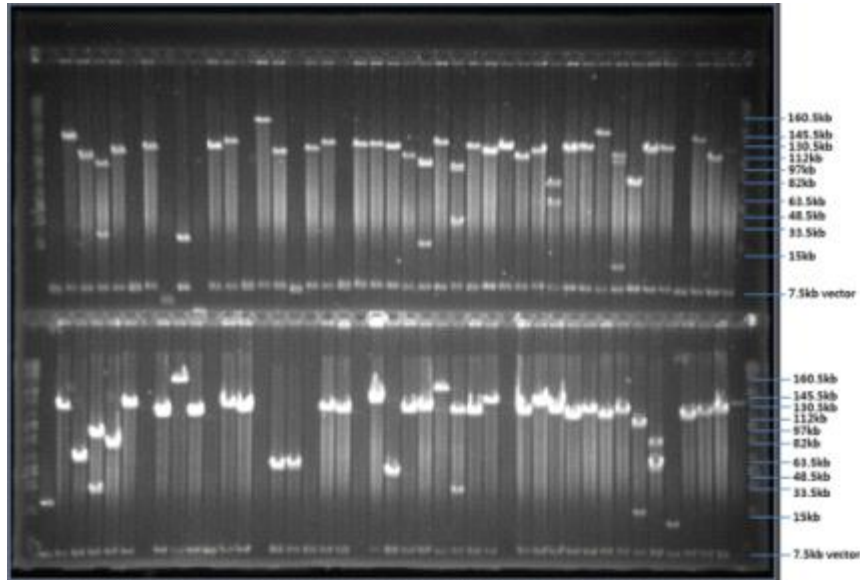


그림 1.60. BAC 클론들의 *NofI* digestion 결과

(2) Reference genome 보강을 통한 상업용 육성품종 표준유전체 지도 분석기반 확립

- 중국 수박계통 표준유전체 지도를 대체할 수 있는 국내 수박계통 표준유전체 지도 필요
- 중국을 중심으로 국제적인 컨소시엄을 통하여 수박의 표준유전체 지도 초안이 작성되어 공개되었으나, scaffold 사이에 여전히 많은 gap이 존재하고, 활용성이 기대수준에 못 미침
- 현재 수박 resequencing의 표준유전체 서열로 version 1.0이 국제박과식물 컨소시엄 (www.icugi.org)에 공개되어 있으나 업데이트가 이루어지지 않음
- 본 연구팀은 BAC 라이브러리 작성에 이용된 국내 육종용 우수 계통인 45NC에 대한 NGS를 통하여 약 78X 수준 (mate 사용)의 서열을 확보하였음.

표 4.2. 국내 수박표준서열로 활용할 상업육종계통 (45NC)에 대한 resequencing 결과 (Quality trimming후)

| Library | Reads No | Reads Length | Clear No | Clear Length | Ratio | Read Coverage | Physical Coverage |
|-------------|-------------|----------------|-------------|----------------|--------|---------------|-------------------|
| PE 180bp | 345,609,054 | 34,906,514,454 | 318,600,658 | 31,830,242,951 | 91.2 % | 78 | - |
| MiSeq 500bp | 55,237,782 | 16,568,354,638 | 45,261,954 | 12,324,457,708 | 74.4 % | 30 | - |
| MP 2kbp | 100,178,424 | 10,118,020,824 | 74,370,232 | 3,718,511,600 | 74.2 % | - | 182 |

| | |
|-----------------------|----------------|
| Kmer Size | 19 |
| Kmer Total No | 26,095,431,107 |
| Peak Depth | 64 |
| Coverage (X) | 78 |
| Estimated Genome Size | 407,741,111 bp |

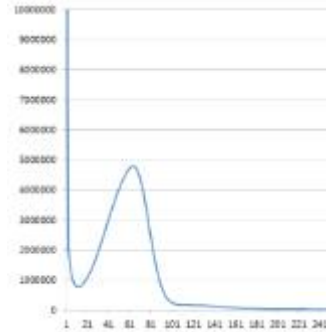


그림 4.1. 분석된 Kmer와 추정된 게놈 크기 및 sequence coverage

표 4.3. de novo assembly 결과 (version 2)

| Contigs Information | Version 1 | Version 2 |
|------------------------|-------------|-------------|
| No of Contigs (1kover) | 25,907 | 18,797 |
| Length of Contigs (bp) | 329,040,218 | 338,758,361 |
| N50 (bp) | 23,648 | 35,328 |
| Largest Contig (bp) | 171,908 | 267,723 |
| Average (bp) | 12,701 | 18,022 |
| N's No (bp) | 3 | 1 |

| Scaffolds Information | Version 1 | Version 2 |
|--------------------------|-------------|-------------|
| No of Scaffolds (1kover) | 3,987 | 4,241 |
| Length of Scaffolds (bp) | 336,932,088 | 344,769,869 |
| N50 (bp) | 354,791 | 314,008 |
| Largest Scaffold (bp) | 3,374,903 | 3,600,314 |
| Average (bp) | 84,508 | 81,294 |
| N's No (bp) | 7,832,105 | 5,322,072 |

- 현재까지의 분석결과로 version1에 비하여 contig는 향상된 결과를 보였으며, N50이 49% 증가된 결과를 가져왔음. 향후 scaffold는 중국 reference를 기준으로 contig ordering이 이루어질 경우 scaffold의 향상이 이루어질 것으로 판단됨.
- 현재까지의 분석결과로 기존에 발표된 BGI의 표준유전체 서열보다 향상된 국내 표준염기서열을 완성할 수 있을 것으로 기대함. 또한 몇가지 alignment 알고리즘의 추가적 적용과 비교를 통하여 표준서열을 결정할 계획이며 결정된 서열을 기준으로 국내 육종회사 계통 육성을 위한 SNP 마커 개발에 직접적으로 활용될 것으로 기대함.

○ 국내 표준유전체 서열 (de novo)의 확보를 통한 육종소재 염기서열 해석

- 육종회사의 상업용 핵심육종계통에 대한 GBS 등의 시퀀싱을 통한 유전자형 판별 방법 적용시, 표준염기서열 대비 SNP를 확보하게 되므로, 국내의 표준염기서열 확보는 매우 중요한 목표임
- 국내 육종회사 육성계통들의 국내 표준염기서열에 대한 SNP 분석결과와 축적이 필요하

- 며, 이외에도 서열에 대한 blast 및 결과를 분석할 자체기반이 필요함
- 2차년도까지 국내 엘리트 계통에 대한 pseudo chromosome 완성, 표준서열 확인, 분석, blast 등이 가능한 간단한 형태의 GBrowser를 확보하고자 하였으며, 예상서열에 대한 PCR 수행뿐 아니라, HRM 및 Fluidigm 등의 genotyping platform에서 요청되는 primer 합성이 가능한 insilico platform을 개발하여, 육종회사 지원을 위한 마커개발/검정용 분석기반을 확립하고자 하였음.
- 국내 표준유전체 서열확보 및 de novo assembly
- de novo assembly를 수행하였던 45NC 외에, 국내 하우스 재배용 우수품종 육성에 사용된 엘리트 계통인 SBA에 대한 pseudo chromosome 작성을 목표로 함.
 - De novo assembly는 raw data에 대하여 quality filtering & trimming (low quality trim, duplicated read remove, error correction)을 SOAPfilter (v2.0)을 이용하여 수행하였으며, low quality 20이하는 제거하였음.
 - 45NC의 NGS는 HiSeq2000을 이용하여 78X read coverage를 완성하였는데, 여기에 MiSeq (paired-end 500bp)을 사용하여 30X read coverage를 추가함.
 - 또한, SBA는 새로운 시도로서 MiSeq (28X read coverage) 및 3kb mate-pair를 활용하여 de novo assemble 하고 pseudo chromosome을 작성함.
 - de novo assembly는 Allpaths-LG v48777 프로그램을 이용하였으며, 옵션은 default를 주었음.
 - 45NC의 경우에서 두가지 de novo assembler를 사용하여 결과를 비교하였는데, SOAPdenovo 보다는 Allpaths-LG가 보다 좋은 결과를 보였음

표 4.4. 국내 엘리트 계통인 45NC와 SBA의 raw data 요약

| | 45NC | SBA |
|--------------------------------------|----------------|----------------|
| Illumina PE 180 (101cycle) | | |
| Reads No | 345,609,054 | - |
| Reads Length (bp) | 34,906,514,454 | - |
| Clear No | 318,600,658 | - |
| Clear Length (bp) | 31,830,242,951 | - |
| Read Coverage (X) | 78 | - |
| Illumina PE 500 (300cycle) | | |
| Reads No | 55,237,782 | 51,596,348 |
| Reads Length (bp) | 16,568,354,638 | 15,480,449,426 |
| Clear No | 45,261,954 | 41,172,862 |
| Clear Length (bp) | 12,324,457,708 | 11,173,067,084 |
| Read Coverage (X) | 30 | 28 |
| Illumina Mate-Pair (101cycle) | | |
| Reads No | 100,178,424 | 226,366,888 |
| Reads Length (bp) | 10,118,020,824 | 22,863,055,688 |
| Clear No | 74,370,232 | 138,475,644 |
| Clear Length (bp) | 3,718,511,600 | 6,785,306,556 |
| Physical Coverage (X) | 182 | 519 |

표 4.5. 국내 엘리트 계통인 45NC와 SBA의 de novo assembly 결과 요약

| | 45NC | SBA |
|------------------|-------------|-------------|
| Contigs | | |
| No | 19,861 | 27,178 |
| Length (bp) | 339,448,765 | 345,862,545 |
| N50 (bp) | 35,212 | 24,299 |
| Largest (bp) | 267,723 | 171,583 |
| Average (bp) | 17,091 | 12,726 |
| GC ratio | 33.24 % | 33.42 % |
| Scaffolds | | |
| No | 4,242 | 3,979 |
| Length (bp) | 344,770,836 | 354,105,874 |
| N50 (bp) | 314,008 | 433,701 |
| Largest (bp) | 3,600,314 | 3,587,917 |
| Average (bp) | 81,276 | 88,994 |
| GC ratio | 33.24 % | 33.42 % |

표 4.6. 45NC에서 de novo assembler 이용 결과 비교

| | Allpaths-LG | SOAPdenovo | | Allpaths-LG | SOAPdenovo |
|------------------------|-------------|-------------|--------------------------|-------------|-------------|
| No of Contigs (1kover) | 18,797 | 85,851 | No of Scaffolds (1kover) | 4,241 | 8,588 |
| Length of Contigs (bp) | 338,758,361 | 269,550,685 | Length of Scaffolds (bp) | 344,769,869 | 342,919,862 |
| N50 (bp) | 35,328 | 4,102 | N50 (bp) | 314,008 | 157,857 |
| Largest Contig (bp) | 267,723 | 34,120 | Largest Scaffold (bp) | 3,600,314 | 1,258,736 |
| Average (bp) | 18,022 | 3,140 | Average (bp) | 81,294 | 39,930 |
| N's No (bp) | 1 | 0 | N's No (bp) | 5,322,072 | 22,669,764 |

○ 국내 엘리트 계통의 pseudo chromosome 작성

국내 엘리트 계통인 SBA에 대한 pseudo chromosome은 다음의 단계로 완성함

- 이미 완성된 3,979개의 SBA scaffolds를 중국 97103 reference에 Blast 하여 각 scaffold가 어떤 chromosome과 homology를 보이는 지 확인
- 결정된 scaffolds는 chromosome 별로 분류함.
- 분류된 scaffolds를 해당하는 중국 reference의 chromosome과 SyMap 4.2 프로그램을 이용하여 mapping 한 후 synteny block을 결정함.
- 최종 결정된 synteny block을 기준으로 scaffolds의 순서를 결정하여 최종 pseudo chromosome을 완성함

표 4.7. 최종 완성된 국내 엘리트계통 SBA의 pseudo chromosome 정보

| | Reference Length | SBA Length (Scaffolds No) |
|---------------|--------------------|----------------------------|
| Chromosome 1 | 34,083,085 | 31,786,742 (90) |
| Chromosome 2 | 34,414,252 | 28,862,207 (92) |
| Chromosome 3 | 28,939,167 | 25,177,964 (70) |
| Chromosome 4 | 24,315,960 | 22,034,844 (66) |
| Chromosome 5 | 33,714,806 | 31,776,903 (71) |
| Chromosome 6 | 27,018,480 | 24,813,238 (68) |
| Chromosome 7 | 31,477,646 | 26,854,750 (88) |
| Chromosome 8 | 26,149,438 | 22,724,765 (65) |
| Chromosome 9 | 34,986,854 | 31,457,799 (88) |
| Chromosome 10 | 28,419,553 | 25,579,559 (76) |
| Chromosome 11 | 27,106,780 | 24,550,564 (64) |
| Unmapped | 24,621,398 | 59,313,539 (3,141) |
| Total | 355,247,419 | 354,932,874 (3,979) |

- 완성된 pseudo chromosome에 대하여 reference 대비 SBA pseudo chromosome의 co-linearity를 비교한 결과를 제시하였으며 (표 1.26), 일부 chromosome을 제외하고 상당히 잘 일치하고 있음을 확인함.

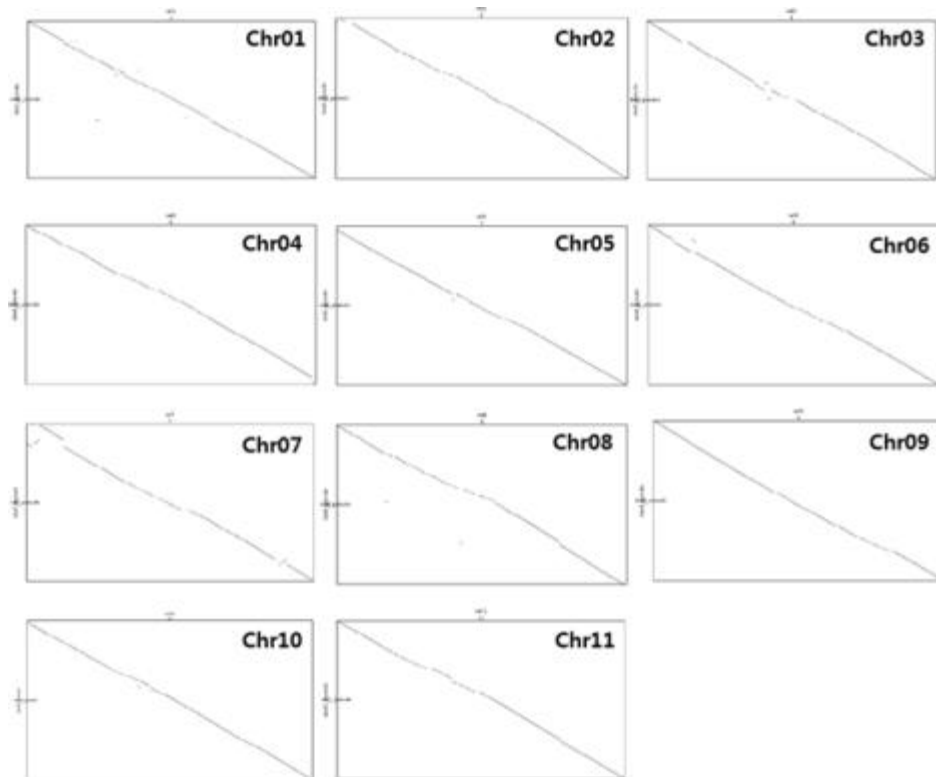


그림 4.2 Reference 대비 SBA pseudo chromosome의 co-linearity 비교

- 작성된 pseudo chromosome에 대한 blast용 서버 구축
 - 분석된 SBA pseudo-chromosome 및 45NC scaffolds에 대한 blast 분석서버 구축



그림 4.3 국내 엘리트계통 45NC 및 SBA에 대한 blast 분석서버 구축 및 분석결과 사례

- 수박 게놈서열 분석을 위한 reference 서열 browsing용 수박 Gbrowser의 구축
 - 수박 게놈분석용 GBrowser의 구축을 통하여 서열분석 및 마커의 제작 등에 활용할 수 있는 기반을 갖추
 - 본 연구팀에서 구축한 분석용 서버 및 DB는 현재 마커개발에 필요한 HRM 및 Fluidigm 등의 HTP genotyping platform에서 활용이 가능할 것으로 생각하고 있으며, 향후 분자마커 개발에 요구되는 다양한 마커적용이 가능한 in-silico analysis platform을 지속적으로 수용할 예정임.
 - 채소종자사업단에서 구축하는 사업단 전체 및 품목별 서버구축에도 적극적으로 참여하여, 전체 사업단에서 데이터를 활용할 수 있도록 협조할 예정임.



그림 4.4. 확보한 서열 분석을 위하여 자체 서버로 구축된 수박 reference 게놈의 GBrowse.

나. GBS 분석파이프라인 구축

(1) 연구배경

본 연구과제에서는 육종회사의 기존 교잡육종 프로그램을 향상시키기 위하여, 교배집단의 모본과 부분에 대한 NGS 기반의 염기서열 변이를 확인하기 위한 리눅스 기반 분석 플랫폼을 확립하였으며, 특히 협력 육종회사들과의 장기적인 수박 육종프로그램 진행을 위하여 유료 서비스 업체의 수준으로 생물정보학적 분석 시스템을 구축하는 것을 목표로 하였습니다.

(2) Illumina sequencing에 따른 variant call 분석

○ 육종계통 및 분리집단의 SNP 분석

- Illumina pair-end short-read (90~150bp)를 대상으로 variant calling후, vcf를 작성함
- Trimmomatic -> Bowtie2 -> Picards -> GATK로 분석을 표준화하여 bam file을 작성하고 최근 정확도가 향상된 HaplotypeCaller (GATK)로 VCF를 작성함.
- Multiplexing의 경우는 barcode 서열을 기반으로 demultiplex script를 작성하여 동일한 방법으로 VCF를 작성함

(3) GBS 분석

○ GBS 분석배경

- GBS(Genotyping By Sequencing)은 특정 제한효소를 게놈 DNA를 자른 후, 제한효소 특이적 접합서열과 barcode 서열이 존재하는 primer를 사용하여 library를 제작하고 이를 pooling하여 Illumina NGS용 sequencer에서 시퀀싱하는 방법임.
- GBS를 활용하는 경우, 분리집단의 백 여개의 개체들을 일괄시퀀싱 하여 단 시간 내에 SNP 마커를 확보할 수 있으며, 고밀도 유전자지도 작성에 매우 유리한 방법임. 또한, 유전자원 계통들에 대한 GWAS를 수행하는 경우에도 유리하여 매우 많은 논문들이 최근 확인되고 있음.

- 본 연구과제에서는 GBS 분석을 위한 DNA 분리, library 준비 및 sequencing 후의 생물정보학적분석에 이르는 일련의 파이프라인을 구축하고자 하였음.

○ Tassel 파이프라인 활용

- Tassel 분석파이프라인은 코넬대학에서 개발되었으며, GBS 분석의 경우 2013년부터 최근 까지도 가장 보편화된 분석법으로 사용되고 있음.
- Tassel을 활용한 GBS 분석은 분석시간이 매우 짧은 장점을 갖으나, barcode 서열이 존재하는 single-end read 만을 대상으로 분석하여 Illumina의 pair-end 서열 모두를 사용하지 않는 점이 특징임.
- 본 연구에서는 기존 리눅스 플랫폼의 perl script와 java로 짜여진 Tassel 프로그램을 기반으로 서버를 구축하였음. 일반 연구자들의 소규모 연구실들에서 Windows 환경에서도 리눅스 서버의 Tassel에 접속하여 직접 분석이 가능한 환경으로 제작되었음.
- 대부분의 GBS를 위한 분리집단 혹은 GWAS를 위한 계통분석시 2시간 이내로 분석이 가능하였으며, 추가적인 분석파이프라인 구성이 가능함.

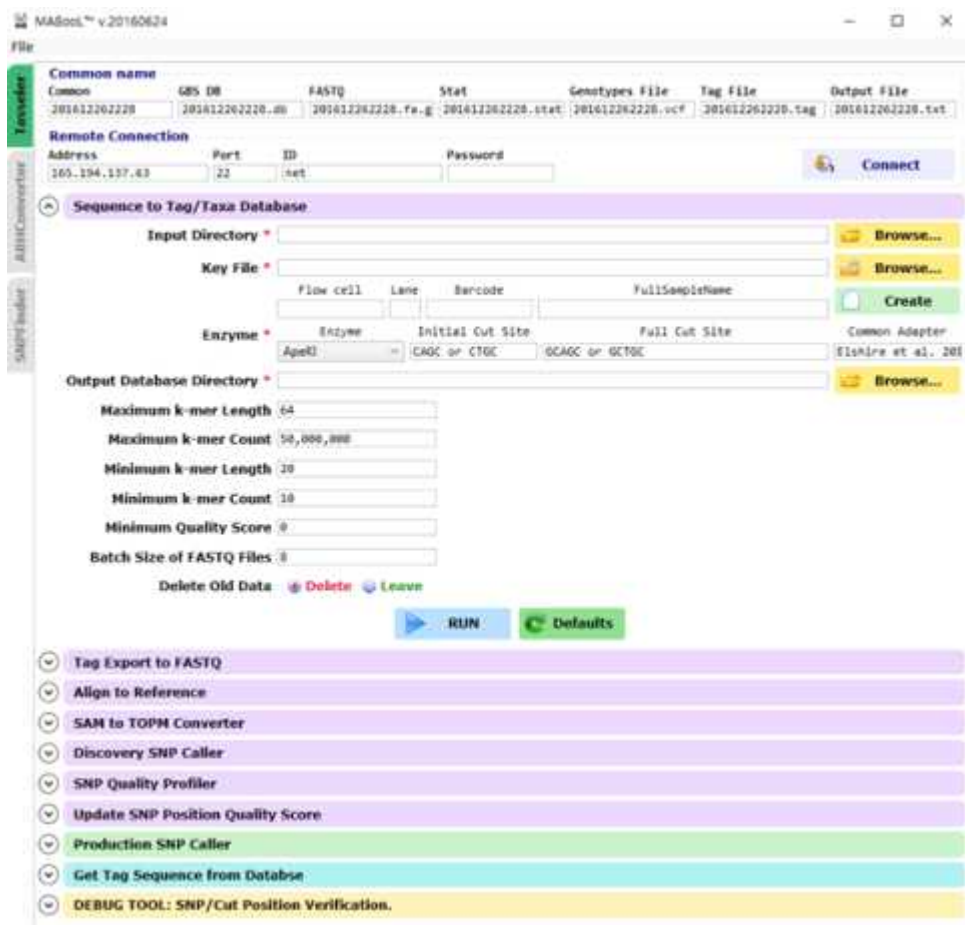


그림 4.5 Tassel 분석을 위하여 Windows 환경에서 접속하여 분석하는 인터페이스

○ GBS 분석용 Illumina pair-end read의 demultiplexing 및 variant calling

- GBS raw data의 pair-end read들에 대한 demultiplex 작업과 variant calling을 일괄 작업하는 분석 파이프라인을 구축함

- 분석 결과물은 바로 GWAS 분석을 위한 Tassel pipeline, PLINK 및 R과 GUI에 직접적으로 사용이 가능함.

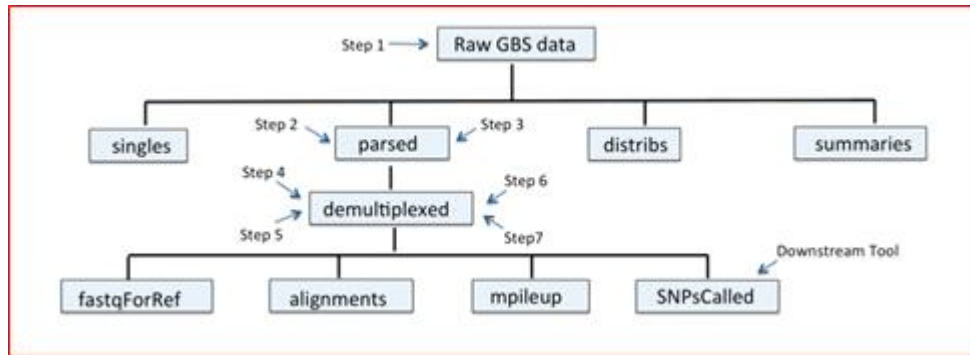


그림 4.6 Illumina pair-end read의 parsing, demultiplexing, variant calling 분석라인 모식도

(4) Recombination map 작성을 위한 genotype converter 구축

○ 연구배경

- 연관유전자지도 작성 및 QTL 분석 등을 위해서 사용되는 input 데이터는 structure population의 경우 모본과 부분의 유전자형을 구별할 수 있어야 함. 예를 들어, homozygote의 양친이 사용되는 경우, A/H/B의 유전자형 형태로 분석하여야 하므로 DNA 염기서열을 참조유전체 서열과 비교후 A/H/B의 유전자형으로 변환이 필요함.
- 그러나, 현실적으로 VCF 파일 등의 변이서열분석 결과를 전통적인 연관유전자지도 작성에 필요한 유전자형으로 변환하는데는 엑셀파일이 있어도 사람이 일일이 손으로 filtering하기에는 매우 힘든 상황임.
- 따라서, 대량의 SNP 데이터를 분석하고자 할 때 자동화된 분석시스템이 필요함. 본 연구에서는 Windows 환경에서도 분석이 가능한 사용자 인터페이스로 다양한 필터링 옵션을 부여할 수 있는 소프트웨어를 개발하고자 하였음.

○ Genotype Converter (MABool) 활용

- 본 과제에서 개발된 소프트웨어는 GBS 등에서 얻어진 최종 VCF 파일을 활용하여 모본, 부분, 분리세대에 대한 다양한 옵션을 주어 필터링하고 연관유전자지도 및 QTL 분석이 가능한 A/H/B 유전자형으로 변환하는 기능을 갖춤.

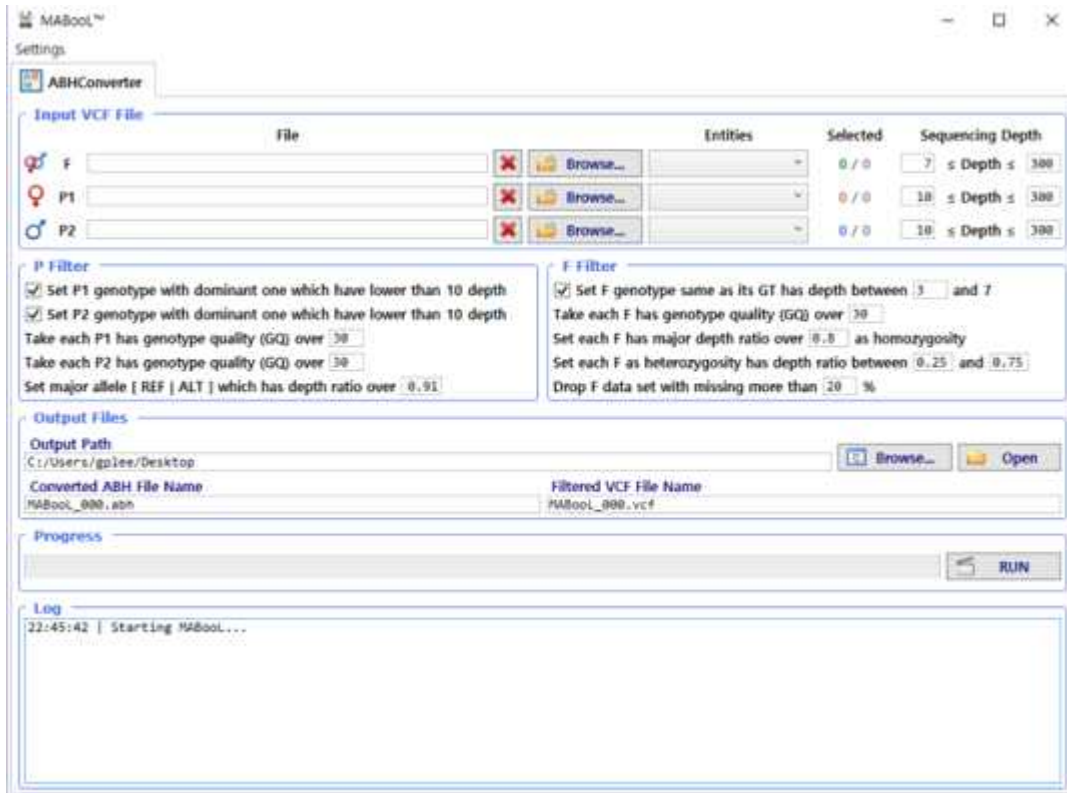


그림 4.7 GBS 데이터의 ABH 유전자형으로 자동변환이 가능한 소프트웨어

5. 품종육성용 교배계통들의 SNP 탐색 및 MABC 적용

가. 육종회사 엘리트계통 SNP 탐색 및 F1 순도검정용 마커제공

(1) 분석배경

○ 육종회사의 육종가들은 신품종을 만들기 위한 모부분 계통들을 확립하고 있으며, 모부분으로 사용되는 이들 엘리트 계통들은 목표 시장별로 다양한 특성을 보유하고 있음.

(2) 기본적인 분석 목적은 다음과 같음.

① 수박 육종가 보유 핵심계통들의 SNP 기반의 다양성 정보를 제공

- Neighbor Joining 및 PCA 분석 등을 통하여 육종가가 보유하고 있는 계통들의 유연관계를 파악할 수 있으며, 얼마나 다양한 수박자원을 갖고 있는지 확인 가능함.

② 육종가들의 교배조합작성시 기초 정보를 제공할 수 있음.

- 교배조합 작성시 근연관계에 기초를 두고 조합작성의 결과를 확인하면, 기본적인 자원의 시교특성 파악이 가능할 것으로 판단됨.

③ F1 순도검정을 위한 SNP marker set 제공

- 수박을 비롯한 박과작물은 F1 순도 검정시 lot 별로 직접 파종하여 F1 종자의 순도를 검정하는 경우, 평균적으로 1립당 500원 이상의 비용이 발생하게 됨. 또한, 기존의 순

도검정에 사용하는 SSR 마커의 경우, 국립종자원 및 농업실용화재단 등에서도 매우 제한적인 set 만이 사용되어 구분에 어려움이 많음
 향후, 씨드밸리 및 실용화재단의 HTP(high-throughput) 분석시 매우 효과적으로 사용이 가능함

④ MAS 및 MABC를 위한 직접적인 genotyping 및 기본 SNP 마커 정보 제공 가능

- 서열 분석 정보를 통하여 MABC에 필요한 다형성 부위 (high PIC value)를 찾을 수 있으며, LD분석 등을 통한 block의 정보를 축적할 수 있음.

(3) 육종회사 엘리트계통 SNP 분석

- 협력육종회사의 엘리트 계통 42계통에 대한 GBS 분석
- 전체 보유 계통의 유전적 structure 및 phylogeny 분석
- Unique SNP marker 도출 및 primer 작성 자동화 프로그램 개발 및 제공
- LD block 결정을 통한 MABC 마커 set 도출

○ GBS library의 제작

- 실험실에서 직접 NGS용 GBS library를 제작함
- Library는 100ng의 각 DNA를 ApeKI으로 완전히 절단하고, 전통적인 barcode adaptor와 common adaptor를 ligation 후에 PCR을 통하여 amplification 함
- Adaptor 및 primer dimer를 효과적으로 제거할 수 있었음 (BioAnalyzer 분석 결과).

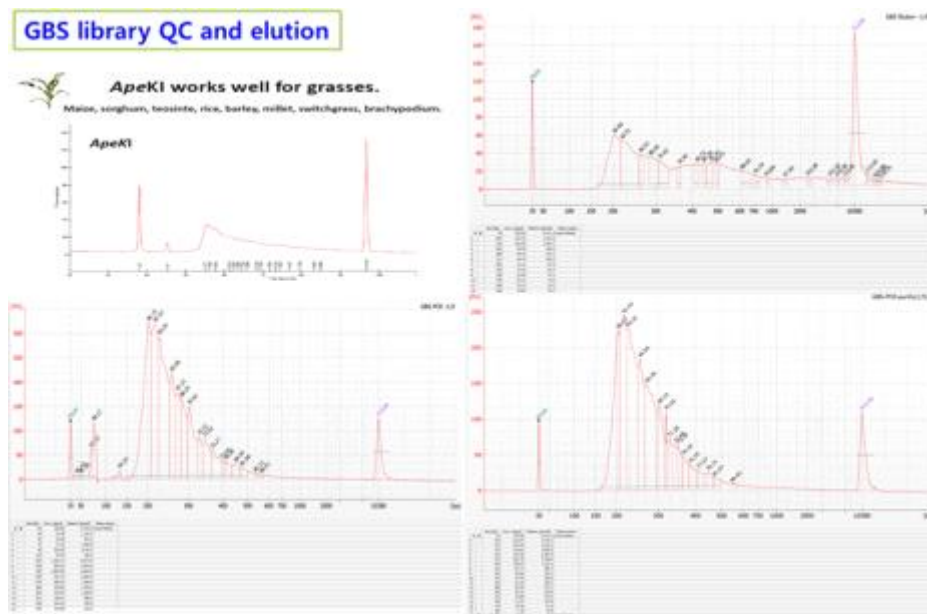
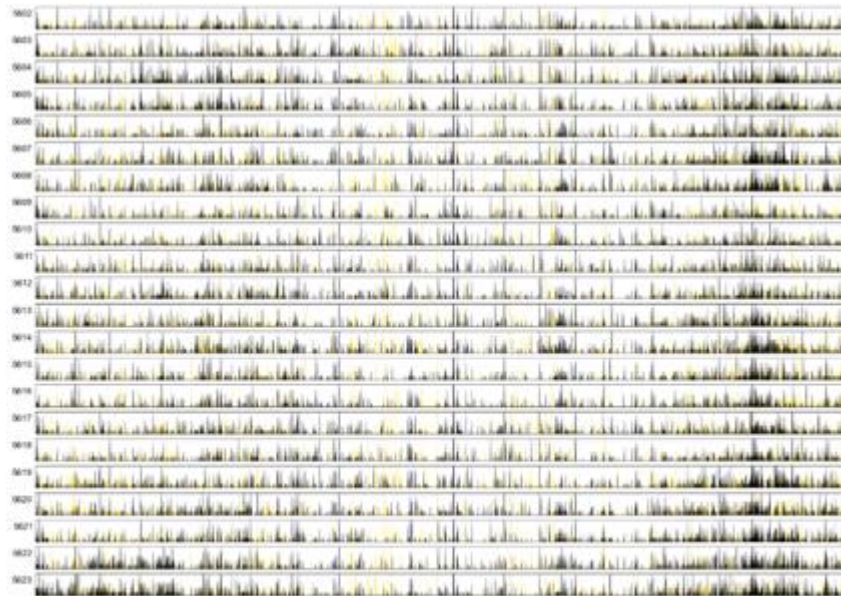


그림 5.1 GBS library 제작 (QC 및 elution)

○ GBS를 통한 highly dense SNP 도출

- GBS 방법을 통하여 고밀도의 SNP를 획득함 (42계통/lane)



High density (SNV density plot, Chr1)

그림 5.2 고밀도 SNP 획득 결과 (염색체 1번의 일부 계통만 제시)

- 추정되는 LD block에 대한 자세한 정보의 획득으로 수박 엘리트계통들의 background selection 시에 필요한 정보들을 획득할 수 있음.
- 엘리트 계통들의 클러스터링 결과 제공
 - 육종 엘리트 계통들에 대한 neighbor joining 및 PCA 분석결과 제공
 - 육종 pedigree 및 육성과정과 제공되는 전체 계놈염기서열 분석의 클러스터링 결과 비교
 - 분석결과, 전 세계 대상 품종개발을 목표로 하는 모부분 조합임에도 매우 다양성이 협소하였음.
 - 수박의 경우, 잡종강세현상을 이용한 F1 작성을 하지 않음. 대체로 양친 모두 우수한 형질이 존재하여야 F1에서도 발현이 우수함. 따라서, 극단적인 원연관계보다는 다소 근연관계 정보를 통하여 얻어지는 정보가 조합작성에 유리할 수 있음.

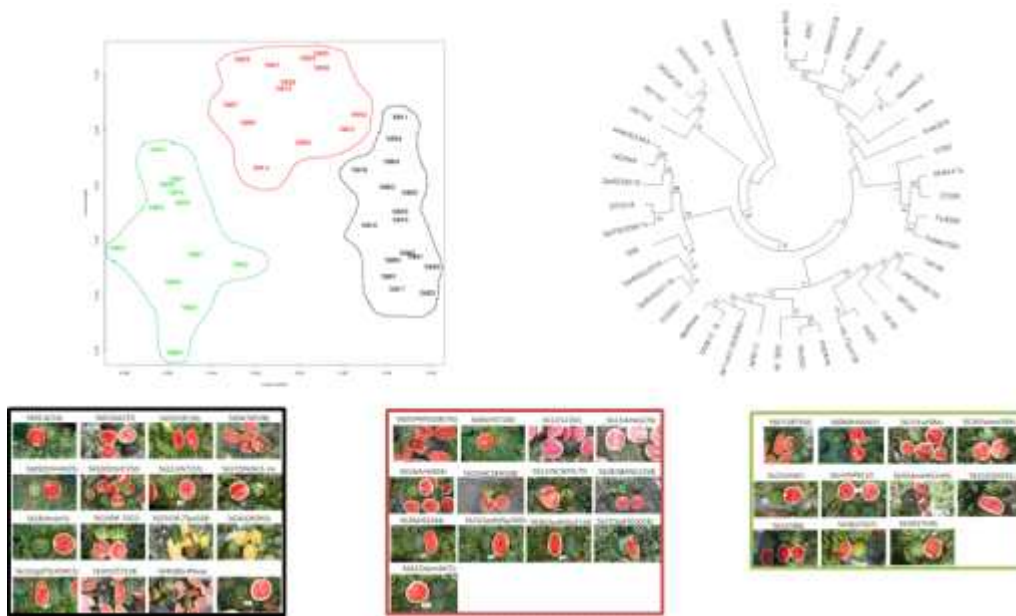


그림 5.3 엘리트 계통들의 클러스터링 결과 및 표현형 비교

○ Fluidigm platform을 활용한 육종회사 엘리트계통 SNP 검출

- 2차년도 연구결과와 같이 NGS를 이용하여 직접적인 SNP 마커를 획득하고 이를 기준으로 F1 순도 검정용 및 MABC용 marker set을 도출할 수도 있으며,
- 기존의 whole genome sequencing 결과에서 얻어진 SNP의 정보로 SNP-based probe set을 확보하여 Fluidigm 으로 검정하는 방법이 모두 사용 가능함
- 최근 육종회사용 마커 검정 HT(high-throughput) platform은 HRM에서 LGC사의 KASP, Fluidigm사의 EPI(이외 BioMark, Juno 등), Douglas Scientific사의 Array Tape 등이 있으며, KASP는 EPI보다 가격이 비싸지만 사용하는 마커 및 샘플수에 대해 flexible한 장점이 있고, EPI는 data point당 단가는 매우 저렴하나 chip의 형태로 사용하는 마커의 개수가 고정적인 문제들이 있는 상황임
- 본 연구에서는 상업육종시 모부계로 사용하는 94 계통에 대하여 Fluidigm platform 분석을 수행하였고, 96X 의 probe에 대한 데이터를 획득 후에 순도검정용 또는 여교잡을 통한 계통육성시 background selection용 마커 선발(MABC용)에 대한 효과적인 선별 프로그램을 개발하고자 하였음
- 또한, F1 순도검정을 위하여 94계통 각각에 특이적인 SNP marker 부위를 쉽게 가시화할 수 있는 UniSNP Marker Finder를 활용함.

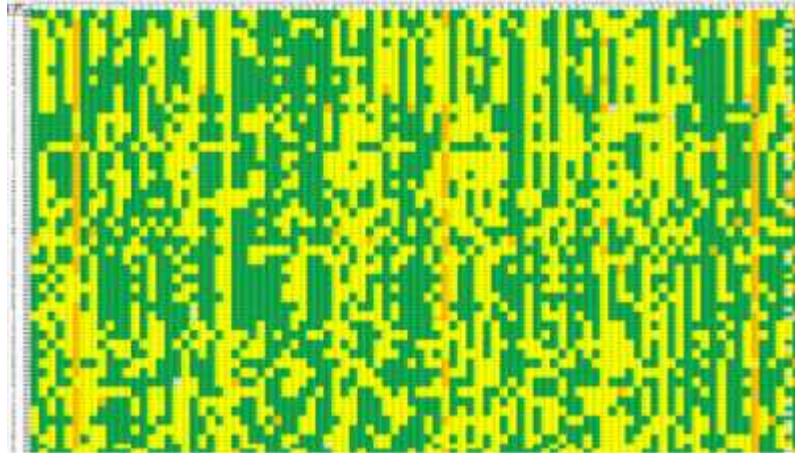


그림 5.4 Fluidigm EP1 system에서 수박 순도검정을 위한 94계통에 대한 SNV 검정

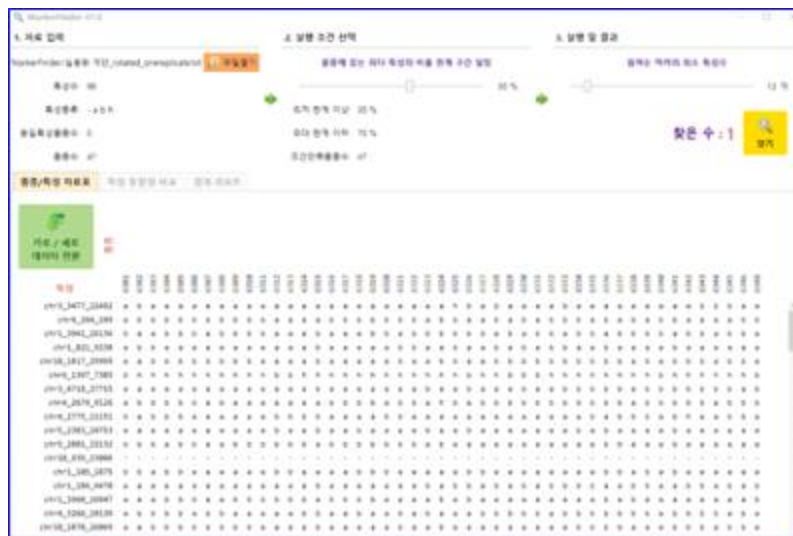


그림 5.5 분석된 SNP genotype을 통해 F1순도검정용 마커 제작을 위한 프로그램



그림 5.6 UniSNP Marker Finder의 활용 사례

나. MABC 활용 분자마커 분석기반 확립

(1) 분석배경

- 하나의 계통에 신규로 목적하는 형질을 도입하기 위하여 많은 육종가들은 여교잡 육종을 수행하는데, 일반적으로 동형접합체 계통을 육성하기 위해서는 BC7~9 세대를 진전하기 때문에 많은 시간과 노동력이 필요함.
- 한편, 계통의 진전에서 고정정도(homozygosity)를 파악하는 것은 표현형에 의존할 수 밖에 없기 때문에 단기간 내에 계놈 염기서열의 동형화를 파악할 수 있다면 이론적으로 BC3에서도 선발이 가능함.
- 또한, 도입형질에 근접한 분자마커를 확보한 경우는 background selection 및 foreground selection을 동시에 수행할 수 있어 목적하는 여교잡이 BC3 세대에서도 끝낼 수 있는 장점이 있음. 따라서, marker-assisted backcross (MABC) 시스템의 확립은 육종가의 여교배 육종에 큰 도움을 줄 수 있음.

(2) 분석사례

○ ZYMV 저항성연관 MAS 마커가 개발된 야생종 PI595203을 이용한 여교배 육종

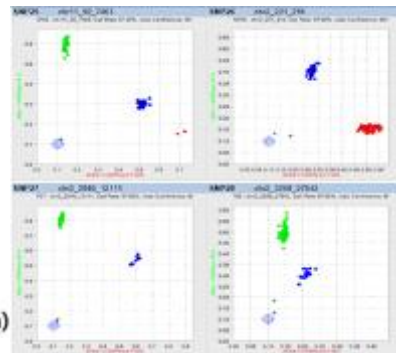
- 농업실용화재단에서 보유하고 있는 Fluidigm 플랫폼의 96x4의 probe의 SNP와 모본과 부분의 염기서열재분석 데이터에서 다형성을 보이는 위치와 비교한 후, 다형성을 나타낼 수 있는 96개의 probe를 선택하고 chip을 구성함.
- 바이러스 ZYMV의 저항성 연관마커 시스템이 확립된 PI595203과 엘리트 계통인 SBB의 교잡후 BC1F1에서 600개체 중 300개체를 선발하고, BC2F1에서 20개체를 선발하여 동형접합율을 80%까지 복구하였음.
- 최종 BC3F1까지 진행하여 협력육종회사의 품종생산용 계통으로 활용될 예정임.

PI 595203 x SBB (바이러스저항성)

F1

BC1F1 (300개체 선발: 600개체 중, MAS marker)

BC2F1 (20개체 선발, 284개체 background selection, Fluidigm)



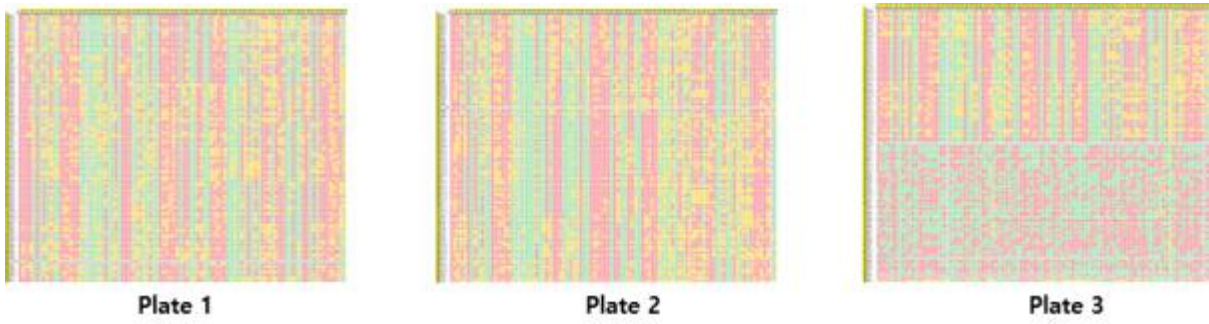


그림 5.7 MABC를 위한 분자마커 분석 결과 (Fluidigm platform)



그림 5.8 MABC의 BC1F1 과실 표현형 검정 결과

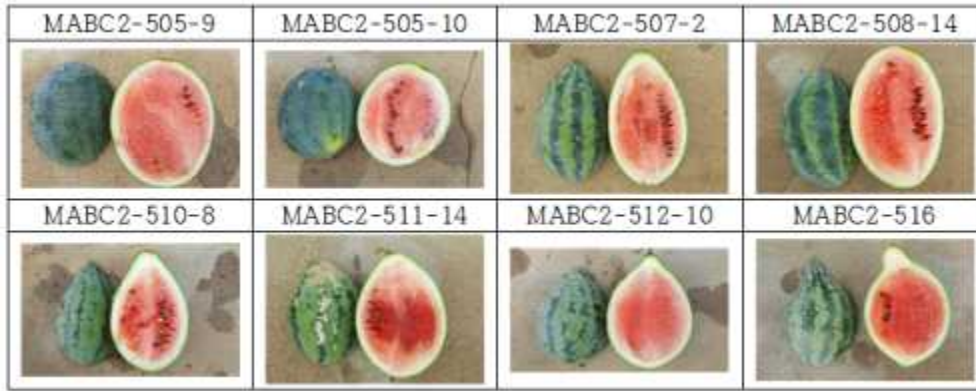


그림 5.9 MABC의 BC2F1에서 선발 중인 과실 표현형 검정 결과

6. 유전자 기능 및 유전자마커 확인용 바이러스벡터 개발

가. 한국 수박육종용 표준유전체 준비

(1) BAC 라이브러리 개발

○ CFMMV 바이러스클론 제작

- 앞서 제시한 국외의 수박감염 진단 사례에서 나타나듯 CFMMV(Cucumber fruit mottle mosaic virus)의 감염이 국외 재배 수박에서 검출되었으나, 바이러스 게놈 sequencing 결과 서열이 일부 달라, 이에 대한 in-vitro transcription(IVT)이 가능한 감염성 클론을 제작하고 논문을 발표함 (Rhee et al., 2014, Archives of Virology).
- 감염성 클론은 수출품종 개발을 위하여 국내에는 없는 바이러스에 대한 진단 및 저항성 계통 육성에 필요하며, 서열의 변형을 통한 바이러스벡터를 제작하는데 필수적인 요소임
- 본 감염성 클론은 2가지 버전으로 제작되었으며, T7 promoter를 이용한 in vitro transcription과 35S promoter를 이용한 in vivo transcription이 가능함. T7 promoter를 이용하는 경우는 기내에서 전사시켜 만들어진 RNA virus 자체를 접종할 수 있으며, 35S promoter의 버전은 Agrobacterium에 넣고 이를 배양하여 수박 등 박과식물의 자엽에 주사기를 이용하여 infiltration 시킬 경우, IVT와 유사한 수준의 초기 감염이 가능함 (그림 6.1)

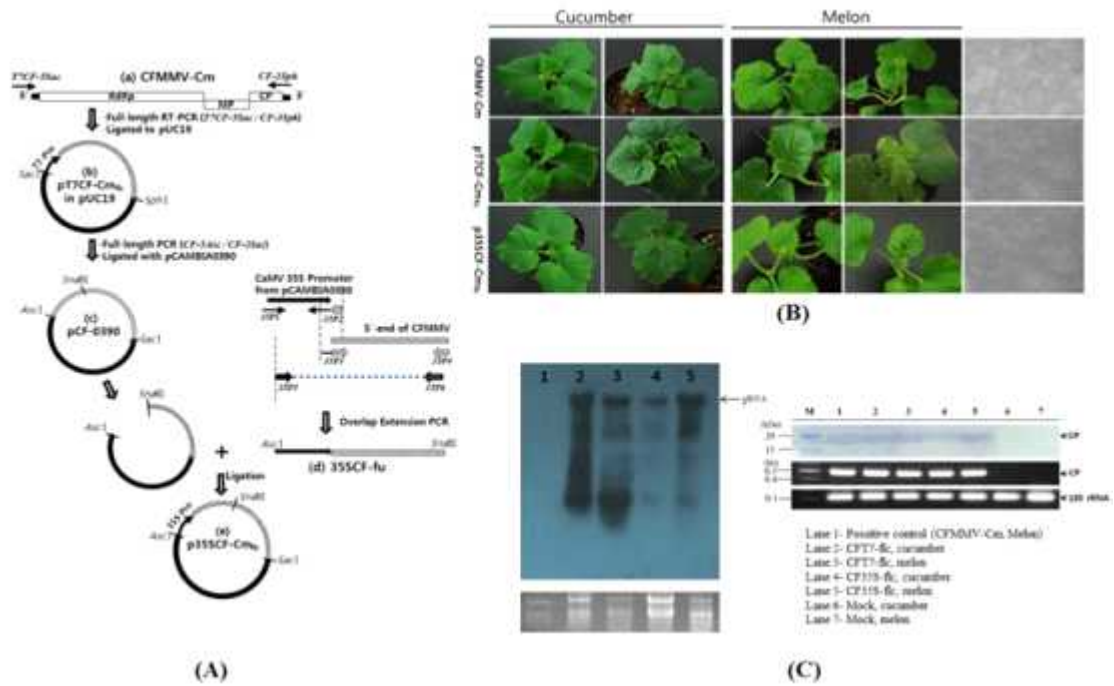


그림 6.1. 오이과실모틀모자이크바이러스(CFMMV) 유래 감염성 클론의 제작 및 감염성 확인

○ CFMMV 바이러스 벡터 개발의 중요성

- 개발된 CFMMV 감염성 클론 2가지 중, 35S Promoter를 갖고 있는 클론을 대상으로 외래 유전자의 과발현(heterologous gene expression) 및 식물 내재유전자의 억제(VIGS, virus induced gene silencing)를 가능하게 할 수 있는 바이러스벡터를 개발
- 수박을 비롯한 박과식물은 유전자의 발현 및 기능검정을 위한 형질전환체 생산이 극도로 어려우며, 실제로 오이를 비롯한 많은 형질전환 논문의 형질전환체 제작 재현성 빈도가 매우 낮음
- 따라서, 형질전환을 거치지 않고 유전자의 transient expression 및 silencing을 바이러스를 이용하는 방향은 형질전환이 어려운 박과식물에서 유전자의 기능파악에 매우 효과적인 방법임
- 최근까지 TRV, PVX 등 식물에서 광범위하게 사용되는 바이러스벡터는 많이 있었으나, 바이러스의 특성상 감염기주가 제한되어 있어 박과식물에 사용이 가능한 바이러스 벡터는 존재하지 않았음
- 본 연구에서는 수박의 유전자 마커 개발시 활용성이 매우 높은 바이러스벡터를 개발하고자 하였으며, 유전자 발현 및 억제가 동시에 가능할 수 있는 벡터적용 플랫폼을 확보하고자 하였음.

○ CFMMV 바이러스벡터 개발

① 유전자 과발현 벡터 개발

- 외래 유전자 과발현 바이러스벡터 개발을 위하여 기초적인 subgenomic promoter의 분석을 수행했으며, EGFP의 바이러스내 발현을 위한 subgenomic promoter 추가 및 CP의

subgenomic promoter 변형을 수행 (그림 1.12)

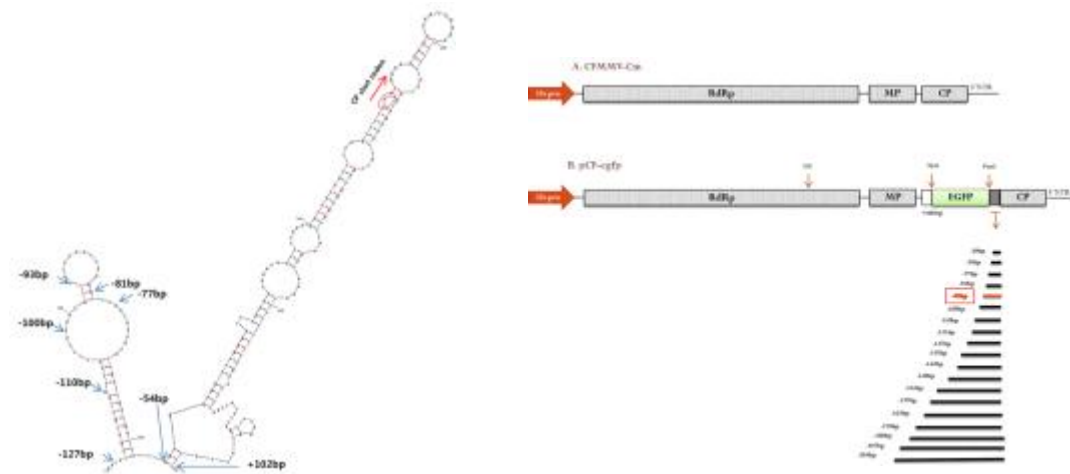


그림 6.2 CFMMV subgenomic promoter 구조 분석 및 EGFP의 발현을 위한 벡터구성

- 개발된 바이러스벡터의 실제 적용을 위하여 감염기주인 담배, 오이, 수박에서 CFMMV 벡터에 삽입된 EGFP가 발현되고 있음을 확인하였고 여기에 P19와 같은 silencing suppressor의 동시 접종을 통하여 발현량을 현저히 증가시킬 수 있었음

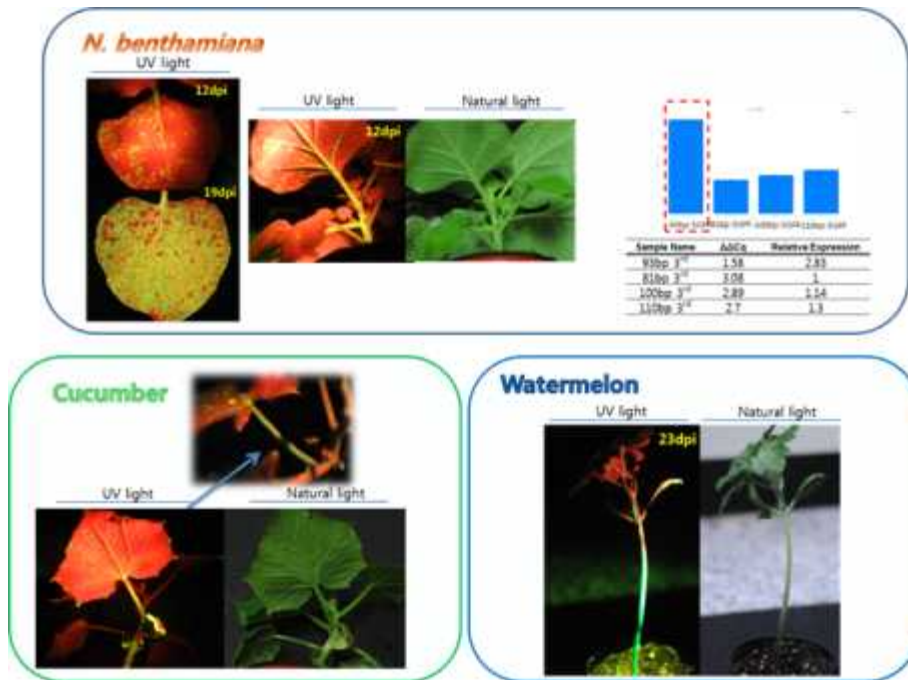


그림 6.3 CFMMV 벡터의 적용을 통한 담배(N. benthamiana), 오이, 수박에서의 EGFP 발현

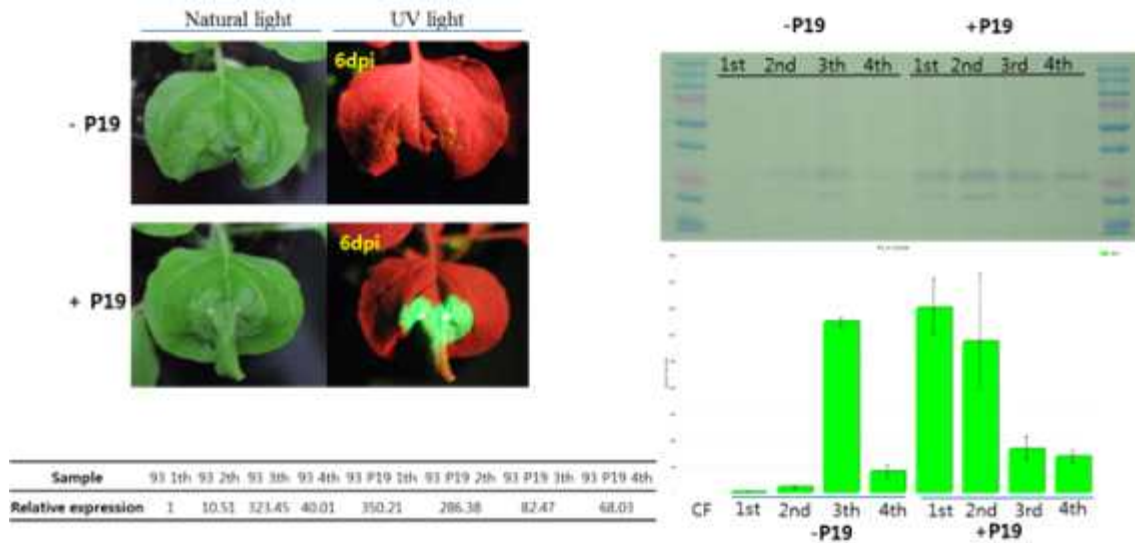


그림 6.4 CFMMV 벡터 및 P19(silencing suppressor)의 적용을 통한 EGFP 발현량 향상

② VIGS를 통한 유전자 기능검정용 벡터 개발

- 앞서 과발현 벡터로 제작된 클론에 멜론 등 박과식물의 phytoene desaturase (PDS) 단백질 코딩하는 유전자의 mRNA 서열에 기반한 insert를 PCR로 제작하고 벡터에 삽입
- 유전자 기능검정을 위한 VIGS의 적용을 위하여 멜론 pds 유전자부위를 PCR로 준비하여 CFMMV 벡터로 도입함 (그림 6.5)
- 도입시 사용한 서열은 작물별로 각각 따로 준비하였으나, 과발현 벡터와 동일한 서열의 Agroinfection용 벡터를 사용하여 VIGS와 같이 사용하는 dual platform을 완성함.

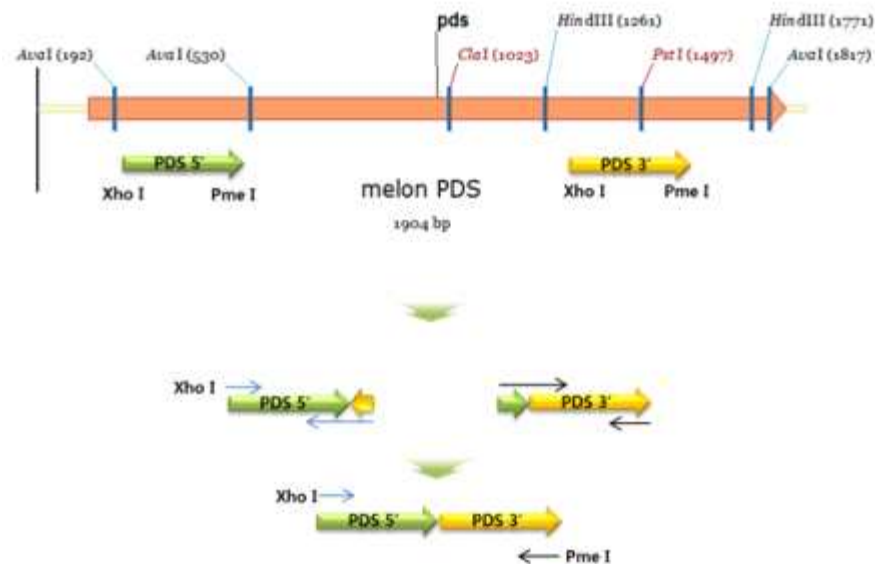


그림 6.5 VIGS를 위해 개발된 CFMMV 벡터에 삽입하기 위하여 제작된 멜론 pds 유전자부위

○ CFMMV 벡터의 VIGS 적용

- pds 유전자 부위가 삽입된 CFMMV 벡터를 담배, 멜론, 수박의 자엽에 Agro-infection 방법으로 주사기를 이용한 infiltration 접종후 photo-bleaching 결과를 관찰함
- 세 가지 식물 모두에서 pds gene silencing 결과를 성공적으로 획득함 (그림 6.6).

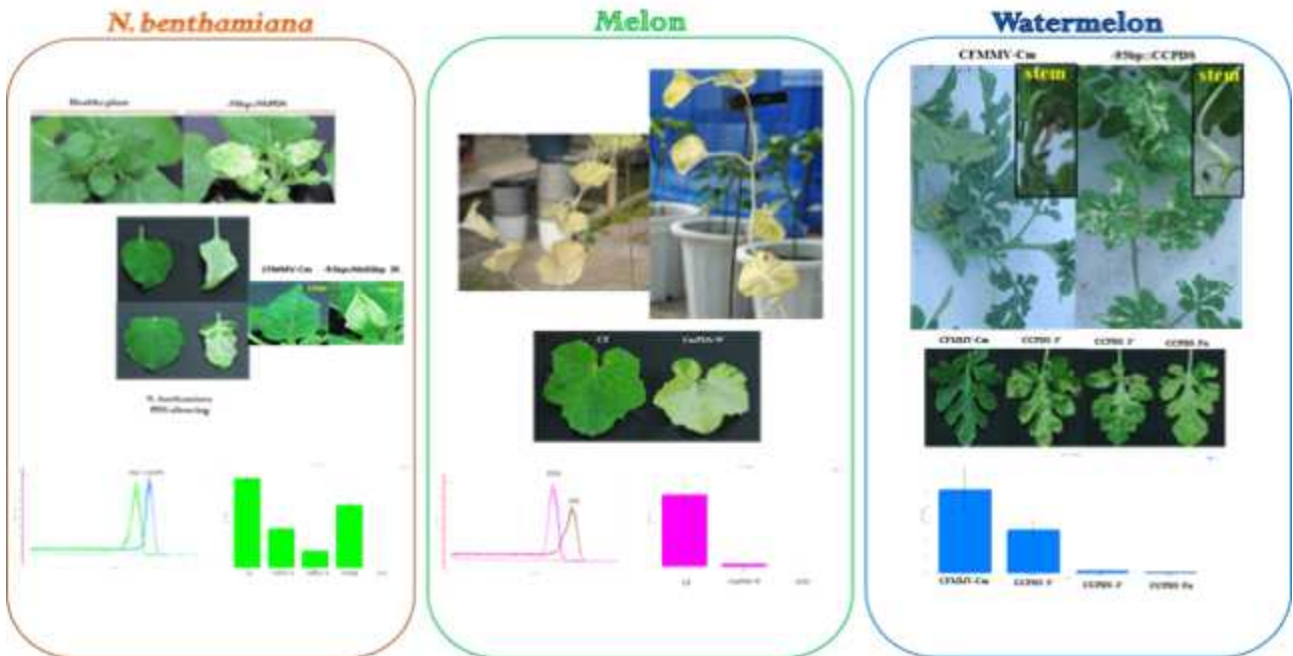
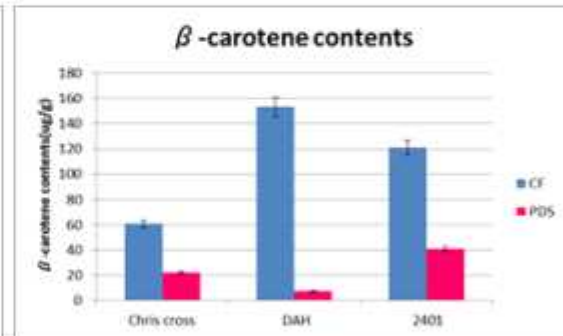
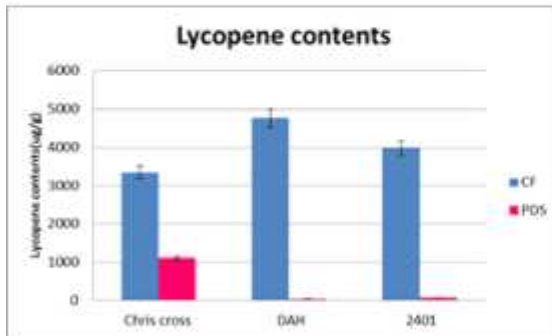
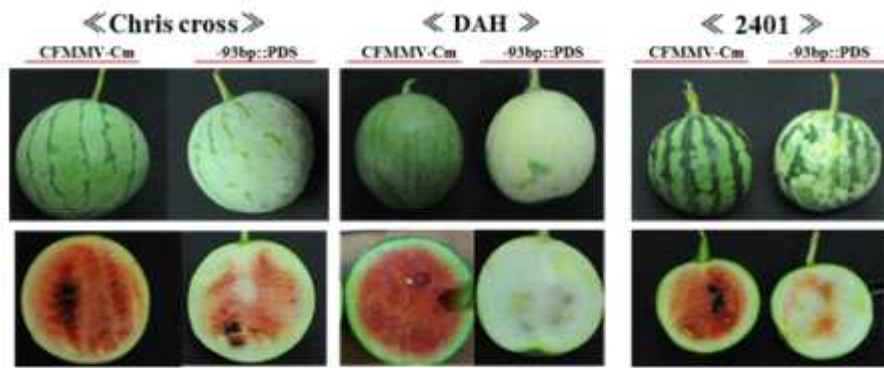


그림 6.6 VIGS용 CFMMV 벡터의 적용을 통한 담배, 멜론, 수박에서 pds gene silencing 결과

- 수박의 pds 유전자를 CFMMV 벡터에 클로닝 후, Agro-infiltration시켜 과실의 표현형을 관찰한 결과, carotenoid 생합성 경로에서 PDS 하위의 대사산물인 lycopene 및 beta-carotene의 합성이 억제되었음. 과실의 표피는 PDS 발현 억제가 나타나는 전형적인 역할인 photo-bleaching의 표현형을 나타내었고, 과육은 정상개체의 적색에서 lycopene의 감소로 인한 흰색으로의 변색을 나타내었음. 또한, RT-PCR을 통한 transcripts의 발현량 분석 및 HPLC를 이용한 성분함량분석에서 lycopene 및 beta-carotene의 함량이 현저히 감소되었음을 확인하였음.
- 본 결과는 수박의 분자유종을 위한 표현형 및 내병성 연관마커 탐색시 유전자 마커가 최종적으로 발굴될 경우, 유전자의 발현억제가 나타나는 표현형을 형질전환 없이 확인할 수 있어, 새로운 계통육성시 정상개체의 돌연변이로 인한 원인 유전자의 발굴 및 해당 유전자의 역할확인을 통한 마커 개발에 큰 도움을 줄 수 있을 것으로 기대함.
- 본 결과를 통하여 SCI논문 (Archives of Virology, 2014)과 국내특허(특허명: 신규한 오이 과실모틀모자이크바이러스 유래 서브 게놈 프로모터와 발현벡터 제작 및 이의 응용, 2014.04.08., 10-2014-0041785)를 출원하였으며, 산업체와 계약하여 기술실시권 허여 (2014.12.26., (주)엔비엠)를 실시하였음 (증빙자료는 연구성과표에 첨부).



| Sample name | lycopene(ug/g) | B-carotene(ug/g) |
|------------------|----------------|------------------|
| Chris cross cont | 3351.514 | 60.550 |
| Chris cross pds | 1113.881 | 21.953 |
| DAH cont | 4766.654 | 153.325 |
| DAH pds | 42.132 | 7.246 |
| 2401 cont | 3974.092 | 120.990 |
| 2401 pds | 68.122 | 40.873 |

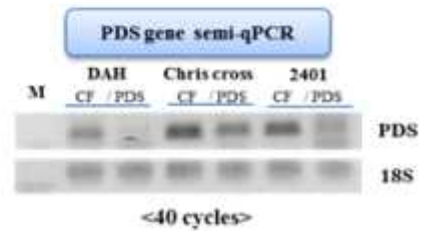


그림 6.7 VIGS용 CFMMV 벡터의 적용을 통한 수박 과실의 pds gene silencing 결과

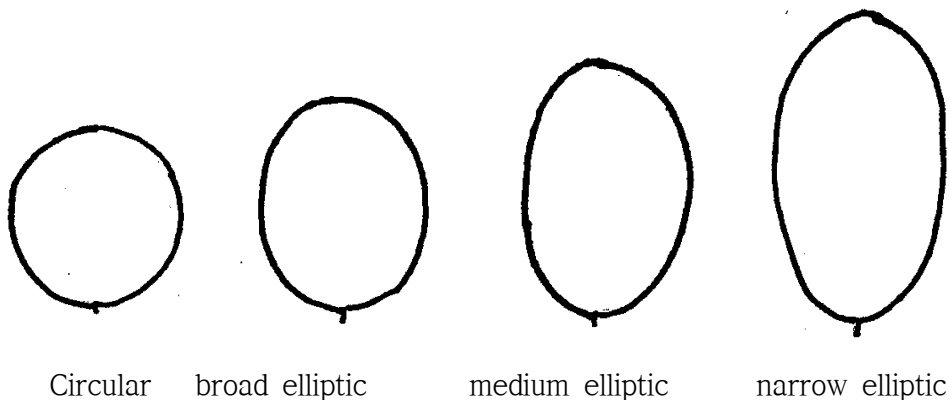
제 2 절 제2세부프로젝트 연구내용 및 결과

1. 표현형 분석기술 개발과 프로토콜 구축

가. 과특성 형질 (과형, 과색, 과피무늬) 측정 지표 표준화

(1) 과형 측정 지표 표준화







과형의 경우 UPOV 기준(test guideline)으로 4가지 형이 표준안으로 제시되어 있으며(Fig. 1), 국내 F1 품종의 경우 원형(circular)과 타원(medium elliptic)의 교잡형인 단타원(broad elliptic) 형이 일반적이다. 본 연구에서는 원형을 가로/세로 길이의 비율이 1, 단타원을 1~1.2, 타원을 1.2~1.5로 범주화 하였다. 본 과제에서는 원형과 타원형을 구분하는 분자마커 개발에 우선 중점을 두어 국내 F1 시장에 적합한 품종개발을 위한 부모본 계통개발을 지원하고자 하였다. 따라서 마커개발을 위한 계통수집 및 분리집단작성을 원형과 타원형에 타겟으로 하였다. 향후 장타원(narrow elliptic)을 구분하는 마커개발을 위해 계통수집을 추진하였다.



<Fig. 1. 수박 과형에 대한 4가지 표현형 표준안 >

(2) 과육색 측정 지표 표준화

일반적인 과육색의 범주는 백색(white), 진한적색(scarlet red), 선홍색(coral yellow), 노랑색 (canary yellow), 연어색(salmon yellow), 오렌지색(orange)으로 구분(Fig. 2)되며 UPOV의 일정한 guideline은 없다. 본 연구에서는 우선 백색/적색/노랑색/오렌지색에 대한 마커개발을 목표로 하여 계통수집 및 분리집단을 양성하였다. 각 과육색 범주 내 다소간의 색의 명도 차이는 색도계를 활용하여 미세한 차이를 구분할 수 있도록 하였다.

| 과육색(Fruit flesh color) | | | | | |
|---|---|---|---|--|---|
| 백색 (white) | 진한적색 (scarlet red) | 선홍색 (coral red) | 노랑색 (Canary yellow) | 연어색 (Salmon yellow) | 오렌지색 (Orange) |
|  |  |  |  |  |  |
| White | | Light red | Canary Yellow | Salmon Yellow | Orange |

<Fig. 2. 수박의 과육색 표준안>

(3) 과피색과 무늬 측정 지표 표준화

과피의 줄무늬(stripe) 형태는 매우 다양하며 모든 형태에 대해 마커개발은 매우 어려운 실정이다. 따라서 본 연구에서는 크림슨계 타입과 주빌리계 타입 수박이 일반적으로 가지는 과피형태에 대해 중점적으로 연구하고자 하였다. 크림슨계의 경우 과피색은 연한 녹색 바탕에 진한 녹색의 굵은 줄무늬(stripe)가 있으며, 그물무늬(vein)은 약한 반면, 주빌리계의 경우 진한 녹색 바탕에 흑색의 뚜렷하고 중간정도의 줄무늬(호피무늬)를 지닌다 <Fig. 3>



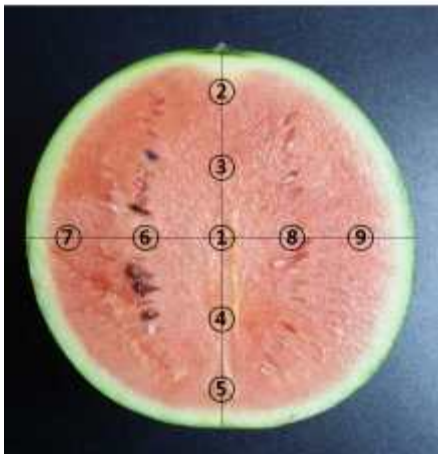
<Fig. 3. 과피무늬 중 마커개발 목표형질인 크림슨계과 주빌리계>

(4) 과육경도(치감, crispiness) 대한 측정 프로토콜 개발 및 판단 지표의 표준화

과육경도(firmness)나 치감(crispiness)에 대한 QTL 분석 및 분자마커 개발을 위한 표현형 분석법은 개체별 형질을 정확히 수치화 하는데 있다. 일반적으로 운반형 과육경도계(Fruit pressor tester)를 포장에서 사용하나 이는 과육경도를 정확히 수치화 하거나 특히 아삭거림과 같은 세밀한 치감을 수치화 하는데는 한계가 있다. 본 연구에서는 다양한 물성을 분석할 수 있는 테이블 형 측정기인 Texture analyzer를 이용하여 과육의 경도와 치감 정도를 수치화하고자 하였

다. 우선적으로 소수 과실종에 대한 Texture analyser의 작동 양상을 분석하고 이를 수박 과육과 비교하기 위해 사과/배/참외/수박에 대해 테스트 해 보았으며, 분석 결과를 기반으로 2014년 여름 다양한 수박 계통에 적용하여 계통간 과육 물성의 차이를 알아보고자 아래 의 연구를 수행하였다.

- 사과, 배, 참외는 과실의 꼭지부분과 가로 길이가 가장 긴 부분의 과피를 대패를 이용하여 제거 후 측정. 수박은 꼭지부터 배꼽부분까지 세로로 절단한 후 꼭지부터 배꼽까지와 절단면의 가로길이가 가장 긴 부분의 교차점을 기준으로 하여 과피에서 부터 중심까지 총 9부분을 측정하였다(Fig. 1).
- Texture analyzer의 측정 조건은 5 mm의 probe를 이용하여 과육표면으로부터 측정되는 깊이(10 mm), 측정 시 probe의 과육에 침투하는 속도 (1 mm/s)로 과육의 경도를 측정 하였다.
- 사과와 배의 생체중과 건물중의 무게 비를 측정하기 위하여 지름 2 cm, 깊이 1 cm로 절단한 뒤 각각 3개의 조각을 이용하여 80°C 에서 48시간동안 건조 시킨 후 무게를 측정
- 측정을 통하여 얻은 graph의 macro는 측정 범위를 0초에서부터 10초까지로 지정한 뒤 Force 1(0초에 가해진 힘)와 Force 2(10초에 가해진 힘), Count-F+(Force 1~2까지 + 값을 나타내는 Peak의 개수), Mean-F(Force 1~2까지 가해진 힘의 평균), Area-FT(Force 1~2까지 graph 내의 면적)을 얻도록 작성하였다(Fig. 2).



<Fig. 1 수박 과육 경도 측정에 이용된 수박의 절단면 부위>



<Fig. 2. Graph를 macro 분석 후 얻어진 값의 의미>

(가) 사과, 배, 참외 과육의 물성 분석 결과

- 사과, 배, 참외의 과육을 Texture analyzer로 분석한 결과 참외, 사과, 배순으로 Mean-F 와 Area-FT 값이 높게 측정 되었음. Mean-F는 지정시간(0초~10초) 사이에 가해진 힘의 평균이고 Area-FT는 지정시간과 받은 힘의 곱을 나타내는 것이므로 이 두 측정값들이 과육의 경도와 관련이 있다고 말할 수 있으며, 따라서 참외, 사과, 배 순으로 경도가 높다고 설명 할

수 있음.

- 사과, 배, 참외 과육의 Count-F+값(지정구간 내 peak 수) 비교에서 참외_1, 참외_2의 그래프 모양과는 달리 사과와 배에서 측정되어 나타난 graph에서는 최소 24개에서 최대 32개까지의 Count-F+값을 볼 수 있음.. 이는 과육의 섬유질이 probe에 의해 파괴되면서 받는 힘의 변화라고 생각하여 사과와 배의 생체중과 건물중의 무게를 비교하였음(Fig. 4.)
- 사과와 배의 생체중은 각각 1.8883g, 1.9540g 이었으며 건조 후의 무게는 각각 0.2812g, 0.2363g으로 생체중 대비 건물중의 무게변화는 85.10%, 87.90%를 보여 약 3%에 해당하는 값의 차이를 보였다. 이는 사과와 배의 섬유질의 양이 달라 Count-F+값이 달라졌다고 가정했던 것을 뒷받침하여주기에는 부족한 수치라고 판단됨. 따라서 실험군의 양을 늘려서 재실험을 할 필요가 있을 뿐만 아니라 직경 5 mm의 probe 이외에 10 mm, 20 mm 등의 더 넓은 probe를 이용하여 과육과 probe간의 닿는 면적을 늘려서 Count-F+값을 측정할 필요가 있음.

<Table 1. 사과, 배, 참외 과육의 Texture analyzer를 이용한 경도 분석 값>

| 목록 | Force 1 N | Force 2 N | Count-F + 1:2 | Mean-F 1:2 N | Area-FT 1:2 N s |
|---------|--------------|--------------|---------------|-----------------|--------------------|
| 배_1 | 12.355 | 0.052 | 27 | 8.715 | 87.195 |
| 배_2 | 13.733 | 0.266 | 24 | 8.836 | 88.402 |
| 참외_1 | 30.916 | 0.323 | 1 | 16.424 | 164.325 |
| 참외_2 | 32.198 | 0.156 | 1 | 18.782 | 187.916 |
| 사과_과육 | 15.599 | 0.319 | 32 | 12.014 | 120.196 |
| 사과_과피포함 | 32.077 | 0.528 | 24 | 15.04 | 150.479 |

(나) Texture analyzer를 이용한 수박과육의 측정결과

Fig. 1.에서 보이는 9부분의 texture analyzer의 경도 측정값은 Table 2.와 같으며 그 graph는 Fig. 5.와 같다.

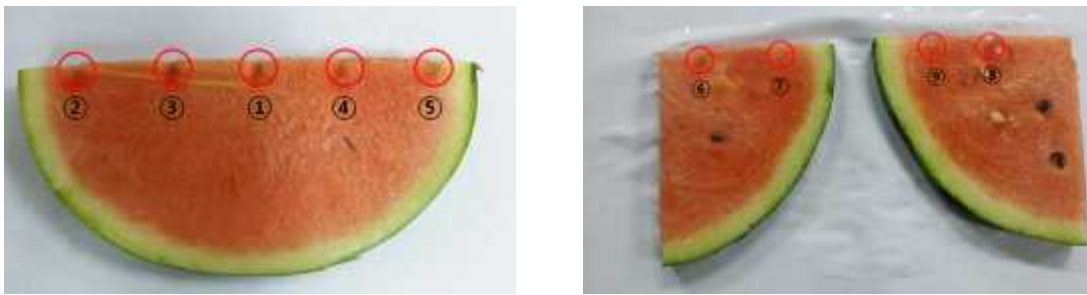
<Table 2. 수박단면에서 측정한 9부분의 Texture analyzer를 이용한 경도 분석 값>

| 목록 | Force 1 N | Force 2 N | Count-F + 1:2 | Mean-F 1:2 N | Area-FT 1:2 N s |
|------|--------------|--------------|---------------|-----------------|--------------------|
| 수박_1 | 8.768 | 0.11 | 38 | 6.365 | 63.977 |
| 수박_2 | 10.128 | 0.359 | 30 | 6.994 | 69.978 |
| 수박_3 | 13.263 | 0.293 | 21 | 9.874 | 98.792 |
| 수박_4 | 12.919 | 0.144 | 11 | 7.358 | 73.617 |
| 수박_5 | 5.484 | 0.011 | 14 | 2.795 | 27.966 |
| 수박_6 | 7.345 | 0.076 | 21 | 4.992 | 49.941 |
| 수박_7 | 5.036 | 0.159 | 14 | 3.94 | 39.416 |
| 수박_8 | 7.86 | 0.088 | 23 | 5.041 | 50.438 |
| 수박_9 | 9.034 | 0.25 | 17 | 6.627 | 66.306 |

- 수박단면의 9부분을 측정하여 얻은 결과 값을 비교하여 볼 때, 하나의 수박 과실 안에서도 부위마다 다른 측정값을 보였다. 가장 높은 값을 보이는 부위는 3번 부위이며 가장 낮은 값

을 보이는 부위는 5번 부위였다. 단면도를 보면(Fig. 6.) 3번 측정부위의 단면에 노란 심이 있는 것을 확인할 수 있으며 5번 측정부위의 단면은 조직이 연화되어 probe가 들어간 자국이 무너져 있는 것을 확인할 수 있다. 따라서 부위마다 다양한 값이 나온 것은 측정하였던 부위에 심의 유무 여부와 연화 정도, 혹은 종자의 위치에 따라 다르게 나타났다고 판단되며, 사과,배, 참외와는 달리 측정부위에 따른 물성의 변이가 심하다는 것을 알 수 있었다.

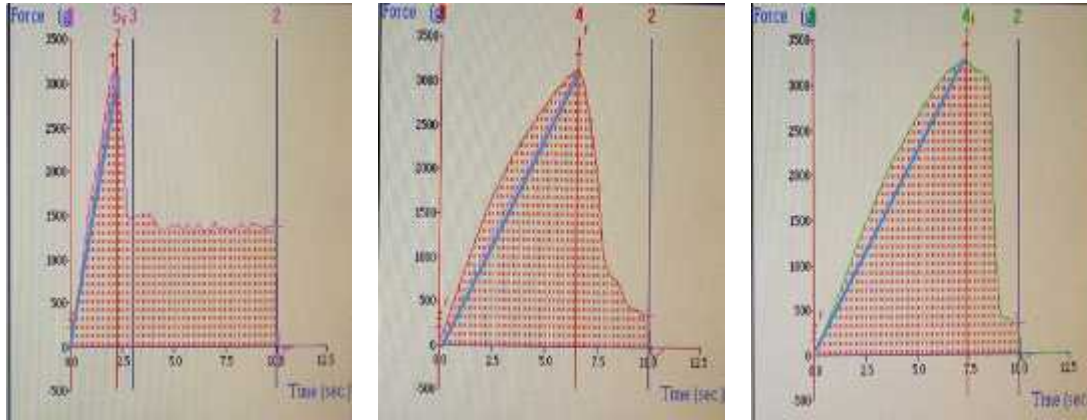
- 따라서 지름이 보다 큰 probe으로 측정하여 부위별 변이를 최소화 시킬 수 있어야 하고 과육의 경도가 확연하게 다른 다양한 수박 계통들을 이용하여 많은 데이터 값을 확보하여야 수치화가 가능한 방법이 도출될 것으로 본다. Count-F+값 또한 아삭거림의 정도를 수치화 하기 위해서는 섬유질의 양에 따라 달라진다는 것으로 예상하고 있으며 차후 위에 언급한 정도 실험과 같이 아삭거림의 정도가 확연하게 다른 대조구를 이용하여 생체중과 건물중의 비를 검토하고 다양한 probe를 이용하여 데이터 값을 확보하는 것이 필요하다.



<Fig. 6. Texture analyzer의 probe가 관통한 수박단면의 자국>

(다) Texture analyzer의 graph내 기울기와 과육, 과피의 관계

- Texture analyzer를 통해 얻은 graph를 보면 사과_과피포함, 참외_1, 참외_2(Fig. 7.)와 같이 처음 솟아오르는 peak의 기울기가 다양하다. 참외_1,2 와 사과_과피포함의 graph를 비교하여 보면 참외의 경우 완만한 기울기를 보이며 첫 번째 peak의 최고값 까지 곡선의 형태를 보이지만 사과_과피포함에서는 급격한 기울기를 보이며 일직선의 peak를 보임. 참외를 probe로 관통할 때 참외는 바로 과육 표면이 부서지면서 probe가 관통하는 것이 아니라 참외 과육이 원래 모양에서 조금 짓눌린 모습을 한 후에 뚫리는 모습을 보였다. 따라서 첫 peak에 대한 기울기와 기울기의 형태가 과육이 가지는 탄성력과 관련이 있다고 예상하고 있으며, 이는 과육 뿐 만 아니라 수박의 과피를 측정하는데서 나타나는 첫 기울기의 정도와 형태 또한 과피가 가지는 탄성력과 연관을 지을 수 있다고 예상된다. 이러한 예상은 열과의 정도는 과피가 가지는 탄성력과 연관이 있다고 생각하였을 때 열과의 정도가 심한 품종 및 계통과 열과가 일어나지 않은 품종 및 계통의 측정을 통한 많은 데이터만 쌓을 수 있다면 graph내의 기울기와 과육, 과피가 가지는 탄력성을 연관 지을 수 있다고 판단된다.



사과_과피포함
기울기: 1404.8 g/s

참외_1
기울기: 479.57 g/s

참외_2
기울기: 438.58 g/s

<Fig. 7. 사과_과피포함, 참외_1, 참외_2의 graph와 첫 peak까지의 기울기>

(4) 라이코펜 함량에 대한 측정 프로토콜 개발 및 판단 지표의 표준화

재료는 시중에 유통되고 있는 수박을 구입하여 실험 대상으로 실험하였다. 시약은 표준품으로 lycopene (Sigma Chemical co, USA)를 사용하였다. 추출 및 HPLC분석을 위해 tetrahydrofurn (THF), acetonitrile, acetone, dichlormethane, hexane, methanol, ethanol은 HPLC용 (Fisher, USA)을 사용하였다.

기기는 전처리를 위해 믹서, 감압농축기(Hedolf, Switzerland), 원심분리기 HA-300(Hanil co., Korea)를 사용하였고, HPLC분석을 위해 2695 Separation Module, 2996 Photodiode Array Detector 및 Millennium Chromatography Manager를 갖춘 Waters HPLC system (Agilent, USA)을 사용하였다.

(가) 방법

- 표준용액조제 및 검량선작성은 lycopene 표준품은 디클로르메탄에 조금 녹인 후, 단계적으로 희석하여 검량선 작성 및 회수율 시험 표준용액으로 사용하였다. 검량선 작성을 위해 각각의 표준용액을 단계적으로 희석하여 HPLC 분석에서 얻은 피크면적을 이용하여 검량선을 작성하였다.
- 라이코펜 추출은 시료 2g, hexane, chloroform 및 BHT (50ml hexane, 25 ml acetone, 25 ml ethanol과 0.05% butylated hydroxytoluene)을 conocal tube에 넣고, 진탕기 (180 rpm, 1 시간, 상온)에서 추출한다. 추출 후 원심분리기에서 3000 rpm으로 원심분리 하여, 각각의 추출물을 0.45 μ m syringe filter로 여과하여 HPLC분석하였다.
- HPLC 분석 Lycopene의 HPLC 분석조건은 Table 1과 같다.

<Table 3. HPLC analytical conditions for tomatine>

| | |
|------------------|---|
| Instrument | Agilent 1100 HPLC system |
| Column | Luna C18 (5 μm, 150 mm × 3.0 mm i.d. Phenomenex, Torrance, CA, USA) |
| Detector | PDA 190.0 to 480.0nm at 1.2nm UV 205 nm |
| Mobile phase | Acetonitrile- MeOH |
| Flow rate | 1 ml/min |
| Injection volume | 10 μl |

(나) 결과

- Lycopene의 검량선식은 $y = 8.93551x + 89.7188$ 이었으며 r^2 의 값은 0.996으로 직선성은 매우 양호하였다. Lycopene의 RT는 9.38 min에서 5개 농도범위로 표준용액을 3회 제조하여 각각의 검량선을 작성한 결과 Lycopene은 10 - 200 μg/L의 범위 내에서 농도와 반응값의 상관계수가 0.998으로 매우 양호한 직선성을 나타내었다. 범위는 특정 실험방법의 측정범위를 말하는 것으로 정밀성과 정확성을 나타내며, 직선성이 유지되는 범위를 말한다. 본 연구에서 설정한 실험방법의 측정범위는 직선성과 정밀성을 모두 감안하여 10 - 200 μg/L을 범위로 설정하였다.

< Table 4. Regression data, LODs and LOQs for the lycopene by HPLC>

| Wavelength (nm) | Calibration curve ^z | r^2 | linear range (μg/ml) | LOD ^y (μg/ml) | LOQ ^x (μg/ml) |
|-----------------|--------------------------------|-------|----------------------|--------------------------|--------------------------|
| 476 | $y=8.9355x+89.7188$ | 0.998 | 10 - 200 | 2.5 | 7.7 |
| 503 | $y=8.4063x-164.7332$ | 0.997 | 2.5 - 200 | 2.4 | 7.2 |

^zx is the peak area in UV chromatograms, Y is the compound amount injected

^yLOD refers to the limits of detection

^xLOQ refers to the limits of quantification

- 추출용매는 BHT (50ml hexane, 25 ml acetone, 25 ml ethanol과 0.05% butylated hydroxytoluene), hexane, 및 chloroform으로 3회 반복 추출하여 그 함량을 비교하였다. BHT 추출물은 0.424 mg/g fresh weight, chloroform 추출물은 0.413 mg, hexane 추출물은 0.336 mg이었다.

Fig. 8. Typical HPLC chromatograms of the reference lycopene (100 ug/ml), BHT, hexane and chloroform extracts

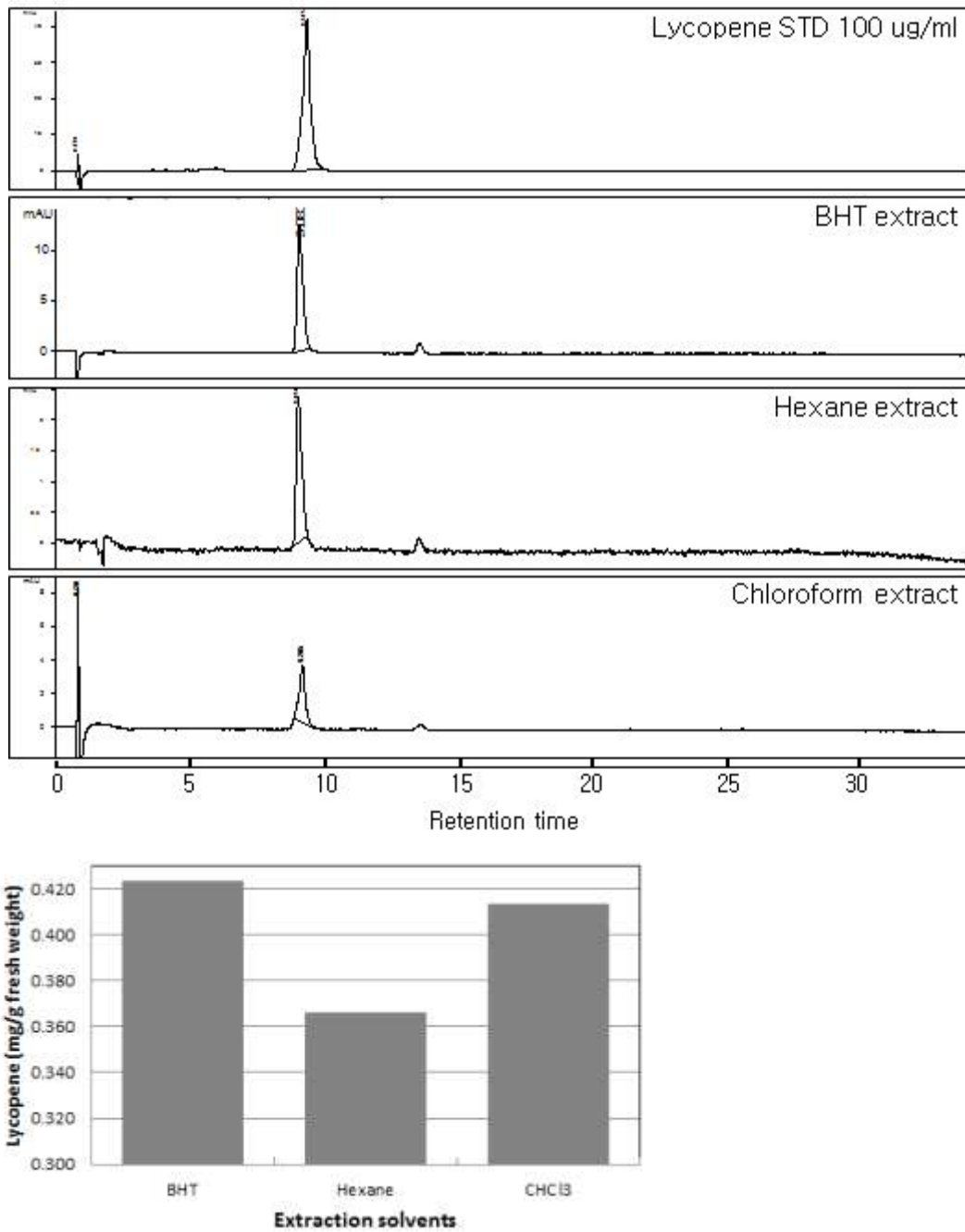


Fig. 9. Contents of lycopene from flesh of watermelon. Watermelon was collected from Market in 2014. Analyses were carried out on a Luna C₁₈ column with a mobile phase gradient of acetonitrile-MeOH (0 to 100) for 35 min. The injection volume was 10 μ l sample. The column temperature was kept constant at 30°C, and the mobile phase flow rate was 1.0 mL min⁻¹ with detection at 476 nm.

- 표준 라이코펜 물질에 대한 HPLC 검정법은 이번 연구로 확립이 되었으나 수박 샘플에서 다소 기존 연구보고에서보다 함량이 높게 나와 추출법에 대한 재조정과 보완이 요구된다.

2. 수박 EST-SSR 마커 개발

가. 연구 목적

수박의 EST가 많이 개발되어져 이를 이용한 PCR-based 마커의 활용이 가능한데 이중 EST-SSR 마커는 allele-specific한 공우성 마커로서 유용할 수 있다. 현재 ICuGi에는 web database에는 활용 가능한 수박 EST-SSR primer list가 있으며 이들에 대해 PCR test를 거쳐 수박 및 박과 작물의 유전자지도 작성, 유연관계 분석, F1 순도검정용 등의 마커 개발이 용이하다.

따라서 본 연구에서는 이들 EST-SSR primer 들을 이용하여 수박을 비롯한 오이, 호박, 멜론에 대해 PCR 검정하고 품종 간 유연관계를 알아봄으로서, 향후 수박 육종에 필요한 형질연관 마커 및 박과작물의 비교유전자지도 작성과 비교유전체 연구에 활용할 수 있는 마커세트를 선별해 놓고자 수행하였다.

나. 결과

(1) EST-SSR primer 선별 및 유전자형 분석결과

- 총 8개의 1차 검정 시료(Table 1)에 대한 120개의 합성된 수박 EST-SSR primer set 을 PCR 한 결과, 51개(49.17%) primer set은 모든 식물시료에서 PCR 증폭이 가능 하였으며, 이 중 식물시료간 증폭산물(PCR 밴드, 대립유전자 특이적 DNA 절편, 마커) 크기에 따른 다형성을 보인 primer set은 총 49개(40.8%) 였다. 선별된 49개의 primer set을 24개의 2차 식물시료 (Table 2) 에 대해 PCR 검정과 Fragment Analyzer를 이용한 전기영동 및 유전자형 분석 결과, 총 382개의 PCR 밴드가 확인되었다.
- 가장 많은 수와 가장 적은 수의 PCR 밴드를 나타낸 primer set은 WMU15338과 WMU15818로 각각 16개와 2개였으며, 한 primer set 당 평균 PCR 밴드 수는 7.8개였다. 각 primer set의 PIC 값은 다양하였는데, 이 중 46개의 primer set이 0.5 이상의 값을 보였다. 사용된 49개 primer set의 평균 PIC 값은 0.754였으며, 가장 높은 PIC 값을 보인 primer set은 WMU2826으로 0.904, 가장 낮은 PIC 값을 보인 primer set은 WMU15818로 0.100 이었다.

(2) 짝유사행렬(pairwise similarity matrix) 및 계통도(dendrogram)

- 증폭된 384개 PCR 밴드와 Nei-Li similarity index를 이용하여 짝유사행렬(Pairwise similarity matrix)을 작성하였다. 작성된 짝유사행렬에서 보여진 유사도의 범위는 0.1013 에서 1.0000 이었다. 가장 높은 유사도를 보인 것은 크림슨계 수박 품종인 ‘Charleston Gray’ 과 무지계 수박 품종인 ‘화보’ 로 0.8452의 값을 나타내었으며, 반면에 가장 낮은 유사도를 보인

것은 대목계 호박 F1인 ‘흑종’ 과 무지계 수박 품종인 ‘화보’ 로 0.1013의 값을 나타내었다.

- 작유사행렬을 토대로 UPGMA를 통해 계통도(dendrogram)를 분석한 결과(Fig. 1) 3개의 주요 그룹(major group; A, B, and C)과 7개의 하위그룹(subgroup; A-1, A-2, B-1, B-2, B-3, C-1, C-2)으로 나누어졌다. A 그룹에는 6개의 수박 품종., *Citrulluslanatus* var. *vulgaris* Schrad.) 과 3개의 수박 야생종 (공대, *Citrullus lanatus* var.*citroides* Mats. & Nakai)가 속하였으며, B 그룹에는 4개 멜론 품종(*Cucumis melo* var. *cantalupensis* Naudin)과 2개 참외 품종(*Cucumis melo* var. *conomon* Makino), 그리고 5개 오이 품종(*Cucumis sativus* L.)이 속하였다. C 그룹에는 4개의 호박(*Cucurbita moschata* (Duch. exLam.) Duch. & Poir, *Cucurbita maxima* Duch., *Cucurbita pepo* L., *Cucurbita ficifolia* Bouche.)으로 구성됨으로서, 박과 작물내 타속간 뚜렷한 분류가 가능하였다.
- A 그룹내에서도 *Citrullus lanatus* var. *vulgaris* Schrad.에 속하는 품종(‘Charleston Gray’ , ‘Augusta’ , ‘오렌지킹’ , ‘Vasko’ , ‘화보’ , ‘스피드’ 의 6개의 품종)은 하위그룹 A-1로, 공대로 알려진 *Citrullus lanatus* var. *citroides* Mats. & Nakai.에 속하는 품종은 하위 그룹 A-2로 각 각 분류되었다. A-1 그룹내에서 Charleston gray계 품종인 ‘Charleston Gray’ 와 무지계 품종인 ‘화보’ 가 0.8452의 유사도로 가장 가까운 유전적 거리를 나타내었으며, 반면에 무지계 품종 ‘화보’ 와 크림슨계 품종 ‘Vasko’ 는 0.7195의 유사도로 가장 유전적 거리가 멀었다. 하위그룹 A-2에는 수박 도입계통인 PI189225와 PI494817가 속하였으며, 이들 간의 유사도는 0.790이었다. 공대는 A 그룹내에서 가장 낮은 유사도(0.4575)를 보임으로서 타 수박 재배종과의 먼 유연관계를 확인할 수 있었다.
- B 그룹의 하위그룹인 B-1에는 4개의 멜론 품종(*Cucumis melo* var. *cantalupensis* Naudin.)(‘얼스엘리트’ , ‘Charentise’ , ‘23’ , ‘24’)이 속하였는데, 얼스엘리트계 품종 ‘얼스엘리트와’ 와 유럽계 품종 ‘24’ 가 0.7089의 유사도를 나타내어 가장 높은 유사도를 보였으며 유럽계 계통 ‘24’ 와 유럽계 품종 ‘Charentise’ 가 0.6380으로 가장 낮은 유사도를 보였다. 참외(*Cucumis melo* var. *conomon* Makino)로 구성된 하위그룹 B-2에서는 ‘금싸라기’ , ‘성환참외’ 가 0.7135의 유사도로 하나의 그룹을 이루었으며 오이(*Cucumis sativus* L.)로 구성된 하위그룹 B-3에는 ‘장형낙합’ , ‘강력삼척’ , ‘강호백침’ , ‘다이너시티’ , ‘마샤’ 의 5개의 품종이 속하였으며 이 중 가시오이계 품종인 ‘강력삼척’ 과 반백다다기계 품종인 ‘강호백침’ 이 0.6957로 가장 높은 유사도를 보였고 취청계 품종인 ‘장형낙합’ 과 피클용 품종인 ‘마샤’ 가 0.5068로 가장 낮은 유사도를 보였다.
- C 그룹에는 ‘농우조생꽃’ (*Cucurbita moschata* (Duch. ex Lam.) Duch. & Poir.), ‘단밤’ (*Cucurbita maxima* Duch.), ‘태양쭈키니’ (*Cucurbitapepo*L.), ‘흑종’ *Cucurbita ficifolia* Bouche.)로 구성되었으며 동양계 품종인 ‘농우조생꽃’ 과 서양계 품종인 ‘단밤’ 이 0.4183의 유사도를 보이며 하위그룹 C-1을 이루었고 쭈키니계 품종인 ‘태양쭈키

니’ 와 대목계 품종인 ‘흑종’ 이 0.5098의 유사도를 보이며 하위집단 C-2를 이루었다.

- 본 연구를 통하여 수박 EST-SSR 마커의 타 박과 작물 연구분야에 적용 가능성을 확인하였으며 이들 마커를 이용한 유연관계 분석 결과가 기존의 증명법에 따른 분류법과 중간 유연관계와 일치함을 확인하였다. 따라서, 본 연구에서 선발된 수박 EST-SSR 마커들은 타 박과 작물의 유전적 다양성 분석, 유전자 지도 작성 및 박과작물 간 비교유전체 분석에 활용 가치가 높을 것으로 평가된다. 또한 육종분야에 있어서도 다양한 박과작물의 형질선발용 분자 마커 개발 및 F1 순도검정과 품종식별 마커개발에 활용이 가능할 것으로 기대된다.

Table 1. Eight cultivars of Cucurbitaceae used as the first plant sample panel for evaluation of the watermelon EST-SSR primer sets.

| Species | Scientific name | Cultivar |
|----------------|--|-------------------|
| Watermelon | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>citroides</i> Mats. & Nakai | Gongdae |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad | Speedggul |
| Squash/Pumkin | <i>Cucurbita moschata</i> (Duch. ex Lam.) Duch. & Poir | Nongwoojosengpoot |
| | <i>Cucurbita maxima</i> Duch. | Dambibamhobak |
| | <i>Cucurbita pepo</i> L. | Saeronzuccine |
| Melon | <i>Cucumis melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naudin. | Earl’s Elite |
| Oriental melon | <i>Cucumis melo</i> var. <i>conomon</i> Makino | Geummadalggul |
| Cucumber | <i>Cucumis sativus</i> L. | Janghyeongnakhab |

Table 2. Relationship of four cultivars of Cucurbitaceae used as the second plant sample panel for genetic diversity

| Species | Scientific name | Cultivar |
|----------------|---|-------------------|
| Watermelon | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>citroides</i> Mats. & Nakai. | Gongdae |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad. | Charleston Gray |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad. | Augusta |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad. | Orangeking |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad. | Vasko |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad. | Hwabo |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>vulgaris</i> Schrad. | Speedggul |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>citroides</i> Mats. & Nakai | PI189225 |
| | <i>Citrullus lanatus</i> var. <i>citroides</i> Mats. & Nakai | PI494817 |
| Squash/Pumkin | <i>Cucurbita moschata</i> (Duch. ex Lam.) Duch. & Poir | Nongwoojosengpoot |
| | <i>Cucurbita maxima</i> Duch. | Danbam |
| | <i>Cucurbita pepo</i> L. | Taeyangzuccine |
| | <i>Cucurbita ficifolia</i> Bouche. | Heukjong |
| Melon | <i>Cucumis melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naudin. | Earl’s Elite |
| | <i>Cucumis melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naudin. | Charentais |
| | <i>Cucumis melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naudin. | 23 |
| | <i>Cucumis melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naudin. | 24 |
| Oriental melon | <i>Cucumis melo</i> var. <i>conomon</i> Makino. | Keumssaragi |
| | <i>Cucumis melo</i> var. <i>conomon</i> Makino. | Seonghwan |

Cucumber

Cucumis sativus L.
Cucumis sativus L.
Cucumis sativus L.
Cucumis sativus L.
Cucumis sativus L.

Janghyeongnakhab
 Gangryeoksamcheok
 Ganghobaekchim
 Dynersity
 Mashya

^aGARES, Gyeongnam Agricultural Research and Extension Service.

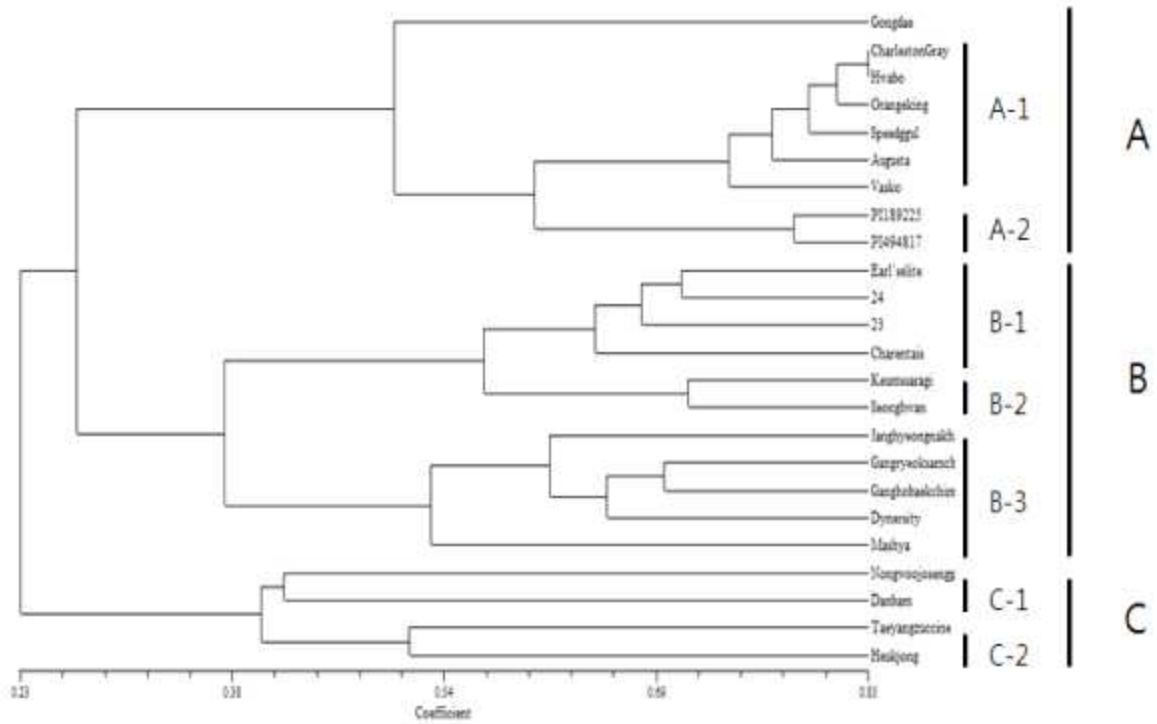


Fig. 1. Dendrogram showing genetic relationship

3. 핵심육종소재 선발 및 마커개발용 분리집단 개발

가. 과특성 관련형질(과형, 과피색, 호피무늬, 과육색)

- 과형은 원형(circular)과 타원(media elliptic), 과피색은 흑피와 황피, 과육색은 백육, 적육, 황육, 오렌지, 호피무늬는 무지, 크림슨 타입(broad, weak veining, only one color), 호피(media, weak veining, black strip)을 기준으로 하여 분자마커를 개발하고자 육종소재 및 분리집단 개발을 수행하였다. 1, 2차년도 동안 확보한 재료는 Table 1과 같다.

<Table 1. 과특성 형질 분자마커 개발용 분리집단 개발 현황>

| 회사 | 계통조합 | 조사된 F1 특성 | 현재 | 분리세대의 특성조사 |
|----|------|-----------|----|------------|
|----|------|-----------|----|------------|

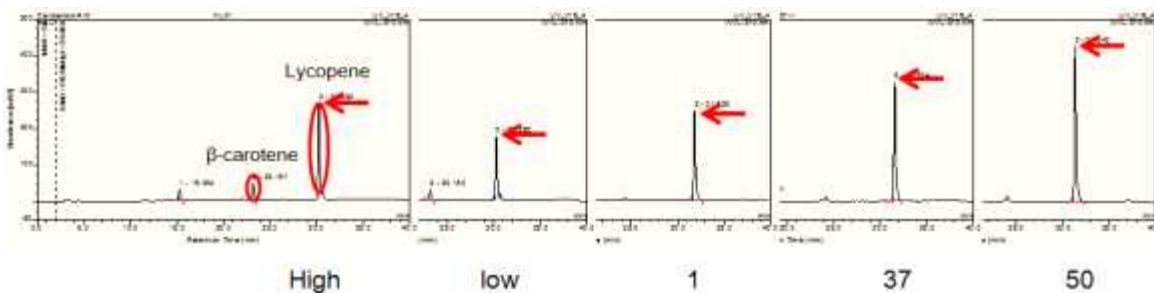
| 확보된 세대 | | | | |
|--------|---------------|--------------|----|-------------|
| A | P5001 X P5002 | 호피/크림슨/적육/단타 | F6 | 시행 예정 |
| A | P6200 X P6204 | 호피/크림슨/적육/단타 | F3 | 2014년 1월 완료 |
| B | N1902 X N1906 | 흑피/적육/원형 | F2 | 2014년 7월 완료 |
| B | N1902 X N1909 | 크림슨/적육/단타 | F2 | 2014년 7월 완료 |
| B | N1912 X N1913 | 호피/적육/원형 | F2 | 2014년 7월 완료 |
| B | N1916 X N1917 | 황피/적육/단타 | F2 | 2014년 7월 완료 |
| B | N1918 X N1919 | 호피/원형/육색분리 | F2 | - |
| B | N1920 X N1921 | 호피/원형/육색분리 | F2 | 2014년 7월 완료 |
| B | N1924 X N1925 | 호피/원형/육색분리 | F2 | 2014년 7월 완료 |

나. 고 라이코펜 함량

- 1년차에 HPLC를 이용한 수박과육의 라이코펜 함량분석 프로토콜을 개발하는 과정에 있었으나, 2년차부터는 사업단의 성분분석팀에 의뢰하기로 한 바, 향후 계통 및 분리집단의 라이코펜 분석은 사업단에 위탁하고자 한다.
- 1년차에서는 A 종자회사에서 개발한 고라이코펜 계통 'DRD'과 일반 라이코펜 계통(45NC, SBA) 간 Near Isogenic Line(NIL)이 2계통(Table 2) 개발되어 있어 이들을 이용한 분자마커 개발을 우선 시도하고자 하였다. 1년차에 각 계통들에 대한 라이코펜 성분을 HPLC로 확인하였으며, 그 결과 일반 시판종(삼복꿀, 리코스타) 보다 NIL에서 성분이 1.5-2배 정도 높았다(Table 3, Fig. 1)

〈Table 2. 고라이코펜 함량 분자마커 개발용 계통 및 분리집단 개발 현황〉

| 회사 | 계통명 | 계통번호 | 세대 | 라이코펜 함량 | 과육색 |
|----|-------------------|------|------------|---------|-----------------|
| A | DRD | 6200 | 공여친 | High | 적육(scarlet red) |
| A | SBA | 6204 | 반복친 | Low | 선홍(corel red) |
| A | 45NC | 6202 | 반복친 | Low | 선홍(corel red) |
| A | DRDSBA | 6203 | BC3F4(NIL) | High | 적육(scarlet red) |
| A | DRD45NC | 6201 | BC3F6(NIL) | High | 적육(scarlet red) |
| A | F2 (DRDSBA x SBA) | 6205 | F2 | 분리예상 | 분리예상 |



<Fig. 1. DRDSBA(50) NIL 시료의 상대적 라이코펜 함량 분석>

<Table. 3. DRDSBA(50) NIL 시료의 상대적 라이코펜 함량 분석>

| 분석 | Sample | Lycopene (Area) | β-carotene (Area) |
|----|---------------|-----------------|-------------------|
| 1차 | High lycopene | 51.46±1.08 | 7.23 ± 0.17 |
| 1차 | Low lycopene | 34.44±0.66 | 2.02 ± 0.02 |
| 2차 | 1(삼복꽃) | 57.11±1.38 | 6.75±0.15 |
| 2차 | 37(리코스타) | 75.60±0.46 | 3.05±0.02 |
| 2차 | 50 (DrdSBA) | 97.80±1.03 | 6.21±0.08 |

다. 과육경도(2차년도)

- 1차년도에 협력회사 A로부터 높은 과육경도를 지니는 계통과 무른 과육계통(수확기는 동일)을 확보하였고, 2차년도부터 이들 계통간 교배를 통해 RIL 집단을 작성중에 있다 (Table 4). 현재 F3세대까지 진전되어 있어 4차년도에 F6의 RIL 작성을 완료하여 과제 2단계에서 분자마커개발을 수행할 계획이다.
- 2차년도에 1차년도에서 시험한 경도측정 프로토콜을 기반으로 A 회사로부터 분양받은 부모본 계통(PP-F101과 PP-F102)과 F1에 대한 Texture Analyser를 이용한 경도분석을 수행하였다.
- 각 계통당 4개체 반복으로 10 point [안쪽과육(In) 5p, 바깥쪽(OUT) 과육 5p]씩 측정하였으며, 통계분석을 통해, 반복간, 측정지점간, 측정항목(Area, Count)간, 계통간 유의성을 검정하였다.
- 그 결과, 동일 계통 내 반복, 측정지점에서는 유의성이 없었으나, 계통간에는 Area 측정항목에서 In, Out 모두에서 뚜렷한 유의성이 나타나 본 실험재료 유래의 향후 RIL집단의 표현형분석 지표로 활용 가능성을 보였다 (Table 5).

| 회사 | 계통명 | 계통번호 | 세대 | 경도 | 과육색 |
|----|----------|------|-----|--------|-------------------|
| A | PP-F101 | 2501 | 모계통 | High | 적육(scarlet red) |
| A | PP-F102 | 2502 | 부계통 | Low | 황육(canary yellow) |
| A | PPOPF-F1 | 2503 | F1 | Medium | 황육(canary yellow) |
| A | PPOPF-F2 | 2504 | F2 | 분리예상 | 분리예상 |
| A | PPOPF-F3 | 2505 | F3 | 분리예상 | 분리예상 |

<Table 4. 과육경도 분자마커 개발용 계통 및 분리집단 개발 현황>

<Table 5. 부모본 및 F1에 대한 경도측정값의 유의성 검정 결과>

1. 동일개체내 측정지점별 유의성 검정

주) 동일개체내 대문자(A, B) 측정지점별 가로(행) 비교

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|------------|----------------------|-----------------------------|----------------------|-----------------------------|----------------------|----------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | Individual | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2501 | 100 | 34.176 ± 3.941 | 37.200 ± 1.685 | 30.946 ± 2.766 | 35.000 ± 1.761 | 32.561 ± 2.333 | 36.100 ± 1.206 |
| | 200 | 41.144 ± 3.320 | 41.400 ^A ± 1.364 | 33.095 ± 1.319 | 33.600 ^B ± 2.977 | 37.120 ± 2.153 | 37.500 ± 2.018 |
| | 300 | 42.769 ± 6.587 | 41.000 ± 3.633 | 34.514 ± 3.325 | 36.000 ± 3.000 | 38.642 ± 3.741 | 38.500 ± 2.372 |
| | 400 | 30.180 ± 2.916 | 20.200 ^B ± 2.083 | 33.491 ± 2.184 | 27.000 ^A ± 1.924 | 31.836 ± 1.804 | 23.600 ± 1.752 |

2. 동일계통내 개체별 유의성 검정

주) 동일개체내 대문자(A, B) 측정지점별 가로(행) 비교

주) 개체별 소문자(a, b, c) 세로(열) 비교

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|------------|----------------------|-----------------------------|----------------------|------------------------------|----------------------|-----------------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | Individual | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2501 | 100 | 34.176 ± 3.941 | 37.200 ± 1.685 | 30.946 ± 2.766 | 35.000 ^a ± 1.761 | 32.561 ± 2.333 | 36.100 ^a ± 1.206 |
| | 200 | 41.144 ± 3.320 | 41.400 ^A ± 1.364 | 33.095 ± 1.319 | 33.600 ^{ab} ± 2.977 | 37.120 ± 2.153 | 37.500 ^A ± 2.018 |
| | 300 | 42.769 ± 6.587 | 41.000 ± 3.633 | 34.514 ± 3.325 | 36.000 ^a ± 3.000 | 38.642 ± 3.741 | 38.500 ^A ± 2.372 |
| | 400 | 30.180 ± 2.916 | 20.200 ^B ± 2.083 | 33.491 ± 2.184 | 27.000 ^{Ab} ± 1.924 | 31.836 ± 1.804 | 23.600 ^b ± 1.752 |

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|------------|------------------------------|------------------------------|------------------------------|----------------------|----------------------|------------------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | Individual | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2502 | 100 | 19.654 ^{Ab} ± 0.958 | 15.600 ^{Bc} ± 1.288 | 14.672 ^{Bc} ± 1.240 | 12.000 ± 2.483 | 17.439 ± 1.130 | 14.000 ^B ± 1.374 |
| | 200 | 15.730 ^{Bc} ± 0.345 | 13.800 ^c ± 1.200 | 24.211 ^{AA} ± 0.687 | 17.600 ± 1.691 | 19.971 ± 1.459 | 15.700 ^{Ab} ± 1.165 |
| | 300 | 19.163 ^{Ab} ± 0.575 | 19.600 ^a ± 0.510 | 17.654 ^{Bc} ± 1.304 | 16.000 ± 3.209 | 18.408 ± 0.717 | 17.800 ^{Ab} ± 1.645 |
| | 400 | 16.954 ^{Bc} ± 1.071 | 19.200 ^{Ab} ± 1.715 | 20.678 ^{Ab} ± 1.160 | 19.200 ± 2.267 | 18.816 ± 0.969 | 19.200 ^a ± 1.340 |

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|------------|----------------------|------------------------------|----------------------|----------------------|----------------------|------------------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | Individual | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2503 | 100 | 24.840 ± 1.400 | 40.400 ^a ± 2.561 | 22.337 ± 1.237 | 31.400 ± 3.010 | 23.589 ± 0.974 | 35.900 ^a ± 2.392 |
| | 200 | 24.008 ± 1.569 | 36.000 ^{ab} ± 3.082 | 24.410 ± 0.796 | 25.600 ± 3.487 | 24.209 ± 0.832 | 30.800 ^{ab} ± 2.796 |
| | 300 | 24.558 ± 1.831 | 30.000 ^b ± 2.074 | 24.549 ± 1.080 | 24.200 ± 1.855 | 24.554 ± 1.002 | 27.100 ^c ± 1.629 |
| | 400 | 24.949 ± 1.609 | 33.000 ^{ab} ± 1.581 | 21.570 ± 0.413 | 29.800 ± 3.426 | 23.260 ± 0.965 | 31.400 ^{ab} ± 1.857 |

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|------------|-----------------------------|----------------------|------------------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | Individual | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2502 | 100 | 19.654 ^a ± 0.958 | 15.600 ± 1.288 | 14.672 ^B ± 1.240 | 12.000 ± 2.483 | 17.439 ± 1.130 | 14.000 ± 1.374 |
| | 200 | 15.730 ^B ± 0.345 | 13.800 ± 1.200 | 24.211 ^A ± 0.687 | 17.600 ± 1.691 | 19.971 ± 1.459 | 15.700 ± 1.165 |
| | 300 | 19.163 ± 0.575 | 19.600 ± 0.510 | 17.654 ± 1.304 | 16.000 ± 3.209 | 18.408 ± 0.717 | 17.800 ± 1.645 |
| | 400 | 16.954 ^B ± 1.071 | 19.200 ± 1.715 | 20.678 ^{Ab} ± 1.160 | 19.200 ± 2.267 | 18.816 ± 0.969 | 19.200 ± 1.340 |

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | Individual | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2503 | 100 | 24.840 ± 1.400 | 40.400 ± 2.561 | 22.337 ± 1.237 | 31.400 ± 3.010 | 23.589 ± 0.974 | 35.900 ± 2.392 |
| | 200 | 24.008 ± 1.569 | 36.000 ± 3.082 | 24.410 ± 0.796 | 25.600 ± 3.487 | 24.209 ± 0.832 | 30.800 ± 2.796 |
| | 300 | 24.558 ± 1.831 | 30.000 ± 2.074 | 24.549 ± 1.080 | 24.200 ± 1.855 | 24.554 ± 1.002 | 27.100 ± 1.629 |
| | 400 | 24.949 ± 1.609 | 33.000 ± 1.581 | 21.570 ± 0.413 | 29.800 ± 3.426 | 23.260 ± 0.965 | 31.400 ± 1.857 |

3. 계통간 유의성 검정

주) 동일계통내 대문자(A, B) 측정지점별 가로(행) 비교

주) 계통별 소문자(a, b, c) 세로(열) 비교

| | | 측정지점(Tst_Point) | | | | | |
|--------|----|-----------------------------|------------------------------|-----------------------------|------------------------------|-----------------------------|-----------------------------|
| | | IN | | OUT | | All | |
| Strain | N | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) | Area_FT (Mean±SE) | Count_F (Mean±SE) |
| 2501 | 40 | 37.067 ^a ± 2.347 | 34.950 ^a ± 2.265 | 33.012 ^a ± 1.190 | 32.900 ^a ± 1.395 | 35.039 ^a ± 1.339 | 33.925 ^a ± 1.323 |
| 2502 | 39 | 17.875 ^c ± 0.517 | 17.050 ^b ± 0.803 | 19.547 ^c ± 0.963 | 16.421 ^c ± 1.285 | 18.690 ^c ± 0.548 | 16.744 ^b ± 0.741 |
| 2503 | 40 | 24.589 ^b ± 0.743 | 34.850 ^{ab} ± 1.407 | 23.217 ^b ± 0.522 | 27.750 ^{bb} ± 1.540 | 23.903 ^b ± 0.461 | 31.300 ^a ± 1.176 |

4. 고라이코펜 함량 분자마커 개발

가. 연구 목표

라이코펜(lycopene)은 C₄₀H₅₆의 화학식을 가지며 분자량은 536.87인 탄화수소물질이다. 식물의 뿌리나 잎 등에서 만들어지는 파이토케미컬의 일종으로 베타카로틴, 루테인 등과 함께 대표적인 카로티노이드 류에 속한다. 인간이 과일이나 채소를 통하여 섭취할 경우 항산화, 항염증 뿐만 아니라 chemopreventive biological activity를 통해 유방암과 전립선암 예방효과가 있는 것으로 보고 되고 있다(Mohanty et al., 2005). 현재까지 라이코펜은 성숙한 토마토에 많이 함유되어있다고 알려져 있다. 실제 수박과 토마토의 라이코펜 함량을 비교해보면 수박의 경우 평균 45.1~53.2 $\mu\text{g} \cdot \text{g}^{-1}$ freshweight(FW)으로 토마토의 평균 30.2 $\mu\text{g} \cdot \text{g}^{-1}$ freshweight(FW)에 비하여 약 60% 가량 높음을 알 수 있다(USDA-NCC 2001). 라이코펜을 포함한 전체 카로티노이드의 함량은 과실이 성숙해가는 과정에서 증가하는 경향을 보이는데 붉게 성숙한 수박 과실의 경우 55 $\mu\text{g} \cdot \text{g}^{-1}$ 까지 함량이 증가하며 증가량의 대부분은 Trans-lycopene이 차지한다(Grassi et al., 2013).

현재까지 토마토와 수박에서의 라이코펜 생합성 경로는 매우 유사한 것으로 보고되고 있다. Lycopene은 Carotenoid 생합성 과정에서 중요한 중간체이며 식물체내 Carotenoid 생합성은 세 포기질의 mevalonate(MVA) 와 색소체의 2-c-methyl-D-erythritol-4-phosphate(MEP) 경로를 포함하는데 두 가지의 경로는 각각 다른 전구물질로부터 Isopentenyl diphosphate(IPP)를 생성하게 된다. 생성되는 IPP는 식물체내에서 다양한 생화학적 기능을 수행하는 천연물질의 생성에 필요한 화합물이며 C₅구조를 가진다. 생성된 IPP와 GGPP 두 분자의 결합으로 색소를 가지지 않는 Carotenoid인 Phytone이 생성된다. 이후 두 개의 불포화 효소, PDS와 ZDS의 촉매작용을 통하여 Phytone을 yellow z-carotene을 거쳐 Lycopene을 변화시킨다. 불포화과정 동안 두 개의 carotene isomerase인 CRTISO와 Z-ISO는 특정한 cis-trans 이성질화 반응에 관여한다.

Trans-lycopene 단계에서 LCYB(lycopene β -cyclase)와 LCYE(lycopene ϵ -cyclase) 유전자가 작용하게 되며 작용하는 유전자에 따라 각각 다른 형태의 carotene이 생성되는데 β - 또는 ϵ -의 형태이며 고리의 개수가 하나 혹은 두 개이다(Grassi et al., 2013)

과실이 형성되고 발달하는 동안의 카로티노이드 생합성과 연관된 유전자의 발현에 대한 연구는 토마토와 감귤류, 파파야, 당근 등에서 연구가 진행되었다(Bramley, 2002; Clotault et al., 2008; Kato et al., 2004; Skelton et al., 2006). 현재까지 진행되어진 연구에 의하면 토마토의 성숙 과정 동안 Psy와 Pds의 발현은 증가하는 반면 Lcyb와 Lcye의 발현은 감소하는 추세를 보이며 그 결과 토마토 과실 내에서 다량의 라이코펜이 축적된다(Pecker et al., 1996; Ronen et al., 1999)

수박은 다양한 과육색을 가지며 과육색의 차이는 다양한 카로티노이드의 구성과 각 카로티노이드의 양에 따라 발생하게 된다. 과육색은 크게 황육(yellow), 적육(red), 백육(white)으로 분류할 수 있다. 각 과육색을 가진 수박의 카로티노이드 분석을 통하여 과육색에 따라 대표적인 카로티노이드를 확인하였으며 적육을 가진 수박의 주요 카로티노이드는 라이코펜임을 확인하였다(Bang et al., 2005; Tadmor et al., 2005)

Red계 수박은 분홍(pink)과 진홍(scarlet, red)이 있고 전자는 한국 등 아시안계, 후자는 서양계이다. 일반적으로 분홍보다는 진홍의 수박에서의 라이코펜 성분이 높다고 알려져 있다. 현재까지 수박 과실에서 카로티노이드 합성 경로내의 주요 유전자인 lycopene b-cyclase(LCYB)를 이용하여 적육(red)과 황육(canary yellow) 수박을 구별하기 위한 CAPS 마커를 개발하였지만(Bang et al., 2007) 분홍과 진홍 계통간 라이코펜 함량 차이를 만드는 유전적 연구나 마커 개발은 보고된 바 없다.

유전적 연관분석(genetic association)을 통한 형질관련 유전자 탐색에 주로 근동질유전자계통(NIL, Near Isogenic Line)이 이용된다. NIL은 공여친(donor parent) 과 반복친(recurrent parent) 간 여교배(backcross)을 통해 작성되며 목표형질(foreground gene)에 대해서는 동일하나 반복친에서 끌어온 염색체(background genes)에 대해서는 약간의 차이를 보이는 유전적으로 고정된 근동질 후대 집단이다. 따라서 NIL 간 비교시 동일하게 존재하는 염색체 영역에 목표형질 유전자가 존재할 가능성 높다는 이론을 기반으로 QTL 분석, 유전자 클로닝, 분자마커 개발 등이 이루어지고 있다.

본 연구는 분홍(pink)과 진홍(scarlet) 과육색을 가진 계통간 라이코펜 함량 관련 유전자를 탐색하고 해당 유전자에서의 유전자 변이를 이용한 분자마커를 개발하고 표현형과의 연관 분석을 통하여 실제 활용 가능한 마커를 선별하는 것을 목표로 하였다. 해당 목표를 위하여 라이코펜의 함량 및 과육색에서 차이를 보이는 육성계통과 계통 간 여교배를 통하여 만들어진 NIL에

서 NGS-기반 resequencing을 수행하여 염색체 내 전체 SNP의 분포를 파악하고 NIL에서 라이코펜의 함량인 높은 공여친으로부터 유래된 SNP가 많은 영역을 ‘공여친 염색체 이입 영역’으로 설정하였다. 해당 영역 내에서 라이코펜 생합성과 관련된 유전자의 변이를 확인하고 변이를 이용하여 분자마커를 개발하였다. 또한 육성계통과 계통 간 여교배를 통하여 만들어진 NIL, 시판품종에서의 라이코펜 함량과 과육색도를 측정하여 표현형 간의 비교분석을 수행하였다

나. 방법

(1) 식물재료

라이코펜 성분분석과 유전자 분석은 2015년과 2016년 2차에 걸쳐 다양한 육종소재를 대상으로 수행되었다. 2015년 육종소재로는 라이코펜 고함량(고-라이코펜) NIL 3 계통, NIL 육성에 이용된 부모본(공여친 또는 반복친) 3 계통, NIL과 라이코펜 저함량(저-라이코펜) 반복친 간 F1과 F2 집단, 그리고 진홍(red) 및 분홍색(pink) 과육색의 F1 시판품종 6종에 대해 분석을 실시하였다. 2016년에는 고-라이코펜 NIL 5계통, NIL 부모본 4 계통, 고-라이코펜 계통 6종과 NIL 과 저-라이코펜 반복친 간 F1과 진홍(red) 및 분홍색(pink) 과육색의 F1 시판품종 9종에 대해 분석을 실시하였다. 아래 Table 1과 2은 년도별로 본 연구에 사용된 식물재료에 대한 계통명 및 교배조합과 이들에 대한 과육색으로 판단한 라이코펜 함량 예측 수준을 나타내었다.

Table 1. List of the watermelon inbred lines used in 2015.

| Name | Generation | Flesh color | Expected lycopene Content level |
|----------------|-------------|-------------|---------------------------------|
| DRD | Inbred | Red | High |
| SBA | Inbred | Pink | High |
| DRDSBA-1 | NIL(BC2F9) | Red | High |
| DRDSBA-1 x SBA | F1 | - | Medium |
| DRDSBA-1 x SBA | F2 | - | Segregated |
| Sambokggul | F1 cultivar | Pink | Low |
| Dangdanghan | F1 cultivar | Pink | Low |
| Sijugun | F1 cultivar | Pink | Low |
| Lycosweet-1 | F1 cultivar | Red | High |
| Lycosweet-2 | F1 cultivar | Red | High |

| | | | |
|----------|-------------|------|------|
| Lycostar | F1 cultivar | Red | High |
| DRD45NC | NIL | Red | High |
| 45NC | Inbred | Pink | Low |
| DRDSBA-2 | NIL(BC3F6) | Red | High |

Table 2. List of the watermelon lines used in 2016.

| Name | Generation | Flesh color | Expected lycopene Content level |
|--------------------------|-------------|-------------|---------------------------------|
| DRD | Inbred | Red | High |
| DRDSBA1 | NIL(BC3F6) | Red | High |
| DrdSBB | NIL(BC3F9) | Red | High |
| DrdNT(2X) | NIL(BC2F5) | Red | High |
| Ns514 | Inbred | Red | High |
| Ns516 | Inbred | Red | High |
| Drf5819 | Inbred | Red | High |
| DRDSBA2 | NIL(BC2F9) | Red | High |
| DRD45NC | NIL(BC2F5) | Red | High |
| DrHS4105 | Inbred | Red | High |
| 52192 | Inbred | Red | High |
| SBA | Inbred | Pink | Low |
| 45NC | Inbred | Pink | Low |
| SBB | Inbred | Red | Medium |
| DRDSBA x SBA | F1 cultivar | - | Medium |
| Sambokggul | F1 cultivar | Pink | Low |
| 52192 x Drf5819 | F1 cultivar | Red | High |
| DRD45NC x Drf5819 | F1 cultivar | Red | High |
| DrdSBA (bc2F9) x Drf5819 | F1 cultivar | Red | High |
| DrHS4105 x 52192 | F1 cultivar | Red | High |
| DrdSBA (bc2F9) x Ns514 | F1 cultivar | Red | High |
| DrdNT(2X)BC2F5 x SBA | F1 cultivar | Red | Medium |
| SBA x 52192 | F1 cultivar | Red | Medium |
| Dangdanghan | F1 cultivar | Pink | Low |

(2) 재배 방법

라이코펜 성분 분석 및 유전자 분석을 위한 수박 식물체 재배는 창원시 대산면에 소재한 수박농가에 의뢰하여 관행 재배방식에 따라 수행하였다. 2015년의 경우 계통별로 재식주수의 차

이가 나타나는데 과육색에서 차이를 나타내는 시판품종의 경우 3개씩 정식하였으며 NIL 개발에 이용된 계통과 라이코펜의 함량이 높은 NIL의 경우 10개씩 정식하였고 NIL과 반복친 사이 개발된 F1은 10개, F2 집단은 221개를 정식하였다. 2016년의 경우 모든 계통에서 7개씩 정식하였다.

2015년의 경우 4월 15일 정식하여 7월 10일 수확(재배일수 87일)하였으며 2016년의 경우 4월 19일날 정식하여 7월 2일 수확(75일)하였다. 비배관리와 수분관리는 두 해 모두 동일하게 이루어졌으며 비배관리의 경우 작물을 파종, 이양 및 이식하기 전에 사용하는 기비는 유기질비료 2톤과 무기질비료인 N/P/K를 60Kg 이용하였으며 추비의 경우 유안(황산암모늄, 질소와 황을 함유한 질소질 비료)과 4종 액상복비 3회, 칼리와 인산은 각각 2회와 1회 사용하였다. 수분관리는 7일을 간격으로 하여 총 8회 이루어졌으며 150평 하우스를 기준으로 하여 3톤의 물을 공급하였다. 계통 간 재식거리는 30cm였으며 재배 기간 내 하우스의 온도는 주간 35-40℃, 야간에는 평균 25℃ 이상을 유지하였다. 수분(pollination)은 2015년 시료는 정식 후 30일부터 5일간 수작업(hand-pollination)으로, 2016년 수분은 정식 후 30일부터 5일간 수정벌을 이용하여 수행되었다. 수확은 수정작업 30일 이후 일시 수확하였으며 육안으로 충분히 성숙한 과실만을 분석에 사용하였다.

(3) 표현형 분석

(가) 과육색도 측정

수확된 과실은 무게를 잰 후 중앙부로부터 횡단 2등분하고 각 절단된 과육면을 이미지 촬영(Panasonic DMC-GX1) 또는 색도계 측정에 사용하였다. 과육색도 측정은 두 가지 방법을 통해 이루어졌으며 자른 단면에 색도계를 이용하여 측정하고 과실 단면 사진을 Image J를 통해 RGB 값을 측정하였다. 과육색도 측정은 과실의 중앙 부분과 과실의 끝 부분에서 1번씩 총 2반복 수행하였다. 2015년 계통과 F2 집단의 경우 당도를 측정하였으며 과실의 중간부분에서 일부 잘라낸 다음 즙을 이용하여 측정하였다. 동일한 계통 내 반복되는 개체가 있을 경우 표현형 수치 별로 평균과 표준편차를 계산하였다.

(나) HPLC를 이용한 라이코펜 함량 측정

2015년 고-라이코펜 NIL(DRDSBA, DRDSBA)과 NIL 육성에 이용된 세 가지 계통(DRD, 45NC, SBA)은 수정 후 10일, 20일, 30일, 40일째 수확한 과실에서 라이코펜 함량을 분석하였으며 일자마다 최소 두 개의 과실을 수확하였다. 한 과실 당 두 개의 샘플을 채취하였으며 종자를 제외한 다음 50mL tube에 담아 약 5일간 동결건조를 수행하였다. 함량 분석 시에는 서

로 다른 과실에서 하나의 샘플씩을 뽑았으며 전체 라이코펜 함량을 2회 이상 반복 측정하였다. 2016년 계통의 경우 수정 후 40일째 수확한 과실에서 라이코펜 함량 분석을 수행하였으며 표현형 조사 시 사진 촬영을 하지 않은 부분에서 과실 일부를 자른 뒤 종자를 제거하고 지퍼백에 넣어 동결건조를 시행하였다. 각 계통별 4~7개의 과실을 반복하여 분석하였다. HPLC(High-performance liquid chromatography) 성분분석은 아래와 같이 진행되었다.

시료의 전처리: 동결건조 후 블랜더를 이용해 잘게 파쇄 한 수박 0.1g 을 screw-tap tube에 담고 bead와 샘플의 부피비가 1:1 비율이 되도록 넣었다. 0.5mM BHT(Butylrad Hydroxytoluen)가 들어있는 ethanol 1mL을 넣어준 뒤 bead better에 넣고 2분 30초간 강하게 흔들어 주었다. tube에 있는 ethanol과 sample, bead를 15mL tube로 전부 옮기고 screw tap tube에 남아 있는 것은 acetone 1mL씩 3번 washing 하여 15mL tube에 옮겼다. 여기에 15mL petrol ether 3ml을 넣고 vortexing 해준 뒤 20% NaCl을 8mL을 넣고 vortexing 하였다. 3000rpm으로 10분동안 centrifuge하고 상층액만을 따서 담고, mass up을 해준 뒤 Na₂SO₄를 넣고 필터(PTFE, 13 mm, 0.2 μm; Advantec, USA)를 통과시켜 최종적으로 분석시료를 준비하였다

HPLC를 이용한 라이코펜 정량분석: 라이코펜 함량은 역상컬럼(Kinetex 2.6 μm, C18 100A, 100×4.60 mm; Phenomenex, Torrance, CA, USA)을 장착한 액체크로마토그래피 시스템(UltiMate 3000RS; UltiMate, Torrance, CA, US)을 이용하여 분석하여 정량하였다. 이동상 A는 78% methanol을, B는 100% ethyl acetate을 이용하였다. 분리조건은 0-8분, 70% B; 8-10분, 60% B; 10-12분, 100% B; 12-14.01분, 0% B; 14.01-20분, 100% B로 하였으며 유속은 분당 1 mL로 하였다. 정량을 위한 표준품은 lycopene(Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA)를 이용하였고 289nm, 450nm, 660nm에서 흡광도를 측정하여 라이코펜의 함량을 정량하였다.

(다) NGS를 이용한 게놈서열재분석(resequencing)

19개 수박 계통에 대하여 NGS 기반의 전장유전체서열 재분석(whole genome resequencing)을 수행하였다. NGS을 위한 DNA 추출은 phenol을 통한 CTAB 방법(Hwang et al., 2010)을 이용하였다. 추출한 genomic DNA의 농도와 순도는 spectrophotometer(Infinium F-200, Nanodrop, Illumina Inc, San Diego, CA, USA), fluorometer(Qubit, Thermo Fisher Scientific Inc, Waltham, MA, USA), 그리고 agarose gel 전기영동을 통해 확인한 후 농도는 spectrophotometer와 fluorometer 두 가지 모두에서 30ng/uL 이상을 기준으로 하였으며 순도는 260/280이 1.6-2.2 사이의 수치이며 260/230이 1.6 이상의 수치가 되게 하였다. Quality check 과정을 통과한 sample에 대하여 (주씨더스(대전)에 의뢰하여 whole genome resequencing을 아래의 순서로 수행하였다. Illumina의 Hiseq2000과 Nextseq 두 가지를 이용하여 short read를

생성하였다. paired-end sequencing(2 x 100-150bp) 방식을 이용하였고 수박의 참조유전체서열의 크기인 350Mb의 20배에 달하는 read들이 생성되었다. 생성된 read의 quality를 check와 trimming 과정을 포함하는 sequence pre-processing 과정을 진행하였다. 이 과정을 거치지 않은 read mapping의 경우 mapping 영역에서 mismatch가 많이 발생하고 잘못된 SNP가 calling 되는 문제가 발생하기 때문에 trimming 과정을 거쳐 확보된 read만 향후 분석에 이용하였다. Reads trimming은 SolexaQA package(v.1.13)의 DynamicTrim과 Lengthsort 두 가지 툴을 이용하여 다음 세 가지 기준에 의하여 수행되었다. 우선 0에서 1 사이의 값으로 나타나는 probability value가 0.05 이상인 것을 선발하였으며 DynamicTrim을 이용하여 phred score이 20 이상인 read들만 선발하였다. phred score는 각 base의 신뢰성을 수치로 표현하여 base calling이 얼마나 정확한지 나타내며 0에서 40 사이의 값으로 나타난다. 마지막으로 Lengthsort를 이용하여 최소 길이가 25bp 이상인 read들을 선발하였다. 이후 수박 표준유전체(97103 v1)에 mapping하여 raw SNP를 탐색하였다. 각 DNA sample의 raw SNP를 이용하여 통합 SNP matrix를 작성하고 SNP matrix에서 필터 기준(read depth 3 이상, mapping quality 30 이상, biallelic SNP(In/Del), unmapped read 제외)에 미달되는 경우 후보대상에서 제거하였다. 필터링 된 SNP는 read depth를 기준으로 Homozygous(read depth \geq 90)/Heterozygous($40\% \leq$ read depth \leq 60%)/기타(Homozygous/Heterozygous로 구분할 수 없는 경우)로 구분하였다.

(라) NIL 내 공여친 염색체 도입영역의 추정

NIL에서 고-라이코펜 공여친의 염색체 이입영역(donor-parent chromosome introgression region)을 추정하기 위하여 resequencing 된 각 NIL의 전체 게놈정보를 1Mb 간격으로 나눈 다음 각 간격 내 공여친인 DRD에서 유래한 SNP의 비율을 확인하였다. ‘공여친염색체 이입영역’은 여교잡을 통해 이입된 NIL 내 공여친의 염색체 영역을 의미하므로 NIL 게놈내에서 DRD의 SNP 빈도가 극단적으로 높은 영역(1 Mb 영역내의 반복친과 공여친간 SNP 중에서 공여친의 SNP 비율이 10% 이상인 영역)으로 추정하였다. 또한 NIL 간 비교를 통하여 공통적으로 나타나는 영역을 ‘공여친염색체 공통이입영역’으로 설정하였다. 한 염색체 내에 공여친염색체 이입영역이 여러 개 존재할 경우 위치에 따라 Chr1-1, Chr1-2와 같은 순으로 설정하였다.

(마) 라이코펜 고품량 연관 분자마커 개발

라이코펜(lycopene) 함량과 관련된 마커는 1) NIL인 DRD45NC와 DRDSBA-1(BC3F6) 각각의 공여친염색체 이입영역(donor-parent chromosome introgression region), 2) 이들 NIL에서 공통

으로 나타나는 Introgression 영역, 그리고 3) 3번째 NIL인 DRDSBA-2(BC2F9)까지 포함하여 공통으로 나타나는 공여친염색체 이입영역의 SNP로부터 디자인하였다. 또한 4) 수박 과실 내의 라이코펜의 생합성경로에 포함되는 40개의 후보 유전자(Grassi et al., 2013) 중 물리적 위치가 공여친염색체 이입영역에 포함된 유전자 내 SNP를 마커 개발 대상으로 하였다. 프라이머는 표준 유전체 서열을 이용하여 디자인하였으며 다음과 같은 기준을 적용하였다. 1) 양쪽 프라이머의 길이가 18-24bp, 2) melting 온도가 55-65도, 두 가지의 기준을 적용하여 primer3에서 디자인하였다. 공여친염색체 이입영역 내 마커를 선발할 때에는 다음과 같은 기준을 적용하였다; 1) genic한 영역 중에서도 CDS와 Promoter 영역의 SNP를 우선 선발, 2) 공여친, 반복친, NIL 모두에서 sequencing depth가 10 이상, 3) 1 Mb 게놈 영역 내에서 100,000bp의 간격으로 균등히 분포한 마커. 세 가지의 기준을 만족하는 마커를 이용하여 라이코펜의 함량과 과육색에서 차이를 보이는 계통에 대하여 PCR 분석을 수행하였다. PCR 분석은 10ng genomic DNA, 각 0.3 μ M의 Forward, Reverse primer, 1X PCR buffer, 0.2mM dNTPs와 0.5U of Taq polymerase(Solgent, Daejeon, Korea), 의 조성으로 총 volume은 20 μ L으로 수행하였다. PCR 조건은 Touch-down 방법으로 1 cycle은 95 $^{\circ}$ C에서 5분, 이후 95 $^{\circ}$ C에서 15초, 65 $^{\circ}$ C에서 30초(cycle 2-10까지 각 cycle마다 0.5 $^{\circ}$ C씩 감소), 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 증폭시키고 이 과정을 10 cycle 동안 반복하였다. 이후 95 $^{\circ}$ C에서 15초, 60 $^{\circ}$ C에서 30초, 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 증폭시키는 과정을 35 cycle 수행하고 post-extension 과정을 72 $^{\circ}$ C에서 3분간 수행하였다. PCR 증폭산물의 restriction enzyme digestion은 제조사(New England BioLabs, Inc., Ipswich, MA, USA) 의 프로토콜 에 따라 수행하였다. 전기영동 과정은 1X TAE buffer에 2% agarose gel을 이용하였으며 180V에서 약 1시간 동안 전기영동하였다. 이후 ethidium bromide staining 과정을 거치고 ultraviolet light를 통하여 확인하였다.

반복친과 NIL 사이에 다형성을 나타내는 마커를 선발하였으며 선발된 마커를 이용하여 2016년 정식한 24개의 계통을 평가하였다. 이후 마커 와 표현형간의 상관관계를 분석하였다.

(바) 마커-표현형 연관분석

공여친 염색체 이입영역 내의 마커를 이용하여 24개 수박 계통의 유전자형을 분석하였다. 증폭 산물이 명확한 것만 판독하였으며 CAPS 마커의 경우 공여친의 유전자형을 따르는 경우 “1” 과 반복친의 유전자형을 따르는 경우 “0” 으로 genotyping하여 data matrix를 작성하였다. 마커와 표현형 간의 상관관계를 분석하기 위하여 EXCEL 2013의 데이터 분석을 이용하였으며 유의수준을 0.05로 설정하여 일원배치분산분석(ONE-WAY ANOVA)을 수행하였다. 또한 변수 간의 상관관계 정도를 나타내기 위하여 ‘CORREL’ 함수를 이용하여 상관계수를 산출하

였다.

나. 연구결과

(1) 표현형 분석

(가) 과육색도 측정

2016년 정식한 24개의 계통에 대한 색도계를 이용하여 과실 단면의 중앙부분과 끝 부분에서 각각 1회씩 과육색도를 측정하였다. 색도계 측정 시 L, a, b 세 가지의 값으로 나타나며 ‘L’ 값은 명도, ‘a’ 값은 적색도, ‘b’ 값은 황색도를 나타낸다(Table 3). 과육색과 라이코펜 함량 간의 상관관계를 분석하기 위하여 SAS program(SAS institute, SAS Enterprise 6.1)을 이용하여 두 변수 사이의 상관분석을 수행하였다. 두 변수 간의 상관계수가 0.26608과 0.2089로 두 변수 간의 상관성이 크게 나타나지는 않았다. 일반적으로 과육색이 붉을수록 라이코펜의 함량이 높다는 인식이 많기 때문에 실제 계통 선발 시 과육색을 이용하여 선발하게 된다. 과육색도와 라이코펜의 함량 간의 상관관계 분석 결과 두 변수 사이의 상관성이 크지 않으므로 향후 효율적인 육종을 위하여 과육색 이외에 새로운 선발 방법을 찾아야 한다.

Table 3. The result of phenotype analysis for watermelon lines used in this study.

| Line | Lycopene content (µg/g) | Average | | | | | | |
|-----------------------|-------------------------|---------|-----------------|-------|-------------|-------|-------|-------|
| | | Weight | Center (L.a.b)_ | | End(L.a.b)_ | | | |
| DRD | 589.45 | 5838.4 | 45.8 | 32.4 | 22.6 | 41.0 | 32.4 | 21.1 |
| DRDSBA1(BC3F6) | 458.19 | 5493.7 | 39.7 | 25.9 | 14.2 | 43.4 | 24.8 | 15.2 |
| DrdSBB(BC3F9) | 344.00 | 4315.4 | 43.0 | 26.3 | 16.7 | 41.3 | 27.6 | 17.2 |
| DrdNT(2X)BC2F5 | 229.05 | 5097.0 | 42.4 | 31.8 | 19.4 | 42.8 | 27.0 | 17.1 |
| Ns514 | 388.90 | 5030.0 | 38.4 | 26.8 | 17.8 | 39.9 | 26.8 | 16.5 |
| Ns516 | 616.49 | 5773.67 | 37.46 | 32.10 | 16.99 | 40.59 | 30.50 | 18.49 |
| Drf5819 | 520.63 | 5493.67 | 41.22 | 36.21 | 21.07 | 44.02 | 32.27 | 19.15 |
| D R D S B A 2 (bc2F9) | 340.14 | 5042.3 | 50.5 | 20.9 | 14.8 | 50.8 | 18.8 | 13.4 |
| DRD45NC | 359.04 | 4382.4 | 46.4 | 29.3 | 20.0 | 49.4 | 26.4 | 17.8 |
| DrHS4105 | 270.11 | 4528.0 | 49.2 | 28.9 | 18.5 | 44.6 | 26.1 | 15.5 |
| 52192 | 194.00 | 5837.7 | 41.6 | 29.9 | 15.9 | 42.8 | 31.9 | 18.5 |
| SBA | 311.67 | 6793.00 | 48.83 | 25.42 | 15.15 | 49.29 | 21.21 | 13.18 |
| 45NC | 222.31 | 4866.8 | 44.4 | 25.8 | 15.6 | 43.4 | 25.0 | 14.5 |
| SBB | 170.90 | 5948.3 | 42.4 | 27.5 | 16.0 | 43.0 | 25.5 | 14.5 |
| DRDSBA x SBA F1 | 191.35 | 6181.0 | 50.5 | 20.0 | 11.6 | 49.8 | 23.5 | 12.1 |
| Pink variety | 190.49 | 5597.7 | 45.8 | 24.8 | 13.9 | 44.6 | 25.6 | 13.9 |
| 52192 x Drf5819 | 135.29 | 6625.7 | 38.5 | 31.6 | 19.0 | 40.7 | 34.3 | 20.5 |
| DRD45NC x Drf5819 | 212.51 | 6096.6 | 41.6 | 31.4 | 20.1 | 43.7 | 34.3 | 21.8 |
| D r d S B A (bc2F9) x | 214.35 | 6008.3 | 41.4 | 30.2 | 17.8 | 39.3 | 31.3 | 17.4 |

| | | | | | | | | | |
|----------------------------|--------|--------|------|------|------|------|------|------|--|
| Drf5819 | | | | | | | | | |
| DrHS4105 x 52192 | 209.85 | 5947.7 | 39.1 | 28.5 | 15.1 | 41.6 | 30.4 | 16.3 | |
| Dr d S B A (bc2F9) x Ns514 | 228.80 | 6360.9 | 42.3 | 27.0 | 16.7 | 41.9 | 28.5 | 17.1 | |
| Dr d NT(2X)BC 2F5 x SBA | 168.97 | 4807.3 | 38.8 | 25.1 | 15.1 | 42.3 | 26.2 | 15.8 | |
| SBA x 52192 | 189.62 | 6636.5 | 43.2 | 27.6 | 14.8 | 45.4 | 27.6 | 13.7 | |
| Dangdanghan | 130.15 | 4778.0 | 43.3 | 24.3 | 13.9 | 44.4 | 22.8 | 11.8 | |

(나) HPLC를 이용한 라이코펜 함량 측정

수박 과육에서의 라이코펜 함량 분석은 충남대학교에서 이루어졌으며 각 계통당 최소 2개 이상의 과실에서 샘플을 채취하였으며 각 샘플에 대하여 2회 이상 측정하여 평균값과 표준편차를 계산하였다

라이코펜의 함량에서 차이를 나타내는 두 가지 계통과 계통 간 여교배를 이용하여 만들어진 고라이코펜 함량 NIL의 건물중 기준 라이코펜 함량을 나타내었다. NIL 개발 시 공여친으로 이용된 고라이코펜 계통인 DRD의 경우 $652.26 \mu\text{g/g}$ 이며 반복친으로 이용된 SBA와 45NC는 각각 $349.52 \mu\text{g/g}$, $249.80 \mu\text{g/g}$ 의 함량을 나타낸다. DRD와 SBA를 이용하여 만들어진 두 가지 NIL의 함량을 살펴보면 $458.19 \mu\text{g/g}$ 과 $428.69 \mu\text{g/g}$ 으로 반복친과 공여친 사이의 함량을 나타내며 반복친보다 공여친에 더 가까운 값을 나타냄을 알 수 있었다. 이는 DRD45NC의 경우에도 동일하게 확인된다(Fig. 1, 2).



Fig 1. Comparison of lycopene content($\mu\text{g/g}$ dry weight) among DRD,SBA and DRDSBA

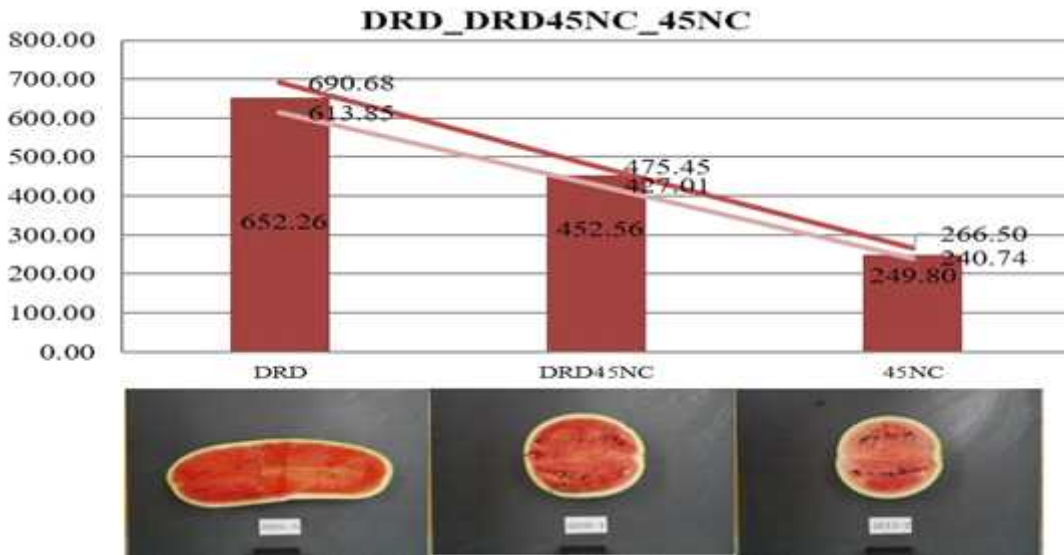


Fig. 2. Comparison of lycopene content($\mu\text{g/g}$ dry weight) among DRD,45NC and DRD45NC(NIL)

2016년 정식된 24개 계통에 대하여 라이코펜 함량을 분석하였다. 차트 내 막대의 색은 예상 라이코펜 함량을 나타내고 있다. Low, Medium, High 세 가지의 기준으로 나누었으며 24개의 계통들은 라이코펜 함량에 따라 정렬되어있다. 라이코펜 함량이 높은 것으로 예상되어지는 계통 들인 ‘Ns516’ 과 ‘Drf5819’ 에서 실제 함량 역시 높게 나타남을 확인할 수 있다(Fig 3).

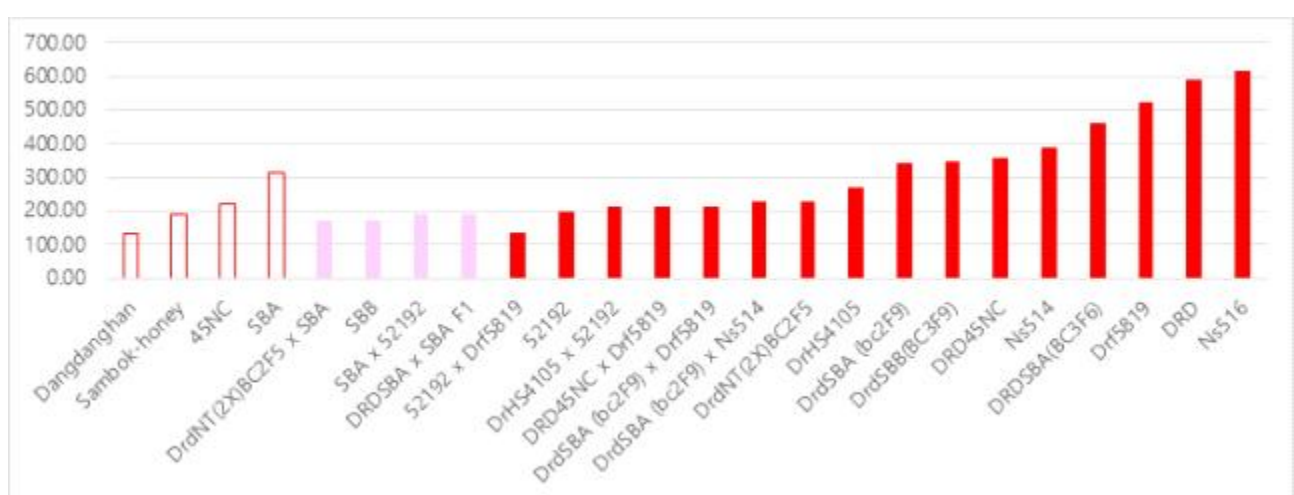


Fig. 3. Comparison of lycopene content($\mu\text{g/g}$ dry weight) among 24 watermelon lines

(2) 계통분석

(가) NGS를 이용한 계놈서열재분석(resequencing)

NIL 육성에 이용된 부모본과 NIL의 전장유전체 서열 재분석을 수행하였다. 19개 계통의 전장 유전체 서열 재분석과 동일한 방법으로 수행되었으며 각 계통별 NGS를 통해 각 계통의 DNA sample 별로 생성된 read의 수, read들의 평균 길이, 생성된 read들의 전체 길이 및 genome coverage는 아래와 같다. Read의 수는 최소 64,063,731(DRD45NC)개에서 최대 90,924,829개이며 read의 평균 길이는 모든 계통에서 101bp로 동일하게 나타났다. 전체 read의 길이는 최소 6,470,426,731bp에서 최대 9,183,407,429bp였다. 전체 read의 길이로 표준유전체 서열의 크기를 나눈 값인 Genome coverage의 경우 최소 38.24X(DRD)에서 최대 51.70X(SBA)을 나타냈다 (Table 4, 5) .

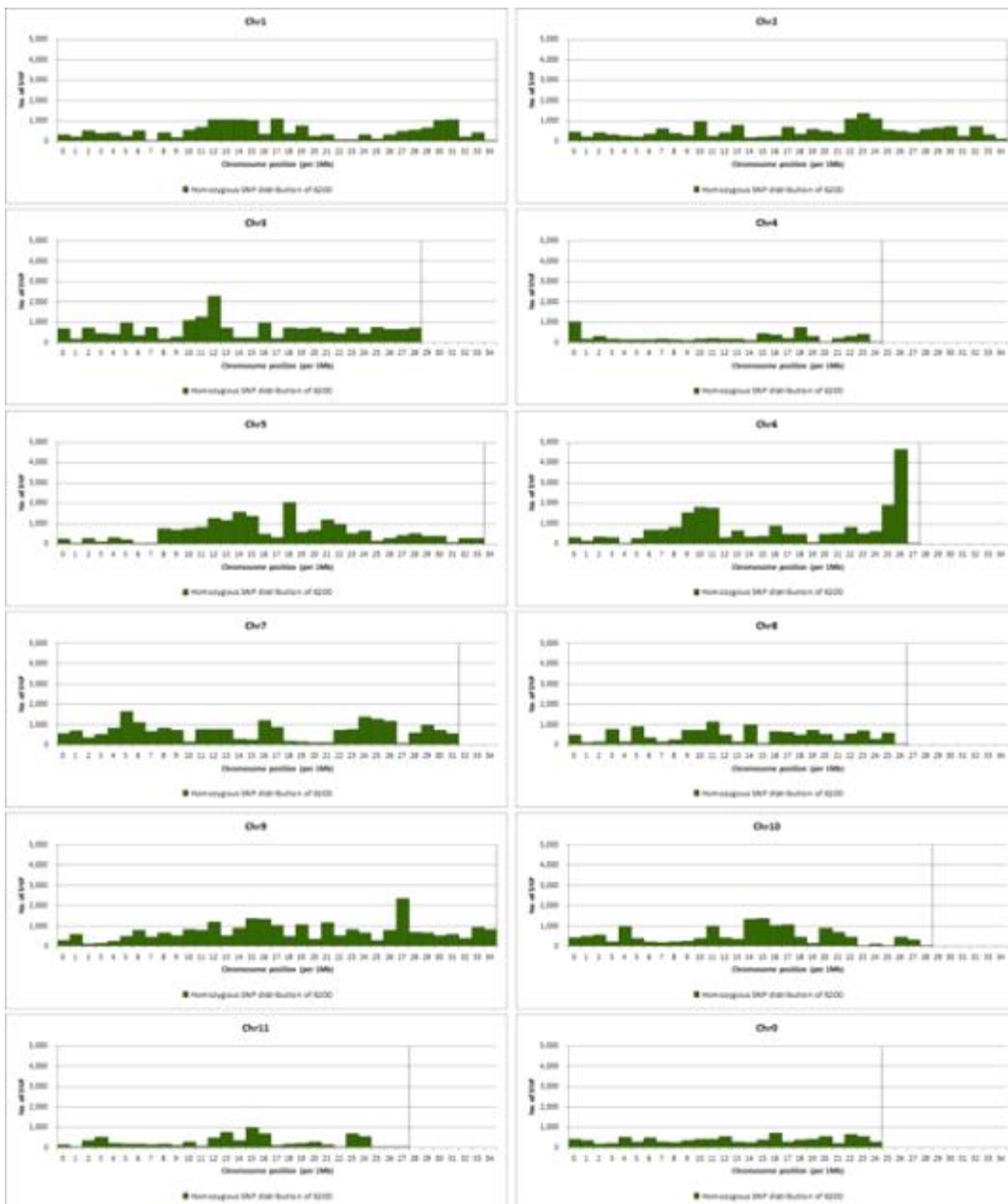
Table 4. Summary of sequencing raw data for parental lines and near isogenic lines

| Samples | No. of Reads | Avg. length | Total length (bp) | Genome coverage |
|---------|--------------|-------------|-------------------|-----------------|
| DRD | 67,256,082 | 101 | 6,792,864,282 | ≒38.24X |
| | 67,256,082 | 101 | 6,792,864,282 | |
| DRD45NC | 64,063,631 | 101 | 6,470,426,731 | ≒36.43X |
| | 64,063,631 | 101 | 6,470,426,731 | |
| 45NC | 65,985,958 | 101 | 6,664,581,758 | ≒37.52X |
| | 65,985,958 | 101 | 6,664,581,758 | |
| SBA | 90,924,829 | 101 | 9,183,407,729 | ≒51.70X |
| | 90,924,829 | 101 | 9,183,407,729 | |
| DRDSBA1 | 68,560,434 | 101 | 6,924,603,834 | ≒32.59X |
| | 68,560,434 | 101 | 6,924,603,834 | |
| DRDSBA2 | 78,096,842 | 101 | 7,887,781,042 | ≒44.41X |
| | 78,096,842 | 101 | 7,887,781,042 | |

Table 5. Summary of sequencing trimmed data for parental lines and near isogenic lines.

| Samples | No. of Reads | Avg. length | Total length (bp) | Trimmed/Raw* | Genome coverage* |
|---------|--------------|-------------|-------------------|--------------|------------------|
| DRD | 60,687,157 | 92.83 | 5,633,580,618 | 82.93% | ≒31.00X |
| | 60,687,157 | 88.66 | 5,380,721,572 | 79.21% | |
| DRD45NC | 58,362,871 | 92.77 | 5,414,155,699 | 83.68% | ≒29.88X |
| | 58,362,871 | 89.13 | 5,201,822,905 | 80.39% | |

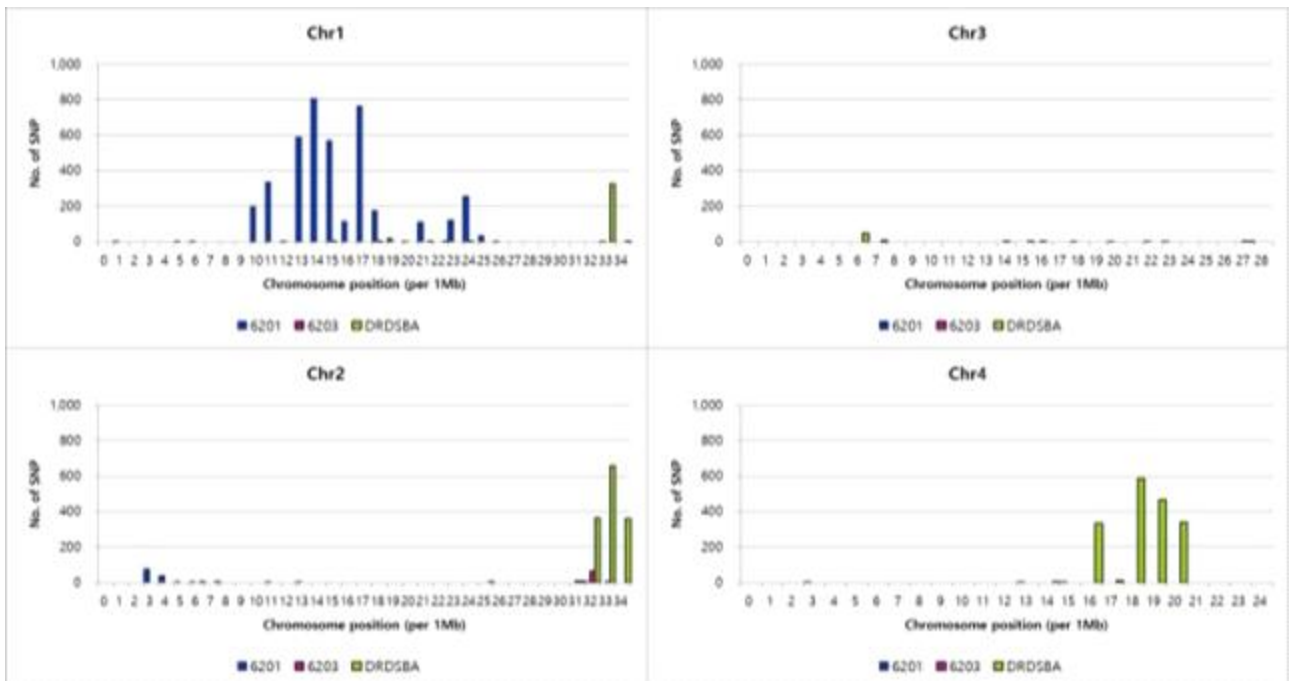
| | | | | | |
|---------|------------|-------|---------------|--------|----------|
| 45NC | 59,937,445 | 92.84 | 5,564,490,041 | 83.49% | ≈ 30.69X |
| | 59,937,445 | 89.03 | 5,336,458,254 | 80.07% | |
| SBA | 82,619,945 | 92.61 | 7,651,202,164 | 83.32% | ≈ 42.20X |
| | 82,619,945 | 88.85 | 7,341,038,674 | 79.94% | |
| DRDSBA1 | 56,504,203 | 95.43 | 5,392,012,757 | 77.87% | ≈ 24.45X |
| | 56,504,203 | 88.48 | 4,999,231,394 | 72.20% | |
| DRDSBA2 | 71,316,685 | 92.72 | 6,612,477,001 | 83.83% | ≈ 36.52X |
| | 71,316,685 | 89.19 | 6,360,857,518 | 80.64% | |



| NIL계통(6201) 염색체 | 공여친(6200) 유래 SNP | 반복친(6202) SNP | 공여친(6200) 유래 In/Del | 반복친(6202) In/Del |
|-----------------|------------------|---------------|---------------------|------------------|
| Chr1 | 4,114 | 12,414 | 137 | 532 |
| Chr2 | 123 | 17,895 | 12 | 936 |
| Chr3 | 7 | 22,779 | 3 | 1,021 |
| Chr4 | 3 | 8,859 | 1 | 388 |
| Chr5 | 10 | 16,064 | 4 | 829 |
| Chr6 | 2,209 | 17,919 | 114 | 1,078 |
| Chr7 | 2 | 18,679 | 3 | 1,031 |
| Chr8 | 3 | 9,941 | 0 | 548 |
| Chr9 | 3,367 | 17,909 | 147 | 948 |
| Chr10 | 1,175 | 15,892 | 82 | 784 |
| Chr11 | 4 | 13,089 | 3 | 563 |
| Chr0 | 608 | 4,415 | 24 | 155 |
| Total | 11,625 | 175,855 | 530 | 8,813 |

(나) NIL 내 공여친 염색체 도입영역의 추정

세 가지의 NIL의 각 염색체를 1Mb 간격으로 나눈 다음 영역 별로 공여친으로부터 유래한 SNP의 개수를 표시하였다. 전체 SNP 중 공여친으로부터 유래된 SNP가 10%를 넘는 경우 해당 영역을 ‘공여친염색체 이입영역’ 으로 추정하였다. DRD45NC와 DRDSBA1(BC3F6) 사이의 공통 영역은 Chr6, Chr9, Chr10에서 DRD45NC, DRDSBA1(BC3F6), DRDSBA2(BC2F9) 세 가지 NIL에서의 공통 영역은 Chr9와 Chr10에서 나타났다(Fig. 5).



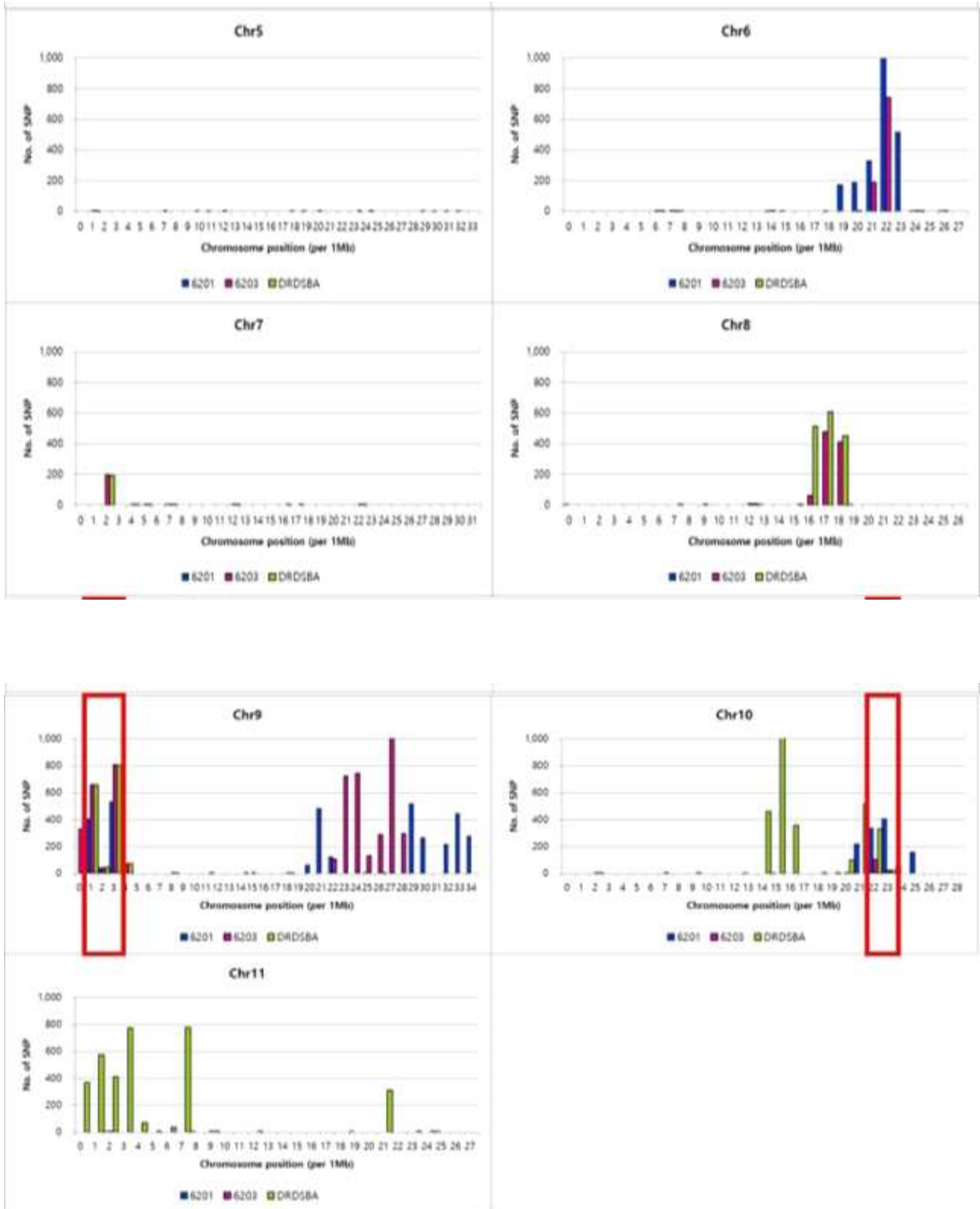


Fig. 5. The patterns of SNP distribution per 1Mb in the NILs revealed by whole genome resequencing

(3) 라이코펜 연관 분자마커 개발

(가) 공여친염색체 이입영역 및 라이코펜 생합성 유전자로부터 마커개발

라이코펜 함량과 연관된 마커 개발은 DRD45NC와 DRDSBA1(BC3F6) 각각 공여친염색체 이입 영역과 두 NIL 사이의 공여친염색체 공통이입영역(Chr6, Chr9, Chr10), 추가로 전장유전체염기 서열 재분석을 수행한 DRDSBA2(BC2F9)까지 세 가지의 NIL에서 공통으로 발생한 영역(Chr9, Chr10), 그리고 라이코펜의 생합성 경로에 있는 후보 유전자들에 대하여 이루어졌다. 일정한 기준을 통해 마커를 선발하고 NIL의 부모본으로 이용 되어진 세 가지의 계통과 개발된 라이코펜 고함량 NIL을 이용하여 마커를 검정하였다. NIL과 반복친 사이 Polymorphism이 확인하고 이후 분석을 수행하였다. 각 영역별로 선발된 마커의 정보는 아래와 같다. Primer의 이름과 Target SNP의 위치, Marker type을 표시하였다. Polymorphism 여부를 표시할 때는 NIL과 반복친 사이의 Polymorphism을 기준으로 하였으며 DRD45NC와 DRDSBA1 사이의 공여친염색체 공통이입영역의 경우 DRD45NC와 45NC 사이, DRDSBA1과 SBA 사이에서 모두 polymorphic한 경우 ‘polymorphic’ 으로 표기하였다. 마지막으로 Primer sequence와 CAPS marker의 경우 해당 Enzyme을 표시하였다(Table 6, 7, 8, 9).

Table 6. The DNA markers developed from the introgression region of DRD45NC.

| Introgression region | | Primer | Target pos. | Marker type |
|----------------------|------------------------|--------|-------------|-------------|
| Chromosome | Physical locaiton (bp) | | | |
| Chr1-1 | 10,000,001-20,000,000 | Ly1 | 13,697,062 | CAPS |
| | | Ly2 | 15,060,586 | CAPS |
| | | Ly3 | 16,942,784 | CAPS |
| | | Ly4 | 18,247,576 | CAPS |
| Chr1-2 | 21,000,001-26,000,000 | Ly5 | 23,825,956 | CAPS |
| | | Ly6 | 25,494,787 | CAPS |
| | | Ly7 | 4,236,329 | CAPS |
| Chr2-1 | 3,000,001-5,000,000 | | | |
| Chr3-1 | 20,000,001-21,000,000 | | | |
| Chr4-1 | 13,000,001-14,000,000 | | | |
| Chr4-2 | 15,000,001-16,000,000 | | | |
| Chr5-1 | 10,000,001-11,000,000 | Ly8 | 10,699,803 | CAPS |
| Chr5-2 | 32,000,001-33,000,000 | | | |
| Chr6-1 | 19,000,001-24,000,000 | Ly9 | 19,148,020 | CAPS |
| | | Ly10 | 20,739,159 | CAPS |
| | | Ly11 | 21,940,652 | CAPS |
| | | Ly12 | 22,325,183 | CAPS |

| | | | | |
|---------|-----------------------|------|------------|------|
| | | Ly13 | 23,672,737 | CAPS |
| Chr8-1 | 13,000,001-14,000,000 | | | |
| Chr9-1 | 1,000,001-4,000,000 | Ly14 | 1,379,274 | CAPS |
| | | Ly15 | 1,653,586 | CAPS |
| | | Ly16 | 2,006,553 | CAPS |
| | | Ly17 | 3,116,291 | CAPS |
| Chr9-2 | 20,000,001-23,000,000 | Ly18 | 21,782,387 | CAPS |
| Chr9-3 | 25,000,001-27,000,000 | | | |
| Chr9-4 | 29,000,001-31,000,000 | Ly50 | 29,434,903 | SCAR |
| | | Ly19 | 29,664,665 | CAPS |
| | | Ly20 | 30,035,179 | CAPS |
| Chr9-5 | 32,000,001-35,000,000 | Ly21 | 32,833,178 | CAPS |
| | | Ly22 | 33,870,136 | CAPS |
| | | Ly23 | 21,571,317 | CAPS |
| Chr10-1 | 21,000,001-26,000,000 | Ly24 | 22,393,132 | CAPS |
| | | Ly25 | 23,381,360 | CAPS |

Table 7. The DNA markers developed from the introgression region of DRDSBA1(BC3F6).

| Introgression region | | Primer | Target pos. | Marker type |
|----------------------|------------------------|--------|-------------|-------------|
| Chromosome | Physical locaiton (bp) | | | |
| Chr2-1 | 32,000,001-33,000,000 | Ly26 | 32,229,889 | CAPS |
| Chr6-1 | 7,000,001-8,000,000 | Ly27 | 7,394,836 | CAPS |
| Chr6-2 | 21,000,001-23,000,000 | Ly28 | 21,940,652 | CAPS |
| | | Ly29 | 22,033,312 | CAPS |
| | | Ly30 | 22,312,050 | CAPS |
| | | Ly31 | 22,468,690 | CAPS |
| Chr7-1 | 2,000,001-3,000,000 | Ly32 | 2,792,250 | CAPS |
| Chr8-1 | 16,000,001-19,000,000 | Ly33 | 16,945,988 | CAPS |
| | | Ly51 | 17,219,345 | SCAR |
| | | Ly52 | 17,312,413 | SCAR |
| | | Ly34 | 17,322,455 | CAPS |
| | | Ly35 | 18,298,244 | CAPS |
| | | Ly36 | 18,594,225 | CAPS |
| | | Ly37 | 18,750,709 | CAPS |
| Chr9-1 | 0-5,000,000 | Ly38 | 727,438 | CAPS |
| | | Ly39 | 1,187,537 | CAPS |

| | | | | | |
|---------|-----------------------|--|------|------------|------|
| | | | Ly40 | 1,983,851 | CAPS |
| | | | Ly41 | 3,164,923 | CAPS |
| | | | Ly42 | 3,828,408 | CAPS |
| Chr9-2 | 22,000,001-29,000,000 | | Ly43 | 23,691,744 | CAPS |
| | | | Ly53 | 24,264,065 | SCAR |
| | | | Ly44 | 24,264,832 | CAPS |
| | | | Ly45 | 26,927,801 | CAPS |
| | | | Ly46 | 27,355,524 | CAPS |
| | | | Ly47 | 28,018,390 | CAPS |
| Chr10-1 | 22,000,001-23,000,000 | | Ly48 | 22,770,086 | CAPS |
| | | | Ly49 | 23,090,020 | CAPS |

Table 8. The DNA markers developed from the co-introgression region of DRD45NC and DRDSBA1.

| Introgression region | | Primer | Target pos. | Marker type |
|----------------------|------------------------|--------|-------------|-------------|
| Chromosome | Physical locaiton (bp) | | | |
| Chr.6-1 | 21,000,001-23,000,000 | 18787 | 22,098,206 | HRM |
| | | 18806 | 22,325,183 | CAPS |
| | | 18829 | 22,516,029 | HRM |
| Chr.9-1 | 1,000,001-4,000,000 | 15465 | 1,355,610 | HRM |
| | | 15437 | 1,542,925 | CAPS |
| | | 15426 | 1,654,242 | HRM |
| | | 15405 | 1,872,994 | CAPS |
| | | 15389 | 1,984,149 | HRM |
| | | 15259 | 3,105,704 | CAPS |
| | | 15240 | 3,269,384 | HRM |
| | | 15218 | 3,428,490 | CAPS |
| | | 15197 | 3,579,501 | HRM |
| Chr.9-2 | 22,000,001-23,000,000 | 15192 | 3,640,256 | CAPS |
| | | | | |
| Chr.10-1 | 22,000,001-24,000,000 | 17455 | 22,746,295 | CAPS |
| | | 17468 | 22,903,229 | HRM |

Table 9. The DNA markers developed from the co-introgression region of DRD45NC, DRDSBA1(BC3F6), and DRDSBA2(BC2F9).

| Introgression region | | Primer | Target pos. | Marker type |
|----------------------|------------------------|--------|-------------|-------------|
| Chr. | Physical locaiton (bp) | | | |
| | | | | |

| | | | | |
|---------|-----------------------|---------|------------|------|
| Chr9-1 | 1,000,001-4,000,000 | C015432 | 1,578,424 | CAPS |
| | | C015424 | 1,660,848 | CAPS |
| | | C015408 | 1,824,703 | CAPS |
| | | C015269 | 3,027,364 | CAPS |
| | | C015193 | 3,626,431 | CAPS |
| Chr10-1 | 22,000,001-24,000,000 | C017455 | 22,746,295 | CAPS |
| | | C017463 | 22,832,498 | CAPS |
| | | H017482 | 22,994,892 | HRM |

라이코펜 생합성 후보 유전자 40개는 Gene의 이름과 Annotation, Reference 에서의 Physical location 을 표시하고 NIL의 Introgression 영역에 포함될 경우 해당 영역을 나타내었다. 40개의 유전자 중 FPS1(Cla011017)과 HDR(Cla010297) 가 DRD45NC의 Introgression 영역에 포함되며 두 유전자를 이용하여 각각 HRM과 CAPS marker를 개발하였다. Introgression 영역에 포함되지 않지만 반복친과 NIL 사이 염기서열 비교를 통하여 Indel이 확인된 HDS(Cla005033)과 GPS(Cla016251)의 경우 SCAR 마커를 개발하였다. 3개의 부모본과 3개의 라이코펜 고품량 NIL 을 이용하여 polymorphism을 확인하였으며 개발한 마커 중 HDR(Cla010297) 만 예상했던 차이를 나타내었다(Table 10).

Table 10. The DNA markers developed based on candidate genes involved in lycopene synthesis in watermelon.

| Gene | Annotation | Chr | Pos | Introgression region | Marker(Marker Type) |
|-------|------------|-----|-----------------------|----------------------|---------------------|
| CHYB | Cla011420 | 1 | 2,175,737-2,178,579 | | |
| | Cla010997 | 1 | 17,149,677-17,155,728 | | |
| FPS1 | Cla011017 | 1 | 17,744,015-17,745,728 | Chr.1-1 | Cla011017(HRM) |
| PSY | Cla009122 | 1 | 22,839,335-22,842,220 | | |
| | Cla009779 | 1 | 32,813,150-32,814,964 | | |
| ACAT2 | Cla015696 | 2 | 2,690,604-2,692,989 | | |
| | Cla015963 | 2 | 5,497,699-5,501,247 | | |
| | Cla019880 | 2 | 21,701,167-21,707,677 | | |
| GGPS | Cla020121 | 2 | 24,486,574-24,487,665 | | |
| ZEP | Cla020214 | 2 | 25,769,248-25,775,835 | | |
| HDS | Cla005033 | 3 | 2,265,355-2,271,271 | - | Cla005033(SCAR) |
| IDI1 | Cla009550 | 3 | 15,844,720-15,846,061 | | |
| CMK | Cla011088 | 3 | 25,033,845-25,037,956 | | |
| LCYB | Cla005011 | 4 | 8,886,138-8,887,652 | | |
| | Cla006149 | 5 | 7,380,894-7,382,757 | | |
| PMD | Cla020496 | 5 | 25,376,368-25,382,368 | | |

| | | | | | |
|--------|-----------|----|-----------------------|---------|-----------------|
| DXS | Cla009346 | 6 | 5,964,155-5,964,589 | | |
| | Cla009347 | 6 | 5,965,066-5,966,551 | | |
| | Cla009348 | 6 | 5,966,988-5,968,416 | | |
| ZDS | Cla003751 | 6 | 13,838,002-13,848,966 | | |
| DXR | Cla019193 | 6 | 25,834,030-25,838,720 | | |
| MDS | Cla014654 | 7 | 22,732,298-22,736,701 | | |
| NCED1 | Cla005404 | 7 | 27,744,190-27,745,926 | | |
| PDS | Cla005425 | 7 | 27,998,336-28,001,515 | | |
| | Cla010898 | 7 | 30,935,926-30,950,506 | | |
| | Cla021910 | 8 | 18,497,045-18,500,146 | | |
| | Cla022299 | 8 | 22,388,443- | | |
| CCD1 | Cla015245 | 9 | 22,596,958-24,841,282 | | |
| PMK | Cla016251 | 9 | 12,853,422-12,858,153 | - | Cla016251(SCAR) |
| GPS | Cla016321 | 9 | 13,649,832-13,650,737 | | |
| HDR | Cla010297 | 9 | 29,145,464-30,713,416 | Chr.9-4 | I010297(CAPS) |
| | Cla003330 | 9 | 32,681,043-34,925,336 | | S010297(HRM) |
| HMGS | Cla001148 | 10 | 3,847,890-3,852,247 | | |
| MVK | Cla005305 | 10 | 5,823,905-5,827,340 | | |
| MCT | Cla004566 | 10 | 10,935,342-10,939,834 | | |
| CRTISO | Cla017593 | 10 | 21,496,991-25,522,657 | | |
| VDE | Cla000667 | 11 | 8,105,731-8,107,080 | | |
| IDI2 | Cla007929 | 11 | 10,604,048-10,609,003 | | |
| LCYE | Cla016840 | 11 | 25,361,589-25,367,138 | | |

Table 17. Genotyping results of the DNA markers developed from introgression regions.

| Chromosome | Maker | Genotyped plants | Polymorphism |
|------------|-------|------------------|-----------------|
| Chr1-1 | Ly1 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly2 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly3 | DRD45NC/45NC | polymorphic |
| | Ly4 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr6-1 | Ly9 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly10 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly11 | DRD45NC/45NC | polymorphic |
| | Ly12 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly13 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr9-1 | Ly14 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly15 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly16 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly17 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr9-2 | Ly18 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr9-4 | Ly50 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |

| | | | |
|---------|-------|-----------------------------|-----------------|
| | Ly19 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly20 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr9-5 | Ly21 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly22 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| | Ly23 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr10-1 | Ly24 | DRD45NC/45NC | polymorphic |
| | Ly25 | DRD45NC/45NC | Non-polymorphic |
| Chr2-1 | Ly26 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| Chr6-1 | Ly27 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| Chr6-2 | Ly28 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly29 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly30 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly31 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| Chr7-1 | Ly32 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| Chr8-1 | Ly33 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly51 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly52 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly34 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly35 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly36 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly37 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | | | Non-polymorphic |
| Chr9-1 | Ly38 | DRDSBA1/SBA | |
| | Ly39 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly40 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly41 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly42 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly43 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly53 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly44 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly45 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly46 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly47 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| | Ly48 | DRDSBA1/SBA | polymorphic |
| | Ly49 | DRDSBA1/SBA | Non-polymorphic |
| Chr.6-1 | 18787 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 18806 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 18829 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Polymorphic |
| Chr.9-1 | 15465 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 15437 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | 15426 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |

| | | | |
|----------|----------------|--------------------------------|-----------------|
| | 15405 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | 15389 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 15259 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | 15240 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 15218 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 15197 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | 15192 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| Chr.10-1 | 17455 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | 17468 | DRD45NC(DRDSBA1)/ 45NC(SBA) | Polymorphic |
| Chr9-1 | C015432 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | C015424 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | C015408 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | C015269 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| | C015193 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Non-Polymorphic |
| Chr10-1 | C017455 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | C017463 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Polymorphic |
| | H017482 | DRD45NC(DRDSBA1,2) & 45NC(SBA) | Polymorphic |
| Chr1-1 | Cla011017(FPS) | DRD/SBA | Non-Polymorphic |
| Chr9-4 | I010297(HDR) | DRD/SBA | Polymorphic |
| | S010297(HDR) | DRD/SBA | Non-Polymorphic |

Table 18. Genotyping results for 24 watermelon inbred lines using DNA marker developed from introgression regions.

| Line | DRD45NC Introgression region | | | | | | | |
|------|------------------------------|--------|--------|---------|---------|--------|--------|--------|
| | Ly1 | Ly3 | Ly11 | C010297 | Ly24 | Ly26 | Ly30 | Ly31 |
| | Chr1-1 | Chr1-1 | Chr6-1 | Chr9-4 | Chr10-1 | Chr2-1 | Chr6-2 | Chr6-2 |
| 1 | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 2 | P | P | R | P | P | R | R | R |
| 3 | P | P | R | P | P | R | R | P |
| 4 | P | - | R | P | P | - | - | H |
| 5 | P | P | R | R | R | R | R | R |
| 6 | P | P | R | R | R | R | R | R |
| 7 | R | P | R | R | P | R | R | R |
| 8 | P | P | H | P | R | R | H | H |
| 9 | P | P | P | P | R | R | P | P |
| 10 | P | P | P | P | P | R | P | P |
| 11 | P | R | P | P | R | R | R | P |
| 12 | P | P | P | P | P | R | P | P |
| 13 | P | P | P | P | P | R | P | P |

| | | | | | | | | |
|----|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 14 | P | P | P | P | P | R | P | P |
| 15 | P | P | H | P | P | R | H | H |
| 16 | P | - | P | P | P | R | H | H |
| 17 | P | R | H | H | P | R | R | H |
| 18 | P | R | H | R | P | R | - | R |
| 19 | R | - | - | - | P | - | R | R |
| 20 | P | R | - | P | P | H | - | P |
| 21 | P | H | H | H | R | H | H | H |
| 22 | P | R | H | P | P | P | H | P |
| 23 | P | R | P | P | P | H | H | P |
| 24 | P | P | P | P | P | H | P | P |

| Line | DRDSBA Introgression regionmarker genotype | | | | | | | | | |
|------|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|--------|--------|
| | Ly33 | Ly34 | Ly39 | Ly41 | Ly42 | Ly43 | Ly47 | Ly48 | Ly51 | Ly53 |
| | Chr8-1 | Chr8-1 | Chr9-1 | Chr9-1 | Chr9-1 | Chr9-2 | Chr9-2 | Chr10-1 | Chr8-1 | Chr9-2 |
| 1 | R | R | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 2 | P | P | R | R | R | R | R | R | P | R |
| 3 | P | P | P | P | P | P | P | P | R | P |
| 4 | P | - | - | P | P | P | P | - | P | P |
| 5 | P | P | R | R | R | R | R | R | P | R |
| 6 | P | P | R | R | R | R | R | R | P | R |
| 7 | R | H | R | R | R | R | R | P | R | R |
| 8 | R | R | R | R | - | P | P | R | R | P |
| 9 | P | P | P | R | P | R | P | P | P | R |
| 10 | R | P | R | R | P | R | R | P | P | R |
| 11 | P | P | P | R | R | R | P | P | P | R |
| 12 | P | P | P | P | P | P | P | P | P | P |
| 13 | P | P | P | P | P | R | P | P | P | R |
| 14 | P | P | P | P | P | P | P | P | R | P |
| 15 | H | H | H | R | R | H | R | H | R | R |
| 16 | H | P | - | P | - | P | - | - | R | P |
| 17 | P | P | - | P | R | R | R | P | R | R |
| 18 | H | H | - | R | H | R | R | H | R | R |
| 19 | R | R | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 20 | R | R | R | R | R | R | P | - | P | R |
| 21 | H | H | R | R | R | H | R | R | R | R |
| 22 | P | P | P | P | P | P | P | P | P | P |
| 23 | P | P | P | H | - | H | P | P | P | R |
| 24 | P | H | H | R | P | P | R | P | R | R |

| Line | DRD45NC&DRDSBA1 Co-Introgression region | | | | DRD45NC&DRDSBA1&DRDSBA2 Co-Introgression | | | |
|------|---|---------|---------|---------|--|---------|---------|---------|
| | C015437 | C015405 | C015259 | C017455 | C015432 | C015424 | C017455 | C017463 |
| | Chr9-1 | Chr9-1 | Chr9-1 | Chr10-1 | Chr9-1 | Chr9-1 | Chr10-1 | Chr10-1 |
| 1 | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 2 | R | H | R | R | R | R | R | R |
| 3 | P | P | P | P | P | P | P | P |
| 4 | P | P | P | P | R | - | P | P |
| 5 | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 6 | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 7 | R | P | R | P | P | R | P | P |
| 8 | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 9 | P | R | R | R | P | P | R | R |
| 10 | R | R | R | P | P | R | P | P |
| 11 | P | P | R | R | P | P | R | R |
| 12 | R | P | H | P | P | P | P | P |
| 13 | R | P | H | P | P | P | P | P |
| 14 | R | P | H | P | P | P | P | P |
| 15 | H | H | H | H | R | H | H | H |
| 16 | R | P | H | P | R | - | P | P |
| 17 | R | P | R | H | R | R | H | H |
| 18 | R | H | R | H | R | R | H | H |
| 19 | R | H | R | H | R | R | R | P |
| 20 | R | H | R | H | R | - | H | H |
| 21 | R | R | R | R | R | R | R | R |
| 22 | P | P | H | P | R | - | P | P |
| 23 | H | P | H | H | H | - | H | H |
| 24 | H | H | H | P | P | R | P | P |

(나) 마커-표현형 연관분석

공여친 염색체 이입 영역 내의 마커 분석 결과와 라이코펜 함량 간의 상관관계를 조사하기 위하여 일원배치분산분석(ONE-WAY ANOVA)을 수행하였다. p값을 통하여 각 마커별 평균 차이가 유의한지 검증할 수 있으며 0.000067로 0.05보다 작은 값을 나타내기 때문에 각 마커 별로 표현형에 영향을 주는 정도에 유의한 차이가 있음을 확인할 수 있다.

공여친 염색체 이입 영역 내의 각 마커와 표현형 간의 상관계수를 산출한 결과 최소 -0.15에서 최대 0.92까지 나타났다. 0.5이상의 수치를 나타낸 마커들은 세 가지 NIL에서 나타난 공여친 염색체 공통이입영역과 DRDSBA1(BC3F6)의 공여친 염색체 이입영역에 위치하고 있으며 라이코펜 함량과 관련된 개체 선발 시 해당 마커를 활용할 수 있을 것이다.

현재까지 수박의 레드와 핑크 과육의 라이코펜 함량에 관련된 유전자의 탐색이나 연관 마커 개발에 대한 연구사례는 극히 드물며, 본 과제에서 탐색된 고라이코펜 공여친 염색체 이입영역 내 유전자 연관마커들은 single marker analysis에서 라이코펜 값과 고도의 연관성을 보여주었음으로 향후 지속적인 심층연구가 요구된다. 보다 다양한 유전적 배경을 지닌 핑크와 레드계 수박 유전자원에 대한 성분분석과 마커유전자형을 분석하여 상호관련성을 분석함으로써 이들 마커들의 MAS 프로그램 적용성을 검토해 보아야 한다.

5. 전장유전체재분석을 통한 MABC 및 수박 타입별 특이적 SNP 마커 개발

가. 연구 목표

수박의 유전체(genome)은 11개의 염색체로 구성($2n=2x=24$) 되어 있으며 크기는 약 425Mb이다(Ren et al., 2012;Guo et al., 2013). 2008년 International Watermelon Genomics Initiative(IWGI) 발족 이후 차세대염기서열분석기술(Next Generation Sequencing, NGS)를 통해 중국 재배종 계통인 '97103'의 전장유전체 염기서열이 밝혀져(Guo et al., 2013;Ren et al., 2012) 현재 대표적 참조유전체서열(reference genome sequence) (97103 v1)로 이용되고 있다(Cucurbit Genome Database, CGD, <http://www.icugi.org/cgi-bin/ICuGI/genome>). 이러한 전장유전체 분석을 통해 게놈 크기의 약 107.4배에 달하는 총 46.18Gb의 정보가 생성되었으며 고밀도 유전자 지도(high resolution genetic map) (Ren et al., 2014) 을 통해 조립된 염기서열(contigs)의 93.5%를 11개 염색체에 mapping 하였으며 총 23,440개 유전자가 탐색되었다(Guo et al., 2013). 이후 참조유전체서열을 기반으로 수박 근연종을 포함한 20개 계통(*C. lanatus* subsp. *vulgaris* 10 계통, *C. lanatus* subsp. *mucosospermus* 6계통, *C. lanatus* subsp. *lanatus* 4계통)의 전장 유전체 염기서열 재분석(whole genome resequencing, WGRS)이 이루어졌으며(Guo et al., 2013), 그 결과 6백만 여개의 단일염기서열다형성(single nucleotide polymorphism, SNP)과 96만 여개의 삽입/결실(Insertion/Deletion, Indel) 염기서열변이가 확인되었다.

재배종 수박(*C. lanatus* subsp. *lanatus*)의 경우 과실의 크기(size)와 모양(shape), 과육(fruit flesh)과 과피(fruit skin)의 색깔, 호피(stripe) 무늬 등에서 매우 다양하며(UPOV, <http://www.upov.int>) 지역에 따라 소비자들의 선호도가 나뉘어진다. 미국이나 유럽의 경우 진홍색(dark red, scarlet) 과육에 연녹색(light green) 과피 및 넓은 호피무늬(broad stripe)를 가진 크림슨계(Crimson-type) 수박이 소비의 주종을 이루고 있으며, 한국을 비롯한 몇몇 아시아 국가들에서는 진홍 또는 분홍(pink)의 과육에 진한 녹색(dark green)의 과피 및 좁은 흑색(narrow black) 호피무늬를 지니는 주빌리계(Jubilee-type)가 주종을 이룬다(Park et al., 2012). 크림슨계

나 주빌리계에 따라 과크기나 모양은 크게 구분되어 있지 않으나, 일반적으로 한국은 중간크기의 단타원형을 주로 선호하는 반면 서양에서는 원형에서 장타원까지 다양하게 소비되고 있다. 최근에는 중소형 크기의 수박 소비가 증가하는 추세인데, 특히 동남아시아에서는 소형의 ice-box type의 수박을 선호한다. 따라서 재배지역과 소비자 선호도에 맞춘 다양한 과특성의 품종육성이 필요하며, 육종소재 또한 해외 도입종 등 다양한 소재를 활용한 교배조합작성 및 여교잡(backcross) 과정이 요구되고 있다.

분자표지이용여교잡(Marker-assisted backcross, MABC)는 분자표지(molecular marker, 마커)를 이용한 선발을 통해 여교잡으로 얻어진 자손이 반복친으로 회복하는 데 걸리는 세대를 단축시키는 육종기술이다(Edwards et al., 2010). 기존의 전통적 여교잡 과정은 6-7 세대 이상의 장시간이 소요되지만, MABC를 통해 최소 3~4 세대를 단축함으로써 품종육성에 소요되는 시간과 노력을 절감할 수 있다(Hasan et al., 2015; Jeong et al., 2015). 이러한 MABC에서는 분자표지를 이용하여 공여친(donor parent)의 이입형질을 가진 후대를 선발(foreground selection) 할 뿐 아니라, 반복친(reccurent parent)의 염색체 특이적인 다수의 분자표지를 이용하여 회복된 염색체의 비율이 높은 여교잡 후대를 선발(background selection)하게 된다. 이러한 MABC 기술은 현재까지 벼, 콩, 호밀 등을 비롯한 여러 작물에서는 성공적으로 적용되어 신품종 육성에 성공한 사례(Neeraja et al., 2007)가 보고되고 있지만, 수박과 같은 원예작물에서는 아직 연구가 미흡한 실정이다. 특히 수박에 있어서는 현재 소비시장의 추세나 품종수출 확대 방안의 측면에서 볼 때, 주빌리계와 크림슨계의 특성을 상호보완하는 품종의 개발이 요구되고 있으므로 마커를 이용한 이들 두 계통간 효율적인 여교잡 또는 교배조합 선발기술의 개발이 절실히 필요하다.

따라서, 본 연구에서는 다양한 과특성의 수박계통을 대상으로 전장유전체 염기서열 재분석(Whole Genome Resequencing, WGRS)을 수행하여 MABC용 마커개발을 위한 계통간 염기서열 변이를 대량 탐색하고, 이를 기반으로 유전체 다형성(genome-wide polymorphism) 분포와 계통간 유연관계(genetic relationship) 분석, 품종특이적 대립유전자(cultivar-specific allele) 탐색, 그리고 주요 양적형질 유전자좌(Quantitative trait loci, QTL)에 대한 divergence index를 분석하고자 하였다.

나. 연구 방법

(1) 식물 재료

총 19개의 수박 고정계통(inbred line)을 WGRS에 사용하였다. 이들 계통은 3개의 국내 종자회사(A, B, C로 명명, Table 1)로부터 분양받았다. 이들 계통은 과형[원형(circular), 타원형

(elliptic)], 과피색[흑색(black), 녹색(green), 황색(yellow)], 호피무늬[무늬(non-stripe, solid), 진한 호피(dark green stripe), 연한 호피(light green stripe)] 과육색[분홍(pink), 진홍(red), 황색(yellow)]의 특성에 따라 다양하며 크게 크립슨계와 주빌리계로 구분된다(Table 1).

Table 1. List of 19 watermelon inbred lines collected from three private seed companies (A, B, and C) in Korea and their representative fruit characteristics.

| Cultivar | Fruit shape | Skin color | Stripe type | Flesh color |
|----------|-------------|------------|-------------|-------------|
| A1 | Circular | Black | Non | Pink |
| A2 | Elliptic | Green | Jubilee | Pink |
| A3 | Elliptic | Green | Jubilee | Yellow |
| A4 | Elliptic | Yellow | Jubilee | Red |
| A5 | Circular | Green | Non | Red |
| A6 | Circular | Black | Jubilee | Red |
| A7 | Circular | Green | Jubilee | Red |
| A8 | Circular | Green | Jubilee | Red |
| B1 | Elliptic | Green | Crimson | Red |
| B2 | Circular | Green | Jubilee | Pink |
| B3 | Circular | Green | Jubilee | Pink |
| B4 | Circular | Green | Crimson | Red |
| B5 | Elliptic | Green | Jubilee | Red |
| C1 | Circular | Green | Non | Red |
| C2 | Circular | Black | Jubilee | Red |
| C3 | Elliptic | Green | Crimson | Red |
| C4 | Circular | Green | Jubilee | Red |
| C5 | Circular | Green | Non | Red |
| C6 | Elliptic | Yellow | Non | Red |

(2) 전장유전체 서열 재분석

19개 수박 계통에 대하여 NGS 기반의 WGRS를 수행하였다. NGS을 위한 DNA 추출은 phenol을 통한 CTAB 방법(Hwang et al., 2010)을 이용하였다. 추출한 genomic DNA의 quality check(농도와 순도)은 spectrophotometer(Infinium F-200, Nanodrop, Illumina Inc, San Diego, CA, USA), fluorometer(Qubit, Thermo Fisher Scientific Inc, Waltham, MA, USA), 그리고 agarose gel 전기영동을 통해 확인 하였다. 농도는 spectrophotometer와 fluorometer 모두에서 30ng 이상을 기준으로 하였으며, 순도는 260/280이 1.6~2.2, 260/230이 >1.6이 되게 하였다. Quality check 과정을 통과한 sample에 대하여 (주씨더스(Daejeon, Korea)에 의뢰하여 WGRS를 아래의 순서로 수행하였다.

Short read들은 두 가지 sequencing platform(Hiseq2000 and Nextseq, Illumina Inc, San Diego, CA, USA)을 이용하여 paired-end sequencing(2 x 100-150bp) 방식으로 생성하였다. 이후 sequence pre-processing 과정을 통해 생성된 read의 quality check와 trimming을 수행하였다.

본 과정을 거치지 않은 read를 mapping 할 경우 mapping 영역에서 mismatch 및 SNP calling 오류가 빈번히 발생하므로 trimming 과정을 거쳐 확보된 read만 향후 분석에 적용하였다. Reads trimming은 SolexaQA package(v.1.13)의 DynamicTrim과 Lengthsort 두 가지 툴을 이용하여 다음 세 가지 기준에 의하여 수행되었다; 1) Probability value ≥ 0.05 , 2) Phred score(DynamicTrim) ≥ 20 (read phred score는 각 base의 신뢰성을 수치로 표현하여 base calling이 얼마나 정확한지 나타내며 0에서 40 사이의 값으로 나타냄), 3) 최소길이(Lengthsort) ≥ 25 bp 인 read.

이후 선발된 read들을 수박 표준유전체(97103 v1)에 mapping하여 raw SNP를 탐색하였다. 탐색된 raw SNP를 이용하여 수박 19개 계통간 통합 SNP matrix를 작성한 후 필터 기준에 미달되는 SNP의 경우(read depth < 3 , mapping quality < 30 , biallelic SNP(In/Del), unmapped read) 차후 분석에서 제외하였다. 필터링 된 SNP는 read depth를 기준으로 Homozygous(read depth ≥ 90), Heterozygous($40\% \leq$ read depth $\leq 60\%$), 기타 (Homozygous/ Heterozygous로 구분할 수 없는 경우)로 구분하였다.

(3) MAB (Marker-assisted Backcross)용 SNP 마커 선발

19개 계통으로부터 탐색된 SNP에 대한 다형성 지수를 나타내는 PIC (Polymorphism Information Content) value는 Hildebrand et al.(1994)의 계산식을 이용하여 계산하였다. PIC > 0 인 SNP 중에서 HRM(High-resolution melting)으로 전환하여 genotyping이 가능한 SNP만을 선발한 후 해당 SNP를 target으로 하여 reference sequence에서 HRM primer를 Primer3 (<http://bioinfo.ut.ee/primer3-0.4.01>.)을 이용하여 디자인하였으며 결과의 정확성을 높이기 위하여 필터링 과정을 수행하였다. 디자인된 primer set 중에서 product sequence의 염기서열이 모두 read mapping 되어 base의 비교과정을 통과한 primer를 선발하여 추후 분석에 사용하였다. MAB 마커는 각 염색체 상 0.5Mb의 물리적 거리로 균등하게 분포하는 SNP 중 depth = 3 이상, PIC value > 0 이며, 유전자 영역(Promoter/Intron/CDS)에 해당되는 SNP에 대한 HRM primer set로 선발 하였다.

(4) 계통 간 유연관계 및 SNP 분포 특성 분석

SNP 마커를 기반으로 한 19개 계통의 주성분 분석(Principal components analysis, PCA)을 통한 유연관계 분석은 총 SNP matrix에서 대표 genome-wide SNP를 선발하고 해당 SNP를 기반으로 하여 R package SNPRelate(Zheng et al., 2012)를 이용하여 수행하였다.

주성분 분석 결과 얻어진 3개의 주요그룹(major groups)에서 각각 하나의 대표 계통을 선발하여 11개 염색체(pseudo-chromosomes) 상에서의 SNP와 indel의 분포, 이형/동형접합체 대립유전자의 분포, 주요 형질관련 QTL의 위치와 QTL 영역 내 존재하는 SNP에 대한 Fst(divergence index) 분석을 수행하였으며, 그 결과값들을 Circos plot으로 도식화 하였다. 주요 형질 QTL의 위치는 기존 보고된 QTL flanking marker들의 primer 서열(Hashizume, Shimamoto, and Hirai);(Sandlin et al.; Ren et al.)의 계놈상 물리적 위치를 기반으로 파악하였으며 Fst(divergence index)(Weir et al., 1984)은 FSTAT(v.2.9.3.2) 프로그램을 사용하여 분석하였다. Circos plot은 Circos(v.0.63,<http://www.circos.ca/>) 프로그램을 사용하여 작성하였다.

(5) 크림슨계 특이적 마커개발

19개의 수박 계통을 호피무늬에 따라 크림슨계(Crimson-type, CT) 3 계통, jubilee계(Jubilee-type, JT) 11 계통, 무지계(non-striped) 3 타입으로 구분하고(Table 1) 크림슨계 및 jubilee계 특이적 SNP 마커를 탐색하였다.

전체 SNP matrix에서 Crimson-type 간 동형(monomorphic)이며 나머지 계통(non-crimson type)들 중 15개 계통 이상에서 동형이지만, crimson, non-crimson 간 이형(polymorphic)인 SNP에 대한 HRM primer set을 선발하였다. 또한 이들 SNP 중 제한효소 인식부위에 존재하는 SNP에 대해서는 CAPS primer set를 제작하였다. (주씨더스의 자체 제한효소 DB를 활용하여 SNP가 제한효소 인식부위에 존재하는 지 여부를 확인하고 Primer3에서 reference sequence를 이용하여 CAPS primer 디자인을 수행하였다.

PCR 분석은 10ng genomic DNA, 각 0.3 μ M의 Forward, Reverse primer, 1X PCR buffer, 0.2mM dNTPs와 0.5U Taq polymerase (Solgent, Daejeon, Korea), 의 조성으로 총 volume은 20 μ L으로 수행하였다. PCR 조건은 Touch-down 방법으로 1 cycle은 95 $^{\circ}$ C에서 5분, 이후 95 $^{\circ}$ C에서 15초, 65 $^{\circ}$ C에서 30초(cycle 2-10까지 각 cycle마다 0.5 $^{\circ}$ C씩 감소), 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 증폭시키고 이 과정을 10 cycle 동안 반복하였다. 이후 95 $^{\circ}$ C에서 15초, 60 $^{\circ}$ C에서 30초, 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 증폭시키는 과정을 35 cycle 수행하고 post-extension 과정을 72 $^{\circ}$ C에서 3분간 수행하였다. PCR 증폭산물의 restriction enzyme digestion은 제조사(New England BioLabs, Inc., Ipswich, MA, USA) 의 프로토콜 에 따라 수행하였다. 전기영동 과정은 1X TAE buffer에 2% agarose gel을 이용하였으며 180V에서 약 1시간 동안 전기영동하였다. 이후 ethidium bromide staining 과정을 거치고 ultraviolet light를 통하여 확인하였다.

다. 연구결과

(1) 19개 계통의 전장유전체 서열분석

재배종 수박 19개 계통에 대한 NGS-기반 WGRS를 수행하였다. 수박의 참조유전체서열(97103 v1)의 크기인 350Mb의 20배에 달하는 read들이 생성되었다. NGS를 통해 각 계통의 DNA sample 별로 생성된 read의 수, read들의 평균 길이, 생성된 read들의 전체 길이 및 genome coverage는 Table 2에 정리된 바와 같다. 생성된 read의 수는 계통간 최소 38,723,596개에서 최대 78,086,842개 였다. read의 평균 길이는 최소 100bp이며 가장 긴 경우는 150.46bp이다. 각 계통별 생성된 read들의 총 길이는 최소 3,872,359,600bp(A1)에서 최대 9,732,148,000bp(B5) 였다. 각 계통별 read 총 길이를 참조 유전체 서열 크기(46.18Mb)로 나눈 값인 genome coverage의 경우 21.80 X (A1)에서 44.41 X (B3)으로 분포하였다.

Read trimming 과정 이후 각 계통별 sequence data에 대한 정보는 Table 3과 같다. 각 계통 별 DNA sample로부터 생성된 read 수와 read의 평균 길이 및 read의 전체 길이, 그리고 raw read 총 길이와 trimmed read 총 길이의 비율(Trimmed/Raw)을 Table 3에 정리하였다. 이 비율은 A, B 회사의 13개 계통의 경우 68.17%~83.49%로 trimming 된 read 비율이 크지 않았지만, C 회사의 6 계통은 26.10%~30.21%의 범위로 trimming 된 read 비율이 매우 높았다. 이는 A, B 회사 계통의 경우 HighSeq2000 NGS platform을 통해 염기서열분석이 이루어진 반면, C 회사 계통에 대해서는 Nextseq platform을 사용한 차이로 보여지며, 후자의 경우 분석회사의 기술적 오류에 의해 정확한 read의 생산이 어려웠던 것으로 판단된다. 하지만, trimming 이후에도 8~11X 수준의 genome coverage를 얻을 수 있어 신뢰성 있는 SNP 분석이 가능하였다.

Table 2. Summary of sequencing raw data for watermelon inbred lines

| Lines | Total no. of reads | Avg. length of a read (bp) | Total length of the reads (bp) | Genome coverage |
|-------|--------------------|----------------------------|--------------------------------|-----------------|
| A1 | 38,723,596 | 100 | 3,872,359,600 | ≈21.80X |
| | 38,723,596 | 100 | 3,872,359,600 | |
| A2 | 42,474,957 | 100 | 4,247,495,700 | ≈23.91X |
| | 42,474,957 | 100 | 4,247,495,700 | |
| A3 | 45,207,436 | 100 | 4,520,743,600 | ≈25.45X |
| | 45,207,436 | 100 | 4,520,743,600 | |
| A4 | 42,106,982 | 100 | 4,210,698,200 | ≈23.71X |
| | 42,106,982 | 100 | 4,210,698,200 | |
| A5 | 52,016,329 | 100 | 5,201,632,900 | ≈29.28X |
| | 52,016,329 | 100 | 5,201,632,900 | |
| A6 | 45,395,713 | 100 | 4,539,571,300 | ≈25.56X |
| | 45,395,713 | 100 | 4,539,571,300 | |
| A7 | 47,213,390 | 100 | 4,721,339,000 | ≈26.58X |
| | 47,213,390 | 100 | 4,721,339,000 | |

| | | | | | |
|----|------------|--------|--------|---------------|----------|
| A8 | 46,799,865 | 100 | | 4,679,986,500 | ≈ 26.35X |
| | 46,799,865 | 100 | | 4,679,986,500 | |
| B1 | 67,256,082 | 101 | | 6,792,864,282 | ≈ 38.24X |
| | 67,256,082 | 101 | | 6,792,864,282 | |
| B2 | 65,985,958 | 101 | | 6,664,581,758 | ≈ 37.52X |
| | 65,985,958 | 101 | | 6,664,581,758 | |
| B3 | 78,096,842 | 101 | | 7,887,781,042 | ≈ 44.41X |
| | 78,096,842 | 101 | | 7,887,781,042 | |
| B4 | 65,132,355 | 101 | | 6,578,367,855 | ≈ 37.04X |
| | 65,132,355 | 101 | | 6,578,367,855 | |
| B5 | 97,321,480 | 101 | | 9,732,148,000 | ≈ 54.79X |
| | 97,321,480 | 101 | | 9,732,148,000 | |
| C1 | 40,573,780 | 150.46 | | 6,104,863,629 | ≈ 34.37X |
| | 40,573,780 | 150.43 | | 6,103,356,284 | |
| C2 | 35,219,423 | 150.47 | | 5,299,331,007 | ≈ 29.83X |
| | 35,219,423 | 150.43 | | 5,298,012,708 | |
| C3 | 35,147,285 | 150.46 | | 5,288,393,546 | ≈ 29.77X |
| | 35,147,285 | 150.42 | | 5,287,005,523 | |
| C4 | 37,154,905 | 150.47 | | 5,590,655,211 | ≈ 31.47X |
| | 37,154,905 | 150.43 | | 5,589,242,224 | |
| C5 | 44,370,592 | 150.47 | | 6,676,535,565 | ≈ 37.58X |
| | 44,370,592 | 150.43 | | 6,674,764,784 | |
| C6 | 37,230,802 | 150.47 | | 5,601,991,913 | ≈ 31.53X |
| | 37,230,802 | | 150.43 | 5,600,485,846 | |

Table 3. Summary of sequencing trimmed data for watermelon inbred lines

| Cultivars | Total no. of reads (2 paired ends) | Avg. length of a read(bp) | Total length of the reads(bp) | Trimmed/ Raw read | Genome coverage |
|-----------|--|------------------------------|----------------------------------|----------------------|--------------------|
| A1 | 34,350,560 | 93.79 | 3,221,608,907 | 83.19% | ≈ 16.74X |
| | 34,350,560 | 79.34 | 2,725,493,605 | 70.38% | |
| A2 | 36,823,802 | 93.77 | 3,452,786,834 | 81.29% | ≈ 17.87X |
| | 36,823,802 | 78.63 | 2,895,608,660 | 68.17% | |
| A3 | 39,220,235 | 94.18 | 3,693,771,906 | 81.71% | ≈ 19.06X |
| | 39,220,235 | 78.45 | 3,076,844,659 | 68.06% | |
| A4 | 36,754,840 | 93.87 | 3,450,308,397 | 81.94% | ≈ 17.84X |
| | 36,754,840 | 78.6 | 2,889,067,097 | 68.61% | |
| A5 | 46,074,066 | 93.83 | 4,322,883,766 | 83.11% | ≈ 22.48X |
| | 46,074,066 | 79.5 | 3,662,665,977 | 70.41% | |
| A6 | 39,887,277 | 93.93 | 3,746,603,494 | 82.53% | ≈ 19.44X |
| | 39,887,277 | 79.16 | 3,157,633,508 | 69.56% | |

| | | | | | |
|----|------------|-------|---------------|--------|---------|
| A7 | 41,095,878 | 94.07 | 3,866,030,134 | 81.88% | ≒20.00X |
| | 41,095,878 | 78.85 | 3,240,250,033 | 68.63% | |
| A8 | 41,695,185 | 93.77 | 3,909,848,421 | 83.54% | ≒20.33X |
| | 41,695,185 | 79.45 | 3,312,689,678 | 70.78% | |
| B1 | 60,687,157 | 92.83 | 5,633,580,618 | 82.93% | ≒31.00X |
| | 60,687,157 | 88.66 | 5,380,721,572 | 79.21% | |
| B2 | 59,937,445 | 92.84 | 5,564,490,041 | 83.49% | ≒30.69X |
| | 59,937,445 | 89.03 | 5,336,458,254 | 80.07% | |
| B3 | 71,316,685 | 92.72 | 6,612,477,001 | 83.83% | ≒36.52X |
| | 71,316,685 | 89.19 | 6,360,857,518 | 80.64% | |
| B4 | 59,415,346 | 92.78 | 5,512,437,430 | 83.80% | ≒30.44X |
| | 59,415,346 | 89.23 | 5,301,350,443 | 80.59% | |
| B5 | 89,795,082 | 91.94 | 8,255,681,109 | 84.83% | ≒45.74X |
| | 89,795,082 | 89.02 | 7,993,662,009 | 82.14% | |
| C1 | 27,038,009 | 64.93 | 1,755,516,700 | 28.76% | ≒9.62X |
| | 27,038,009 | 61.48 | 1,662,355,553 | 27.24% | |
| C2 | 23,262,464 | 65 | 1,511,981,099 | 28.53% | ≒8.23X |
| | 23,262,464 | 60.73 | 1,412,628,901 | 26.66% | |
| C3 | 23,448,027 | 65.11 | 1,526,695,953 | 28.87% | ≒8.34X |
| | 23,448,027 | 61.28 | 1,436,939,680 | 27.18% | |
| C4 | 24,492,920 | 65.95 | 1,615,210,888 | 28.89% | ≒8.65X |
| | 24,492,920 | 59.57 | 1,459,022,560 | 26.10% | |
| C5 | 30,377,981 | 66.4 | 2,017,024,512 | 30.21% | ≒11.02X |
| | 30,377,981 | 62.42 | 1,896,058,876 | 28.41% | |
| C6 | 25,444,717 | 65.8 | 1,674,141,837 | 29.88% | ≒9.26X |
| | 25,444,717 | 63.46 | 1,614,759,076 | 28.83% | |

(2) 수박 MAB용 마커 개발

총 19개 계통의 SNP matrix를 참조하여 PIC value를 계산하고 높은 PIC value를 가지는 SNP를 선발한 뒤 MAB용 SNP marker 개발에 이용하였다. 총 424,953개 SNP의 PIC value를 계산하였으며 전체 SNP의 PIC value 의 분포는 0.095~0.375, 평균은 0.241이었다.

PIC value > 0인 SNP 424,953개를 target으로 하여 HRM(High Resolution Melting) primer를 디자인하였으며 결과의 정확성을 높이기 위하여 디자인된 primer-set 중 product sequence의 염기서열이 모두 read mapping되어 base의 비교과정을 통과한 primer를 ‘Recommend’ primer 로 지정하였다. ‘Recommend’ primer의 개수는 총 24,879개이며 이 중 각 염색체 당 0.5Mb 간격으로 존재하는 SNP 총 1,374개를 선발할 수 있었으며, 이들 SNP 중 1,172개는

CDS와 Promoter, Intron을 포함하는 genic region에 위치하였고, 202개는 Intergenic region에 위치하였다. 염색체별 SNP marker의 분포와 HRM primer에 대한 정보는 Table 4와 Fig. 1과 같다.

Table 4. The number of the SNPs selected for MABC marker development in watermelon.

| Chr. # | No. of selected SNPs | No of selected SNPs in intergenic region | No of selected SNPs in genic-region (Promoter+CDS+Intron) |
|--------|----------------------|--|---|
| Chr1 | 136 | 8 | 128 |
| Chr2 | 129 | 25 | 104 |
| Chr3 | 108 | 10 | 98 |
| Chr4 | 97 | 11 | 86 |
| Chr5 | 133 | 9 | 124 |
| Chr6 | 108 | 4 | 104 |
| Chr7 | 123 | 15 | 108 |
| Chr8 | 100 | 21 | 79 |
| Chr9 | 140 | 13 | 127 |
| Chr10 | 106 | 18 | 88 |
| Chr11 | 101 | 8 | 93 |
| Chr0 | 93 | 60 | 33 |
| Total | 1,374 | 202 | 1,172 |

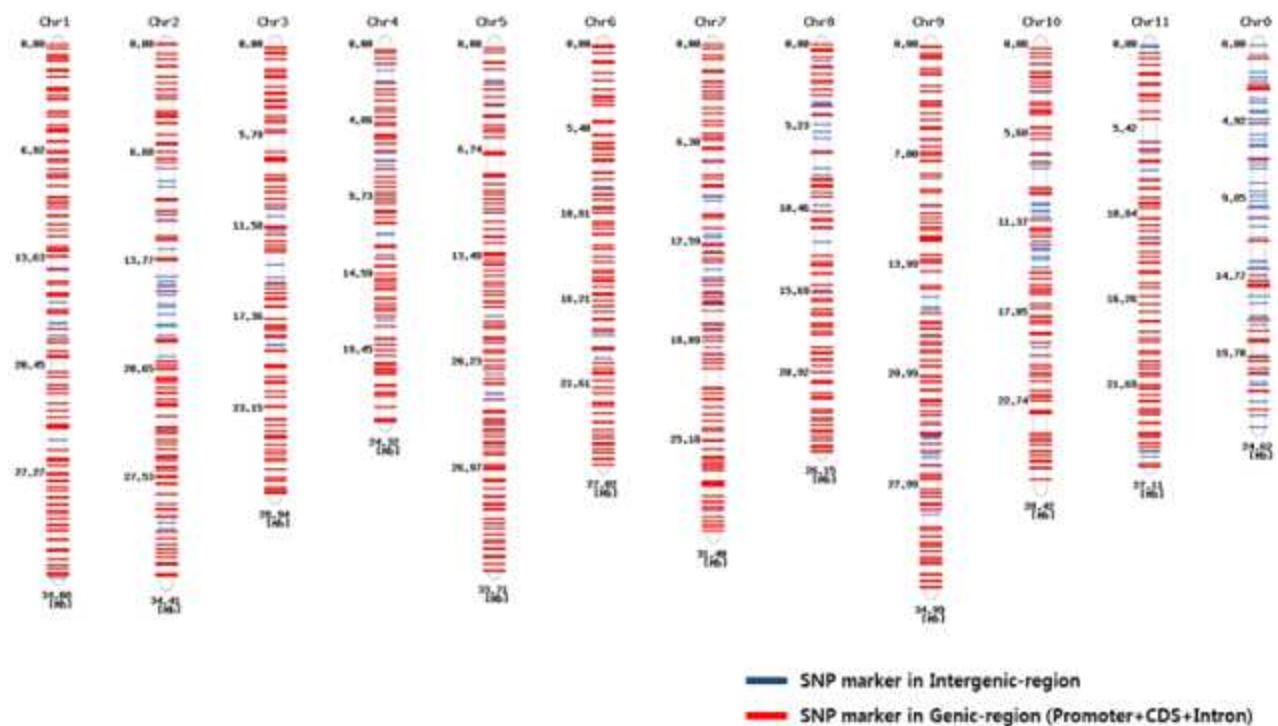


Fig. 1. Genomic locations of 1,374 SNPs selected for MABC marker development in watermelon.

(3) 계통 간 유연관계 및 SNP 분포 특성 분석

선발된 총 1,374개의 SNP를 기반으로 한 19개 계통의 PCA 분석 결과, 계통 간 최대 변이를 나타내는 SNP의 조합인 PC1과 PC2를 기준으로 총 세 개의 그룹으로 분류되었다(Fig. 2). 동일 그룹 내에 속한 계통들은 다른 그룹의 계통보다 상대적으로 유사한 염기서열을 가진다. 각 그룹에 속한 계통들의 표현형 정보를 비교하였을 때 호피무늬 특성에 의해 구분되는 크림슨계(넓고 연한 호피)와 주빌리게(좁고 진한 줄무늬)에서는 명확한 차이가 확인되었다. 하지만, 과피색이나 과육색과 같은 다른 과특성에 대해서는 유의한 유전적 구조가 나타나지 않았다.

각 그룹에서 대표되는 3 계통(A8, B1, B2)을 선발하여 염색체(pseudo-chromosomes) 상에서의 SNP와 indel의 분포, 이형/동형접합체 대립유전자의 분포, 주요 형질관련 QTL의 위치와 QTL 영역 내 존재하는 SNP에 대한 F_{st} (divergence index) 분석을 수행하였다. 결과값들은 Circos plot(Fig. 3으로 다음과 같이 도식화 하였다; Circle 1: 수박의 11개의 염색체, Circle 2: 계놈 세그먼트별 유전자 빈도(reference genome)의 분포, Circle 3: 계놈 세그먼트별 SNP 빈도의 분포(3 계통) Circle 4: 계놈 세그먼트별 InDel 빈도의 분포(3 계통), Circle 5: 주요 QTL 영역. Circle 2, 3, 4에서 peak가 높을수록 peak 영역 내 유전자, SNP, InDel의 수가 많음을 의미한다.

Circos plot에서 보여지듯이, 전체 유전체상 coding sequence의 분포를 통해 유전자가 대부분 염색체의 paracentromeric 영역에서 높은 빈도로 존재하는 반면 centromere 영역에서는 크게 감소하고 있음을 알 수 있었다(Circle 2). PCA(Fig. 1)에서 서로 다른 세 개의 그룹에 속했던 A8, B1과 B2의 SNP(Circle 3)과 InDel(Circle 4) 빈도 분포를 살펴보면 SNP와 InDel 모두 계통과 무관하게 유전자의 수가 적은 영역에서 상대적으로 높은 빈도로 존재하였다. 세 개 계통의 SNP와 InDel의 빈도 분포 비교에서는 패턴이 계통에 따라 상이하게 관찰되었는데, 이는 계통간 유전적 유사성(genetic similarity)이 낮음을 의미하며 PCA 결과와도 상응한다고 볼 수 있다. 또한, QTL 분포(Circle 5)를 볼 때, 과형, 과중, 종자크기, 포도당 함량, 자당 함량, 과당 함량, 당도와 같은 과특성 관련 형질 QTL이 2번 염색체와 6번 염색체에 집중되어 있어 이 영역에 다수의 과특성 유전자들이 분포할 것이라 판단된다. 특히 일부 QTL은 2번 염색체와 3번 염색체의 paracentromeric 영역에 위치하고 있었으며, 염색체 3번과 6번의 QTL은 크림슨/주빌리게 특이적인 SNP 빈도가 높은 유전체 영역에 위치하고 있어 이들 SNP의 유전자들이 크림슨/주빌리게 특성에 관여하리라는 추측이 가능하였다.

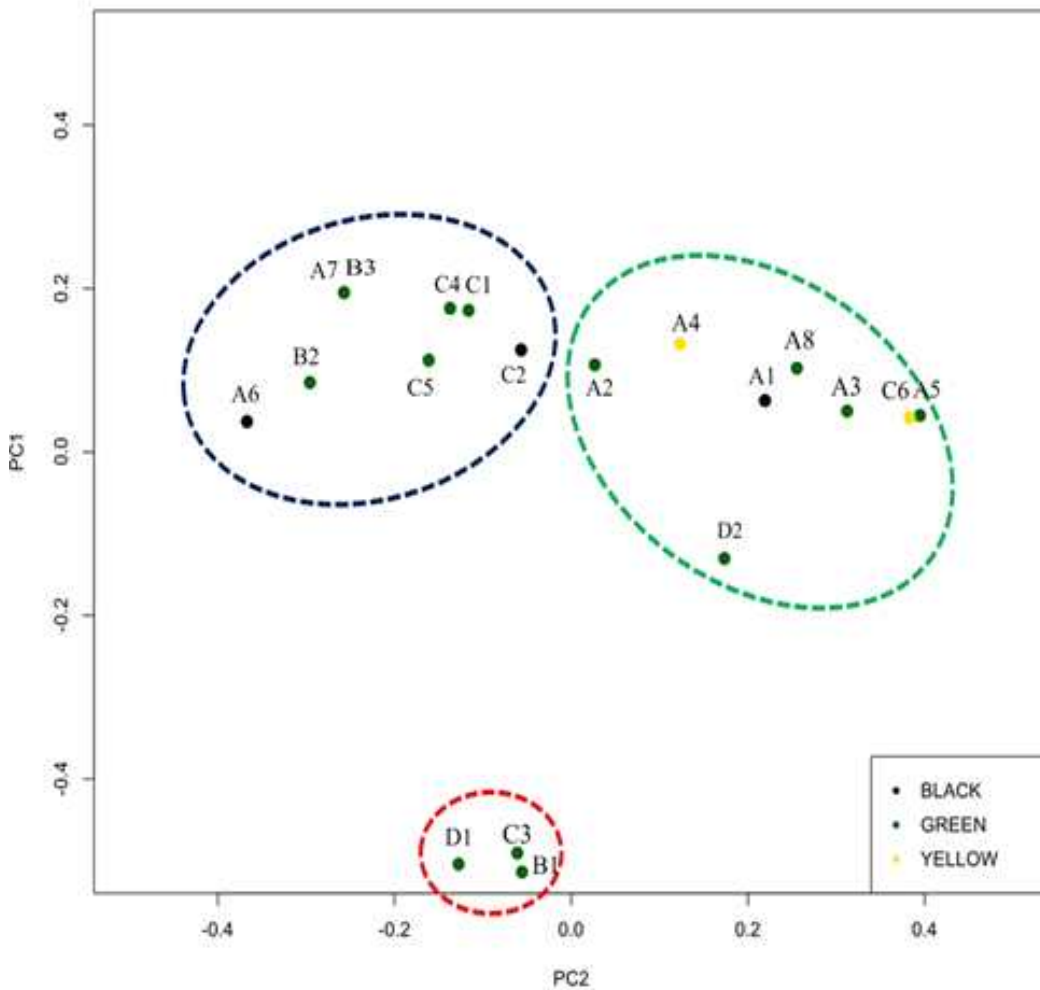
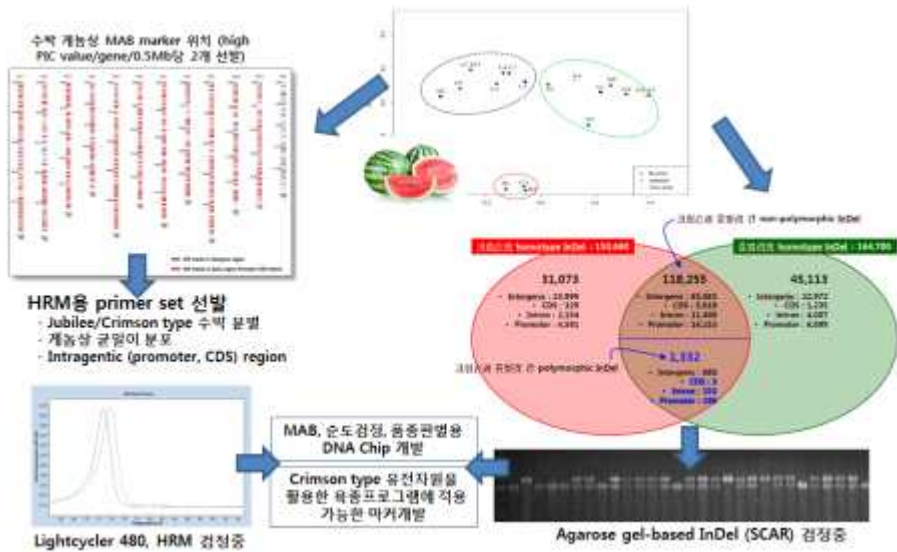


Fig. 2. Principle component analysis(PCA) of 1,374 genome-wide SNPs. Crimson(red circle) and Jubilee-type(blue and green circle) cultivars are grouped independently, but no significantly different clustering was observed based on fruit skin color (black, green, yellow dots) and fruit shape

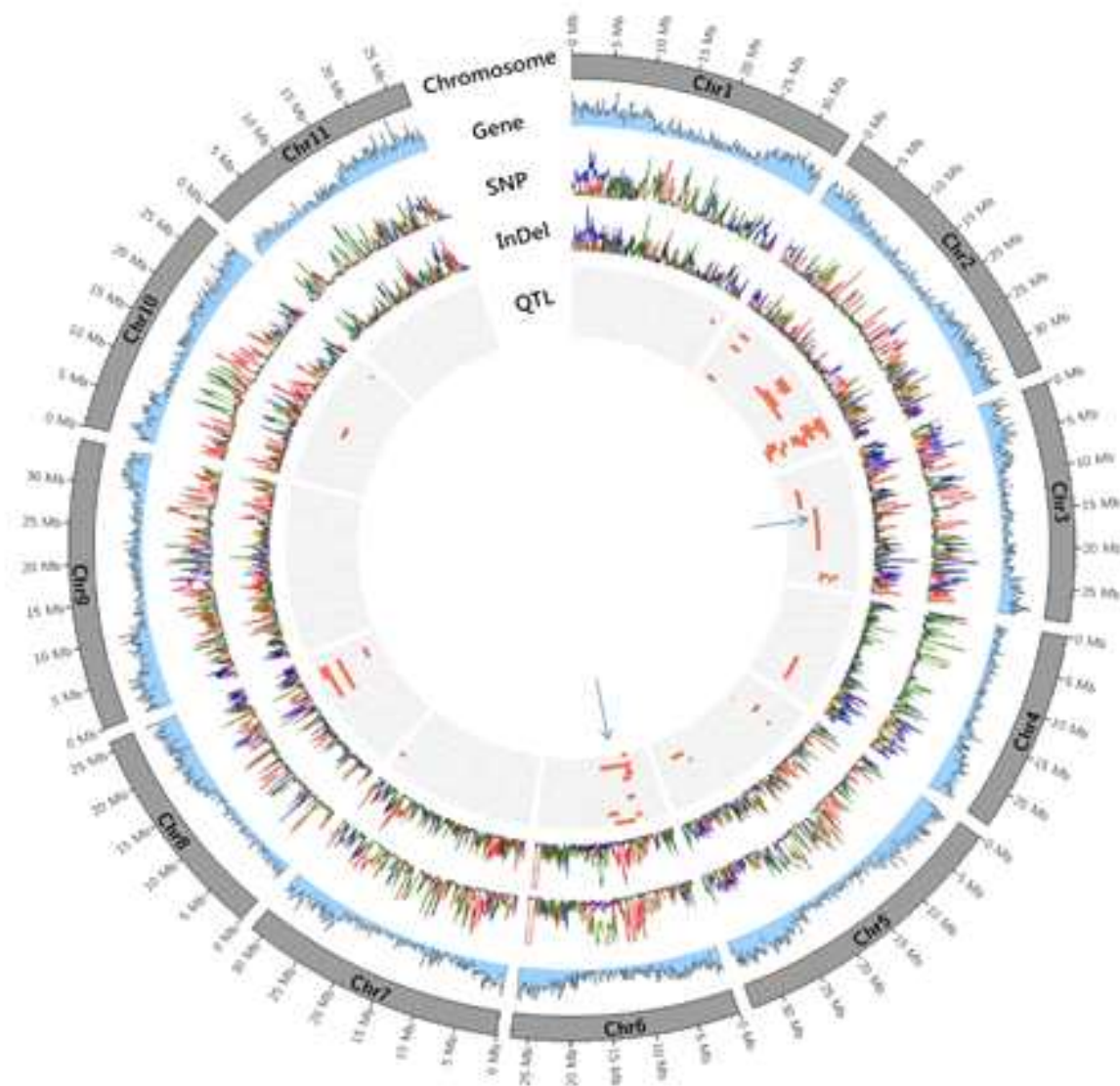


Fig. 3 A circos plot showing genome-wide distribution of coding sequences (second circle from outside), SNPs (third circle) and InDel (fourth circle) and position of QTL for watermelon fruit-related traits. Peaks indicate the number of gene, SNP, or InDel that were detected in

every 100Kb genomic region (minimum = 0, maximum = 300). Two QTL blocks possibly responsible for Jubilee or Crimson-type watermelon-specific fruit traits are marked by blue arrows.

또한 계통 타입별 특이적인 allele abundance 분석을 과피색 타입, 과형별(원형/타원형), 호피무늬 타입별, 과육색 타입(적육/분홍)별로 수행하였다 (Fig. 4). 그 결과, 적색/분홍과육색 특이적 SNP들이 빈도는 상대적으로 낮았지만 염색체 1번과 4번에서 관찰되었다. 과피색의 경우 녹피와 흑피에 특이적인 SNP 들이 낮은 빈도이지만 염색체 10번과 5번에서 관찰되었다. 특히 crimson type과 jubilee type의 호피무늬에 특이적인 SNP들이 매우 높은 빈도로 염색체 6번의 24~26Mb 영역에서 관찰되었는데, 이는 기존의 유전자 지도작성 연구에서 밝혀진 유전자의 위치와 일치하였다. 이러한 분석결과들은 과특성 선발용 마커개발에 지속적으로 활용할 것이다.

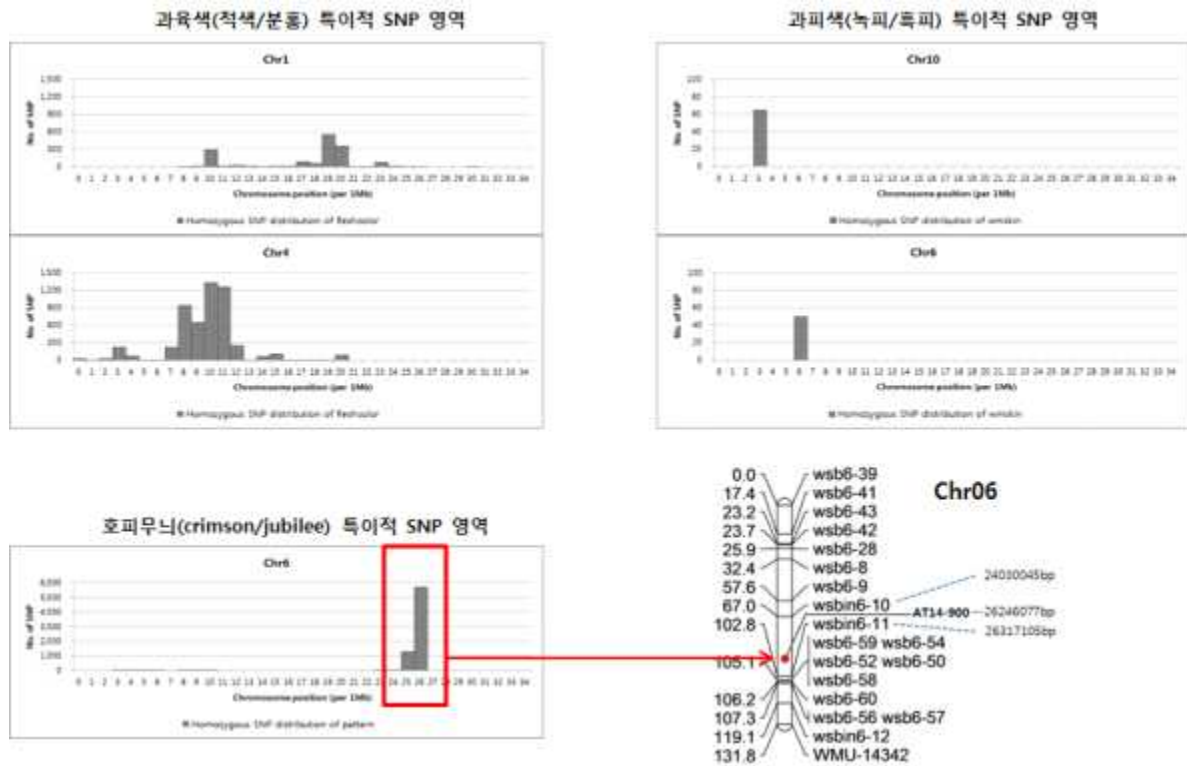


Fig. 4 19개 계통의 과특성 타입별 특이적인 allele abundance 분석 결과

(4) 크림슨계 및 쥬빌리계 특이적 마커개발

선발조건에 의해 총 259개의 SNP가 선발되었으며 이들에 대해 모두 HRM(High-Resolution Melting) primer set을 design 하였다. HRM primer design에 이용된 259개의 SNP 가운데

CAPS로 전환이 가능한 SNP는 54개였으며 이들 중 19개의 계통 모두에서 depth가 10 이상이며 PIC value가 0.3 이상인 SNP 26개를 다시 선발하여 CAPS primer를 디자인하였다(Table 5).

디자인된 26개 CAPS 마커를 이용하여 11개 계통(크림슨계 3계통, 비크림슨계 8계통)에 대하여 PCR 분석을 수행하여 resequencing에 의해 탐색된 SNP의 신뢰성을 검증하였다. PCR 산물의 전기영동 결과 밴드를 식별하기 어려운 경우 ‘missing data’로 표기하고, 이들을 제외한 검증 결과에 대해서만 각 CAPS 마커별로 결과 일치율을 계산하였다. CAPS WSNP-2와 WSNP-20의 경우 단일밴드로 증폭이 되지 않았기 때문에 SNP 일치율 계산에서 제외하였다. PCR 증폭이 되지 않은 두 개의 CAPS 마커를 제외한 총 24개 마커 중 19개의 마커가 0.8 이상의 높은 일치율을 보였다(Table 6). 각 계통의 SNP 정보와 CAPS 마커 검증 결과가 불일치 하는 경우는 resequencing 과정의 technical error라고 보여진다. 전반적으로 볼 때 본 연구에서 탐색된 크림슨계/쥬빌리계 특이적 SNP의 신뢰성은 높았다고 판단되며, 개발된 CAPS 마커 세트들은 크림슨계와 쥬빌리계 품종 판별뿐만 아니라 이들 타입 간 MABC에도 활용 가능할 것이다.

이들 SNP set을 MABC에 활용하기 위해서는 대량샘플자동화 분석 플랫폼이 요구되며 향후 Nanofluidic array 등에 기반한 SNA array의 제작 및 이를 이용한 두 수박타입간 품종판별, MABC 수행을 통한 여교잡계통 육성을 통해 마커의 실효성을 평가해 보아야 하는 과제가 남아 있다

Table 5. List of CAPS markers designed for the SNPs specific to the Crimson-type(CT) or Jubilee-type(JT) watermelons.

| CAPS | Chr | Pos | CT | JT | Enzyme | Product size | |
|--------|------|------------|----|----|--------|--------------|-------------|
| | | | | | | Crimson | Non-Crimson |
| WSNP1 | Chr2 | 15,447,421 | G | A | AseI | 557 | 100, 457 |
| WSNP2 | Chr2 | 19,957,695 | C | T | BstBI | 78, 392 | 470 |
| WSNP3 | Chr2 | 21,976,024 | T | C | BstUI | 475 | 87, 388 |
| WSNP4 | Chr4 | 12,136,991 | T | C | EcoR. | 479, 110 | 589 |
| WSNP5 | Chr5 | 5,520,178 | T | T | BstUI | 487 | 211, 276 |
| WSNP6 | Chr5 | 15,842,167 | C | T | MboI | 379 | 76, 303 |
| WSNP7 | Chr6 | 17,579,820 | A | G | MboI | 580 | 241, 339 |
| WSNP8 | Chr6 | 8,738,445 | T | C | NlaIII | 542, 50 | 592 |
| WSNP9 | Chr7 | 1,753,999 | C | A | DraI | 582 | 550, 32 |
| WSNP10 | Chr7 | 28,841,549 | G | G | DraI | 307 | 86, 221 |
| WSNP11 | Chr7 | 26,472,108 | G | T | EcoRI | 478 | 416, 62 |
| WSNP12 | Chr7 | 27,045,448 | G | A | NcoI | 560, 35 | 595 |
| WSNP13 | Chr8 | 16,953,730 | T | C | AflII | 500 | 152, 348 |
| WSNP14 | Chr8 | 16,964,480 | T | C | MboI | 437 | 176, 261 |
| WSNP15 | Chr8 | 17,322,210 | G | A | RsaI | 440, 111 | 551 |

| | | | | | | | |
|--------|-------|------------|---|---|--------|----------|----------|
| WSNP16 | Chr8 | 10,779,600 | T | C | Taq.I | 303 | 122, 181 |
| WSNP17 | Chr8 | 11,759,222 | G | A | Taq.I | 121, 415 | 536 |
| WSNP18 | Chr9 | 3,828,408 | T | C | AluI | 570 | 443, 127 |
| WSNP19 | Chr9 | 13,480,110 | G | A | NsiI | 587 | 422, 165 |
| WSNP20 | Chr10 | 7,562,684 | C | T | HhaI | 294, 239 | 533 |
| WSNP21 | Chr10 | 20,478,587 | C | A | MboI | 133, 410 | 543 |
| WSNP22 | Chr10 | 21,034,547 | A | G | NlaIII | 47, 490 | 537 |
| WSNP23 | Chr10 | 3,977,361 | T | G | RsaI | 451 | 411, 40 |
| WSNP24 | Chr10 | 12,015,179 | T | G | RsaI | 145, 292 | 437 |
| WSNP25 | Chr11 | 8,737,683 | G | A | HhaI | 332, 155 | 487 |
| WSNP26 | Chr11 | 12,467,341 | A | G | Taq.I | 438 | 39, 399 |

Table 6. The results of the CAPS and SNP match rate analyzed using 11 inbred watermelons.

| CAPS | Chr | Pos | Crimson_type | | | Non-crimson | | | | | | | | Match rate | |
|---------|-------|----------|--------------|------|-----|-------------|------|------|------|------|------|------|-----|------------|------|
| | | | 6200 | 1906 | AM | 6202 | 6204 | 1902 | 1903 | 1909 | 1912 | 1913 | TS | | |
| WSNP-1 | Chr2 | 15447421 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | 1 |
| WSNP-3 | Chr2 | 21976024 | T/T | T/T | T/T | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | 1 |
| WSNP-5 | Chr5 | 5520178 | T/T | T/T | T/T | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | T/T | T/T | 1 |
| WSNP-11 | Chr7 | 26472108 | G/G | G/G | G/G | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | 1 |
| WSNP-13 | Chr8 | 16953730 | T/T | T/T | T/T | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | 1 |
| WSNP-17 | Chr8 | 11759222 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/G | 1 |
| WSNP-19 | Chr9 | 13480110 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | 1 |
| WSNP-23 | Chr10 | 3977361 | T/T | T/T | T/T | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | T/T | G/G | G/G | 1 |
| WSNP-6 | Chr5 | 15842167 | C/C | C/C | C/C | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/T | T/- | 1 |
| WSNP-12 | Chr7 | 27045448 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/- | 1 |
| WSNP-15 | Chr8 | 17322210 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/- | 1 |
| WSNP-18 | Chr9 | 3828408 | T/T | T/T | T/- | C/C | C/C | C/C | T/T | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | 1 |
| WSNP-10 | Chr7 | 28841549 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | A/A | G/G | G/A | G/A | 0.91 |
| WSNP-16 | Chr8 | 10779600 | T/T | T/T | T/T | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | T/T | T/T | C/T | C/T | 0.91 |
| WSNP-7 | Chr6 | 17579820 | A/A | A/A | A/A | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/A | G/A | 0.9 |
| WSNP-26 | Chr11 | 12467341 | A/A | A/- | A/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/G | 0.9 |
| WSNP-24 | Chr10 | 12015179 | T/T | T/T | T/G | G/G | G/G | G/G | G/G | G/- | A/A | G/G | G/- | G/- | 0.89 |
| WSNP-25 | Chr11 | 8737683 | G/G | G/G | G/G | A/A | A/A | A/- | A/- | A/A | A/A | A/A | A/G | A/G | 0.89 |
| WSNP-21 | Chr10 | 20478587 | C/C | C/C | C/C | A/A | A/A | A/A | A/A | A/C | C/A | A/- | A/A | A/A | 0.8 |
| WSNP-8 | Chr6 | 8738445 | T/C | T/C | T/- | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | C/C | 0.78 |
| WSNP-4 | Chr4 | 12136991 | T/T | T/C | T/- | T/C | C/C | C/T | C/C | C/C | C/C | C/C | C/- | C/- | 0.67 |
| WSNP-14 | Chr8 | 16964480 | T/T | T/T | T/T | C/T | C/T | C/T | C/T | C/T | C/T | C/T | C/T | C/T | 0.27 |
| WSNP-22 | Chr10 | 21034547 | A/G | A/- | A/- | G/A | G/A | G/A | G/A | G/A | A/- | G/G | G/G | G/G | 0.25 |
| WSNP-9 | Chr7 | 1753999 | C/C | C/C | C/- | A/C | A/C | A/C | A/C | A/C | A/C | A/C | C/- | C/- | 0.2 |
| WSNP-2 | Chr2 | 19957695 | C | C | C | T | T | T | T | T | T | T | T | T | - |
| WSNP-20 | Chr10 | 7562684 | C | C | C | T | T | T | T | T | T | C | T | T | - |

6. GBS-기반 MABC용 마커개발 및 과특성 연관형질에 대한 GWAS 분석

가. 연구 목표

NGS(Next Generation Sequencing)를 사용하여 유전체를 읽는 방법은 WGS(Whole genome sequencing)와 GBS(Genotype by Sequencing), Rad-seq 등 많은 방법이 있다. NGS를 이용한 대용량 sequence 생산이 가속화 되었으며, 다양한 육종 소재에 대한 resequencing을 통해 다형성을 탐색하고, 유용 육종 소재로 이용하기 위한 연구의 중요성이 대두되고 있다(Seo et al. 2015). 과거에는 긴 시간과 노력이 필요 했던 유전체 전체의 염기서열분석(WGS) 또는 재염기서열 분석(Resequencing)을 적은 자원으로도 효과적으로 진행할 수 있게 되었다. 뿐만 아니라 그 효율성으로 인해 유전체의 구조, 유전변이, 전사 조절 등 다양한 부분에서 사용되고 있다(Baek et al. 2015). 개체의 크고 작은 유전형의 차이들 중 대부분은 SNP이다. SNP 정보 중 일부는 특정 유전 형질과 직접적으로 연관되어 marker 개발을 통한 작물의 육종에 활용되거나 작물 특성연구, 집단 내 개체간의 유전적인 연관 관계를 연구하는데 활용된다. 따라서 SNP를 탐지하기 위한 다양한 기법들이 다양하게 연구되었다(Robert et al 2011, Stephane et al. 2012). 이들 중 NGS를 이용한 SNP 분석 방법으로는 제한 효소 기반의 RAD-seq (Restriction site Associated DNA sequencing)가 먼저 개발되었지만, RAD-seq 방법은 실험방법이 복잡할 뿐만 아니라 양질의 결과를 얻기 위해서는 많은 양의 유전체 염기서열결정을 해야 하기 때문에 상대적으로 효율이 낮다(Back et al. 2015). 이러한 단점을 극복하기 위해 나온 방법이 GBS로 상대적으로 적은 양의 염기서열결정 만으로도 RAD-seq과 동일한 수준의 결과를 얻을 수 있다. 다른 유전형 분석 기술과는 달리, GBS는 저렴한 비용으로 높은 수준의 SNP marker들을 유전체에 mapping 할 수 있다(Back et al. 2015). GBS의 첫 번째 단계는 반복적인 지역의 유전체 서열을 피하고 동시에 유전체의 주요 지역이 선택될 수 있도록 하기 위해 유전체 분석을 통해 가장 효과적인 제한효소를 선택하는 것이다. 다음으로 유전체를 제한효소로 처리한 후 서열의 양쪽 모두가 제한효소로 단편들 모두를 sequencing한다. 이러한 방법은 유전체 전체를 분석하지 않고도 넓은 유전체 범위에 대해 일정한 부분을 높은 비율로 분석할 수 있게 됨으로써 비용 및 시간을 감소시킨다. GBS는 Reduced Representation Library (RRL), RAD-seq 등과 같이 제한 효소를 이용하는 기본원리는 동일하지만 제한 효소로 자른 후 사이즈 크기를 상관하지 않는 점에서 라이브러리 제작이 더 간단하다(Sonah et al. 2013).WGS의 경우 유전체 전체를 sequencing하기 때문에 모든 유전체의 SNP를 확보할 수 있으나 비용이 비싸고, 많은 SNP 중 실제 사용 가능한 SNP를 선별하는 일도 어려움이 크다. GBS의 경우 부분적으로 sequencing 해서 유전체 전체 정보를 확보할 수 있기에 비용적인 부담을 줄일 수 있으며, 실제적으로 사용

가능한 SNP를 선발하는데 유용하다고 볼 수 있다. 이로 인해 SNP 수를 적절한 수준으로 줄이면서 많은 샘플이나 계통을 분석하여 통계처리를 실시하는 경우에 매우 유용하게 사용된다. 본 연구에서는 제 3 절의 연구에 사용했던 21 계통 이외에 총 96개의 수박 야생종과 재배종 계통을 대상으로 GBS를 통해 유전체를 분석함으로써 보다 구체적인 MABC용 SNP를 대량 확보하고, 이들의 과특성 형질의 표현형을 조사하여 Genome-Wide Association Study(GWAS) 분석함으로써 주요 특성 연관 마커를 발굴하고자 하였다.

나. 연구방법

(1) 식물재료 및 재배방법

수박의 경우 과육색, 과피, 과실의 크기와 모양, 호피 무늬 등에서 매우 다양한 형질이 나타나며, 이러한 특성들은 소비자의 선호도에 영향을 미친다. 많은 형질들이 지역마다 차이가 크기 때문에 여러 지역에서 재배되는 품종들을 수집하기 위해 국내와 아프리카, 아시아, 북미, 유럽의 수박 유전자원을 수집하였다. 수집된 유전자원 중에서 유전적으로 고정되어 있고, 유전적 다양성이 높은 96개의 유전자원을 선발하여 2016년도 4월부터 7월까지 토경 재배하였다(Table 1).

Table 1. Sample information.

| No. | Sample | Accession Number | No. | Sample | Accession Number |
|-----|--------|------------------|-----|--------|------------------|
| 1 | 2 | 2013F524-1 | 49 | 57 | 76--2 |
| 2 | 3 | 2013F527-1 | 50 | 58 | 77--1 |
| 3 | 4 | 2013F528-4 | 51 | 59 | 78--2 |
| 4 | 6 | 2012F531-1 | 52 | 60 | 79--2 |
| 5 | 7 | 2012F551-1 | 53 | 63 | 85--3 |
| 6 | 9 | 2--2 | 54 | 64 | 86--1 |
| 7 | 10 | 2--5 | 55 | 65 | 88--5 |
| 8 | 11 | 3--2 | 56 | 66 | 89--5 |
| 9 | 12 | 8--3 | 57 | 67 | 90--2 |
| 10 | 13 | 9--6 | 58 | 68 | 91--6 |
| 11 | 14 | 9--7 | 59 | 69 | 92--1 |
| 12 | 15 | 10--1 | 60 | 70 | 95--2 |
| 13 | 16 | 10--2 | 61 | 72 | 97--1 |
| 14 | 17 | 11--3 | 62 | 73 | 98--7 |
| 15 | 18 | 12--7 | 63 | 74 | 99--3 |
| 16 | 19 | 13--1 | 64 | 76 | 102--2 |
| 17 | 20 | 14--2 | 65 | 77 | 103--1 |
| 18 | 21 | 15--6 | 66 | 78 | 104--4 |

| | | | | | |
|----|----|-------|----|-----|---------------------------|
| 19 | 22 | 16--2 | 67 | 79 | 105--1 |
| 20 | 23 | 17--2 | 68 | 80 | 107--5 |
| 21 | 24 | 18--3 | 69 | 81 | All sweet |
| 22 | 25 | 18--6 | 70 | 82 | garden leader monster |
| 23 | 26 | 19--3 | 71 | 83 | sugar baby |
| 24 | 27 | 20--8 | 72 | 84 | sugar baby |
| 25 | 28 | 21--7 | 73 | 85 | crimson sweet |
| 26 | 29 | 22--5 | 74 | 86 | crimson sweet |
| 27 | 30 | 23--4 | 75 | 87 | congo |
| 28 | 33 | 35--2 | 76 | 88 | bush sugar baby |
| 29 | 34 | 36--2 | 77 | 89 | jubilee |
| 30 | 35 | 38--1 | 78 | 90 | charleston gray |
| 31 | 36 | 39--3 | 79 | 91 | orange glo |
| 32 | 37 | 40--7 | 80 | 92 | Tender gold |
| 33 | 38 | 41--3 | 81 | 93 | orange flesh tender sweet |
| 34 | 39 | 42--2 | 82 | 94 | golden honey |
| 35 | 40 | 44--8 | 83 | 95 | PI 244019 |
| 36 | 41 | 46--6 | 84 | 96 | PI 271769 |
| 37 | 42 | 48--2 | 85 | 97 | PI 296335 |
| 38 | 43 | 49--7 | 86 | 98 | PI 296341 |
| 39 | 44 | 50--2 | 87 | 99 | PI 388770 |
| 40 | 45 | 51--4 | 88 | 100 | PI 482252 |
| 41 | 46 | 52--5 | 89 | 101 | PI 482255 |
| 42 | 47 | 55--6 | 90 | 102 | PI 482261 |
| 43 | 48 | 56--1 | 91 | 103 | PI 482282 |
| 44 | 49 | 57--7 | 92 | 105 | PI 482342 |
| 45 | 50 | 58--4 | 93 | 112 | No B32 |
| 46 | 52 | 71--1 | 94 | 121 | Summer orange B |
| 47 | 53 | 72--3 | 95 | 122 | Mrkk |
| 48 | 54 | 73--1 | 96 | 123 | 7274/CD(DHNB) |

(2) Genotype by Sequencing

Barcode sequence을 이용한 sequence demultiplexing 과정 후에 sequence quality에 따른 trimming 과정을 거쳐 clean reads를 확보한다. Clean read를 이용한 reference genome 과의 alignment를 수행하여 consensus sequence를 작성하고, raw SNP를 탐지한 후에 SEEDERS *in-house* script를 이용하여 샘플 간의 SNP matrix를 작성하였다. 이후에 reference gene position 정보를 기반으로 SNP annotation을 수행하고, SNP filtering 과정을 거쳐 분석에 이용 가능한 수준의 대표 SNP를 선발하였다.

1) Sequence pre-processing: Barcode sequence을 이용하여 sequence demultiplexing을 수행

하고, adapter sequence 제거 및 sequence quality trimming을 수행하였다. sequence quality trimming은 SolexaQA (v.1.13) package 의 DynamicTrim과 LengthSort 프로그램을 사용하였다. DynamicTrim은 short read의 양쪽 끝의 bad quality base를 잘라내어 cleaned read로 정제하는 과정을 수행, LengthSort는 DynamicTrim에서 많은 base가 잘린 read를 제거하는 과정을 수행하였다. DynamicTrim의 phred score ≥ 20 을, LengthSort 과정은 short read length ≥ 25 bp 사용하였다.

2) Alignment to reference genome: 전처리 과정을 통과한 cleaned reads를 BWA(0.6.1-r104) 프로그램을 사용하여 표준유전체에 mapping을 수행하였다. Mapping은 표준유전체와 sequencing 샘플간의 raw SNP (In/Del)을 탐지하기 위한 선행 과정으로 BAM format의 파일을 생성하였다.

3) Raw SNP detection 및 consensus sequence 추출: Clean reads를 표준유전체에 mapping하여 생성된 BAM format의 파일을 SAMtools(0.1.16) 프로그램을 사용하여 raw SNP (In/Del)을 탐지하고, consensus sequence 추출하였다.

4) Generate SNP matrix: 분석대상 간의 SNP 비교분석을 수행하기 위해 SEEDERS *in-house* script를 이용하여 샘플간 통합 SNP matrix를 작성하여, 각 샘플을 표준유전체와 비교하여 얻은 raw SNP position을 후보로 하여 합집합의 리스트를 구축하고, 이때, 빈 영역(non-SNP loci)은 샘플의 consensus sequence로부터 채워 넣는 filling과정을 거쳐 matrix를 작성하였다. 이후 샘플 간의 SNP 비교를 통해 mis-calling 된 SNP를 필터하고, SNP를 유형 구분 기준에 따라 분류하였다.

5) SNP annotation: Calling 된 SNP 좌를 표준유전체의 유전자 위치정보를 기반으로 ‘intergenic/genic-region’ 으로 분류하고, genic-region은 다시 ‘cds/intron region’ 으로 세부 분류를 수행하며, genic-region일 경우, gene description 정보를 함께 제공하였다.

6) SNP filtering: SNP 필터 과정을 거쳐 분석에 이용 가능한 수준의 SNP를 선별하였다.

- SNP loci of biallelic.
- min. depth ≥ 5
- minor allele frequency $> 5\%$
- missing data $< 20\%$

7) Standard genome information

Reference genome information

- Watermelon genome : *Citrullus lanatus* cv. 97103 (version 1)

- International Cucurbit Genomics Initiative(ICuGI) : <http://www.icugi.org>
- Estimated genome size : ~ 425 Mb

Table 2. Summary of reference genome

| Chromosome # | Chromosome length (bp) | # of Transcripts | Transcripts length (bp) |
|--------------|------------------------|------------------|-------------------------|
| Chr 1 | 34,083,085 | 2,608 | 2,929,632 |
| Chr 2 | 34,414,252 | 2,452 | 2,815,374 |
| Chr 3 | 28,939,167 | 1,769 | 2,006,688 |
| Chr 4 | 24,315,960 | 1,269 | 1,299,693 |
| Chr 5 | 33,714,806 | 2,793 | 3,332,775 |
| Chr 6 | 27,018,480 | 1,895 | 2,184,204 |
| Chr 7 | 31,477,646 | 1,869 | 1,933,992 |
| Chr 8 | 26,149,438 | 1,731 | 1,851,759 |
| Chr 9 | 34,986,854 | 2,318 | 2,582,670 |
| Chr 10 | 28,419,553 | 2,084 | 2,374,971 |
| Chr 11 | 27,106,780 | 1,894 | 2,174,883 |
| Chr 0 | 24,621,398 | 758 | 524,187 |
| Total | 355,247,419 | 23,440 | 26,010,828 |

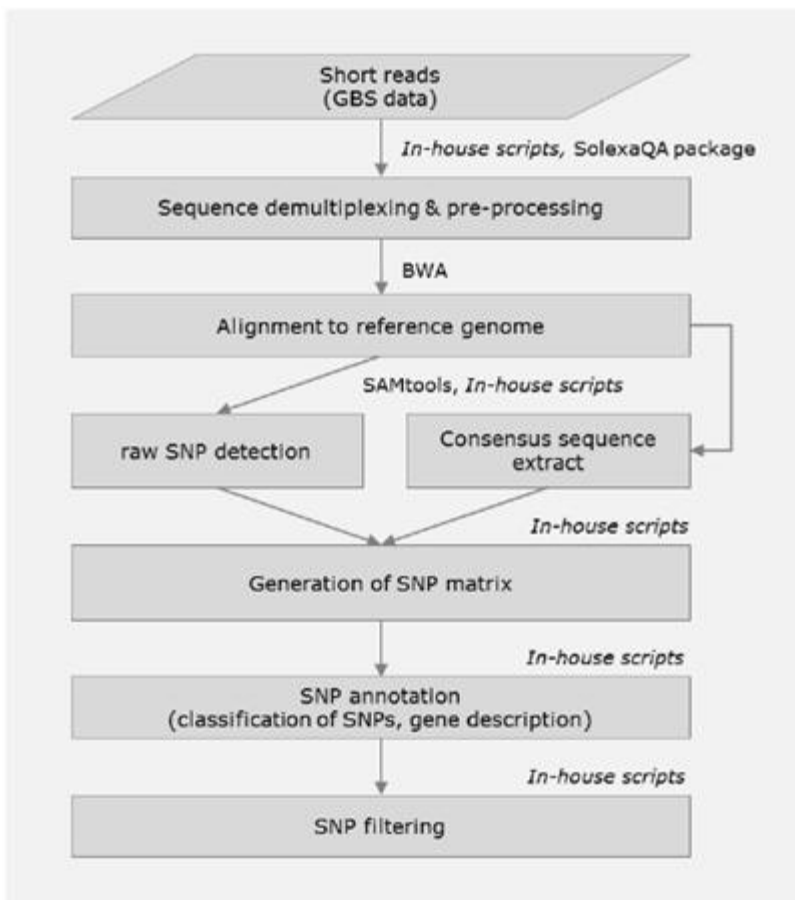


Fig. 1. Analysis diagram using GBS data.

(3) MABC용 마커개발

기존의 여교잡 육종이 목표로 하는 형질에 맞춰 알맞은 교배조합을 설정하고 진행하면 BC₁F₆~BC₁F₇에서 대부분의 유전자형이 고정이 되는 것에 비하여 MAB 육종은 BC₁F₂에서부터 선발이 가능하다고 보고되어(Collard & Mackill 2008) 신품종 육성 기간을 단축하고, 소요되는 노력과 비용을 절감해 육종의 규모와 효율성을 증대시켜 경쟁 우위를 확보할 수 있는 이점을 제공한다(Ibitoye & Akin-Idowu 2010, Xu & Crouch 2008). 최근 여러 작물에서 NGS를 통해 해독된 유전체 정보를 기반으로 한 genome-wide SNPs 발굴로 대량의 분자마커를 빠르게 확보하고 있다(Hyten et al. 2010, Trebbi et al. 2011, Chagné et al. 2012). 특히 SNP 마커는 *in silico* 분석을 통해 농업적으로 중요한 유전자를 확인할 수 있는 유용한 MAB marker로 사용되는 등 응용 범위가 확대되고 있다(An et al. 2010, Cuesta-Marcos et al. 2010, Xu et al. 2012). MAB genotyping을 위하여 표준유전체 정보를 이용해 SNP 검출용 프라이머(primer)를 디자인하였고, 프라이머 제작에는 Primer3 (v2.3.5; <http://primer3.sourceforge.net/releases.php>) 프로그램을 이용하였다(You et al. 2008). 프라이머 크기는 18~22bp, 증폭산물의 크기는 180~220 bp, annealing 온도는 55 ~ 65°C로 설정하였다. 디자인된 프라이머 서열을 모두 수박 표준 유전체에 mapping 하여, SNP 지점 외에 다른 영역에 결합되지 않는지 검정하였다. Mapping 조건 중, mismatch 값을 2로 주었을 때 SNP 지점에만 결합되는 프라이머를 선발하여 DB화 하였다. 이 때 이용하는 marker는 염색체 상에서 무작위적으로 분포하는 것보다 일정한 간격을 유지할 때 약 2배 적은 수의 marker로도 같은 효율을 발휘하게 된다. 분석에 필요한 marker의 수는 비용과 연관되기 때문에 marker의 수를 최소화하는 것이 중요하다.

다. 결과

(1) GBS sequencing data

96개의 샘플의 Sequencing platform으로 Illumina HiSeq 2000paired-end read for GBS sequencing을 사용하였다. GBS sequencing data는 분석을 수행하기에 앞서 barcode sequence를 이용하여 샘플 별로 서열을 분리하는 demultiplexing 과정을 거쳐 raw data 통계치를 만들었다 (Fig. 2).

| 1.BarCode | 2.Sample name | 3.Sum of raw reads | 4.Total length of raw reads |
|-----------|---------------|--------------------|-----------------------------|
| CTCC | 2 | 1,911,200 | 193,031,200 |
| TGCA | 3 | 3,857,354 | 389,592,754 |
| ACTA | 4 | 2,791,672 | 281,958,872 |
| CAGA | 6 | 942,712 | 95,213,912 |
| AACT | 7 | 9,832,160 | 993,048,160 |
| GCGT | 9 | 6,402,764 | 646,679,164 |
| CGAT | 10 | 1,234,454 | 124,679,854 |
| GTAA | 11 | 3,743,786 | 378,122,386 |
| AGGC | 12 | 1,630,792 | 164,709,992 |
| GATC | 13 | 3,243,994 | 327,643,394 |

Fig. 2. Raw data statistic for each sample through demultiplexing.

이러한 demultiplexing 과정을 통해 생산된 샘플 파일은 barcode 및 adapter sequence를 제거하고, sequence quality trimming을 수행하였다(Fig. 3). Demultiplexing과 sequence quality trimming을 통해 확보된 각 샘플의 clean reads 를 reference genome에 mapping하고, 통계치를 추출한 결과는 Fig. 4와 같다.

| 1.BarCode | 2.Sample name | 5.Sum of trimmed reads | 6.Total length of trimmed reads (bp) | 7.Avg. length of trimmed reads (bp) | 8.Trimmed/Raw (%) |
|-----------|---------------|------------------------|--------------------------------------|-------------------------------------|-------------------|
| GATC | 13 | 3,020,252 | 248,315,306 | 82.22 | 93.10% |
| TCAC | 14 | 7,342,690 | 621,282,954 | 84.61 | 92.86% |
| TGCGA | 15 | 2,491,984 | 208,812,486 | 83.79 | 93.37% |
| CGCTT | 16 | 250,444 | 20,704,278 | 82.67 | 93.04% |
| TCACC | 17 | 4,024,880 | 329,922,724 | 81.97 | 92.50% |
| CTAGC | 18 | 185,202 | 15,470,178 | 83.53 | 93.04% |
| ACAAA | 19 | 1,523,368 | 125,488,023 | 82.38 | 92.34% |

Fig. 3. Trimmed data statistic for each sample through demultiplexing.

| 1.BarCode | 2.Sample name | 9.Sum of trimmed reads | 10.No. of mapped reads | 11.Percent of mapped reads (%) | 12.No. of mapped region | 13.Avg. depth of mapped region (#) | 14.medain depth of mapped region (#) | 15.Total length of mapped region (bp) | 16.Avg. length of mapped region (bp) | 17.Reference Genome coverage (%) |
|-----------|---------------|------------------------|------------------------|--------------------------------|-------------------------|------------------------------------|--------------------------------------|---------------------------------------|--------------------------------------|----------------------------------|
| CAGA | 6 | 868,078 | 652,129 | 75.12% | 22,116 | 13.50 | 7.42 | 3,404,156 | 153.92 | 0.9582% |
| AACT | 7 | 9,140,386 | 7,238,351 | 79.19% | 55,127 | 57.05 | 15.50 | 9,070,310 | 164.53 | 2.5532% |
| GCGT | 9 | 5,986,542 | 4,731,435 | 79.03% | 57,729 | 33.28 | 11.23 | 10,296,217 | 178.35 | 2.8983% |
| CGAT | 10 | 1,150,408 | 902,538 | 78.45% | 30,434 | 12.30 | 6.69 | 5,167,114 | 169.78 | 1.4545% |
| GTAA | 11 | 3,470,894 | 2,749,065 | 79.20% | 41,469 | 28.94 | 10.33 | 6,859,154 | 165.40 | 1.9308% |
| AGGC | 12 | 1,526,796 | 1,160,885 | 76.03% | 47,610 | 9.00 | 5.74 | 8,810,878 | 185.06 | 2.4802% |
| GATC | 13 | 3,020,252 | 2,399,184 | 79.44% | 36,822 | 29.44 | 10.32 | 6,001,322 | 162.98 | 1.6893% |
| TCAC | 14 | 7,342,690 | 5,670,331 | 77.22% | 54,742 | 44.69 | 13.98 | 9,056,607 | 165.44 | 2.5494% |
| TGCGA | 15 | 2,491,984 | 1,928,850 | 77.40% | 41,682 | 18.76 | 8.01 | 7,374,399 | 176.92 | 2.0758% |
| CGCTT | 16 | 250,444 | 187,883 | 75.02% | 11,125 | 6.73 | 4.44 | 1,273,905 | 114.51 | 0.3586% |
| TCACC | 17 | 4,024,880 | 2,406,973 | 59.80% | 36,658 | 29.05 | 10.35 | 6,089,232 | 165.21 | 1.7141% |
| CTAGC | 18 | 185,202 | 137,472 | 74.23% | 8,046 | 6.76 | 4.00 | 872,143 | 108.39 | 0.2455% |
| ACAAA | 19 | 1,523,368 | 1,083,160 | 71.10% | 29,751 | 16.10 | 7.62 | 4,851,980 | 163.09 | 1.3658% |

Fig. 4. Mapping statistics for each sample.

(2) Distribution of mapping reads

Trimming 과정을 거쳐 확보된 clean reads를 reference genome에 mapping을 진행하였다. GBS로 생산된 read 들이 reference genome에 균일하게 분포하는지를 확인하기 위해 임의로 두 샘플을 선정하여 분포도를 확인하였다(Fig.5, Fig. 6).

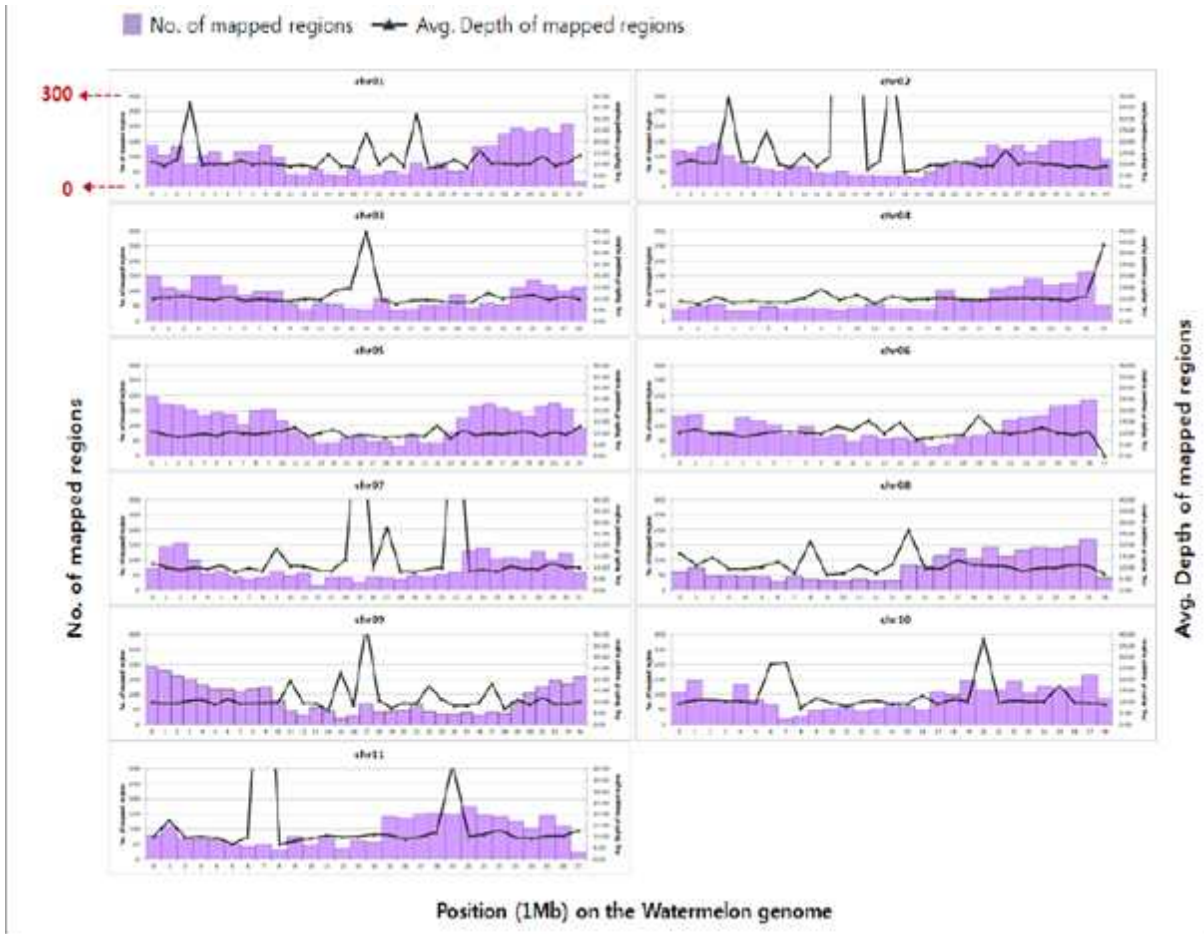


Fig. 5. Mapped read distribution of '10(CGAT)' .

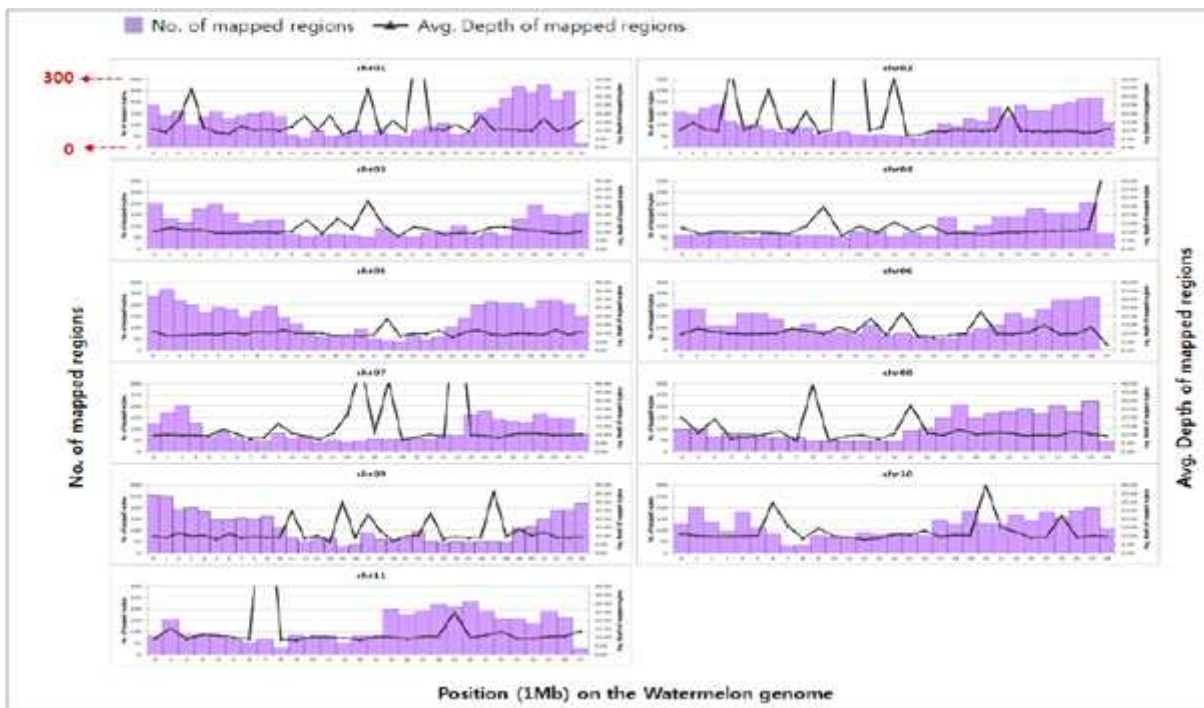


Fig. 6. Mapped read distribution of '90(ACGACTAC)' .

(3) Genome-wide SNP

각 샘플의 raw SNP를 이용하여 수박 96개 품종간의 통합 SNP matrix를 작성하고 SNP matrix에서 필터 기준(read depth \geq 3, mapping quality \geq 30, biallelic SNP(In/Del), unmapping 영역은 분석대상에서 제거)에 미달인 경우는 후보대상에서 제거하였으며, 필터 기준을 통과한 SNP들을 ‘homozygous/heterozygous/Etc.’ 유형으로 구분하였다(Fig. 7). 다음으로는 SNP filtering을 단계별로 진행해 SNP 좌(loci)를 선발하였다. Filtering은 3 단계를 통해 진행하였다. 1 단계는 Total SNP matrix를 filtering하여 96개의 샘플의 union SNP matrix loci를 89,011 좌(loci) 선발하였다. 2단계는 MAF(minor allele frequency) > 5%로 filtering하여 96개의 샘플의 union SNP matrix loci를 25,760 좌(loci)로 줄였으며, 마지막 3단계에서는 missing rate < 20%로 filtering하여 96개의 샘플의 union SNP matrix loci를 11,351 좌(loci)를 선발하였다. 필터를 통해 선발된 대표 SNP 11,351 좌(loci)에 대한 염색체 별 분포도이다(Fig. 8)

| BarCode | Sample | No. of Total SNP | No. of homozygous SNP (read depth \geq 90%) | No. of Heterozygous SNP (40% \leq read depth \leq 60%) | No. of Etc. SNP (homo/heterozygous로 구분할 수 없는 경우) |
|---------|--------|------------------|--|---|---|
| CTCC | 2 | 1,865 | 1,313 | 267 | 285 |
| TGCA | 3 | 2,545 | 1,800 | 323 | 422 |
| ACTA | 4 | 2,132 | 1,346 | 338 | 448 |
| CAGA | 6 | 1,073 | 709 | 162 | 202 |
| AACT | 7 | 3,484 | 2,214 | 486 | 784 |
| GCGT | 9 | 4,705 | 3,239 | 668 | 798 |
| CGAT | 10 | 1,955 | 1,227 | 337 | 391 |
| GTAA | 11 | 3,511 | 2,133 | 694 | 684 |
| AGGC | 12 | 2,396 | 1,744 | 295 | 357 |
| GATC | 13 | 2,607 | 1,694 | 430 | 483 |
| TCAC | 14 | 4,173 | 2,730 | 602 | 841 |
| TGCGA | 15 | 2,922 | 1,818 | 515 | 589 |
| CGCTT | 16 | 422 | 299 | 70 | 53 |
| TCACC | 17 | 2,274 | 1,316 | 461 | 497 |

Fig. 7. SNP statistics for each sample.

(4) 수박 MABC용 SNP marker 개발

GBS에 사용한 총 96개 계통 중 야생종 7 계통(NO. 84, NO.85, NO.86, NO.88, NO.90, NO.91)을 제외한 89개 재배종 수박 계통의 GBS 결과를 기반으로 수박 재배종 MAB용 SNP 마커세트를 다음의 과정을 통해 개발하였다.

- 1) 최종 탐색된 11,351개 genome-wide SNP 각각에 대한 Polymorphism Information content (PIC) value를 계산하여 최소 0.25 이상의 PIC값을 지닌 SNP 선발
- 2) 선발된 SNP 중 각 염색체별로 물리적 거리를 감안하여 균등히 분포된 SNP를 5개씩을 MAB용 SNP로 선발

3) 최종 선발된 55개 SNP (11개 염색체 x 5개 SNP)에 대한 genotyping이 가능한 High resolution melting (HRM) marker용 PCR primer set을 수박 재배종 계통 MAB용 분자마커로 디자인

4) SNP가 존재하는 HRM primer 증폭산물의 참조계놈 sequence (HRM 프라이머 양측 염기서열) 정보

아래 Table 3은 최종 선발된 55개 SNP에 대한 ID, SNP 정보, 계놈상 위치, 유전자 정보, PIC 값, HRM primer, 증폭산물의 크기에 대한 정보를 제시한다. 총 55개 SNP 중 intergenic한 영역에 위치한 것은 18개, intron 영역에 15개, CDS 영역은 22개였으며, PIC 값 중 최대값은 0.38이고, 최소값은 0.27이었으며, 대부분 0.3에 인접하였다.

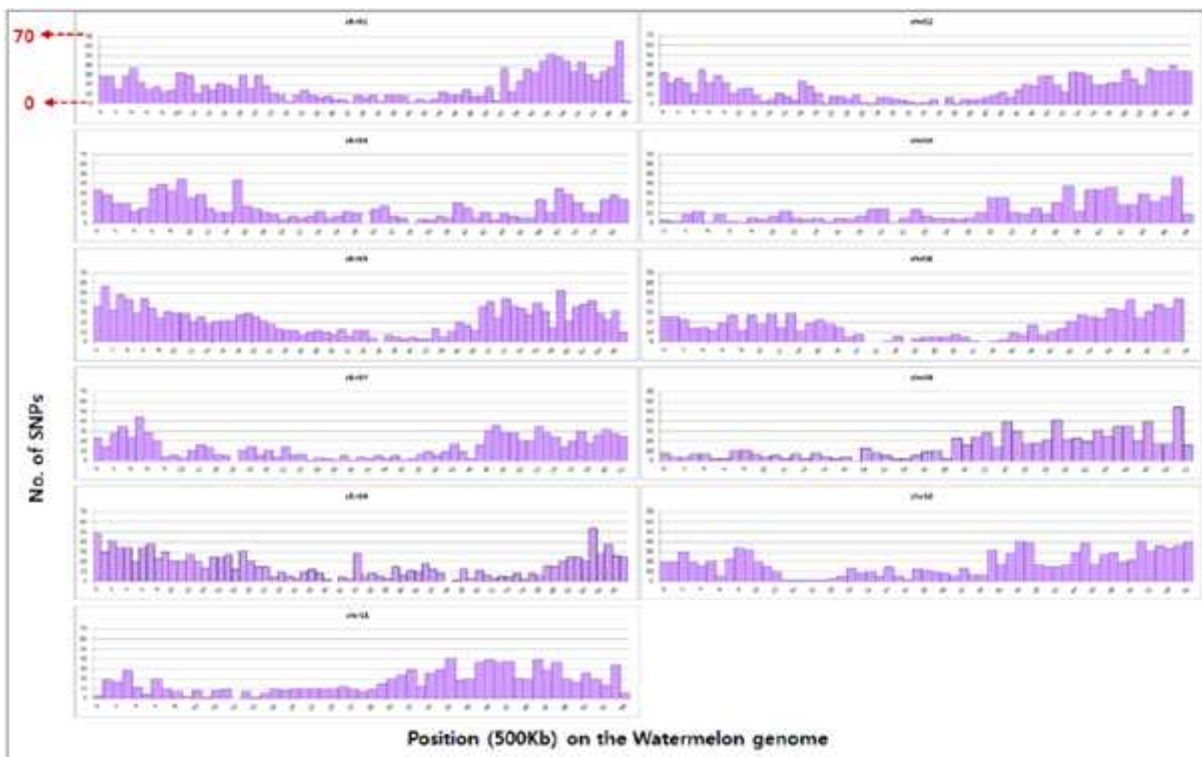


Fig. 8. Genomic distribution of the 11,351 SNPs

Table 3. List of 55 MABC markers developed in this study

| EN | SNP ID | SNP | Chromosome | Position | PIC | Genic/Intergenic | Feature |
|----|--------|-----|------------|----------|------|------------------|---------|
| 1 | 1-1 | T/G | Chr1 | 19298 | 0.32 | Cla004866 | Intron |
| 2 | 1-2 | A/G | Chr1 | 5949053 | 0.36 | Cla003889 | Intron |
| 3 | 1-3 | A/G | Chr1 | 10503913 | 0.37 | Intergenic | |

| | | | | | | | |
|----|-----|-----|------|----------|------|------------|--------|
| 4 | 1-4 | C/A | Chr1 | 17308899 | 0.38 | Cla011011 | CDS |
| 5 | 1-5 | A/C | Chr1 | 30187679 | 0.37 | Cla014354 | Intron |
| 6 | 2-1 | C/T | Chr2 | 165115 | 0.33 | Cla007665 | CDS |
| 7 | 2-2 | C/T | Chr2 | 13296627 | 0.35 | Cla003722 | Intron |
| 8 | 2-3 | A/C | Chr2 | 20247674 | 0.37 | Cla001662 | Intron |
| 9 | 2-4 | G/A | Chr2 | 25148263 | 0.37 | Intergenic | |
| 10 | 2-5 | A/G | Chr2 | 30059928 | 0.37 | Cla013357 | CDS |
| 11 | 3-1 | G/A | Chr3 | 143056 | 0.37 | Intergenic | |
| 12 | 3-2 | A/C | Chr3 | 5066200 | 0.35 | Intergenic | |
| 13 | 3-3 | G/T | Chr3 | 11567732 | 0.34 | Intergenic | |
| 14 | 3-4 | G/A | Chr3 | 16317212 | 0.37 | Cla009572 | Intron |
| 15 | 3-5 | G/T | Chr3 | 20546969 | 0.37 | Intergenic | |
| 16 | 4-1 | C/T | Chr4 | 246412 | 0.34 | Cla002759 | CDS |
| 17 | 4-2 | A/G | Chr4 | 5758866 | 0.37 | Intergenic | |
| 18 | 4-3 | T/C | Chr4 | 11663351 | 0.27 | Intergenic | |
| 19 | 4-4 | T/C | Chr4 | 15282569 | 0.35 | Intergenic | |
| 20 | 4-5 | T/C | Chr4 | 20197816 | 0.27 | Cla018250 | CDS |
| 21 | 5-1 | C/T | Chr5 | 5145287 | 0.37 | Cla021670 | CDS |
| 22 | 5-2 | C/T | Chr5 | 10221952 | 0.37 | Cla013040 | CDS |
| 23 | 5-3 | G/A | Chr5 | 15607802 | 0.35 | Intergenic | |
| 24 | 5-4 | A/G | Chr5 | 25384011 | 0.37 | Intergenic | |
| 25 | 5-5 | T/C | Chr5 | 31327596 | 0.37 | Intergenic | |
| 26 | 6-1 | A/C | Chr6 | 190608 | 0.36 | Cla006940 | Intron |
| 27 | 6-2 | A/G | Chr6 | 5820482 | 0.37 | Cla009333 | CDS |
| 28 | 6-3 | A/G | Chr6 | 10026161 | 0.37 | Intergenic | |
| 29 | 6-4 | C/T | Chr6 | 15136014 | 0.28 | Cla002989 | Intron |
| 30 | 6-5 | C/A | Chr6 | 20597793 | 0.36 | Cla012194 | Intron |
| 31 | 7-1 | G/A | Chr7 | 139907 | 0.37 | Cla002692 | Intron |
| 32 | 7-2 | A/G | Chr7 | 5064815 | 0.37 | Cla004360 | Intron |
| 33 | 7-3 | G/A | Chr7 | 16384605 | 0.35 | Cla007492 | CDS |
| 34 | 7-4 | A/G | Chr7 | 25247938 | 0.37 | Cla012679 | Intron |
| 35 | 7-5 | A/G | Chr7 | 30200344 | 0.29 | Cla010824 | CDS |
| 36 | 8-1 | A/G | Chr8 | 438131 | 0.36 | Cla012493 | Intron |
| 37 | 8-2 | A/C | Chr8 | 5565708 | 0.29 | Intergenic | |
| 38 | 8-3 | A/G | Chr8 | 10618786 | 0.35 | Cla003774 | CDS |
| 39 | 8-4 | T/C | Chr8 | 16626959 | 0.34 | Cla013783 | CDS |
| 40 | 8-5 | C/T | Chr8 | 25188975 | 0.37 | Cla022629 | CDS |
| 41 | 9-1 | T/G | Chr9 | 70827 | 0.36 | Cla015607 | CDS |
| 42 | 9-2 | T/C | Chr9 | 5459407 | 0.36 | Cla014743 | CDS |
| 43 | 9-3 | T/G | Chr9 | 10426113 | 0.36 | Cla016279 | CDS |
| 44 | 9-4 | A/G | Chr9 | 27427530 | 0.37 | Cla003461 | Intron |
| 45 | 9-5 | A/G | Chr9 | 30005169 | 0.3 | Cla010297 | CDS |

| | | | | | | | |
|----|------|-----|-------|----------|------|------------|--------|
| 46 | 10-1 | G/A | Chr10 | 6117027 | 0.35 | Cla005295 | CDS |
| 47 | 10-2 | A/G | Chr10 | 11297210 | 0.37 | Intergenic | |
| 48 | 10-3 | C/T | Chr10 | 15408545 | 0.35 | Intergenic | |
| 49 | 10-4 | G/T | Chr10 | 20140246 | 0.37 | Intergenic | |
| 50 | 10-5 | A/C | Chr10 | 25136110 | 0.35 | Cla017675 | CDS |
| 51 | 11-1 | G/A | Chr11 | 939283 | 0.37 | Intergenic | |
| 52 | 11-2 | G/A | Chr11 | 10493281 | 0.35 | Cla007874 | CDS |
| 53 | 11-3 | C/T | Chr11 | 15205760 | 0.37 | Cla022878 | Intron |
| 54 | 11-4 | C/T | Chr11 | 20117812 | 0.31 | Cla023375 | CDS |
| 55 | 11-5 | T/C | Chr11 | 25181007 | 0.35 | Cla016818 | CDS |

(5) GWAS 분석을 위한 유전자원의 표현형 조사

GBS에 사용된 계통들을 중심으로 총 110개의 계통들에 대해 12가지 표현형질에 대해 조사하였다. 일부 결과는 Table 4와 같다. 이들 정보를 이용하여 GBS에서 탐색된 SNP 정보와 함께 형질에 연관된 SNP를 탐색하기 위해 현재 GWAS 분석을 진행 중에 있다.

Table 4. List of 55 MABC markers developed in this study

| 연번 | 계통명 | 과피색 | 호피 | 과형 | 과경 | 과장 | 과중 | 과피두께 | 당도 | 육색 |
|------|--------------------------|-----|----|----|------|------|-----|------|------|----|
| 81 | allsweet | 백 | 유 | 타원 | 18.7 | 28.2 | 5.0 | 1.1 | 11.0 | r |
| 82 | garden leader monster | 녹 | 유 | 타원 | 22.9 | 27.0 | 6.4 | 1.2 | 9.8 | p |
| 83 | sugar baby | 흑 | 무 | 원 | 19.0 | 20.3 | 3.7 | 1.1 | 12.0 | r |
| 84 | sugar baby | 흑 | 무 | 원 | 20.5 | 21.0 | 4.3 | 1.9 | 11.4 | r |
| 85 | crimson sweet | 백 | 유 | 원 | 21.7 | 23.0 | 5.8 | 0.8 | 11.2 | r |
| 86 | crimson sweet | 백 | 유 | 원 | 21.5 | 23.5 | 5.0 | 1.2 | 10.2 | p |
| 87 | congo | 녹 | 유 | 타원 | 20.0 | 35.0 | 6.3 | 1.3 | 9.4 | p |
| 88 | bush sugar baby | 흑 | 무 | 원 | 14.4 | 14.4 | 1.6 | 1.1 | 10.2 | r |
| 89 | jubilee | 백 | 유 | 타원 | 21.2 | 32.0 | 6.3 | 1.0 | 9.6 | r |
| 90 | charleston gray | 백 | 무 | 타원 | 19.0 | 35.5 | 6.4 | 1.2 | 10.0 | r |
| 91 | orangeglo | 녹 | 유 | 타원 | 19.0 | 28.5 | 4.9 | 1.2 | 10.0 | o |
| 92 | tendergold | 녹 | 유 | 타원 | 18.1 | 27.2 | 4.6 | 1.2 | 8.8 | y |
| 93 | orange flesh tendersweet | 녹 | 유 | 타원 | 20.8 | 31.2 | 5.9 | 1.4 | 5.8 | y |
| 94 | golden honey | 녹 | 유 | 원 | 19.2 | 22.2 | 4.1 | 1.5 | 9.6 | y |
| 95 | PI 244019 | 녹 | 무 | 원 | 10.3 | 10.7 | 0.6 | 0.8 | 3.0 | w |
| 96 | PI 271769 | 녹 | 무 | 원 | 12.0 | 13.5 | 0.9 | 0.9 | 1.0 | w |
| 97 | PI 296335 | 녹 | 무 | 타원 | 12.4 | 16.2 | 1.3 | 0.7 | 1.6 | w |
| 98 | PI 296341 | 녹 | 무 | 원 | 11.3 | 11.4 | 0.7 | 0.7 | 3.2 | w |
| 99 | PI 388770 | 녹 | 유 | 원 | 5.8 | 5.6 | 0.1 | 0.2 | 2.0 | w |
| 1000 | PI 482252 | 백 | 무 | 원 | 13.7 | 12.7 | 1.4 | 0.6 | 3.0 | w |

7. 개발된 마커의 MAS 효율성 검증 및 MAS 서비스 실시

가. 개발된 마커의 실효성 검증

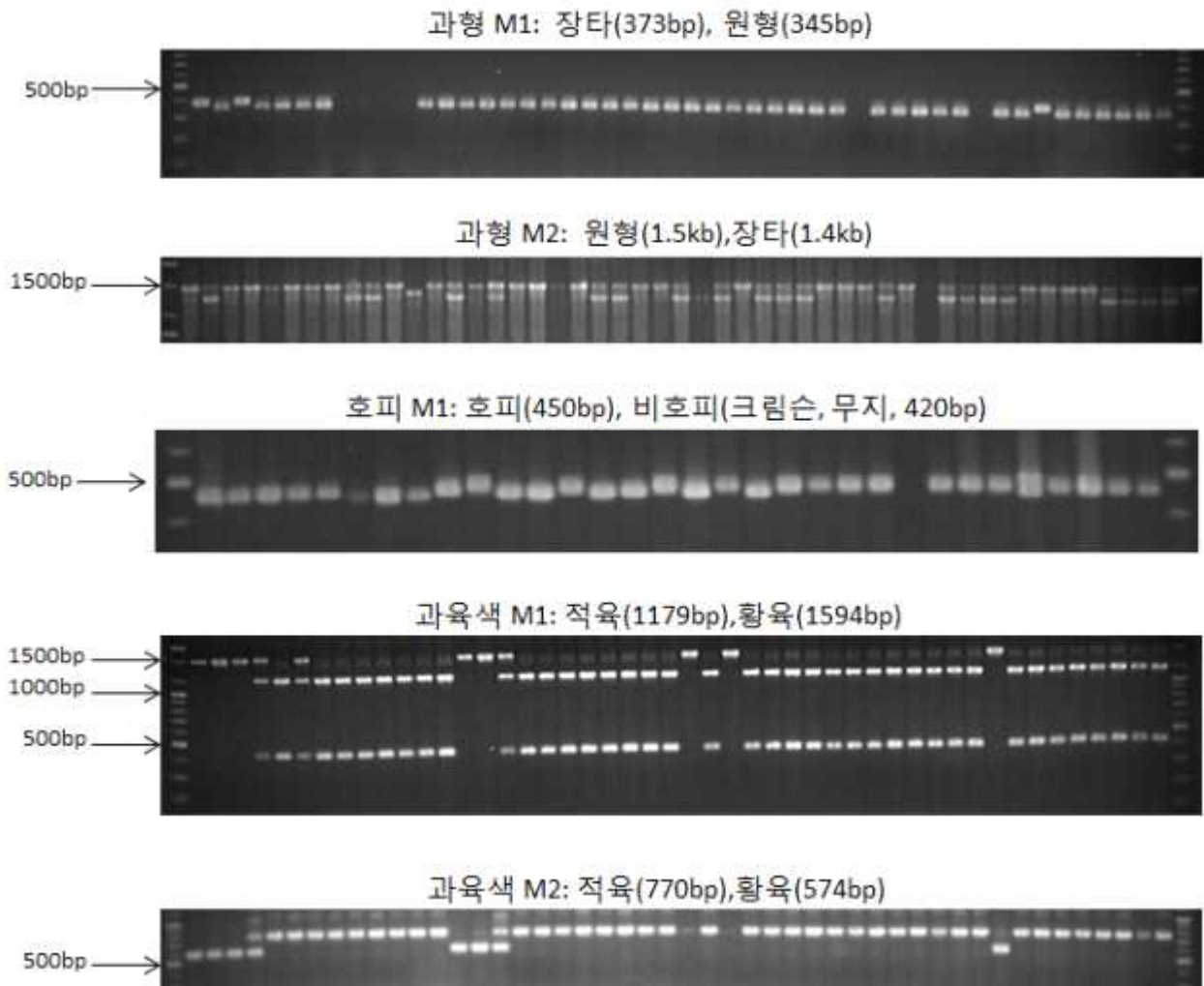
- 신규 분자마커개발과 더불어 기존에 개발되거나 보고되어진 마커를 국내 육종소재 및 분리 집단에 적용하여 봄으로서 이들 마커의 MAS 실효성을 검증하였다.
- 본 연구팀에 의해 개발된 과형(원형/타원형) 판별마커 2종과 호피(호피/크림슨, 무지) 판별마커 1종 및 기존 학술지에 보고된 과육색(적육/황육) 마커 2종을 검증하였다. 과형 및 호피무늬 마커는 QTL 분석 및 BSA를 통해 탐색된 유전자 근접마커이며, 과육색 마커는 유전자기반의 functional marker이다.
- 마커 실효성 검증을 위해 과특성에 대해 분리되는 상기 F2 집단(NPF2-1,2,3,4,5,6,7)과 전북도원에서 분양받은 과특성 고정계통 80여점을 이용하였다.
- F2 집단에 대한 마커검증 결과 과형에서는 M1마커가 82%, M2 마커가 75%, 호피에서는 M1 마커가 85%, 과육색에서는 M1, M2 마커 모두 95% 일치률을 보였다.
- 전북도원의 계통들에 대해서는 과형에서는 M1마커가 원형과 장타원형을 100% 판별하였으며, 호피에서는 M1 마커가 92%, 과육색에서는 M1, M2 마커 모두 93%의 일치률을 보여, 기존 확보된 마커들이 MAS에 활용성이 있음을 알 수 있었다.

나. 민간회사 MAS 지원

- 위에서 검증된 마커들을 활용하여 A 민간회사의 MAS를 총 1637점 지원하였다.
- 총 1637 점 중 호피 195점, 과형 316점, 과육색 207점을 아래의 마커로 검정하였다.
- 보다 정확한 마커들을 개발하기 이전까지는 이들 마커를 통해 MAS를 계속 지원할 예정이며, 대량샘플 자동화 분석서비스를 위해 이들 마커를 KASPar 마커로 전환 중에 있다.

다. 향후 과특성 MAS 지원 발전방향

- 과형의 경우 최근 실험결과에 따르면 한 개 이상 유전자위가 관여하는 것으로 보이며 육종소재에 따라 유전자가 달라질 것이라 예측되므로 추가적인 마커개발이 요구되고 있다.
- 과육색에 있어서 red와 yellow 간 판별 마커기술은 구축 되었지만, orange, salmon yellow와 같은 과육색에 대한 유전적 배경과 관여 유전자, 그리고 유전자 마커에 대한 연구개발 사례는 드물다. 따라서 이에 대한 지속적인 연구가 요구되며, 최근 prolycopene이 높은 salmon yellow 관련 유전자와 이로부터 마커개발을 어느 수준 진행한 상태이다.



<Fig. 16-1. 과특성 마커에 대한 아가로스젤 이미지>

Table 1. 현재까지 수행된 MAS 서비스

| 날짜 | 흰가루 저항성 | 호피 | 과육색 | 과형 | 총계 |
|--------------|---------|-----|-----|-----|------|
| 2015. 07. 07 | 74 | 24 | 26 | 42 | 166 |
| 2015. 09. 25 | 50 | | | | 50 |
| 2015. 10. 02 | 538 | | | | 538 |
| 2015. 11. 12 | 159 | 64 | 68 | 142 | 433 |
| 2016. 8. 27 | 50 | 35 | 58 | 82 | 225 |
| 2016. 12. 20 | 48 | 72 | 55 | 50 | 225 |
| 총계 | 919 | 195 | 207 | 316 | 1637 |

제 3 절 제3세부프로젝트 연구내용 및 결과

1. 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

가. 수출 목표시장 주요 시판품종 정보 및 자원수집

(1) 중국·인도네시아의 주요 수박품종

(가) 중국 중북부의 주요 수박 품종

- 중국의 수박의 주산지는 하남, 산둥, 안휘, 호남, 절강지역이며 품종은 과실형태, 과피색, 과육색, 종자의 유무 등에 따라 분류함(표 1-1.)
- 씨없는 수박재배면적 약 200만무(132천ha), 생산량 300만톤, 생산액 23억 위안임. 그러나 보통수박의 재배면적의 1/10, 생산량의 1/14이지만 일반 수박생산액의 1/5을 차지함.

표 1-1. 중국의 과실크기 및 생육특성별 주요 수박품종

| 품종구분 | 주요 품종명 |
|---------|--|
| 소과 조숙종 | 早春紅玉(일본미카도), 春光, 華晶5号, 小天使, 愛國者, 万福來(한국서울), 麗春(일본야츠에), 秀麗, 特小鳳(대만농우), 黃小玉(일본난토), 玉玲瓏, 陽春, 春蘭, 黃冠, 秀雅, 華晶3号, 黑美人(대만농우), 宝冠(대만농우) |
| 중과 조중숙종 | 早佳(84-24, 新优3号), 世紀春蜜与春暉, 世紀春蜜, 春輝, 早抗麗佳与丰抗美佳, 早抗麗佳, 丰抗美佳, 京欣2号, 紅大(일본난토), 丰抗1号, 皖雜3, 丰樂玉玲瓏, 春蕾, 美麗, 新优25(W94 6), 佳优1号, 鄭雜7号, 美抗9号, 黑珍珠 |
| 대과 중만숙종 | 西農8号, 西農9号, 陝農9号, 紅冠龍, 西農10号, 与津抗3号, 新优2号, 新优17号(W94 1), 開雜8号(豫西瓜4号), 開雜14号, 高抗冠龍, 慶發9号, 慶發12号, 佳优2号, 湘育8号, 湘花(湘西瓜10号), 鄭抗4号, 鄭抗1号, 美抗8号, 開雜5号 |
| 씨없는 수박종 | 黑密5号, 雪峰无籽304, 暑宝, 津蜜2号, 鄭抗无籽2号(蜜枚无籽2号), 雪峰花皮无籽(湘西瓜5号), 雪峰密紅无籽(湘西瓜14号), 雪峰蜜都无籽(湘西瓜12号), 深新1号, 丰樂无籽1号, 丰樂无籽2号, 洞庭2号, 津蜜1号, 鄭抗无籽1号(花皮无籽2号), 鄭抗无籽3号(龍衆无籽3号), 雪峰小玉紅无籽, 雪峰蜜黃无籽(湘西瓜18号), 洞庭3号(湘西瓜19号), 洞庭4号, 洞庭6号, 洞庭8号, 金蜜1号, 黄金名无籽西瓜 |

(나) 중국 중부권 지역의 주요 수박품종 정보

- 절강지역의 경우 Jiazao 1(早佳 84-24), Jingxin 1(京欣1号), Zaochun hongyu(早春红玉) Xiaolan(小兰), Xinong 8(西农8号) 등의 품종이 주로 재배되고 있음(표1-2).
- 산둥지역의 경우 Jingxin 1(京欣1号), Xinong 8(西农8号), Jinzhong Guanlong(金钟冠龙),

Luqing 7(鲁青7号), Zhengza 5(郑杂5号) 등의 품종이 주로 재배되고 있음(표1-2).

- 안휘지역의 경우 초기는 ‘新红宝’, ‘金钟冠龙’ 등이 주품종이었고 최근 ‘京欣系列’, ‘8424 系列’ 이 주이며 일부지역에서 점진적으로 소과형 수박이 시장을 점유하고 있음(표1-2).
- 하남지역은 노지에서 밀수확기와 겹쳐 수박을 간작하고 흑피 씨없는 수박이 특색이며 주요 품종은 ‘农发’ 3号, ‘津蜜20’, ‘黑蜜5号’, ‘珍蜜1号’ 등임. 유종수박은 春光62, 凯旋(개선)과 京欣계열이 주로 재배되고 있음(표1-2).

표 1-2. 중국의 지역별 주요 수박품종

□ 산둥성(山东省) 지역

| 市명 | 县(区)명 | 주요품종 | 특이사항 |
|-----------|------------|---------------------|---------|
| 菏泽市(허저시) | 东明县(동명현) | 郑抗3号 | 주 품종 |
| | | 郑抗5号 | 주 품종 |
| | | 台湾新1号 | 주 품종 |
| | | 如京欣 | 조숙, 화피 |
| | | 鲁青7号 | 조숙, 화피 |
| | | 豫艺早花香 | 조숙, 화피 |
| | | 河南农大豫艺系列 | 흑피 |
| | | 卡其五 | 흑피 |
| | | 丰收3号 | 화피, 타원 |
| | | 庆发12 | 화피, 타원 |
| | | 庆农5号 | 화피, 타원 |
| | | 新红宝 | 화피, 타원 |
| | | 西农8号 | 화피, 타원 |
| 东研9号 | 화피, 타원 | | |
| 京欣系列 | 고원형 | | |
| 潍坊市(웨이팡시) | 青州市(칭저우시) | 京欣系列 | |
| | | 新红宝 | |
| | | 黑美人 特小凤 新1号无籽 | |
| 聊城市(랴오청시) | 高唐县(오탕현) | 惠农3号 | |
| | | 张辛张 蜜罐龙 | |
| | | 天津绿丰 | |
| 济宁市(지닝시) | 泗水县(쓰수이현) | 京欣2号 | 주 품종 |
| | | 欣喜2号 | 주 품종 |
| | | 庆红宝 | 흑피(녹피?) |
| | | 丰收3号 | 흑피 |
| 聊城市(랴오청시) | 东昌府区(동차푸구) | 京欣 | 주 품종 |
| | | 冠农 | 주 품종 |
| | | 京抗2号 | 주 품종 |
| 临沂市(린이시) | | 新疆农人 | |
| | | 优秀2号 | |
| | | 陕抗 京欣系列 | |
| 济南市(지난시) | 章丘市(장추시) | 京欣 | |
| | | 蜜童 | |
| | | 墨童 | |
| | | 红艳 | |
| | | 冰淇淋 | |
| | | 丰收3号 京欣王 | |

| | |
|--|--|
| | 抗丰3号 早春红玉 冰淇淋 京抗1号 京欣1号 双色冰淇淋 红燕 |
|--|--|

□ 절강성(浙江省) 지역

| | | | |
|------------|-----------|--|--------------------------|
| 宁波市(닝보시) | 鄞州区(인저우구) | 早佳(84-24) | 주품종, 중과 |
| 宁波市(닝보시) | 慈溪市(츠시시) | 丰乐5号 抗病948 早佳(84-24) 小兰 | 소과 |
| 湖州市(호저우시) | 长兴县(창싱현) | 早佳(84-24) 美都 小兰 | 호피 호피 소과 |
| 台州市(타이저우시) | 温岭市(원링시) | 早佳(84-24) | 주품종 |
| 绍兴市(사오싱시) | 上虞市(상위시) | 京欣系列 浙蜜 黑金刚 西农8号 早佳(84-24) | |
| 衢州市(취저우시) | 常山县(창산현) | 如拿比特 早春红玉 蜜童 嘉年华2号 | 중소과 중소과 중소과 중소과 |

□ 안휘성(安徽省) 지역

| | | | |
|-----------|----------------------|---|---|
| 亳州市(보저우시) | 谯城区(차오청구) | 新红宝 金钟冠龙 京欣系列 8424 系列 秀丽 京秀 秀雅 京阑 | 주품종 주품종 최근 주품종 소과종, 早春红玉계열 早春红玉계열 小兰계열 小兰계열 |
| 蚌埠市(병부시) | 五河县(우허현) 固镇县(구전현) | 郑杂5号 新红宝 | |
| 合肥市(허페이시) | 肥东县(페이동현) | 京欣계열 绿宝계열 国甜계열 绿宝8号 国抗8号 绿宝10号 丰抗8号 西农8号 | 중숙품종 중숙품종 중숙품종 중숙품종 중숙품종 중숙품종 |

□ 하남성(河南省) 지역

| | | | |
|------------|-----------|------------------------------------|--------------------------------------|
| 周口市(저우커우시) | 太康县(타이강현) | 农发3号 津蜜20 黑蜜5号 珍蜜1号 | 흑피, 무자 흑피, 무자 흑피, 무자 흑피, 무자 |
| | | 春光62 凯旋(개선) | |
| | 扶沟县(푸거우현) | 农发3号 津蜜20 黑蜜5号 珍蜜1号 翠宝 | 무자 무자 무자 무자 무자 |
| | | 凯旋(개선) | |

| | | | |
|------------|-----------|---|--|
| 开封市(카이펑시) | 通许县(통쉬현) | 花蜜3号 花蜜9号 翠宝5号 台新3号 黑蜜3号 龙卷风 汴杂9号 | |
| | 开封县(카이펑현) | 京欣系列 开杂2号 郑抗2号 | 조속품종 |
| 郑州市(징저우시) | 中牟县(중머우현) | 翠宝5号 黑蜜5号 黑帝 | 화피, 무자 흑피, 무자 흑피, 무자 |
| | | 特大黑蜜5号 D-20 花蜜无籽 蜜玫无籽 台湾无籽 波罗蜜 | 무자 무자 무자 무자 무자 |
| | | 日本金丽 金蜜 一品甘红 京欣 新欣 台湾甜王 新欣2号 超甜王 特大京欣 东洋真美 国豫2号 瓜满甜 日本金丽 日本金蜜 一品甘红 星研7号 黄金宝 黑宝 庆发 | 京欣계열 京欣계열 京欣계열 京欣계열 京欣계열 京欣계열 |
| 安阳市(안양시) | 汤阴县(탕인현) | 万青巨宝王 江天龙 绿农12 红蜜龙 京欣 | |
| 驻马店市(주마덴시) | 确山县(첸산현) | 高抗6号 红蜜龙 | 대과, 내수송 대과, 내수송 |

출처) 1. 国家西甜瓜产业技术体系, 《中国蔬菜》编辑部. 2011. 全国西瓜主要优势产区生产现状(一).
中国蔬菜 2011(13) : 5-9

2. 国家西甜瓜产业技术体系, 《中国蔬菜》编辑部. 2011. 全国西瓜主要优势产区生产现状(一).
中国蔬菜 2011(15) : 5-8

(다) 중국 지역별(절강, 산둥, 안휘, 하남, 북경) 시판품종 수집

○ 중국 절강성의 항주와 산둥성의 제남, 수광, 청도 지역에서 소과종인 ‘早佳’ 과 ‘懒汉瓜’ 王 등 32품종의 수박 시판종을 수집하였으며 하남성의 정주, 상구와 강소성의 서주, 안휘성의 합비 및 북경에서 ‘青皮霸王’ 등 108점 수집하였음(표 1-3, 표 1-4, 그림1-1, 그림1-2).

표 1-3. 중국 절강성, 산둥성 수집 수박 시판종 목록

| 일련 번호 | 품종명 | 일련 번호 | 품종명 | 일련 번호 | 품종명 |
|----------|--------|----------|-----------|----------|----------|
| 1 | 懒汉瓜王 | 12 | 抗病丰园 | 23 | 美国黑将军 |
| 2 | 懒汉绿长龙 | 13 | 早佳 | 24 | 一品 |
| 3 | 西农8号 | 14 | 懒汉地雷王 | 25 | 黑冠 |
| 4 | 大地雷188 | 15 | 抗病花金宝 | 26 | 惊天雷霸 |
| 5 | 双抗大地雷 | 16 | 抗病黑巨霸 | 27 | 满堂红(京欣) |
| 6 | 双星(精品) | 17 | 玻璃球西瓜 | 28 | 优冠 |
| 7 | 美冠 | 18 | 台湾黑美人 | 29 | 优势189 |
| 8 | 京欣1号 | 19 | 名品 | 30 | 千禧(极品红艳) |
| 9 | 黄金冠 | 20 | 早冠巨龙 | 31 | 金帝 |
| 10 | 西农8号 | 21 | 绿霸王 | 32 | 铁皇后 |
| 11 | 黄金宝 | 22 | 地雷王(抗病京欣) | - | - |

표 1-4. 중국 하남성, 안휘성 및 북경 수집 수박 시판종 목록

| 일련번호 | 품종명 | 일련번호 | 품종명 | 일련번호 | 품종명 |
|------|----------|------|----------|------|---------|
| 1 | 青皮霸汉 | 38 | 新花王 | 75 | 金鹤黑美龙 |
| 2 | 全福三号 | 39 | 双抗京欣王 | 76 | 金鹤玉凤 |
| 3 | 霸星三号 | 40 | 甜王七号 | 77 | 裕友特大黑美人 |
| 4 | 全福008 | 41 | 重茬黑霸王 | 78 | 黑麒麟 |
| 5 | 霸星九号 | 42 | 抗病特大地雷王 | 79 | 玲珑王 |
| 6 | 宏奥七号 | 43 | 美国皮特 | 80 | 西农十一 |
| 7 | 宏奥106 | 44 | 超甜地雷王 | 81 | 千鼎二号 |
| 8 | 新世纪黑霸 | 45 | 大花龙 | 82 | 千鼎三号 |
| 9 | 雪峰新一号 | 46 | 重茬地雷王 | 83 | 千鼎四号 |
| 10 | 黑马王子 | 47 | 极早熟21天 | 84 | 国审绿龙 |
| 11 | 西农九号 | 48 | 黑蜜王 | 85 | 特大京欣王 |
| 12 | 隆发88无子 | 49 | 春艳 | 86 | 早美丽 |
| 13 | 黑媚娘 | 50 | 拓华麒麟瓜 | 87 | 千鼎一号 |
| 14 | 红大 | 51 | 抗裂京欣王一号 | 88 | 国豫二号 |
| 15 | 丰乐五号 | 52 | 天蜜一号 | 89 | 新台农八号 |
| 16 | 春满园 | 53 | 郑杂五号 | 90 | 绿抗巨龙 |
| 17 | 丰乐祥龙 | 54 | 卡其黑鹰 | 91 | 绿之秀 |
| 18 | 黄蜜一号 | 55 | 艺海星球 | 92 | 豫艺黑小宝 |
| 19 | 丰抗八号 | 56 | 中天二号 | 93 | 丰乐黑优美 |
| 20 | 玉玲珑 | 57 | 卡其早甜, 贵妃 | 94 | 黑皮将军 |
| 21 | 新优宝花 | 58 | 贵妃 | 95 | 台湾特大黑美人 |
| 22 | 绿宝 天下 | 59 | 陕抗五号 | 96 | 荃银佳玲 |
| 23 | 绿宝福瓜大又圆 | 60 | 秦红209 | 97 | 正品春红玉 |
| 24 | 欧洲风暴 | 61 | 黑秀龙卷风) | 98 | 荃银银兰 |
| 25 | 新卡其八号 | 62 | 新机遇 | 99 | 圣女 |
| 26 | 豫艺2000 | 63 | 绿宝金花王 | 100 | 雅兰 |
| 27 | 豫艺早抗三号 | 64 | 绿宝新黑帅 | 101 | 金帝 |
| 28 | 特选早抗二号 | 65 | 黑天霸 | 102 | 黄小玉 |
| 29 | 创研早丽 | 66 | 金鹤蜜兰 | 103 | 玉美人 |
| 30 | 华米瓜霸 | 67 | 黄小玉二号 | 104 | 甜妞 |
| 31 | 华蜜黄冠 | 68 | 农科大六号 | 105 | 安生红美人 |
| 32 | 奥甜一号 | 69 | 早抗丽佳 | 106 | 黄金三号 |
| 33 | 改良特大抗病巨龙 | 70 | 小天使 | 107 | 金银茄 |
| 34 | 特大景丰早蜜 | 71 | 雪峰早蜜 | 108 | 科农三号 |
| 35 | 特大景丰黑冠 | 72 | 宝冠无籽一号 | 109 | 科农九号 |
| 36 | 联农新K8 | 73 | 金鹤美玉 | - | - |
| 37 | 新优宝佳 | 74 | 裕友美麒麟 | - | - |



지난 종자판매상



지난 종자전시회



수박품종 전시



수박품종 판매



구항 종자시장



구항 종자판매회사



수박품종 판매



유전자원 수집



정주 종자회사 방문



수박 판매종자 포장



하남 정주 종자시장



유전자원 수집



하남 상구 종자시장



안휘 합비 종자시장



서주 종자시장



유전자원 수집

그림 1-1. 중국 지역별 수박 시판자원 수집을 위한 현지 출장



그림 1-2. 중국 수출목표 시장의 수집 수박 시판품종

(라) 중국(운남, 산시)의 주요 수박품종

○ 운남성은 중국의 서남부 북위 21° 09'~29° 15', 동경 98° 31'~106° 12'에 위치하며 서부는 미얀마, 남부는 라오스, 베트남과 접경을 이루고 동쪽은 귀주성과 광서장족자치구, 서북쪽은 서장자치구, 북쪽은 서주와 인접해 있음

○ 산시성의 면적은 19만여km²로 국토 총면적의 2%를 차지하며, 행정구역은 시안·셴양·바오지·한중·웨이난·옌안·퉁촨·안강·위린·상뤄 등 10개 지급시와 3개 현급시, 80개 현으로 이루어져 있음

○ 중국의 주요 수박산지는 하남성, 산둥성, 안휘성, 호남성, 절강성 등이고 이들 지역에서 전체 수박 재배면적의 약 48%를 담당하고 있음

○ 운남성과 산시성에서 종자를 수집시 1~2차년도 수집종과 동일한 종은 제외를 원칙으로 하여 수집하였음

표1-5. 운남성과 산시성 중요시판품종 수집

| | 품종명(중) | 품종명(한) | | 품종명(중) | 품종명(한) |
|----|----------------|-------------|----|------------|------------|
| 1 | 美国先锋 | 미국선봉 | 24 | 华抗龙丰 | 화강용봉 |
| 2 | 时代先锋 | 시대선봉 | 25 | 亚洲巨龙 | 아주거용 |
| 3 | 雷神5号 | 뇌신5호 | 26 | 日本丰抗八号 | 일본봉항팔 |
| 4 | 美国五星上将 | 미국오성상장 | 27 | 佳珍 | 가진 |
| 5 | 凯旋新一代 | 개선신일대 | 28 | 西域星 | 서역성 |
| 6 | 懒汉黑霸王 | 뢰한흑패왕 | 29 | 佳多宝 | 가다보 |
| 7 | 园艺之星 | 원예지성 | 30 | 昊丰大果黑美人 | 호봉대과흑미인인 |
| 8 | 卡其 (东京兰贵人 F1) | 잡기(동경난귀인) | 31 | 超甜抗病京欣王 | 초첨항병경흔왕 |
| 9 | 小爱神 | 소애신 | 32 | 冰淇淋西瓜 | 빙기림서과 |
| 10 | 芭芭 | 파비 | 33 | F1台湾新台农八号 | F1태만신태농팔호 |
| 11 | 卡其极品黑美人F1 | 잡기극품흑미인 | 34 | 新选西农九号 | 신선서농구호 |
| 12 | 黑地雷 | 흑지뢰 | 35 | 特大景丰黑甜王 | 특대경봉흑첨왕 |
| 13 | 懒汉京欣王 | 뢰한경흔왕 | 36 | 景龙宝3号 | 경용보3호 |
| 14 | 特大懒汉瓜王 | 특대뢰한과왕 | 37 | 欣领裕 | 흔영유 |
| 15 | 中华国宝 | 중화국보 | 38 | 国审红冠龙 | 국심홍관용 |
| 16 | 神禾 (早佳84-24) | 신화(조가84-24) | 39 | 王者之尊 | 왕자지존 |
| 17 | 泰国倘麒麟 (108-A) | 태국당기린 | 40 | 金小凤 | 금소봉 |
| 18 | 特大新红宝 | 특대신홍보 | 41 | 甜王麒麟瓜 | 첨왕기린과 |
| 19 | 抗病地雷王 | 강병지뢰왕 | 42 | 特大郑杂五号 | 특대정잡오호 |
| 20 | 早佳84-24 | 조가 | 43 | 科龙208 | 과용 |
| 21 | 金色丽人 | 금색여인 | 44 | 抗病西农八 | 항병서농팔 |
| 22 | 富秀 | 부수 | 45 | 懒汉超甜黑霸 | 뢰한초첨흑패 |
| 23 | 蜜小宝 | 밀소보 | 46 | 神禾(西农儿号F1) | 신화(서의인호F1) |



그림1-3. 운남성·산시성 종자시장 재배농가 현장방문

(마) 인도네시아의 주요 수박품종

○ 인도네시아 수박의 주산지는 중부 및 동부 자바주 지역이며 13,020ha을 재배해서 전체

면적의 30%를 차지하고 있으나 인도네시아 전지역에서 골고루 분포되어 재배되고 있음.

| 지역 | 재배면적(ha) | 생산량(톤) | 지역 | 재배면적(ha) | 생산량(톤) |
|----------|----------|---------|----------|----------|--------|
| 서부 자바주 | 2,136 | 41,146 | 남부 수마트라주 | 1,040 | 11,584 |
| 중부 자바주 | 6,248 | 86,727 | 벵골루주 | - | - |
| 동부 자바주 | 6,792 | 114,416 | 람퐁주 | 1,824 | 29,111 |
| 아찌주 | 1,410 | 13,974 | 남부 칼리만탄주 | 2,933 | 42,923 |
| 북부 수마트라주 | 2,312 | 43,205 | 발리주 | 1,472 | 15,823 |
| 서부 수마트라주 | - | - | 기타 | 8,052 | 75,418 |
| 합계 | 34,219 | 474,327 | | | |

- 전체 면적 34,000ha 중 2배체 씨 있는 수박 재배면적이 약 26,000ha, 3배체 씨 없는 수박 면적이 8,000ha이며 타원형 2배체는 7,740ha가 재배되고 있음.
- 동부 자바주 및 발리주에는 해발이 높지 않은 평지, 논토양에서 재배되고 있으며 높은 두둑을 만들지 않고 평지에 이랑에 포기사이를 90cm로 정식하고 유인 및 착과는 자연 방임함.

표1-6. 인도네시아 중요 시판품종 수집

| 품종명(영) | 과크기 | 과형 | 종자여부 | 과육색 | 특성 |
|---|-----------|------|------|-----|---|
| Watermelon Hybrid F1 SUN FLOWER | 10kg | 타원형 | 유 | 붉은색 | 12brix, 균일한 성장, 높은 활력과 수율 |
| GreenPillow Benih Semangka non biji | 4-8kg | 타원형 | 무 | 붉은색 | 열대지역에서 성장, 장기간 보관 및 운송에 강함, 수분이 많음, 달콤한 맛 |
| CLAUSE Vegetable seeds SUNJAYA F1 | 5kg | 타원형 | 유 | 노란색 | 순도99%,85%이상발아 |
| BAMSEED Indonesian quality seeds NEW INKUN | | 장타원형 | 유 | 노란색 | |
| ChiaTaiSeed Benih semangka hibrida F1 Tanpa biji SETABINDO-1 | 5-8kg | 원형 | 무 | 붉은색 | 씨없는 수박 F1 잡종, 이식 60-65일 후 수확, 성장에 강함 |
| Benihsemangkanonbiji Seedless Watermelon ESTBELLA KUNING hibrida F1 | | 장타원형 | 무 | 노란색 | 씨없는 수박 F1 잡종, 이식 60-65일 후 수확, 성장에 강함 |
| PrimasidF1HybridWatermelonINN A | | 타원형 | 유 | 붉은색 | 순도 98%, 발아 85% |
| TUNAS SEED semangka Berbiji BLACK SWEET (Hibrida F1) | 2.5-3.5kg | 장타원형 | 유 | 붉은색 | 과육 부드러움 |
| TUNAS SEED Semangka Berbiji KIDUNG (Hibrida F1) | 2-3kg | 장타원형 | 유 | 노란색 | 11-13brix, 작은 크기의 수박 포함 |
| EAST-WEST SEED CAP PANAHERAH AMARA F1 | 7-9kg | 원형 | | 붉은색 | 순도99% |

| | | | | |
|---|---|---|---|--|
|  |  |  |  |  |
| AMARA F1 | BLACK SWEET | ESTRELLA KUNING | GREEN PILLOW | INKUN |
|  |  |  |  |  |
| INNA | KIDUNG | SETABINDO-1 | SUN FLOWER | SUNJAYA F1 |



그림 1-4. 인도네시아 수출목표 시장의 재배 및 품종육종 현황

(2) 유럽의 주요 수박품종

(가) 스페인의 주요 수박품종

- 스페인 재배면적은 2012년기준 18,900ha로 최근 10년간 지속적으로 재배면적 증가하고 있으며 재배면적이 가장 넓은 지방은 스페인 남부 안달루시아로 9,049ha로 그 중 알메리아 지역의 재배면적은 5,665ha로 남부 지방의 재배면적에 절반 이상을 차지하고 있음.
- 재배방식은 전체면적의 58%인 10,966ha가 노지재배를 하고 있으며 하우스재배는 33%인 6,202ha로 많은 부분은 노지재배를 하고 있음.

| 지역 | 재배면적(ha) | 지역 | 재배면적(ha) |
|----------|----------|----------|----------|
| 안달루시아 | 9,049 | 무루시아 | 2,488 |
| 카스티야-라만차 | 4,075 | 발렌시아 | 1,652 |
| 엑스트레마두라 | 658 | 발레아레스 | 315 |
| 카탈루냐 | 246 | 기타(5개지역) | 459 |
| 합계 | 18,942 | | |

* 출처 : 스페인 농업식품환경부

○ 스페인 내 수박 생산규모는 2012년 기준 87만톤이며 종자는 육묘형태로 생산자에게 공급함에 따라 종자회사로부터 스페인내 공급종자를 수집하였음.

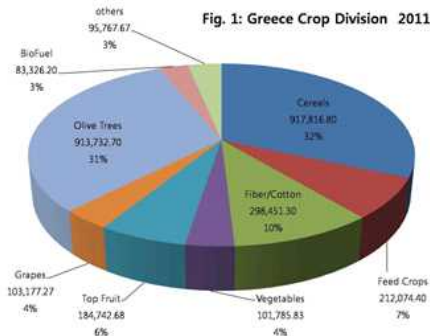
| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
|  |  |  |  |  |  |
| Sandia Sugar Baby | SANDIA SUGAR BABY | Sandia Crimson Sweet | Sandia Sugar Baby | Crimson Sweet | MERIDIAN |
|  |  |  |  |  |  |
| CRIMSON SWEET | Sandia Klondike RS57 | 발도리아 | 9601HQ | 프리미엄 | ACX5117T |

○ 스페인 내 과일 소비 중 수박이 차지하는 비중은 6%를 차지하고 1인당 수박 소비량은 2013년 기준 8.8kg으로 지속적으로 증가하고 있음



(나) 그리스의 주요 수박품종

- 그리스는 관광과 농업이 활성화 되어 있는 나라로 금융 위기후 타 산업에서 농업으로 전환한 인구가 지속적으로 증가하고 있음
- 그리스의 주요 채소재배는 크레타 섬, 펠레폰세소스, 테살리아, 마케도니아에서 재배되고 있음



○ 대부분의 채소는 봄·여름 기간에 노지 재배되고 있으며 재배면적은 91,000ha, 시설재배의 경우 북유럽 등으로 수출되어 경제적으로 중요

■ 그리스 수박 시판종 수집 내역(19품종)

| 일련 번호 | 품종명 | 국가명 | 일련 번호 | 품종명 | 국가명 |
|-------|---------------------|-----|-------|--------------------------|-----|
| 1 | GEMMA 찰레스톤 | 그리스 | 11 | FARM 크룬다이크 | 그리스 |
| 2 | GEMMA 크림슨 스위트 | 그리스 | 12 | FARM 슈가 베이비 | 그리스 |
| 3 | GEMMA 슈가베이비 | 그리스 | 13 | FARM 크림슨 스위트 | 그리스 |
| 4 | Natura 크림슨 스위트 | 그리스 | 14 | φYTOTEXNIKH 슈가 베이비 | 그리스 |
| 5 | Natura BAPE/A 블루 리본 | 그리스 | 15 | φYTOTEXNIKH 찰레스톤 그레이 | 그리스 |
| 6 | Natura MAYPO 슈가 베이비 | 그리스 | 16 | φYTOTEXNIKH 크림슨 스위트 | 그리스 |
| 7 | Vilmorin 크림슨 스위트 | 그리스 | 17 | Bakker Brothers 하이브리드 F1 | 그리스 |
| 8 | Vilmorin 슈가 베이비 | 그리스 | 18 | Bakker Brothers 크림슨 스위트 | 그리스 |
| 9 | Wonderseed 크림슨 스위트 | 그리스 | 19 | ZΩΓPAΦOΣ 크림슨 스위트 | 그리스 |
| 10 | Wonderseed 크림슨 스위트 | 그리스 | | | |



그림1-6. 그리스 종자 판매 시장

- 그리스 아테네에 위치한 중앙시장과 칼리타시아에 위치한 농산물 도매시장이 있어 중앙 시장 및 수산기구 (CMFO SA)는 1955 년 “아테네 중앙 과일 및 채소 시장“이라는 이름으로 설립됨.
- 1970 년에 육류 도매상이 CMFO SA로 이송되었고 1989 년 조직은 “아테네 중앙 시장“으로 개명되었고, 1998 년 SA에서 “Central Market of Athens SA“라는 이름으로 개조되었으며 2004 년에 시설의 현대화가 되었음.
- 현재 CMFO는 재무부가 유일한 주주이며 개발부와 농촌 개발부의 감독하에 있음.



<그리스 아테네 중앙 시장>

<그리스 칼라티아 농산물 도매시장>

그림1-7. 그리스 채소 유통 시장

(3) 아메리카(북남미)의 주요 수박품종

(가) 브라질의 주요 수박품종

- 브라질은 전국적으로 수박을 생산하고 있으나 종자는 100% 수입을 하는 상황으로 주요 수입국은 미국, 일본이고 다국적 기업의 종자도 많이 사용하고 있어 국내 종자업체의 진출이 필요함.
- 수박연구는 엠브라파 산하의 채소연구소에서 최근 수박 육종가 한명을 채용하여 육종사

업을 시작함으로써 수박 육종은 시작단계임.
















- 브라질의 재배품종은 Crimson type이 주를 이루며 약 50여 품종이 재배되고 있으며 총채 벌레가 매개하는 바이러스 피해가 심해 저항성 품종 육성이 시급함. 씨 없는 수박의 점유율은 낮은 편이며, 일부 소과종도 유통되고 있음.
- 브라질 27개주 전지역 197만ha에서 수박을 재배하며 히우그란지두술, 바이아, 고이아스, 상파울루 4개 주가 전체 재배면적에 54%를 차지하고 있음. 또한 주요 4개 주가 전체 생산량 2,680만톤 중에 54%를 생산하고 있음.

표1-7. 브라질 주별 수박 재배 현황

| 약어 | 주명 | 재배면적(ha) | 생산량(ton) | 수익(만R\$) | 약어 | 주명 | 재배면적(ha) | 생산량(ton) | 수익(만R\$) |
|----|-----------|----------|-----------|-----------|-----|---------|-----------|------------|-----------|
| RS | 히우그란지두술 | 433,194 | 6,096,774 | 1,567,640 | CE | 세아라 | 20,861 | 502,088 | 212,959 |
| BA | 바이아 | 309,773 | 3,546,810 | 1,105,609 | MT | 마투그로수 | 24,249 | 361,766 | 201,365 |
| GO | 고이아스 | 151,055 | 2,901,289 | 965,176 | MS | 마투그로수두술 | 17,833 | 301,071 | 84,904 |
| SP | 상파울루 | 171,022 | 2,669,579 | 1,083,115 | SE | 세르지피 | 12,225 | 180,504 | 59,803 |
| TO | 토칸칭스 | 63,568 | 1,610,133 | 488,699 | RO | 혼도니아 | 17,020 | 171,501 | 66,256 |
| PR | 파라나 | 70,077 | 1,306,330 | 457,876 | AC | 아크리 | 11,516 | 134,512 | 57,567 |
| PE | 페르남부쿠 | 92,386 | 1,269,742 | 488,224 | RR | 호라이마 | 12,431 | 106,551 | 58,155 |
| RN | 히우그란지두노르치 | 57,008 | 1,149,165 | 461,425 | PB | 파라이바 | 8,672 | 95,003 | 24,725 |
| PA | 파라 | 59,075 | 1,084,649 | 512,742 | RJ | 리우데자네이루 | 3,291 | 29,095 | 13,930 |
| PI | 피아우이 | 72,965 | 756,362 | 218,514 | AL | 알라고아스 | 1,521 | 27,541 | 7,375 |
| SC | 산타카타리나 | 54,328 | 654,360 | 212,314 | AP | 아마파 | 5,988 | 27,023 | 40,645 |
| MG | 미나스제라이스 | 35,281 | 638,260 | 218,537 | ES | 이스피리투산투 | 1,797 | 24,071 | 13,827 |
| MA | 마라냥 | 163,366 | 601,618 | 227,280 | DF | 연방구 | 125 | 1,876 | 626 |
| AM | 아마조나스 | 102,570 | 558,113 | 403,550 | 합 계 | | 1,973,197 | 26,805,786 | 9,252,838 |

* IBGE(2013)

- 종자는 수입종자를 사용하고 있으며 브라질내 육종품종은 없으며 주요 유통은 도매시장을 통해 유통되고 있음.

| | | | | |
|---|---|---|--|---|
|  |  |  |  |  |
| REDONDA | Olimpia | Crimson Sweet | Fairfax | OMARU YAMATO |
|  |  |  |  |  |
| MELANCIA FAIRFAX | CRIMSON SELECT PLUS | MELANCIA CONGO | Charleston Gray | Mini Hibrido Beni Makura |
|  |  |  |  |  |
| Melancia Fairfax | CHARLESTON GRAY SUPER | Hibrida New Beni Kodama | Hibrida Taiyo | OMARU YAMATO |

- 2013년도 수박에서 925억R\$의 수익을 올렸으며 전국 27개주 중 주요 4개주가 51%를 차지 하였음.

| | | | |
|---|---|--|---|
|  |  |  |  |
| 브라질 엠브라파 | 엠브라파 채소연구소 | 브라질 채소시장 | 수박 판매 |
|  |  |  |  |
| 수박 수출 | 브라질 종자시장(1) | 브라질 종자시장(2) | 브라질 종자시장(3) |

(나) 미서부의 주요 수박품종

- 미국의 종자산업은 동부지역에서 처음 시작되었으나 날씨와 습도가 종자생산에 이상적이 지 못했기 때문에, 1800년대 후반 판매 거점은 동부에 유지하되 생산지는 캘리포니아와 워싱턴 등의 서부지역으로 이동하였음. 이후 1940년대에 이르러 본사를 서부지역으로 옮기는 종자회사들이 늘어남
- 미국에서의 상업용 채소종자의 생산은 날씨가 좋고 습도가 낮아 병충해의 위험이 낮고 토양이 비옥한 오레곤, 워싱턴, 아이다호, 캘리포니아 등의 서부지역을 중심으로 이루어 짐
- 금액 기준으로 2,000만 달러 이상을 생산한 품목은 양파, 브로컬리, 양배추 및 수박 등이 었음

< 미국의 채소종자 생산현황 >

| 종 자 | 면 적(Acres) | 생산량 (lbs) | 생산금액(US\$) |
|----------|------------|-----------|------------|
| 브 로 컬 리 | 144,947 | 90,968 | 25,882,988 |
| 양 배 추 | 93,608 | 33,303 | 6,775,834 |
| 담 근 | 129,606 | 396,619 | 25,292,893 |
| 컬 리 플라 워 | 61,245 | 8,954 | 3,560,307 |
| 오 이 | 64,599 | 133,215 | 6,399,179 |
| 가 지 | 5,020 | 603 | 117,744 |
| 삼 추 | 273,721 | 78,476 | 19,228,121 |
| 양 파 | 178,858 | 396,229 | 31,273,697 |
| 피 망 | 54,695 | 25,166 | 18,918,613 |
| 무 | 30,174 | 301,741 | 2,908,090 |
| 시 금 치 | 54,129 | 1,045,669 | 8,090,578 |
| 호 박 | 73,426 | 216,847 | 9,570,325 |
| 토 마 토 | 114,588 | 4,493 | 10,682,072 |
| 수 박 | 203,411 | 110,822 | 24,326,923 |

*자료: USDA Economic Research Service (2013.1.18)

- 미국은 유기농 종자와 다국적기업 및 생산용 종자로 구분되어 있음
- 현지 유기농업을 위해 판매하는 일반종 및 재래종 위주로 구입하였고 다국적기업에서 생산용은 현지 구입이 어려움이 있어 귀국 후 다각도로 구입을 추진하고 있음

■ 미서부 수박 시판종 수집 내역(43품종)

| 일련 번호 | 품종명 | 국가명 | 일련 번호 | 품종명 | 국가명 |
|-------|--|-----|-------|--------------------------------|-----|
| 1 | Sugar Baby | 미국 | 23 | Chilean Black-seeded | 미국 |
| 2 | Klondike Blue Ribbon Striped | 미국 | 24 | Moon & Stars Yellow Fleshed | 미국 |
| 3 | Golden Honey | 미국 | 25 | Desery King | 미국 |
| 4 | Tendergold | 미국 | 26 | White Sugar Lump | 미국 |
| 5 | Kleckley s Sweet | 미국 | 27 | White Wonder | 미국 |
| 6 | Charleston Gray | 미국 | 28 | Black Diamond | 미국 |
| 7 | Jubilee Bush | 미국 | 29 | Stone Mountain | 미국 |
| 8 | Dixie Queen | 미국 | 30 | Jubilee | 미국 |
| 9 | Daisy or yellow Shipper | 미국 | 31 | Tom Watson | 미국 |
| 10 | Irish Grey | 미국 | 32 | Missouri Heirloom Yellow Flesh | 미국 |
| 11 | Colorado Preserving or Red Seeded Citron | 미국 | 33 | Congo | 미국 |
| 12 | King and Queen of Winter | 미국 | 34 | Wilson s Sweet | 미국 |
| 13 | OSH Kirgizia | 미국 | 35 | Golden Russian | 미국 |
| 14 | Ali BABA | 미국 | 36 | Ancient | 미국 |
| 15 | Japanese Cream Fleshed Suika | 미국 | 37 | Black Seeded Ice Cream | 미국 |
| 16 | Orangeglo | 미국 | 38 | Blacktail Mountain | 미국 |
| 17 | Orange Flesh Tendersweet | 미국 | 39 | Sugar Baby Bush | 미국 |
| 18 | Moon & Stars | 미국 | 40 | Sweet Dakota Rose | 미국 |
| 19 | Strawberry | 미국 | 41 | Navajo Winter | 미국 |
| 20 | Ledmon | 미국 | 42 | Janosik | 미국 |
| 21 | Georgia Rattlesnake | 미국 | 43 | Cream of Saskatchewan | 미국 |
| 22 | Royal Golden | 미국 | | | |



- 샌프란시스코 북쪽 페탈루마(Petaluma)에 위치한 seed bank는 채소 종자를 구입하기에 좋은 장소로 판단됨

- 각종 채소종자(수박, 토마토, 메론, 호박, 고추 등) 및 화훼관련 종자를 다양하게 보유하고 있으며, 미국 재래종 종자가 다량으로 판매하고 있음
- 채소종자 등은 벌크형태(100립 이상)로도 구매가 가능함
- 주소 : 199 Petaluma Blvd N, Petaluma, CA 94952 미국
- * 홈페이지 <http://www.rareseeds.com/petaluma-seed-bank/>



<미국 종자은행(SEED BANK)>

나. 수출 목표 시장 수집 주요 시판 수박품종의 원예적 특성 평가

(1) 중국·인도네시아의 수집 시판 수박품종의 원예적 특성 평가 및 분리집단 채종

(가) 중국 수집 수박 시판종의 원예적 특성 및 분리집단 채종(1년차)

- 국립원예특작과학원에서 수집하여 농업유전자원센터에 기탁 보유 중인 중국 시판품종 중 48점을 대상으로 2013년 8월 31일 파종하여 2013년 9월 5일 정식하여 재배를 수행하였으나 동절기 세력저하와 교배 불균일, 과실비대 불량 등으로 인하여 ‘이성향병6호’ 등 35점에 대하여 특성 조사가 가능하였음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과형에 있어서는 ‘서농5호’ 등 7품종은 단타원형이었고 ‘조춘홍육’ 등 9품종은 타원형이었으며 ‘경미보5호’ 등 19품종 대부분은 원형이었음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과피색은 연록색에서 농록색까지 분포하였는데 ‘이성1호’ 등 9품종은 녹색, ‘소흑룡’ 등 6품종은 진한 녹색이었으며 ‘이성향병6호’ 등 19품종은 연한 녹색이었으며 ‘소황룡’은 황색이었음(표 3-5).
- 과육색은 ‘레폼황육’ 등 7품종은 황색, ‘경미보5호’ 등 6품종은 적황색, ‘이성향병6호’ 등 22품종은 적색이었음. 그러나 적황색 과육품종 중 ‘경미보5호’와 ‘이성향병6호’는 적색과 황색과실로 분리되는 특징을 보였음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과실표면의 무늬형태는 호피무늬가 대부분이었으나 ‘경미보5호’ 등 5품종은 무늬가 없거나 연한무늬를 보였으며 줄무늬너비는 대부분 중간정도이었으나 ‘소황룡’과 ‘록보대제’는 매우 좁은 무늬를 보였음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과피두께는 0.4 ~ 1.9cm이었으며 ‘일왕길가’와 ‘레폼황육’이 0.4cm로 가장 얇았으며 ‘이성향병6호’가 1.9cm로 가장 두꺼운 것으로 나타났음(표 1-8, 그림 1-8).
- 당도는 평균 9.2 ° Brix이었고 5.2 ~ 10.2 ° Brix 범위이었으며 당도가 10 ° Brix이상인 품종은 ‘이성향병6호’, ‘소흑룡’, ‘신란’, ‘이성1호’와 ‘흙복금태랑’이었음, 당도가 가장 낮은 품종은 소황룡으로 5.9 ° Brix이었음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과실성숙일수는 동절기 재배로 인하여 성숙일수가 길어진 것으로 판단되며 평균 82일이

고 66 ~ 99일에 수확되었으며 ‘소황룡’, ‘선봉’ 등 6품종은 90일 이상이었고 ‘황소옥2호’는 66.3일로 가장 짧았음(표 1-8, 그림 1-8).

표 1-7. 중국 수집 수박 시판종의 원예적 특성

| 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | 과형 | 과피 색 | 과육 색 | 과무리 형태 | 줄무리 너비 | 과장 (cm) | 과경 (cm) | 과피 두께 (cm) | 당도 (°Brix) | 과실 숙 일수 |
|----------|---------|---------|-----|---------|---------|-----------|-----------|------------|------------|------------------|---------------|---------------|
| 1 | 13GSP01 | 이성항병6호 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 좁다 | 12.0 | 9.7 | 1.1 | 10.0 | 72.8 |
| 2 | 13GSP02 | 이성1호 | 원형 | 녹색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 11.9 | 12.3 | 0.9 | 9.6 | 77.0 |
| 3 | 13GSP03 | 경미보5호 | 원형 | 농록색 | 적황 색 | 무늬없 음 | 중간 | 11.8 | 11.6 | 0.7 | 9.3 | 81.3 |
| 4 | 13GSP04 | 소흑룡 | 타원형 | 농록색 | 적색 | 무늬없 음 | 중간 | 13.9 | 9.3 | 1.0 | 10.1 | 87.5 |
| 5 | 13GSP05 | 소황룡 | 단타원 | 황색 | 적색 | 줄무리 | 매우좁다 | 13.0 | 12.0 | 1.0 | 5.9 | 99.0 |
| 6 | 13GSP09 | 경혼1호 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 13.7 | 13.7 | 1.0 | 9.3 | 80.4 |
| 7 | 13GSP10 | 선봉 | 타원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 15.1 | 11.6 | 0.9 | 9.3 | 92.3 |
| 8 | 13GSP11 | 서농5호 | 단타원 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 좁다 | 17.3 | 12.7 | 0.9 | 8.9 | 84.8 |
| 9 | 13GSP12 | 서농8호 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 14.6 | 11.8 | 0.8 | 8.6 | 94.0 |
| 10 | 13GSP13 | 일왕길가 | 원형 | 녹색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 14.0 | 13.5 | 1.1 | 8.9 | 71.5 |
| 11 | 13GSP14 | 레폼황옥 | 단타원 | 연록색 | 황색 | 줄무리 | 좁다 | 13.5 | 12.2 | 0.4 | 8.2 | 86.5 |
| 12 | 13GSP17 | 조춘홍옥 | 타원형 | 연록색 | 적황 색 | 줄무리 | 좁다 | 11.7 | 9.9 | 0.4 | 8.3 | 79.1 |
| 13 | 13GSP19 | 신란 | 타원형 | 연록색 | 황색 | 줄무리 | 좁다 | 13.0 | 12.0 | 0.6 | 10.4 | 70.4 |
| 14 | 13GSP20 | 흑거패 | 단타원 | 농록색 | 적색 | 줄무리 | 좁다 | 16.0 | 13.8 | 0.5 | 9.8 | 98.0 |
| 15 | 13GSP22 | 금화보서과 | 단타원 | 녹색 | 황색 | 줄무리 | 중간 | 15.5 | 13.9 | 0.6 | 9.3 | 92.3 |
| 16 | 13GSP23 | 항병경혼지뢰왕 | 원형 | 녹색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 12.8 | 13.1 | 0.9 | 9.7 | 76.8 |
| 17 | 13GSP24 | 상봉정잡7호 | 단타원 | 녹색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 14.8 | 13.5 | 0.8 | 9.8 | 74.7 |
| 18 | 13GSP26 | 록보대제 | 타원형 | 연록색 | 적색 | 무늬없 음 | 매우좁다 | 16.7 | 13.5 | 0.5 | 9.2 | 87.0 |
| 19 | 13GSP29 | 특대경혼 | 원형 | 연록색 | 적황 색 | 줄무리 | 중간 | 13.3 | 13.6 | 1.0 | 9.4 | 85.8 |
| 20 | 13GSP30 | 라한지뢰왕 | 원형 | 연록색 | 적황 색 | 줄무리 | 좁다 | 12.0 | 11.0 | 1.0 | 8.2 | 71.0 |
| 21 | 13GSP33 | 절밀4호 | 타원형 | 녹색 | 황색 | 줄무리 | 좁다 | 11.0 | 9.2 | 1.0 | 7.2 | 81.0 |
| 22 | 13GSP34 | 수방 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 12.1 | 11.4 | 0.9 | 9.3 | 79.3 |
| 23 | 13GSP36 | 홍대H서과 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 13.1 | 13.0 | 1.1 | 9.5 | 71.0 |
| 24 | 13GSP37 | 특급경혼 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 13.3 | 12.7 | 1.1 | 8.7 | 89.0 |
| 25 | 13GSP39 | 라밀구209 | 타원형 | 연록색 | 황색 | 줄무리 | 좁다 | 12.1 | 10.3 | 1.1 | 9.5 | 85.7 |
| 26 | 13GSP40 | 황소옥2호 | 원형 | 녹색 | 황색 | 줄무리 | 중간 | 11.1 | 10.3 | 0.9 | 9.9 | 66.3 |
| 27 | 13GSP41 | 설봉흑미인 | 타원형 | 농록색 | 적색 | 무늬없 음 | 중간 | 17.0 | 11.4 | 1.0 | 8.1 | 96.0 |
| 28 | 13GSP42 | 소옥7호 | 타원형 | 연록색 | 황색 | 줄무리 | 중간 | 10.0 | 11.8 | 0.7 | 9.2 | 69.0 |
| 29 | 13GSP43 | 특우경혼 | 원형 | 연록색 | 적색 | 줄무리 | 중간 | 13.5 | 13.8 | 0.9 | 9.4 | 89.3 |
| 30 | 13GSP44 | 국미춘광 | 단타원 | 녹색 | 적색 | 줄무리 | 좁다 | 12.5 | 11.0 | 0.5 | 9.7 | 87.0 |

| | | | | | | | | | | | |
|----|---------|--------|----|---------|------|----|------|------|-----|------|------|
| 31 | 13GSP46 | 이성1호 | 원형 | 농록색 적색 | 무늬없음 | 중간 | 12.0 | 14.0 | 1.0 | 10.2 | 73.0 |
| 32 | 13GSP47 | 경밀보5호 | 원형 | 농록색 적황색 | 무늬없음 | 중간 | 9.7 | 9.4 | 1.0 | 9.2 | 84.5 |
| 33 | 13GSP48 | 이성향병6호 | 원형 | 연록색 적색 | 줄무늬 | 중간 | 13.1 | 12.9 | 1.9 | 9.5 | 85.0 |
| 34 | 13GSP49 | 흙복금태랑 | 원형 | 녹색 적색 | 줄무늬 | 중간 | 13.6 | 14.2 | 1.2 | 10.0 | 82.0 |
| 35 | 13GSP51 | 원수 | 원형 | 연록색 적색 | 줄무늬 | 중간 | 50.5 | 13.7 | 1.1 | 9.7 | 85.8 |

↓ : 교배일에서 수확일까지의 일수



그림 1-7. 수박 중국 수집 시판종의 과실 특성

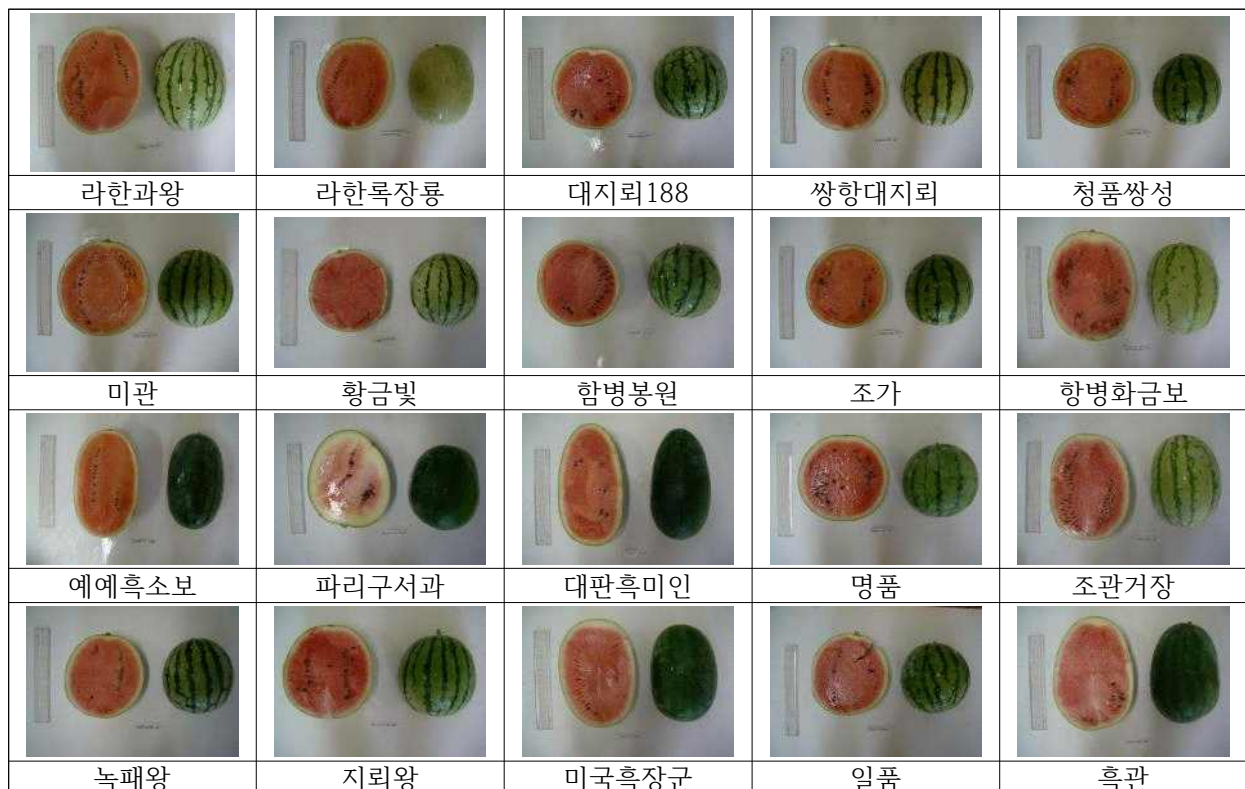
(나) 중국 수집 수박 시판종의 원예적 특성 및 분리집단 채종(2년차)

- 중국 시판품종 중 49점을 대상으로 2014년 3월 31일 과중하여 2014년 5월 정식하여 재배를 수행하여 원예적 특성 평가를 실시한 결과 ‘대관 흑미인’ 등 4품종이 과중, 당도 등의 특성이 우수하였음.
- 과중을 기준으로 49품종에 대한 분류는 국내 시판종 ‘초당꿀’을 포함하는 2.4~5.0kg의 범위를 보인 소과종은 ‘전은가령’ 등 11품종이었으며 5.1~6.3kg의 범위를 보인 중과종은 ‘침뉴’ 등 20품종, 6.5~9.3kg의 범위를 보인 대과종은 ‘안생홍미인’ 등 19품종으로 나타났음. 이들 중 ‘천정삼호’는 9.3kg으로 가장 과중이 높게 나타남(표 1-8, 그림 1-8).
- 과피색은 황색에서 농록색까지 분포하였는데 ‘라한과왕’ 등 13품종은 연녹색, ‘대지뢰188’ 등 25품종은 녹색이었으며 ‘예예흑소보’ 등 9품종은 농록색(흑피)이었으며 ‘안생홍미인’ 등 2품종은 황색이었음(그림 3-3).
- 과육색은 ‘아란’ 등 7품종은 황색, ‘소천사’ 등 6품종은 연한적색, ‘라한과왕’ 등 35품종은 적색, ‘보관무자일호’는 오렌지색(적황색)이었음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과실표면의 무늬형태는 호피무늬가 대부분이었으나 ‘예예흑소보’ 등 12품종은 무늬가 없거나 연한무늬를 보였으며 줄무늬너비는 대부분 중간정도이었으나 ‘유우흑미인’과 ‘우세’, ‘우관’, ‘명품’, ‘소천사’는 매우 좁은 무늬를 보였음(그림 1-8).
- 과피두께는 0.5~1.8cm이었으며 ‘전은가령’이 0.5cm로 가장 얇았으며 ‘파리구서과’가 1.8cm로 가장 두꺼운 것으로 나타났음(표 3-5, 그림 3-3).
- 당도는 평균 9.9 ° Brix이었고 6.8~12.7 ° Brix 범위이었으며 당도가 10 ° Brix이상인 품종은 ‘우관’ 등 26품종이었음. 당도가 가장 낮은 품종은 ‘금학밀한’으로 6.8 ° Brix이었고 가장 높은 품종은 ‘정품춘홍옥’이었음(표 1-8, 그림 1-8).
- 과형지수는 0.07~1.08로 장타원형에서 원형으로 다양하게 나타났으며, 과형지수가 가장 낮은 품종은 ‘서농십일’로 0.07이었음(표 1-8, 그림 1-8).

표 1-8. 중국 수집 수박 시판종의 원예적 특성

| BN. | 품종명 | 과중 (Kg) | 과형지수 | 과피두께 (cm) | 과육색 | 당도 (Brix) |
|---------|--------|---------|------|-----------|-----|-----------|
| 14GSP1 | 라한과왕 | 8.5 | 0.79 | 1.3 | R5 | 10.5 |
| 14GSP2 | 라한록장롱 | 7.0 | 0.71 | 1.4 | R5 | 10.3 |
| 14GSP3 | 대지뢰188 | 4.6 | 0.97 | 1.0 | R5 | 9.3 |
| 14GSP4 | 쌍향대지뢰 | 7.3 | 0.62 | 0.9 | R5 | 10.3 |
| 14GSP5 | 청품쌍성 | 5.5 | 0.93 | 0.9 | R5 | 9.4 |
| 14GSP6 | 미관 | 6.9 | 0.98 | 1.0 | R5 | 10.0 |
| 14GSP7 | 황금빛 | 6.2 | 1.06 | 1.0 | R5 | 10.8 |
| 14GSP8 | 함병봉원 | 5.3 | 0.95 | 0.9 | R5 | 9.7 |
| 14GSP9 | 조가 | 7.2 | 0.68 | 1.0 | R5 | 10.4 |
| 14GSP10 | 항병화금보 | 7.5 | 0.76 | 1.1 | R5 | 8.9 |
| 14GSP11 | 항병흑거괘 | 7.0 | 0.72 | 1.1 | R5 | 7.9 |
| 14GSP12 | 파리구서과 | 7.7 | 0.90 | 1.8 | R3 | 8.3 |
| 14GSP13 | 대관흑미인 | 7.2 | 0.46 | 1.7 | R5 | 11.9 |
| 14GSP14 | 명품 | 5.6 | 1.00 | 1.0 | R5 | 8.7 |
| 14GSP15 | 조관거장 | 8.4 | 0.73 | 1.7 | R5 | 9.0 |
| 14GSP16 | 녹괘왕 | 4.4 | 0.92 | 1.0 | R5 | 9.9 |
| 14GSP17 | 지뢰왕 | 5.2 | 0.90 | 1.0 | R3 | 10.3 |
| 14GSP18 | 미국흑장군 | 5.5 | 0.73 | 1.1 | R5 | 10.6 |

| | | | | | | |
|---------|---------|-----|------|-----|----|------|
| 14GSP19 | 일품 | 5.4 | 0.94 | 1.0 | R5 | 9.6 |
| 14GSP20 | 흑관 | 6.3 | 0.69 | 1.0 | R5 | 10.0 |
| 14GSP21 | 양천뢰패 | 3.2 | 0.92 | 1.0 | R5 | 10.9 |
| 14GSP22 | 만당홍 | 6.0 | 0.95 | 1.0 | R3 | 10.2 |
| 14GSP23 | 우관 | 5.6 | 1.00 | 1.0 | R5 | 10.0 |
| 14GSP24 | 우세 | 6.2 | 0.94 | 0.9 | R5 | 10.9 |
| 14GSP25 | 천보 | 4.9 | 0.91 | 0.9 | R5 | 9.7 |
| 14GSP26 | 금계 | 5.2 | 0.94 | 0.9 | R5 | 10.2 |
| 14GSP27 | 철황려 | 7.3 | 0.90 | 1.1 | R3 | 9.7 |
| 14GSP28 | 홍대 | 5.6 | 0.93 | 1.0 | R5 | 9.5 |
| 14GSP29 | 금학밀란 | 4.6 | 0.89 | 0.9 | Y5 | 6.8 |
| 14GSP30 | 소천사 | 2.8 | 0.71 | 0.6 | R3 | 8.3 |
| 14GSP31 | 설봉조밀 | 4.8 | 0.91 | 1.2 | R5 | 10.1 |
| 14GSP32 | 금학미옥 | 5.0 | 0.38 | 1.0 | Y5 | 10.9 |
| 14GSP33 | 유우미기린 | 6.3 | 0.93 | 1.1 | R5 | 9.5 |
| 14GSP34 | 금학흑미룡 | 7.5 | 0.61 | 1.0 | R5 | 10.2 |
| 14GSP35 | 금학옥봉 | 6.3 | 0.83 | 0.8 | Y5 | 10.5 |
| 14GSP36 | 유우특대흑미인 | 5.3 | 0.59 | 1.1 | R5 | 10.4 |
| 14GSP37 | 전은가령 | 2.4 | 0.76 | 0.5 | R5 | 11.0 |
| 14GSP38 | 정품춘홍옥 | 3.9 | 0.89 | 0.8 | Y5 | 12.7 |
| 14GSP39 | 아란 | 3.0 | 0.87 | 0.7 | Y5 | 9.4 |
| 14GSP40 | 첨뉴 | 5.1 | 0.75 | 0.6 | Y5 | 9.3 |
| 14GSP41 | 안생홍미인 | 6.5 | 0.85 | 1.1 | Y5 | 8.7 |
| 14GSP42 | 황금삼호 | 6.7 | 0.78 | 1.0 | R5 | 10.6 |
| 14GSP43 | 천정삼호 | 9.3 | 0.90 | 1.1 | R5 | 10.6 |
| 14GSP44 | 천정사호 | 5.3 | 0.91 | 1.3 | R5 | 9.0 |
| 14GSP45 | 국예이호 | 7.0 | 1.08 | 1.0 | R5 | 10.0 |
| 14GSP46 | 서농십일 | 8.2 | 0.07 | 1.5 | R5 | 9.8 |
| 14GSP47 | 국십륙룡 | 7.6 | 0.77 | 1.4 | R5 | 10.2 |
| 14GSP48 | 록지수 | 6.7 | 0.90 | 1.0 | R3 | 10.1 |
| 14GSP49 | 천정이호 | 5.1 | 0.91 | 0.9 | R5 | 10.8 |
| 14GSP50 | 예예흑소보 | 5.6 | 0.60 | 1.2 | R5 | 9.2 |
| 14GSP51 | 스피드꿀플러스 | 5.8 | 0.82 | 1.0 | R5 | 9.2 |
| 14GSP52 | 초당꿀 | 4.7 | 0.86 | 1.0 | R5 | 10.2 |
| 14GSP53 | 삼복꿀 | 5.6 | 0.85 | 1.0 | R5 | 9.8 |



| | | | | |
|-------|---------|-------|-------|-------|
| | | | | |
| 양천뢰패 | 만당홍 | 우관 | 우세 | 천보 |
| | | | | |
| 금제 | 철황려 | 홍대 | 금학밀란 | 소천사 |
| | | | | |
| 설봉조밀 | 보관무자일호 | 금학미옥 | 유우미기린 | 금학흑미룡 |
| | | | | |
| 금학옥봉 | 유우특대흑미인 | 정품춘홍옥 | 아란 | 침뉴 |
| | | | | |
| 안생홍미인 | 황금삼호 | 천정삼호 | 천정사호 | 국예이호 |
| | | | | |
| 서농십일 | 국심록룡 | 록지수 | 천정이호 | |

그림 1-8. 중국 수집 수박 시판종의 원예적 특성

(다) 중국·인도네시아 수집 수박 시판종의 원예적 특성 및 분리집단 채종(3년차)

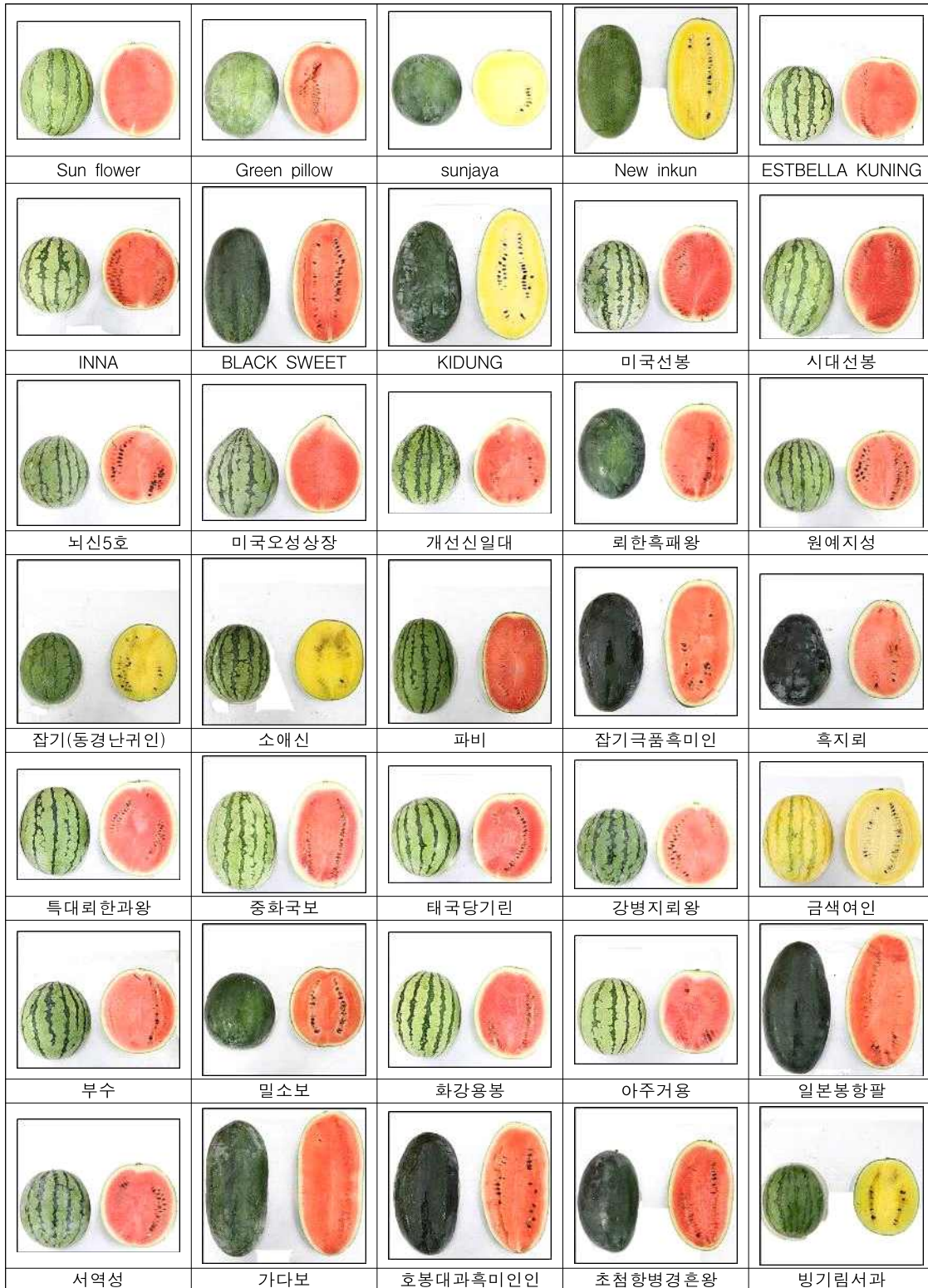
- 중국 시판품종 중 44점을 대상으로 2015년 3월 31일 파종하여 2014년 5월 정식하여 재배를 수행하여 원예적 특성 평가를 실시한 결과 ‘시대선봉’ 등 4품종이 과중, 당도 등의 특성이 우수하였음.
- 과중을 기준으로 44품종에 대한 분류는 국내 시판종 ‘초당꿀’을 포함하는 2.4~5.0kg의 범위를 보인 소과종은 ‘뇌신5호’ 등 26품종이었으며 5.1~6.3kg의 범위를 보인 중과종은 ‘뢰한흑패왕’ 등 15품종, 6.5~9.3kg의 범위를 보인 대과종은 ‘Green pillow’ 등 3품종으로 나타났다. 이들 중 ‘중화국보’는 8.5kg으로 가장 과중이 높게 나타남(표 1-9).
- 과피색은 황녹색에서 흑녹색까지 분포하였는데 ‘INNA’ 등 5품종은 황녹색, ‘시대선봉’ 등 17품종은 담녹색, ‘뇌신5호’ 등 10품종은 녹색, ‘New inkun’ 등 1품종 농녹색, ‘뢰한흑패왕’ 등 9품종 흑녹색, ‘잡기극품흑미인’ 2품종 흑색이었음.(표 1-9).

- 과육색은 ‘소애피’ 등 8품종은 노랑색, ‘ESTBELLA KUNING’ 1품종은 주황색, ‘원예지성’ 등 3품종은 연한적색, ‘시대선봉’ 등 32품종은 적색이었음. (표 1-9).
- 과피두께는 0.5 ~ 1.2cm이었으며 ‘소애피’ 이 0.2cm로 가장 얇았으며 ‘중화국보’ 가 1.2cm로 가장 두꺼운 것으로 나타났음.(표 1-9).
- 당도는 평균 9.9 ° Brix이었고 6.8 ~ 11.1 ° Brix 범위이었으며 당도가 10 ° Brix이상인 품종은 ‘강병지뢰왕’ 등 39품종이었음. 당도가 가장 낮은 품종은 ‘금소봉’ 으로 6.5 ° Brix이었고 가장 높은 품종은 ‘강병지뢰왕’ 이었음(표 1-9, 그림 1-9).

표 1-9. 중국·인도네시아 수집 수박 시판종의 원예적 특성

| BN. | 품종명 | 과중 (kg) | 과장 (cm) | 과경 (cm) | 과피두께 (cm) | 당도 (°Brix) | 과육색 | 과형 | 과피색 | 숙기 |
|-------|-----------------|---------|---------|---------|-----------|------------|-----|-----|-----|------|
| GSP1 | Sun flower | 6.3 | 24.1 | 22.3 | 1.1 | 9.4 | 적색 | 단타원 | 담녹 | 39.3 |
| GSP2 | Green pillow | 8.3 | 28.6 | 24.6 | 1.2 | 9.9 | 적색 | 타원 | 담녹 | 47.0 |
| GSP3 | sunjaya | 5.0 | 22.1 | 21.0 | 0.8 | 10.5 | 노란색 | 단타원 | 후녹 | 38.0 |
| GSP4 | New inkun | 4.4 | 29.5 | 17.0 | 0.8 | 12.3 | 노란색 | 장타원 | 농녹 | 42.3 |
| GSP6 | ESTBELLA KUNING | 5.2 | 24.3 | 20.4 | 0.7 | 10.7 | 주황색 | 단타원 | 녹 | 42.5 |
| GSP7 | INNA | 4.8 | 21.1 | 20.8 | 0.9 | 9.9 | 적색 | 구형 | 황녹 | 37.3 |
| GSP8 | BLACK SWEET | 4.3 | 30.4 | 16.5 | 0.7 | 12.3 | 적색 | 장타원 | 후녹 | 44.5 |
| GSP9 | KIDUNG | 3.1 | 26.7 | 15.1 | 0.5 | 10.2 | 노란색 | 장타원 | 후녹 | 38.3 |
| GSP11 | 미국선봉 | 4.9 | 24.6 | 19.5 | 1.0 | 10.8 | 적색 | 타원 | 담녹 | 37.8 |
| GSP12 | 시대선봉 | 4.8 | 25.0 | 19.5 | 0.9 | 11.8 | 적색 | 타원 | 담녹 | 36.3 |
| GSP13 | 뇌신5호 | 3.9 | 19.9 | 19.4 | 0.8 | 9.4 | 적색 | 단타원 | 녹 | 37.0 |
| GSP14 | 미국오성상장 | 4.0 | 23.4 | 18.6 | 0.9 | 11.0 | 적색 | 타원 | 담녹 | 38.8 |
| GSP15 | 개선신일대 | 5.7 | 26.4 | 19.3 | 1.0 | 10.6 | 적색 | 타원 | 녹 | 37.5 |
| GSP16 | 뢰한후패왕 | 5.1 | 27.8 | 18.9 | 0.9 | 10.8 | 적색 | 장타원 | 후녹 | 44.7 |
| GSP17 | 원예지성 | 3.8 | 21.0 | 18.6 | 0.8 | 11.6 | 연적색 | 단타원 | 녹 | 37.3 |
| GSP18 | 잡기 | 2.7 | 19.0 | 16.3 | 0.3 | 10.9 | 노란색 | 타원 | 녹 | 41.5 |
| GSP19 | 소애피 | 2.4 | 18.2 | 15.5 | 0.2 | 10.7 | 노란색 | 타원 | 담녹 | 39.5 |
| GSP20 | 파비 | 3.0 | 23.8 | 15.2 | 0.5 | 11.3 | 농적색 | 장타원 | 녹 | 38.3 |
| GSP21 | 잡기극품후미인 | 5.1 | 32.2 | 17.3 | 0.9 | 11.6 | 적색 | 장타원 | 후 | 42.5 |
| GSP22 | 후지뢰 | 5.1 | 26.2 | 19.5 | 0.9 | 11.4 | 적색 | 장타원 | 후녹 | 42.3 |
| GSP23 | 특대뢰한과왕 | 7.1 | 24.8 | 22.3 | 1.1 | 11.4 | 적색 | 단타원 | 담녹 | 40.0 |
| GSP24 | 중화국보 | 8.5 | 30.7 | 22.3 | 1.2 | 12.5 | 연적색 | 장타원 | 담녹 | 39.8 |
| GSP25 | 태국당기린 | 5.0 | 21.7 | 20.3 | 0.9 | 10.9 | 적색 | 단타원 | 담녹 | 40.8 |
| GSP26 | 강병지뢰왕 | 5.8 | 23.5 | 22.1 | 1.0 | 12.7 | 적색 | 타원 | 녹 | 41.3 |
| GSP27 | 금색여인 | 6.0 | 26.4 | 23.5 | 0.8 | 10.8 | 노란색 | 장타원 | 황녹 | 41.0 |
| GSP28 | 부수 | 4.6 | 21.9 | 20.6 | 0.8 | 11.3 | 적색 | 구형 | 담녹 | 37.0 |
| GSP29 | 밀소보 | 4.5 | 20.9 | 20.9 | 0.8 | 10.8 | 적색 | 단타원 | 후녹 | 42.8 |
| GSP30 | 화강용봉 | 5.9 | 28.0 | 20.1 | 0.9 | 11.1 | 적색 | 장타원 | 담녹 | 41.0 |
| GSP31 | 아주거용 | 5.0 | 22.6 | 20.4 | 0.9 | 12.3 | 연적색 | 타원 | 황녹 | 40.5 |
| GSP32 | 일본봉향팔 | 4.4 | 27.5 | 17.8 | 0.8 | 11.5 | 적색 | 타원 | 녹 | 42.3 |
| GSP33 | 서역성 | 4.8 | 21.3 | 20.4 | 1.0 | 11.0 | 적색 | 단타원 | 담녹 | 41.0 |
| GSP34 | 가다보 | 4.9 | 33.3 | 16.6 | 0.8 | 11.7 | 적색 | 장타원 | 후녹 | 38.3 |
| GSP35 | 호봉대과후미인인 | 4.1 | 29.1 | 16.0 | 0.8 | 10.6 | 적색 | 장타원 | 후녹 | 44.5 |
| GSP36 | 초첩항병경혼왕 | 5.2 | 32.2 | 16.8 | 1.0 | 12.5 | 적색 | 장타원 | 후녹 | 43.0 |
| GSP37 | 빙기립서과 | 2.1 | 17.3 | 14.9 | 0.2 | 11.3 | 노란색 | 타원 | 담녹 | 37.0 |
| GSP38 | 특대경봉후첩왕 | 4.6 | 23.6 | 18.9 | 0.9 | 11.8 | 적색 | 타원 | 후 | 42.8 |
| GSP39 | 경용보3호 | 4.8 | 24.7 | 20.0 | 0.8 | 10.0 | 적색 | 장타원 | 담녹 | 36.5 |
| GSP40 | 혼영유 | 5.4 | 23.3 | 21.3 | 0.9 | 11.7 | 적색 | 단타원 | 녹 | 38.7 |
| GSP41 | 국심홍관용 | 6.1 | 27.5 | 19.8 | 1.1 | 11.9 | 적색 | 장타원 | 황녹 | 38.0 |
| GSP42 | 왕자지존 | 4.4 | 22.5 | 19.0 | 1.0 | 11.1 | 적색 | 타원 | 담녹 | 36.3 |
| GSP43 | 금소봉 | 3.0 | 18.6 | 17.3 | 0.6 | 6.5 | 노란색 | 타원 | 녹 | 47.0 |
| GSP44 | 첩왕기린과 | 5.5 | 24.7 | 20.1 | 1.1 | 10.4 | 적색 | 타원 | 담녹 | 39.0 |
| GSP45 | 과용 | 5.8 | 23.2 | 21.1 | 0.8 | 11.2 | 적색 | 타원 | 황녹 | 38.3 |

| | | | | | | | | | | |
|-------|-------------|-----|------|------|-----|------|-----|-----|----|------|
| GSP46 | 화지용 | 4.8 | 25.3 | 19.4 | 0.8 | 10.4 | 적색 | 장타원 | 담녹 | 39.0 |
| GSP47 | 미상 (대목용 F1) | 5.3 | 24.4 | 20.1 | 1.4 | 9.9 | 주황색 | 타원 | 황녹 | 40.0 |
| GSP48 | IT 207178 | 3.2 | 29.7 | 14.6 | 0.5 | 8.1 | 주황색 | 장타원 | 담녹 | 42.0 |
| GSP49 | IT 207182 | 4.1 | 28.3 | 16.9 | 0.3 | 7.9 | 농적색 | 장타원 | 농녹 | 39.5 |
| GSP50 | IT 208441 | 5.3 | 30.3 | 18.0 | 0.9 | 11.7 | 연적색 | 장타원 | 백녹 | 42.5 |
| GSP51 | 스피드फल | 4.9 | 24.7 | 19.8 | 0.9 | 11.2 | 적색 | 타원 | 녹 | 38.5 |
| GSP52 | 초당फल | 4.0 | 21.4 | 19.3 | 0.9 | 10.8 | 적색 | 단타원 | 녹 | 37.6 |
| GSP53 | 슈퍼금천 수박 | 4.2 | 20.7 | 19.7 | 1.0 | 11.1 | 적색 | 단타원 | 녹 | 39.0 |



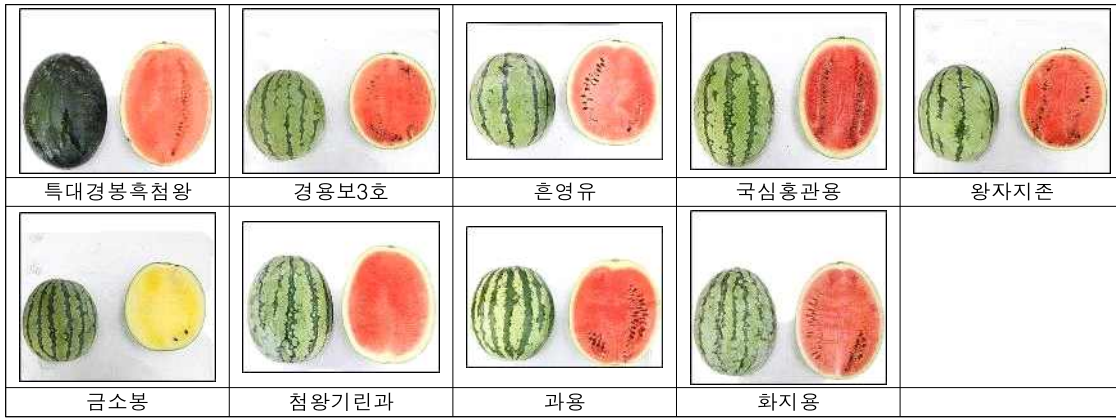


그림 1-9. 중국·인도네시아 수집 수박 시판종의 원예적 특성

- (라) 중국·동남아시아·유럽·남미 수집 수박 시판종의 원예적 특성 및 분리집단 채종(4년차)
- 중국, 스페인, 브라질, 대만, 태국 시판품종 중 53점을 대상으로 2016년 4월 과중하여 2016년 5월 정식하여 재배를 수행하여 원예적 특성 평가를 실시한 결과 ‘봉악오호’ 등 4품종이 과중, 당도 등의 특성이 우수하였음.
 - 과중을 기준으로 44품종에 대한 분류는 국내 시판종 ‘초당꿀’을 포함하는 3.6~5.9kg의 범위를 보인 소과종은 ‘신화’ 등 21품종이었으며 6.0~6.5kg의 범위를 보인 중과종은 ‘뢰한흑패왕’ 등 6품종, 6.6~9.0kg의 범위를 보인 대과종은 ‘Green pillow’ 등 15품종으로 나타났음. 이들 중 ‘뢰한경혼왕’은 9.0kg으로 가장 과중이 높게 나타남(표 1-10).
 - 과피색은 황녹색에서 흑녹색까지 분포하였는데 ‘머리디언’ 등 7품종은 황녹색, ‘신화’ 등 14품종은 담녹색, ‘미니 이브리두 베니 마쿠라’ 등 4품종은 녹색, ‘특대신홍보’ 등 2품종 농녹색, ‘하호’ 등 6품종 흑녹색, ‘페어팩스’ 8품종 황색이었음.(표 1-10).
 - 과육색은 ‘크림슨 스위트’ 등 13품종은 분홍색, ‘신화’ 등 9품종은 옅은 주황색과 주황색, ‘서농구호’ 등 11품종은 옅은 분홍색, ‘오마루 야마토’ 등 8품종은 적색이었음.(표 1-10).
 - 과피두께는 0.5~1.8cm이었으며 ‘타이요’이 0.5cm로 가장 얇았으며 ‘올림피아’가 1.8cm로 가장 두꺼운 것으로 나타났음.(표 1-10).
 - 당도는 평균 8.9 ° Brix이었고 4.5~12.9 ° Brix 범위이었으며 당도가 10 ° Brix이상인 품종은 ‘뉴 베니 코다마’ 등 23품종이었음. 당도가 가장 낮은 품종은 ‘찰스톤 그레이’으로 4.5 ° Brix이었고 가장 높은 품종은 12.9 ° Brix의 ‘뉴 베니 코다마’이었음(표 1-10).

표 1-10. 중국, 스페인, 브라질, 대만, 태국 수집 수박 시판종의 원예적 특성

| GSP | 품종명 | 과무늬 형태 | 껍질녹색정도 | 함물정도 | 배꼽 크기 | 과중 | 과장 | 과경 | 과피두께 | 당도 | 과육주요색 | 과형 | 과피색 | 숙기 |
|-----|-------------|--------|--------|------|-------|-----|------|------|------|------|-------|-----|-----|----|
| 1 | 뢰한경혼왕 | 1 | 1.8 | 4.3 | 5.0 | 9.0 | 29.6 | 23.6 | 1.2 | 10.7 | 적색 | 타원 | 녹 | 41 |
| 2 | 신화(조가84-24) | 1.0 | 2.4 | 3.0 | 3.0 | 3.6 | 31.0 | 14.3 | 0.8 | 11.6 | 주황색 | 장타원 | 담녹 | 40 |
| 3 | 특대신홍보 | 2.8 | 1.5 | 3.8 | 3.3 | 6.2 | 28.3 | 20.1 | 1.0 | 9.2 | 분홍색 | 타원 | 농녹 | 43 |

| | | | | | | | | | | | | | | |
|----|-------------------|-----|-----|-----|-----|-----|------|------|-----|------|-------|-----|----|--------|
| 4 | 조가 | 1.0 | 2.0 | 4.3 | 5.3 | 6.9 | 24.0 | 23.6 | 0.8 | 10.2 | 적색 | 구형 | 담녹 | 41 |
| 5 | F1태만신태농팔호 | 1.0 | 3.5 | 4.0 | 3.8 | 7.0 | 29.1 | 21.0 | 1.2 | 10.8 | 분홍색 | 타원 | 황 | 43 |
| 7 | 청피패한 | 2.0 | 3.8 | 3.8 | 3.3 | 7.3 | 30.3 | 21.5 | 1.3 | 9.7 | 분홍색 | 장타원 | 황녹 | 46 |
| 8 | 전복삼호 | 1.0 | 2.6 | 4.0 | 4.8 | 7.3 | 24.5 | 23.3 | 1.0 | 10.9 | 분홍색 | 단타원 | 담녹 | 42 |
| 9 | 패성삼호 | 1.0 | 3.6 | 3.3 | 3.5 | 7.1 | 30.3 | 21.2 | 1.1 | 11.0 | 적색 | 장타원 | 황녹 | 42 |
| 10 | 전복008 | 1.0 | 2.3 | 4.5 | 3.0 | 7.4 | 27.8 | 22.2 | 1.0 | 11.0 | 적색 | 타원 | 담녹 | 41 |
| 11 | 패성구호 | 1.0 | 2.0 | 3.5 | 3.3 | 7.5 | 30.4 | 21.4 | 1.1 | 11.5 | 분홍색 | 타원 | 담녹 | 42 |
| 12 | 굉오칠호 | 1.0 | 2.3 | 4.3 | 4.8 | 5.1 | 21.8 | 20.6 | 0.9 | 10.3 | 분홍색 | 구형 | 담녹 | 42 |
| 13 | 신세기흑패 | 3.0 | 1.3 | 4.5 | 3.0 | 6.2 | 25.4 | 21.6 | 1.1 | 8.9 | 분홍색 | 타원 | 흑녹 | 42 |
| 15 | 서농구호 | 1.0 | 2.4 | 3.5 | 3.3 | 6.0 | 28.0 | 20.0 | 1.1 | 8.2 | 열은분홍색 | 타원 | 담녹 | 42 |
| 17 | 봉악오호 | 1.0 | 1.5 | 3.8 | 3.0 | 7.0 | 28.0 | 21.0 | 0.9 | 11.9 | 열은분홍색 | 타원 | 농녹 | 43 |
| 18 | 산디아 슈가 베이비 | 3.0 | 1.3 | 4.5 | 4.0 | 4.6 | 21.1 | 19.9 | 1.0 | 8.4 | 분홍색 | 구형 | 흑녹 | 42 |
| 19 | 산디아 크림슨 스위트 | 1.0 | 3.8 | 5.0 | 5.3 | 6.5 | 24.8 | 21.9 | 1.1 | 9.6 | 분홍색 | 단타원 | 황 | 44 |
| 20 | 크림슨 스위트 | 1.0 | 3.5 | 5.5 | 4.5 | 7.1 | 24.8 | 23.2 | 1.3 | 10.2 | 열은분홍색 | 타원 | 황 | 45 |
| 21 | 위터멜론 머리디언 | 1.0 | 3.6 | 4.8 | 4.3 | 5.7 | 22.9 | 22.3 | 0.9 | 9.1 | 분홍색 | 단타원 | 황녹 | 44 |
| 22 | 산디아 에콜로지카 크림슨 스위트 | 1.0 | 4.0 | 5.0 | 4.0 | 5.8 | 22.8 | 21.7 | 0.9 | 9.8 | 분홍색 | 단타원 | 담녹 | 40 |
| 23 | 산디아 클론다이크 RS57 | 1 | 4 | 5 | 4 | 4.3 | 20.8 | 19.6 | 0.8 | 5.9 | 열은분홍색 | 단타원 | 백녹 | 41 |
| 26 | 프리미엄 | 1 | 3.5 | 4 | 4 | 6.5 | 25.5 | 22 | 1.2 | 11 | 진한적색 | 타원 | 담녹 | 41 |
| 28 | 멜란시아 라운드 | 1.0 | 3.5 | 4.5 | 4.0 | 6.7 | 24.6 | 22.5 | 1.4 | 9.6 | 분홍색 | 타원 | 황 | 44 |
| 29 | 올림피아 | 1.0 | 3.5 | 4.5 | 3.5 | 7.3 | 25.4 | 22.6 | 1.8 | 8.8 | 적색 | 단타원 | 황녹 | 43 |
| 31 | 멜란시아 페어팩스 | 1.0 | 3.5 | 3.3 | 3.0 | 7.9 | 34.2 | 20.8 | 1.3 | 8.4 | 열은분홍색 | 타원 | 황 | 41 |
| 32 | 멜란시아 오마루 야마토 | 2.0 | 3.8 | 4.5 | 3.5 | 5.9 | 23.3 | 21.2 | 1.1 | 6.9 | 열은분홍색 | 단타원 | 황 | 43 |
| 34 | 멜란시아 콩고 | 1 | 3 | 1 | 3 | 3.6 | 23 | 19 | 1.2 | 7.3 | 열은분홍색 | 단타원 | 담녹 | 39 |
| 35 | 멜란시아 찰스톤 그레이 | 2 | 4 | 6 | | 4.5 | 29 | 17 | 2 | 4.5 | 열은분홍색 | 장타원 | 황녹 | 33(열과) |
| 36 | 미니 이브리두 베니 마쿠라 | 1.0 | 1.8 | 3.6 | 4.2 | 3.8 | 25.0 | 16.9 | 0.5 | 12.5 | 주황색 | 장타원 | 녹 | 42 |
| 37 | 멜란시아 찰스톤 그레이 수페르 | 2.0 | 3.9 | 2.5 | 3.0 | 7.2 | 35.2 | 19.9 | 1.4 | 7.5 | 열은분홍색 | 장타원 | 황 | 44 |
| 38 | 뉴 베니 코다마 | 2.2 | 2.1 | 4.2 | 5.6 | 3.8 | 21.8 | 18.2 | 0.5 | 12.9 | 주황색 | 타원 | 황녹 | 42 |
| 39 | 타이오 | 3.0 | 2.3 | 4.5 | 5.3 | 3.8 | 21.3 | 18.3 | 0.5 | 11.8 | 주황색 | 타원 | 황 | 40 |
| 40 | 멜란시아 오마루 야마토 | 2.0 | 3.8 | 5.0 | 3.8 | 7.3 | 24.5 | 23.9 | 1.1 | 9.3 | 적색 | 구형 | 황 | 44 |
| 41 | 흑미인서과 | 2.0 | 1.5 | 3.4 | 3.4 | 4.1 | 27.6 | 16.7 | 1.1 | 12.4 | 열은분홍색 | 타원 | 흑녹 | 43 |
| 42 | 첨미인서과 | 1.0 | 1.6 | 3.0 | 3.3 | 4.1 | 27.6 | 16.1 | 0.9 | 10.9 | 열은분홍색 | 장타원 | 녹 | 40 |
| 43 | 하호 | 1.6 | 1.5 | 3.3 | 3.6 | 3.7 | 25.6 | 15.6 | 1.1 | 11.9 | 주황색 | 타원 | 흑녹 | 43 |
| 46 | plevkn Lai | 1.0 | 2.8 | 3.8 | 3.8 | 5.9 | 26.5 | 20.1 | 0.8 | 11.5 | 열은주황색 | 타원 | 담녹 | 42 |
| 47 | Tomaido No.54 | 2.0 | 1.4 | 2.8 | 3.3 | 3.9 | 27.4 | 16.1 | 0.9 | 10.9 | 주황색 | 장타원 | 흑녹 | 41 |
| 49 | Kinaree 188 | 2.0 | 1.5 | 3.8 | 3.3 | 5.3 | 25.3 | 19.6 | 0.8 | 11.3 | 주황색 | 타원 | 흑녹 | 42 |
| 50 | Showing 175 | 1.0 | 2.3 | 3.7 | 3.7 | 4.6 | 24.1 | 18.6 | 0.8 | 10.4 | 주황색 | 타원 | 녹 | 42 |
| 51 | 스피드꿀 | 1.0 | 2.7 | 3.7 | 3.0 | 6.1 | 25.4 | 21.9 | 0.9 | 9.7 | 적색 | 타원 | 담녹 | 43 |
| 52 | 초당꿀 | 1.0 | 2.7 | 4.4 | 3.6 | 5.9 | 23.8 | 21.4 | 1.1 | 10.0 | 적색 | 단타원 | 담녹 | 42 |
| 53 | 수퍼금천 수박 | 1.0 | 2.3 | 3.5 | 5.0 | 5.5 | 22.9 | 21.2 | 0.9 | 8.4 | 분홍색 | 단타원 | 담녹 | 41 |

다. 수출 목표 시장 수집 수박 시판품종의 기능성분 라이코펜 및 시트룰린 분석

(가) 중국 수집 수박 시판종의 기능성분 라이코펜 및 시트룰린 분석(1년차)

- 수박 중국 수집 시판종 35점의 라이코펜 함량분석 결과 1.90 $\mu\text{g/g fw}$ ~ 64.69 $\mu\text{g/g fw}$ 로 넓은 함량범위를 나타냈으며 ‘이성1호’는 64.69 $\mu\text{g/g fw}$ 로 가장 높은 라이코펜 함량을 지닌 품종이었고 ‘소옥7호’는 라이코펜 함량이 1.90 $\mu\text{g/g fw}$ 로 가장 낮은 품종이었음 (표 1-11).
- 시트룰린 함량 분석 결과, 0.67 mg/g fw ~ 2.37 mg/g fw의 범위이었으며 가장 높은 함량을 보인 품종은 ‘선봉’으로 2.37 mg/g fw이었음(표 1-12).
- 라이코펜과 시트룰린 함량이 동시에 높은 품종은 없었으며 라이코펜이 높은 품종들은 모두 적색 품종이었으나 모든 적색 품종이 높은 함량을 보이는 것은 아니었음(표 1-11, 표 1-12).

표 1-11. 중국 수집 수박 시판종의 시판품종의 라이코펜 함량

| 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | Lycopene ($\mu\text{g/g}$ 생체중) | | 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | Lycopene ($\mu\text{g/g}$ 생체중) | |
|----------|---------|---------|------------------------------------|--------|----------|---------|--------|------------------------------------|--------|
| 1 | 13GSP01 | 이성항병6호 | 34.94 | ± 3.28 | 19 | 13GSP29 | 특대경혼 | 4.80 | ± 0.61 |
| 2 | 13GSP02 | 이성1호 | 45.63 | ± 4.63 | 20 | 13GSP30 | 라한지뢰왕 | 10.24 | ± 1.86 |
| 3 | 13GSP03 | 경미보5호 | 10.28 | ± 3.98 | 21 | 13GSP33 | 절밀4호 | 2.12 | ± 0.15 |
| 4 | 13GSP04 | 소흑룡 | 14.91 | ± 3.82 | 22 | 13GSP34 | 수방 | 22.88 | ± 1.62 |
| 5 | 13GSP05 | 소황룡 | 3.40 | ± 0.30 | 23 | 13GSP36 | 홍대H서과 | 19.10 | ± 2.17 |
| 6 | 13GSP09 | 경혼1호 | 39.34 | ± 5.96 | 24 | 13GSP37 | 특급경혼 | 14.30 | ± 0.83 |
| 7 | 13GSP10 | 선봉 | 15.41 | ± 1.87 | 25 | 13GSP39 | 라밀구209 | 3.55 | ± 0.60 |
| 8 | 13GSP11 | 서농5호 | 19.48 | ± 1.93 | 26 | 13GSP40 | 황소옥2호 | 2.19 | ± 0.08 |
| 9 | 13GSP12 | 서농8호 | 14.47 | ± 1.97 | 27 | 13GSP41 | 설봉흑미인 | 9.83 | ± 1.77 |
| 10 | 13GSP13 | 일왕길가 | 16.67 | ± 2.24 | 28 | 13GSP42 | 소옥7호 | 1.90 | ± 0.02 |
| 11 | 13GSP14 | 레품황옥 | 2.10 | ± 0.19 | 29 | 13GSP43 | 특우경혼 | 30.56 | ± 5.27 |
| 12 | 13GSP17 | 조춘홍옥 | 6.75 | ± 1.40 | 30 | 13GSP44 | 국미춘광 | 47.64 | ± 7.55 |
| 13 | 13GSP19 | 신란 | 2.19 | ± 0.29 | 31 | 13GSP46 | 이성1호 | 64.69 | ± 6.75 |
| 14 | 13GSP20 | 흑거괘 | 16.48 | ± 2.05 | 32 | 13GSP47 | 경미보5호 | 14.69 | ± 0.46 |
| 15 | 13GSP22 | 금화보서과 | 3.05 | ± 0.21 | 33 | 13GSP48 | 이성항병6호 | 26.33 | ± 1.84 |
| 16 | 13GSP23 | 항병경혼지뢰왕 | 37.13 | ± 3.93 | 34 | 13GSP49 | 흠복금태랑 | 57.57 | ± 5.38 |
| 17 | 13GSP24 | 상봉정잡7호 | 19.62 | ± 2.81 | 35 | 13GSP51 | 원수 | 15.63 | ± 2.11 |
| 18 | 13GSP26 | 록보대제 | 36.99 | ± 1.70 | | | | | |

표 1-12. 중국 수집 수박 시판종의 시판품종의 시트룰린 함량 측정결과

| 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | Citrulline (mg/g 생체중) | 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | Citrulline (mg/g 생체중) |
|----------|---------|---------|--------------------------|----------|---------|--------|--------------------------|
| 1 | 13GSP01 | 이성향병6호 | 1.40 ± 0.16 | 19 | 13GSP29 | 특대경혼 | 0.67 ± 0.15 |
| 2 | 13GSP02 | 이성1호 | 1.40 ± 0.14 | 20 | 13GSP30 | 라한지퇴왕 | 0.70 ± 0.15 |
| 3 | 13GSP03 | 경미보5호 | 2.16 ± 0.17 | 21 | 13GSP33 | 절밀4호 | 0.75 ± 0.11 |
| 4 | 13GSP04 | 소흑룡 | 2.01 ± 0.12 | 22 | 13GSP34 | 수방 | 0.76 ± 0.02 |
| 5 | 13GSP05 | 소황룡 | 1.63 ± 0.24 | 23 | 13GSP36 | 홍대H서과 | 1.05 ± 0.22 |
| 6 | 13GSP09 | 경혼1호 | 1.16 ± 0.10 | 24 | 13GSP37 | 특급경혼 | 1.08 ± 0.10 |
| 7 | 13GSP10 | 선봉 | 2.37 ± 0.13 | 25 | 13GSP39 | 라밀구209 | 1.13 ± 0.04 |
| 8 | 13GSP11 | 서농5호 | 1.72 ± 0.21 | 26 | 13GSP40 | 황소옥2호 | 1.20 ± 0.13 |
| 9 | 13GSP12 | 서농8호 | 1.95 ± 0.05 | 27 | 13GSP41 | 설봉흑미인 | 1.18 ± 0.13 |
| 10 | 13GSP13 | 일왕길가 | 1.09 ± 0.06 | 28 | 13GSP42 | 소옥7호 | 0.88 ± 0.04 |
| 11 | 13GSP14 | 레품황옥 | 0.72 ± 0.05 | 29 | 13GSP43 | 특우경혼 | 1.03 ± 0.30 |
| 12 | 13GSP17 | 조춘홍옥 | 0.94 ± 0.17 | 30 | 13GSP44 | 국미춘광 | 1.71 ± 0.13 |
| 13 | 13GSP19 | 신란 | 1.01 ± 0.12 | 31 | 13GSP46 | 이성1호 | 0.94 ± 0.02 |
| 14 | 13GSP20 | 흑거괘 | 1.50 ± 0.12 | 32 | 13GSP47 | 경미보5호 | 1.74 ± 0.43 |
| 15 | 13GSP22 | 금화보서과 | 1.57 ± 0.10 | 33 | 13GSP48 | 이성향병6호 | 1.17 ± 0.13 |
| 16 | 13GSP23 | 향병경혼지퇴왕 | 0.86 ± 0.13 | 34 | 13GSP49 | 흙복금태랑 | 1.03 ± 0.26 |
| 17 | 13GSP24 | 상봉정잡7호 | 1.28 ± 0.30 | 35 | 13GSP51 | 원수 | 0.83 ± 0.24 |
| 18 | 13GSP26 | 록보대계 | 1.18 ± 0.20 | | | | |

(나) 중국 수집 수박 시판종의 기능성분 라이코핀 및 시트룰린 분석(2년차)

- 수박 중국 수집 시판종 49점의 라이코핀 함량분석 결과 2.7 $\mu\text{g/g fw}$ ~ 130.2 $\mu\text{g/g fw}$ 로 넓은 함량범위를 나타냈으며 ‘철황려’는 130.2 $\mu\text{g/g fw}$ 로 가장 높은 라이코핀 함량을 지닌 품종이었고 ‘아란’는 라이코핀 함량이 2.70 $\mu\text{g/g fw}$ 로 가장 낮은 품종이었음(표 1-13).
- 시트룰린 함량 분석 결과, 26.7 mg/g fw ~ 74.5 mg/g fw의 범위이었으며 가장 높은 함량을 보인 품종은 ‘금학밀란’으로 26.7 mg/g fw이었음(표 1-14).
- 라이코핀과 시트룰린 함량이 동시에 높은 품종은 ‘유우특대흑미인(122.7 $\mu\text{g/g}$, 61.3 mg/g)이었으며 라이코핀이 높은 품종들은 모두 적색 품종이었으나 모든 적색 품종이 높은 함량을 보이는 것은 아니었음(표 1-13, 표 1-14).

표 1-10. 중국 수집 수박 시판종의 시판품종의 라이코펜 함량

| 포장번호 | 품종명 | ug/g | ± | SE* | 포장번호 | 품종명 | ug/g | ± | SE |
|-------|--------|-------|---|------|-------|---------|-------|---|------|
| GSP01 | 라한과왕 | 68.9 | ± | 0.88 | GSP28 | 홍대 | 43.8 | ± | 0.03 |
| GSP02 | 라한록장롱 | 77.1 | ± | 0.07 | GSP29 | 금학밀란 | 2.8 | ± | 0.01 |
| GSP03 | 대지뢰188 | 64.1 | ± | 0.06 | GSP30 | 소천사 | 31.7 | ± | 0.45 |
| GSP04 | 쌍향대지뢰 | 51.1 | ± | 0.22 | GSP31 | 설봉조밀 | 37.8 | ± | 0.66 |
| GSP05 | 청품쌍성 | 51.7 | ± | 0.83 | GSP32 | 보관무자일호 | 12.8 | ± | 0.00 |
| GSP06 | 미관 | 50.4 | ± | 0.05 | GSP33 | 금학미옥 | 23.6 | ± | 0.31 |
| GSP07 | 황금빛 | 110.0 | ± | 0.09 | GSP34 | 유우미기린 | 71.7 | ± | 0.06 |
| GSP08 | 함병봉원 | 67.9 | ± | 0.40 | GSP35 | 금학흑미룡 | 10.4 | ± | 0.01 |
| GSP09 | 조가 | 44.0 | ± | 0.04 | GSP36 | 금학옥봉 | 13.9 | ± | 0.03 |
| GSP10 | 항병화금보 | 57.3 | ± | 0.05 | GSP37 | 유우특대흑미인 | 122.7 | ± | 0.08 |
| GSP12 | 파리구서과 | 57.8 | ± | 0.04 | GSP38 | 정품춘홍옥 | 3.0 | ± | 0.01 |
| GSP13 | 대관흑미인 | 43.4 | ± | 0.04 | GSP39 | 아란 | 2.7 | ± | 0.01 |
| GSP14 | 명품 | 97.9 | ± | 0.10 | GSP40 | 침뉴 | 11.7 | ± | 0.64 |
| GSP15 | 조관거장 | 67.5 | ± | 0.70 | GSP41 | 안생홍미인 | 55.8 | ± | 0.04 |
| GSP16 | 녹패왕 | 20.1 | ± | 0.67 | GSP42 | 황금삼호 | 32.6 | ± | 0.25 |
| GSP17 | 지뢰왕 | 67.0 | ± | 0.05 | GSP43 | 천정삼호 | 128.0 | ± | 0.09 |
| GSP18 | 미국흑장군 | 32.3 | ± | 0.03 | GSP44 | 천정사호 | 91.2 | ± | 0.40 |
| GSP19 | 일품 | 63.7 | ± | 0.05 | GSP45 | 국예이호 | 63.3 | ± | 0.14 |
| GSP20 | 흑관 | 12.4 | ± | 0.02 | GSP46 | 서농십일 | 95.3 | ± | 0.11 |
| GSP21 | 양천뢰패 | 16.4 | ± | 0.01 | GSP47 | 국심록룡 | 80.6 | ± | 0.07 |
| GSP22 | 만당홍 | 43.4 | ± | 0.14 | GSP48 | 록지수 | 75.3 | ± | 0.13 |
| GSP23 | 우관 | 54.7 | ± | 0.04 | GSP49 | 천정이호 | 100.9 | ± | 0.08 |
| GSP24 | 우세 | 22.1 | ± | 0.28 | GSP50 | 예예흑소보 | 68.1 | ± | 0.06 |
| GSP25 | 천보 | 63.1 | ± | 0.72 | GSP51 | 스피드꿀플러스 | 81.0 | ± | 0.34 |
| GSP26 | 금제 | 78.7 | ± | 0.07 | GSP52 | 초당꿀 | 57.3 | ± | 0.58 |
| GSP27 | 철황려 | 130.2 | ± | 0.11 | GSP53 | 삼복꿀 | 29.3 | ± | 0.27 |

* SE: 표준오차

표 1-14. 중국 수집 수박 시판종의 시판품종의 시트룰린 함량 측정결과

| 포장번호 | 품종명 | ug/g | ± | SE* | 포장번호 | 품종명 | ug/g | ± | SE |
|-------|--------|------|---|------|-------|---------|------|---|------|
| GSP01 | 라한과왕 | 53.4 | ± | 0.06 | GSP28 | 홍대 | 48.0 | ± | 0.61 |
| GSP02 | 라한록장롱 | 52.0 | ± | 0.31 | GSP29 | 금학밀란 | 74.5 | ± | 0.57 |
| GSP03 | 대지뢰188 | 48.4 | ± | 0.01 | GSP30 | 소천사 | 57.1 | ± | 0.02 |
| GSP04 | 쌍향대지뢰 | 56.0 | ± | 0.29 | GSP31 | 설봉조밀 | 52.5 | ± | 0.48 |
| GSP05 | 청품쌍성 | 54.9 | ± | 0.01 | GSP32 | 보관무자일호 | 63.4 | ± | 0.02 |
| GSP06 | 미관 | 48.3 | ± | 0.20 | GSP33 | 금학미옥 | 43.6 | ± | 0.00 |
| GSP07 | 황금빛 | 51.1 | ± | 0.10 | GSP34 | 유우미기린 | 56.0 | ± | 0.28 |
| GSP08 | 함병봉원 | 49.7 | ± | 0.12 | GSP35 | 금학흑미룡 | 62.1 | ± | 0.21 |
| GSP09 | 조가 | 50.8 | ± | 0.48 | GSP36 | 금학옥봉 | 59.0 | ± | 0.54 |
| GSP10 | 항병화금보 | 52.6 | ± | 0.29 | GSP37 | 유우특대흑미인 | 61.3 | ± | 0.10 |
| GSP11 | 파리구서과 | 53.5 | ± | 0.01 | GSP38 | 정품춘홍옥 | 33.2 | ± | 0.22 |
| GSP13 | 대관흑미인 | 49.7 | ± | 0.10 | GSP39 | 아란 | 28.5 | ± | 0.08 |
| GSP14 | 명품 | 50.4 | ± | 0.25 | GSP40 | 침뉴 | 30.9 | ± | 0.45 |
| GSP15 | 조관거장 | 56.0 | ± | 0.39 | GSP41 | 안생홍미인 | 26.7 | ± | 0.10 |
| GSP16 | 녹패왕 | 53.4 | ± | 0.37 | GSP42 | 황금삼호 | 28.2 | ± | 0.07 |
| GSP17 | 지뢰왕 | 59.2 | ± | 0.37 | GSP43 | 천정삼호 | 30.8 | ± | 0.02 |

| | | | | | | | | | |
|-------|-------|------|---|------|-------|---------|------|---|------|
| GSP18 | 미국흑장군 | 48.9 | ± | 0.12 | GSP44 | 천정사호 | 29.8 | ± | 0.33 |
| GSP19 | 일품 | 51.5 | ± | 0.12 | GSP45 | 국예이호 | 30.9 | ± | 0.21 |
| GSP20 | 흑관 | 53.3 | ± | 0.01 | GSP46 | 서농십일 | 31.4 | ± | 0.22 |
| GSP21 | 양천퇴폐 | 60.8 | ± | 0.02 | GSP47 | 국심록룡 | 30.2 | ± | 0.03 |
| GSP22 | 만당홍 | 58.9 | ± | 0.05 | GSP48 | 록지수 | 29.0 | ± | 0.02 |
| GSP23 | 우관 | 54.2 | ± | 0.24 | GSP49 | 천정이호 | 29.8 | ± | 0.05 |
| GSP24 | 우세 | 52.0 | ± | 0.00 | GSP50 | 예예흑소보 | 33.2 | ± | 0.25 |
| GSP25 | 천보 | 54.2 | ± | 0.13 | GSP51 | 스피드꿀플러스 | 29.1 | ± | 0.12 |
| GSP26 | 금제 | 63.2 | ± | 0.28 | GSP52 | 초당꿀 | 48.6 | ± | 0.35 |
| GSP27 | 철황려 | 59.6 | ± | 0.01 | GSP53 | 삼복꿀 | 50.8 | ± | 0.02 |

(다) 중국 수집 수박 시판종의 기능성분 라이코핀 및 시트룰린 분석(3년차)

- 수박 중국 수집 시판종 44점의 라이코핀 함량분석 결과 2.3 $\mu\text{g/g fw}$ ~ 21.9 $\mu\text{g/g fw}$ 로 넓은 함량범위를 나타냈으며 ‘시대선봉’은 21.9 $\mu\text{g/g fw}$ 로 가장 높은 라이코핀 함량을 지닌 품종이었고 ‘Green pillow’는 라이코핀 함량이 2.30 $\mu\text{g/g fw}$ 로 가장 낮은 품종이었음(표 1-15).
- 시트룰린 함량 분석 결과, 5.9 mg/g fw ~ 11.2 mg/g fw의 범위이었으며 가장 높은 함량을 보인 품종은 ‘소애신’으로 11.2 mg/g fw이었음(표 1-16).
- 라이코핀과 시트룰린 함량이 동시에 높은 품종은 ‘퇴한흑패왕(10.9 $\mu\text{g/g}$, 9.5 mg/g)이었으며 라이코핀이 높은 품종들은 모두 적색 품종이었으나 모든 적색 품종이 높은 함량을 보이는 것은 아니었음(표 1-15, 표 1-16).

표 1-15. 중국 수집 수박 시판종의 시판품종의 라이코핀 함량

| BN. | 품종명 | 라이코핀 함량($\mu\text{g/g}$) | BN. | 품종명 | 라이코핀 함량($\mu\text{g/g}$) |
|-------|-----------------|----------------------------|-------|----------|----------------------------|
| GSP1 | Sun flower | 11.5±0.8 | GSP29 | 밀소보 | 7.7±1.6 |
| GSP2 | Green pillow | 2.3±0.0 | GSP30 | 화강용봉 | 14.3±0.6 |
| GSP3 | sunjaya | 0.0±0.0 | GSP31 | 아주거용 | 3.1±0.8 |
| GSP4 | New inkun | 0.0±0.0 | GSP32 | 일본봉향팔 | 6.1±1.0 |
| GSP6 | ESTBELLA KUNING | 3.6±2.4 | GSP33 | 서역성 | 4.8±0.8 |
| GSP7 | INNA | 9.7±0.7 | GSP34 | 가다보 | 7.9±1.2 |
| GSP8 | BLACK SWEET | 11.4 ±2.3 | GSP35 | 호봉대과흑미인인 | 8.4±0.7 |
| GSP9 | KIDUNG | 0.0±0.0 | GSP36 | 초침항병경혼왕 | 9.4±0.1 |
| GSP11 | 미국선봉 | 12.1±1.7 | GSP37 | 빙기림서과 | 0.0±0.0 |
| GSP12 | 시대선봉 | 21.9±3.3 | GSP38 | 특대경봉흑침왕 | 9.3±4.0 |
| GSP13 | 뇌신5호 | 15.5±1.0 | GSP39 | 경용보3호 | 3.3±0.2 |
| GSP14 | 미국오성상장 | 14.1±2.1 | GSP40 | 혼영유 | 2.9±0.2 |
| GSP15 | 개선신일대 | 14.1±2.6 | GSP41 | 국심홍관용 | 6.8±1.8 |

| | | | | | |
|-------|---------|----------|-------|-------------|-----------|
| GSP16 | 퇴한흑패왕 | 10.9±2.9 | GSP42 | 왕자지존 | 7.0±0.2 |
| GSP17 | 원예지성 | 14.7±3.1 | GSP43 | 금소봉 | 0.0±0.0 |
| GSP18 | 잡기 | 0.1±0.1 | GSP44 | 첨왕기린과 | 8.3±0.6 |
| GSP19 | 소애신 | 0.1±0.1 | GSP45 | 과용 | 19.0±4.1 |
| GSP20 | 파비 | 15.5±2.2 | GSP46 | 화지용 | 13.7±0.7 |
| GSP21 | 잡기극품흑미인 | 8.6±0.1 | GSP47 | 미상 (대목용 F1) | 7.2±3.3 |
| GSP22 | 흑지퇴 | 9.6±1.2 | GSP48 | IT 207178 | 11.0±4.3 |
| GSP23 | 특대퇴한과왕 | 10.6±2.8 | GSP49 | IT 207182 | 35.1±16.1 |
| GSP24 | 중화국보 | 9.1±2.1 | GSP50 | IT 208441 | 7.6±0.3 |
| GSP25 | 태국당기린 | 11.3±2.1 | GSP51 | 스피드꿀 | 10.6±0.7 |
| GSP26 | 강병지퇴왕 | 12.7±3.1 | GSP52 | 초당꿀 | 7.5±1.5 |
| GSP27 | 금색여인 | 4.6±3.2 | GSP53 | 슈퍼금천 수박 | 9.7±0.6 |
| GSP28 | 부수 | 0.0±0.0 | | | |

* SE: 표준오차

표 1-16. 중국 수집 수박 시판종의 시판품종의 시트룰린 함량 측정결과

| BN. | 품종명 | 시트룰린 함량 (mg/g) | BN. | 품종명 | 시트룰린 함량 (mg/g) |
|-------|-----------------|-------------------|-------|----------|-------------------|
| GSP1 | Sun flower | 6.3±0.4 | GSP29 | 밀소보 | 6.8±0.3 |
| GSP2 | Green pillow | 8.6±0.0 | GSP30 | 화강용봉 | 8.3±0.9 |
| GSP3 | sunjaya | 8.8±0.6 | GSP31 | 아주거용 | 6.0±0.2 |
| GSP4 | New inkun | 8.6±0.7 | GSP32 | 일본봉향팔 | 8.5±1.2 |
| GSP6 | ESTBELLA KUNING | 10.2±1.8 | GSP33 | 서역성 | 7.1±0.6 |
| GSP7 | INNA | 8.0±0.8 | GSP34 | 가다보 | 9.5±0.5 |
| GSP8 | BLACK SWEET | 8.1±0.4 | GSP35 | 호봉대과흑미인인 | 7.2±1.4 |
| GSP9 | KIDUNG | 8.1±0.6 | GSP36 | 초침항병경혼왕 | 8.0±0.0 |
| GSP11 | 미국선봉 | 7.0±0.3 | GSP37 | 빙기립서과 | 10.3±0.0 |
| GSP12 | 시대선봉 | 6.9±0.5 | GSP38 | 특대경봉흑첨왕 | 9.4±1.4 |
| GSP13 | 늬신5호 | 7.9±0.6 | GSP39 | 경용보3호 | 7.3±0.7 |
| GSP14 | 미국오성상장 | 6.7±0.1 | GSP40 | 혼영유 | 10.3±0.9 |
| GSP15 | 개선신일대 | 7.3±0.6 | GSP41 | 국심홍관용 | 6.2±0.7 |
| GSP16 | 퇴한흑패왕 | 9.5±0.7 | GSP42 | 왕자지존 | 6.7±0.4 |

| | | | | | |
|-------|---------|----------|-------|-------------|----------|
| GSP17 | 원예지성 | 9.0±1.3 | GSP43 | 금소봉 | 10.0±0.0 |
| GSP18 | 잡기 | 7.7±0.3 | GSP44 | 침왕기린과 | 9.0±0.5 |
| GSP19 | 소애신 | 11.2±0.6 | GSP45 | 과용 | 11.1±1.3 |
| GSP20 | 파비 | 9.8±0.1 | GSP46 | 화지용 | 8.7±0.1 |
| GSP21 | 잡기극품흑미인 | 6.7±0.0 | GSP47 | 미상 (대목용 F1) | 6.1±1.2 |
| GSP22 | 흑지뢰 | 7.8±0.4 | GSP48 | IT 207178 | 3.3±0.4 |
| GSP23 | 특대뢰한과왕 | 7.1±0.8 | GSP49 | IT 207182 | 9.1±0.5 |
| GSP24 | 중화국보 | 6.1±0.4 | GSP50 | IT 208441 | 8.4±0.1 |
| GSP25 | 태국당기린 | 5.9±0.5 | GSP51 | 스피드꿀 | 7.1±0.4 |
| GSP26 | 강병지뢰왕 | 6.2±0.4 | GSP52 | 초당꿀 | 6.6±0.4 |
| GSP27 | 금색여인 | 6.9±0.0 | GSP53 | 슈퍼금천 수박 | 6.2±0.7 |
| GSP28 | 부수 | 7.3±0.0 | | | |

* SE: 표준오차

(라) 중국·동남아시아·유럽·남미 수집 수박 시판종의 기능성분 라이코핀 및 시트룰린 분석 (4년차)

- 수박 중국, 스페인, 브라질, 대만, 태국 수집 시판종 44점의 라이코핀 함량분석 결과 1.1 mg/g fw ~ 20.11 mg/g fw로 넓은 함량범위를 나타냈으며 ‘올림피아’은 20.11 mg/g fw로 가장 높은 라이코핀 함량을 지닌 품종이었고 ‘흑미인서과’는 라이코핀 함량이 1.12 mg/g fw로 가장 낮은 품종이었음(표 1-17).
- 시트룰린 함량 분석 결과, 34.8 mg/g fw ~ 102.1 mg/g fw의 범위이었으며 가장 높은 함량을 보인 품종은 ‘흑미인서과’으로 102.0 mg/g fw이었음(표 1-18).
- 라이코핀과 시트룰린 함량이 동시에 높은 품종은 ‘올림피아’ (20.11 mg/g, 53.4 mg/g)이었음(표 1-17, 표 1-18).

표 1-17. 중국, 스페인, 브라질, 대만, 태국 수집 수박 시판종의 시판품종의 라이코핀 함량

| 번호 | 품종명 | 라이코핀함량 (mg/g) | 번호 | 품종명 | 라이코핀함량 (mg/g) |
|--------|-------------|---------------|--------|------------------|---------------|
| GSP-01 | 뢰한경혼왕 | 9.21 | GSP-28 | 멜란시아 라운드 | 13.52 |
| GSP-02 | 신화(조가84-24) | 4.74 | GSP-29 | 올림피아 | 20.11 |
| GSP-03 | 특대신흥보 | 6.83 | GSP-31 | 멜란시아 페어팩스 | 7.61 |
| GSP-04 | 조가 | 6.26 | GSP-32 | 멜란시아 오마루 야마토 | 5.89 |
| GSP-05 | F1태만신태농팔호 | 7.56 | GSP-34 | 멜란시아 콩고 | 4.82 |
| GSP-07 | 청피패한 | 5.14 | GSP-36 | 미니 이브리두 베니 마쿠라 | 2.26 |
| GSP-08 | 전복삼호 | 6.20 | GSP-37 | 멜란시아 찰스톤 그레이 수페르 | 2.37 |
| GSP-09 | 패성삼호 | 12.11 | GSP-38 | 뉴 베니 코다마 | 2.42 |
| GSP-10 | 전복008 | 7.34 | GSP-39 | 타이요 | 3.48 |

| | | | | | |
|--------|----------------------|-------|--------|---------------|------|
| GSP-11 | 패성구호 | 6.64 | GSP-40 | 멜란시아 오마루 야마토 | 2.96 |
| GSP-12 | 핑오칠호 | 6.57 | GSP-41 | 흑미인서과 | 1.12 |
| GSP-13 | 신세기흑패 | 4.59 | GSP-42 | 참미인서과 | 2.43 |
| GSP-15 | 서농구호 | 7.17 | GSP-43 | 하호 | 1.61 |
| GSP-17 | 봉악오호 | 8.21 | GSP-46 | plevnk Lai | 1.64 |
| GSP-18 | 산디아 슈가 베이비 | 7.27 | GSP-47 | Tomaido No.54 | 3.12 |
| GSP-19 | 산디아 크림슨 스위트 | 9.38 | GSP-49 | Kinaree 188 | 5.05 |
| GSP-20 | 크림슨 스위트 | 10.22 | GSP-50 | Showing 175 | 5.58 |
| GSP-21 | 워터멜론 머리디언 | 8.66 | GSP-51 | 스피드꿀 | 7.09 |
| GSP-22 | 산디아 에콜로지카 크림슨 스위트 | 11.67 | GSP-52 | 초당꿀 | 5.26 |
| GSP-23 | 산디아 클론다이크 RS57 | 2.29 | GSP-53 | 수퍼금천 수박 | 7.23 |

표 1-18. 중국, 스페인, 브라질, 대만, 태국 수집 수박 시판종의 시판품종의 시트룰린 함량

| 번호 | 품종명 | 시트룰린함량 (mg/g) | 번호 | 품종명 | 시트룰린함량 (mg/g) |
|--------|----------------------|------------------|--------|------------------|------------------|
| GSP-01 | 되한경혼왕 | 62.4 | GSP-28 | 멜란시아 라운드 | 44.3 |
| GSP-02 | 신화(조가84-24) | 69.8 | GSP-29 | 올림피아 | 53.4 |
| GSP-03 | 특대신흥보 | 57.2 | GSP-31 | 멜란시아 페어팩스 | 46.9 |
| GSP-04 | 조가 | 77.1 | GSP-32 | 멜란시아 오마루 야마토 | 50.4 |
| GSP-05 | F1태만신태농팔호 | 57.2 | GSP-34 | 멜란시아 콩고 | 54.3 |
| GSP-07 | 청피패한 | 61.2 | GSP-36 | 미니 이브리두 베니 마쿠라 | 95.5 |
| GSP-08 | 전복삼호 | 52.6 | GSP-37 | 멜란시아 찰스톤 그레이 수페르 | 74.7 |
| GSP-09 | 패성삼호 | 44.6 | GSP-38 | 뉴 베니 코다마 | 78.7 |
| GSP-10 | 전복008 | 40.0 | GSP-39 | 타이요 | 64.2 |
| GSP-11 | 패성구호 | 37.8 | GSP-40 | 멜란시아 오마루 야마토 | 91.6 |
| GSP-12 | 핑오칠호 | 42.3 | GSP-41 | 흑미인서과 | 102.1 |
| GSP-13 | 신세기흑패 | 46.3 | GSP-42 | 참미인서과 | 88.8 |
| GSP-15 | 서농구호 | 41.0 | GSP-43 | 하호 | 72.2 |
| GSP-17 | 봉악오호 | 36.8 | GSP-46 | plevnk Lai | 101.3 |
| GSP-18 | 산디아 슈가 베이비 | 43.8 | GSP-47 | Tomaido No.54 | 57.3 |
| GSP-19 | 산디아 크림슨 스위트 | 51.4 | GSP-49 | Kinaree 188 | 42.4 |
| GSP-20 | 크림슨 스위트 | 50.5 | GSP-50 | Showing 175 | 43.8 |
| GSP-21 | 워터멜론 머리디언 | 48.6 | GSP-51 | 스피드꿀 | 41.3 |
| GSP-22 | 산디아 에콜로지카 크림슨 스위트 | 50.4 | GSP-52 | 초당꿀 | 42.8 |
| GSP-23 | 산디아 클론다이크 RS57 | 43.1 | GSP-53 | 수퍼금천 수박 | 34.8 |

라. 수출 목표 시장 수박 시판품종의 병저항성 검정(덩굴마름병, 탄저병 저항성)

(가) 중국 수집 수박 시판종의 병저항성 검정(1년차)

○ 국립원예특작과학원에서 수집하여 농업유전자원센터에 기탁 보유 중인 중국 시판품종 중

- 48점을 대상으로 육묘기에 덩굴마름병, 탄저병에 대한 병저항성 검정을 수행한 결과
- 덩굴마름병은 ‘특대경홍왕’ 등 2품종이 중도저항성으로 나타났으며 ‘이성향병 6호’ 등 49 품종은 감수성이었음(표 1-19, 그림 1-10).
 - 탄저병에 대한 저항성은 ‘경룡노’ 품종 등 20 품종에서 중도 저항성을 보였으며 그 외의 품종은 감수성으로 나타났으나 전체적으로 뚜렷한 저항성 품종은 선발할 수 없었음(표 1-19, 그림 1-10).

표 1-19. 수박 중국 수집 시판종의 병저항성 검정 결과

| 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | 병저항성 | | 일련 번호 | 포장번호 | 품종명 | 병저항성 | |
|----------|---------|---------|-----------|-----|----------|---------|-----------|-----------|-----|
| | | | 덩굴 마름병 | 탄저병 | | | | 덩굴 마름병 | 탄저병 |
| 1 | 13GSP1 | 이성향병6호 | S | S | 31 | 13GSP31 | 영룡서과 | S | S |
| 2 | 13GSP2 | 이성일호 | S | S | 32 | 13GSP32 | 특대관군 | S | S |
| 3 | 13GSP3 | 경미보5호 | S | S | 33 | 13GSP33 | 절밀4호 | S | S |
| 4 | 13GSP4 | 소흑룡 | S | S | 34 | 13GSP34 | 수방 | S | S |
| 5 | 13GSP5 | 소황룡 | S | S | 35 | 13GSP35 | 대만흑피왕자 | S | S |
| 6 | 13GSP6 | 과농무자6호 | 발아불량 | | 36 | 13GSP36 | 홍대H서과 | S | S |
| 7 | 13GSP7 | 경룡노 | S | MR | 37 | 13GSP37 | 특급경혼 | S | S |
| 8 | 13GSP8 | 항병신징 | S | S | 38 | 13GSP38 | 흑미낭 | S | S |
| 9 | 13GSP9 | 경혼1호 | S | S | 39 | 13GSP39 | 라밀구209 | S | S |
| 10 | 13GSP10 | 선봉 | S | MR | 40 | 13GSP40 | 황소옥2호 | S | S |
| 11 | 13GSP11 | 서농5호 | S | MR | 41 | 13GSP41 | 설봉흑미인 | S | S |
| 12 | 13GSP12 | 서농8호 | S | MR | 42 | 13GSP42 | 소옥7호 | S | S |
| 13 | 13GSP13 | 일왕길가 | S | MR | 43 | 13GSP43 | 특우경혼 | S | S |
| 14 | 13GSP14 | 레폼황옥 | S | MR | 44 | 13GSP44 | 국미춘광 | S | S |
| 15 | 13GSP15 | 특대정잡5호 | S | MR | 45 | 13GSP45 | 경혼1호 | S | S |
| 16 | 13GSP16 | 정잡5호 | S | MR | 46 | 13GSP49 | 흙복금태랑 | S | S |
| 17 | 13GSP17 | 조춘홍옥 | S | MR | 47 | 13GSP50 | 전복286 | S | S |
| 18 | 13GSP18 | 초대흑미인 | S | MR | 48 | 13GSP51 | 원수 | S | S |
| 19 | 13GSP19 | 신란 | S | MR | | | 12WG29-6 | MR | S |
| 20 | 13GSP20 | 흑거패 | S | MR | | | 12WG42-5 | S | S |
| 21 | 13GSP21 | 신흑용관왕 | S | MR | | | 12WG62-2 | S | R |
| 22 | 13GSP22 | 금화보서과 | S | MR | | | 12WG97-1 | S | S |
| 23 | 13GSP23 | 항병경혼지뢰왕 | S | MR | 대비 | | 12WG100-1 | S | S |
| 24 | 13GSP24 | 상봉정잡칠호 | S | MR | | | 스피드꿀수박 | S | MR |
| 25 | 13GSP25 | 서농8호 | S | MR | | | 원더꿀수박 | S | MR |
| 26 | 13GSP26 | 록보대제 | S | MR | | | 복수박 | S | S |
| 27 | 13GSP27 | 황금관 | 발아불량 | | | | 초당꿀수박 | S | S |
| 28 | 13GSP28 | 금흙 | SR | MR | | | | | |
| 29 | 13GSP29 | 특대경혼 | MR | MR | | | | | |
| 30 | 13GSP30 | 라한지뢰왕 | MR | S | | | | | |



그림 1-10. 수박 중국 수집 시판종의 병저항성 검정 평가기준

(나) 중국 수집 수박 시판종의 병저항성 검정(2년차)

- 중국 수집 시판품종 중 47점을 대상으로 육묘기에 덩굴마름병, 탄저병에 대한 병저항성 검정을 수행한 결과
- 덩굴마름병은 ‘일품’ 등 5품종이 저항성으로 나타났으며, ‘함병봉원’ 등 5 품종은 중도저항성이었음(표 3-8, 그림 3-4). 그 외 ‘라한과왕’ 등 38품종은 감수성으로 나타났음.
- 탄저병은 ‘라한록장룡’ 등 2품종이 저항성을 보였으며 ‘대지뢰188’ 등 6품종은 중도저항성으로 나타났음. 그 외의 39품종은 감수성으로 나타났음(표 1-20, 그림 1-11).
- 그리고 ‘금학미옥’ 은 탄저병과 덩굴마름병에 동시에 저항성을 나타내는 결과를 보여 차후 저항성 품종육성을 위해 유용한 재료로 이용될 것으로 생각됨.

표 1-20. 수박 중국 수집 시판종의 병저항성 검정 결과

| BN. | 품종명 | 탄저병 | 덩굴마름병 | BN. | 품종명 | 탄저병 | 덩굴마름병 |
|---------|--------|-----|-------|----------------|-------------|----------|----------|
| 14GSP1 | 라한과왕 | S | S | 14GSP31 | 설봉조밀 | S | S |
| 14GSP2 | 라한록장롱 | R | S | 14GSP32 | 보관무자일호 | S | S |
| 14GSP3 | 대지뢰188 | MR | S | 14GSP33 | 금학미옥 | R | R |
| 14GSP4 | 쌍향대지뢰 | S | S | 14GSP34 | 유우미기린 | S | R |
| 14GSP5 | 청품쌍성 | S | S | 14GSP35 | 금학흑미룡 | S | S |
| 14GSP6 | 미관 | S | S | 14GSP36 | 금학옥봉 | S | S |
| 14GSP8 | 함병봉원 | S | MR | 14GSP37 | 유우특대흑미인 | S | S |
| 14GSP9 | 조가 | S | S | 14GSP38 | 정품춘홍옥 | S | R |
| 14GSP10 | 항병화금보 | S | S | 14GSP39 | 아란 | S | S |
| 14GSP12 | 파리구서과 | S | S | 14GSP40 | 첨뉴 | S | S |
| 14GSP13 | 대관흑미인 | S | S | 14GSP41 | 안생홍미인 | S | S |
| 14GSP14 | 명품 | S | S | 14GSP42 | 황금삼호 | S | S |
| 14GSP15 | 조관거장 | MR | MR | 14GSP43 | 천정삼호 | S | S |
| 14GSP16 | 녹패왕 | MR | S | 14GSP44 | 천정사호 | S | S |
| 14GSP17 | 지뢰왕 | S | S | 14GSP45 | 국예이호 | S | S |
| 14GSP18 | 미국흑장군 | S | S | 14GSP46 | 서농십일 | S | S |
| 14GSP19 | 일품 | S | R | 14GSP47 | 국심록룡 | S | S |
| 14GSP20 | 흑관 | MR | R | 14GSP48 | 록지수 | S | S |
| 14GSP21 | 양천뢰패 | R | MR | 14GSP49 | 천정이호 | S | S |
| 14GSP22 | 만당홍 | S | MR | 14GSP50 | 예예흑소보 | S | S |
| 14GSP23 | 우관 | S | S | 14GSP51 | 스피드꿀플러스 | S | S |
| 14GSP25 | 천보 | S | S | 14GSP52 | 초당꿀 | S | S |
| 14GSP26 | 금제 | MR | S | 14GSP53 | 삼복꿀 | S | S |
| 14GSP27 | 철황려 | MR | S | 대 비 종 | | | |
| 14GSP28 | 홍대 | S | S | 14GSP54 | 13WG05 | R | R |
| 14GSP29 | 금학밀란 | S | S | 14GSP57 | 13WG62 | R | S |
| 14GSP30 | 소천사 | S | MR | 14GSP58 | 13WG69 | S | S |
| | | | | 14GSP64 | 13WG101 | S | S |

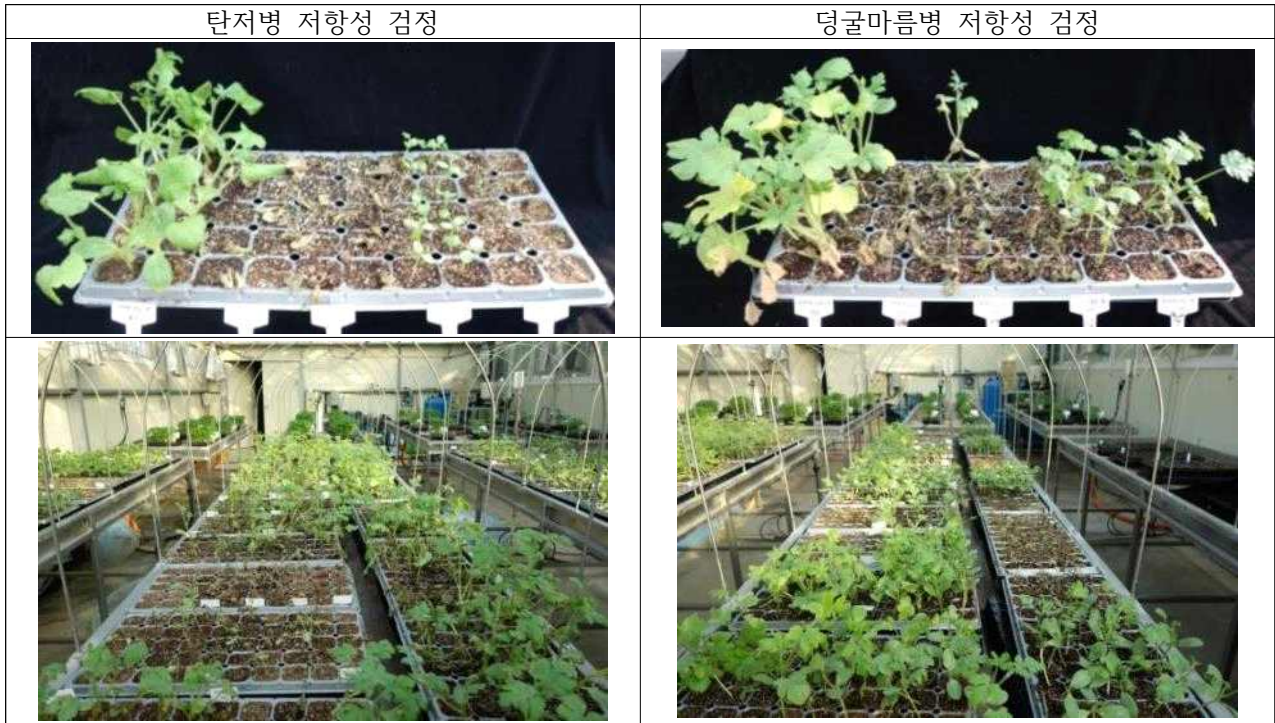


그림 1-11. 수박 중국 수집 시판종의 병저항성 검정

(다) 중국 수집 수박 시판종의 병저항성 검정(3년차)

- 중국 수집 시판품종 중 44점을 대상으로 육묘기에 덩굴마름병, 탄저병에 대한 병저항성 검정을 수행한 결과
- 덩굴마름병은 ‘시대선봉’ 등 5품종이 저항성으로 나타났으며, ‘뇌신5호’ 등 17품종은 중도저항성이었음(표 3-15, 그림 3-5). 그 외 ‘개선신일대’ 등 22품종은 감수성으로 나타났음.
- 탄저병은 ‘시대선봉’ 등 15품종이 저항성을 보였으며 ‘개선신일대’ 등 7품종은 중도저항성으로 나타났음. 그 외의 22품종은 감수성으로 나타났음(표 1-21, 그림 1-12).
- 그리고 ‘신대선봉’ ‘흑지뢰’ 및 ‘미국오성상장’은 탄저병과 덩굴마름병에 동시에 저항성을 나타내는 결과를 보여 차후 저항성 품종육성을 위해 유용한 재료로 이용될 것으로 생각됨.

표 1-21. 수박 중국 수집 시판종의 병저항성 검정 결과

| BN. | 품종명 | 탄저병* | 덩굴마름병 | BN. | 품종명 | 탄저병* | 덩굴마름병 |
|-------|-----------------|------|-------|-------|----------|------|-------|
| GSP1 | Sun flower | S | S | GSP29 | 밀소보 | R | S |
| GSP2 | Green pillow | MR | R | GSP30 | 화강용봉 | S | S |
| GSP3 | sunjaya | S | MR | GSP31 | 아주거용 | S | MR |
| GSP4 | New inkun | S | S | GSP32 | 일본봉향팔 | S | MR |
| GSP6 | ESTBELLA KUNING | MR | S | GSP33 | 서역성 | R | MR |
| GSP7 | INNA | S | S | GSP34 | 가다보 | S | S |
| GSP8 | BLACK SWEET | S | S | GSP35 | 호봉대과흑미인인 | S | MR |
| GSP9 | KIDUNG | S | S | GSP36 | 초침항병경혼왕 | R | S |
| GSP11 | 미국선봉 | S | MR | GSP37 | 빙기립서과 | R | S |

| | | | | | | | |
|-------|---------|----|----|-------|-------------|----|----|
| GSP12 | 시대선봉 | R | R | GSP38 | 특대경봉흑침왕 | R | S |
| GSP13 | 너신5호 | R | MR | GSP39 | 경용보3호 | MR | MR |
| GSP14 | 미국오성상장 | R | R | GSP40 | 혼영유 | MR | MR |
| GSP15 | 개선신일대 | MR | S | GSP41 | 국심홍관용 | MR | MR |
| GSP16 | 퇴한흑패왕 | R | MR | GSP42 | 왕자지존 | S | S |
| GSP17 | 원예지성 | R | S | GSP43 | 금소봉 | R | MR |
| GSP18 | 잡기 | R | S | GSP44 | 침왕기린과 | S | MR |
| GSP19 | 소애신 | R | S | GSP45 | 과용 | S | MR |
| GSP20 | 파비 | S | R | GSP46 | 화지용 | S | MR |
| GSP21 | 잡기극품흑미인 | S | S | GSP47 | 미상 (대목용 F1) | S | S |
| GSP22 | 흑지퇴 | R | R | GSP48 | IT 207178 | R | S |
| GSP23 | 특대퇴한과왕 | S | S | GSP49 | IT 207182 | R | S |
| GSP24 | 중화국보 | S | S | GSP50 | IT 208441 | S | MR |
| GSP25 | 태국당기린 | S | MR | GSP51 | 스피드꿀 | S | S |
| GSP26 | 강병지퇴왕 | MR | S | GSP52 | 초당꿀 | R | MR |
| GSP27 | 금색여인 | S | MR | GSP53 | 슈퍼금천 수박 | R | S |
| GSP28 | 부수 | R | S | | | | |

* R: 저항성, MR: 중도저항성, S: 감수성



수박 재배전경

수박 과실 특성

병저항성검정

| 병명 | 접종농도 | 접종 후관리 | 판정 |
|---|--|--------------------------------|---------|
| 탄저병 <i>C. Orbiculare race 3</i> , KACC 40903 | 1×10^6 spore . ml ⁻¹ | 주간 30℃, 야간 20℃ 내외, 상대습도 80% | 접종 후 2주 |
| 덩굴마름병 <i>D. bryoniae</i>) KACC 40937 | 5×10^5 spore . ml ⁻¹ | 주간 30℃, 야간 20℃ 내외, 상대습도 80% | 접종 후 2주 |

그림 1-12. 수박 중국 수집 시판종의 병저항성 검정

(라) 중국·동남아시아·유럽·남미 수집 수박 시판종의 병저항성 검정(4년차)

- 중국·동남아시아·유럽·남미 수집 시판품종 중 47점을 대상으로 육묘기에 덩굴마름병, 탄저병에 대한 병저항성 검정을 수행한 결과
- 덩굴마름병은 ‘하호’ 등 9품종이 중도저항성으로 나타났으며, 그 외 ‘퇴한경혼왕’ 등 38품종은 감수성으로 나타났음(표 1-22).
- 탄저병은 ‘퇴한경혼왕’ 등 46품종이 저항성을 보였으며 ‘개선신일대’ 등 7품종은 중도저항성으로 나타났음. 그 외의 1품종은 감수성으로 나타났음(표 1-22).
- 그러나 중국·동남아시아·유럽·남미 수집 시판품종 중 47점은 탄저병과 덩굴마름병에 동시에 저항성을 나타내는 결과를 보인 품종은 없으며 차후 저항성 품종과 교배를 통해 육성을 해야 할 것으로 생각됨.

표 1-22. 중국·동남아시아·유럽·남미 수집 수박 시판종의 병저항성 검정 결과

| BN | 품종명 | 탄저병 | 덩굴마름병 | BN | 품종명 | 탄저병 | 덩굴마름병 |
|----|----------------|-----|-------|----|-------------------|-----|-------|
| 1 | 뢰한경혼왕 | MR | S | 29 | 올림피아 | MR | S |
| 2 | 신화(조가84-24) | MR | S | 30 | 멜란시아크림슨스위트 | MR | S |
| 3 | 특대신홍보 | MR | S | 31 | 멜란시아페어팩스 | MR | S |
| 4 | 조가 | MR | S | 32 | 멜란시아 오마루 야마토 | MR | S |
| 5 | F1태만신태농팔호 | MR | S | 33 | 멜란시아 크림슨 플러스 | MR | S |
| 7 | 청피패한 | MR | S | 34 | 멜란시아 콩고 | MR | S |
| 8 | 전복삼호 | MR | S | 35 | 멜란시아찰스톤그레이 | MR | S |
| 9 | 패성삼호 | MR | S | 36 | 미니 이브리두 베니 마쿠라 | MR | S |
| 10 | 전복008 | MR | S | 37 | 멜란시아찰스톤그레이수 페르 | MR | S |
| 11 | 패성구호 | MR | S | 38 | 뉴 베니 코다마 | MR | MR |
| 12 | 굉오칠호 | MR | S | 39 | 타이요 | MR | S |
| 13 | 신세기흑패 | MR | S | 40 | 멜란시아 오마루 야마토 | MR | S |
| 14 | 흑마왕자 | MR | S | 42 | 첨미인서과 | MR | S |
| 15 | 서농구호 | MR | S | 43 | 하호 | MR | MR |
| 16 | 룽발88무자 | MR | S | 44 | 성진서과 | MR | MR |
| 17 | 봉악오호 | MR | S | 45 | 서신무자서과 | MR | MR |
| 18 | 산디아 슈가 베이비 | MR | S | 46 | plevnk Lai | MR | S |
| 19 | 산디아 크림슨 스위트 | MR | S | 47 | Tomaido No.54 | MR | S |
| 20 | 크림슨 스위트 | MR | S | 49 | Kinaree 188 | MR | MR |
| 21 | 워터멜론 머리디언 | MR | S | 50 | Showing 175 | MR | MR |
| 22 | 산디아에콜로지카크림슨스위트 | MR | S | 51 | 스피드꿀 | MR | MR |
| 23 | 산디아 클론다이크 RS57 | MR | S | 52 | 초당꿀 | MR | MR |
| 26 | 프리미엄 | S | S | 53 | 수퍼금천 수박 | MR | MR |
| 28 | 멜란시아 라운드 | MR | S | | | | |

* R: 저항성, MR: 중도저항성, S: 감수성

마. 수집 수박 시판품종의 유전자원 등록(기탁) 및 품종의 주요특성 database 구축

(1) 중국·인도네시아의 유전자원 수집 및 등록

(가) 중국의 유전자원 수집 및 등록

○ 중국 절강성의 항주와 산둥성의 제남, 수광, 청도 지역에서 소과종인 ‘무佳’ 과 ‘懶汉瓜’ 王 등 32품종의 수박 시판종과 하남성의 정주, 상구와 강소성의 서주, 안휘성의 합비 및 북경에서 수집한 ‘靑皮霸汉’ 등 108점 중 18품종 총 45점을 농촌진흥청 농업유전자원 센터에 기탁하였음(표 1-23).

표 1-23. 중국 절강성, 산둥성 지역 수집 수박 시판종(F1)자원 기탁 목록

| 일련 번호 | 입시 번호 | 품종명 (한자) | 품종명 (한글) | 품종명 (영명) | 과형 | 과피색 | 과피 무늬 | 과육색 | 과중 (kg) |
|----------|----------|-------------|-------------|----------------------|-----|-----|----------|-----|------------|
| 1 | K229525 | 懒汉瓜王 | 라한과왕 | Lanhan gua wang | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | - |
| 2 | K229526 | 懒汉绿长龙 | 라한록장룡 | Lanhan lu changlong | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 12~20 |
| 3 | K229527 | 大地雷188 | 대지뢰188 | Da dilei 188 | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 6~9 |
| 4 | K229528 | 双抗大地雷 | 쌍항대지뢰 | Shuang kang da dilei | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 10~20 |
| 5 | K229529 | 双皇(精品) | 쌍성(정품) | Shuangxing | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 9~12 |
| 6 | K229530 | 美冠 | 미관 | Mei guan | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 10 |
| 7 | K229531 | 黄金宝 | 황금보 | Huangjin bao | 타원형 | 녹피 | 화피 | 황 | 2 |
| 8 | K229532 | 抗病丰园 | 항병풍원 | Kang bing feng yuan | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 10~15 |
| 9 | K229533 | 早佳 | 조가 | Zao jia | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 4 |
| 10 | K229534 | 抗病花金宝 | 항병화금보 | Kang bing hua jinbao | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 8~10 |
| 11 | K229535 | 抗病黑巨霸 | 항병흑거패 | Kang bing hei ju ba | 타원형 | 녹피 | 무늬 | 적 | 8~10 |
| 12 | K229536 | 玻璃球西瓜 | 파리구서과 | Boli qiu xigua | 원형 | 황색 | 무지 | - | - |
| 13 | K229537 | 台湾黑美人 | 대완흑미인 | Taiwan hei meiren | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 3.5~6 |
| 14 | K229538 | 名品 | 명품 | Mingpin | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 6~15 |
| 15 | K229539 | 早冠龙王 | 조관거룡왕 | Zao guan ju long | 타원형 | 녹피 | 무늬 | 적 | 8 |
| 16 | K229540 | 绿霸王 | 록패왕 | Lu bawang | 타원형 | 녹피 | 무늬 | 적 | 15 |
| 17 | K229541 | 地雷王 | 지뢰왕 | Dilei wang | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 10~15 |
| 18 | K229542 | 美国黑将 | 미국흑장 | Meiguo hei jiangjun | 타원형 | 녹피 | 무늬 | 적 | 13~20 |
| 19 | K229543 | 黑将 | 흑장 | Yipin | 타원형 | 녹피 | 무늬 | 적 | 7~15 |
| 20 | K229544 | 黑冠 | 흑관 | Hei guan | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 13~20 |
| 21 | K229545 | 惊天雷霸 | 양천뢰패 | Jingtian lei ba | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 7~15 |
| 22 | K229546 | 满堂红 | 만당홍 | Mantanghong | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 8~10 |
| 23 | K229547 | 伏冠 | 우관 | Fu guan | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 8~13 |
| 24 | K229548 | 优势189 | 우세189 | Youshi 189 | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 12 |
| 25 | K229549 | 极品红艳 | 극품홍염 | Jipin hong yan | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 8~10 |
| 26 | K229550 | 金帝 | 금제 | Jin di | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 8 |
| 27 | K229551 | 铁皇后 | 철황후 | Tie huanghou | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 8 |

표 1-23. 중국 하남성, 안휘성, 강소성, 북경 지역 수집 수박 시판종(F1)자원 기탁 목록(계속)

| 일련 번호 | 입시 번호 | 품종명 (한자) | 품종명 (한글) | 품종명 (영명) | 과형 | 과피색 | 과피 무늬 | 과육색 | 과중 (kg) |
|----------|----------|-------------|-------------|-----------------------|-----|-----|----------|-----|------------|
| 1 | K243482 | 红大 | 홍대 | Hong da | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 4~5 |
| 2 | K243483 | 金鹤蜜兰 | 금학밀란 | Jin he mi lan | 원형 | 녹피 | 화피 | 황 | 3~5 |
| 3 | K243484 | 小天使 | 소천사 | Xiao tiansh i | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 1.5~2.5 |
| 4 | K243485 | 雪峰早蜜 | 설봉조밀 | Xue feng zao mi | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 5~7 |
| 5 | K243486 | 宝冠无籽一号 | 보관무자일호 | Baoguan wu zi 1 | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 6~12 |
| 6 | K243487 | 金鹤美玉 | 금학미옥 | Jin he meiyu | 원형 | 녹피 | 화피 | 황 | 4~6 |
| 7 | K243488 | 裕友美麒麟 | 유우미기린 | Yu youmei qilin | 타원형 | 녹피 | 무지 | 적 | 2.5~4 |
| 8 | K243489 | 金鹤黑美龙 | 금학흑미룡 | Jin he hei mei long | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 4~6 |
| 9 | K243490 | 金鹤玉凤 | 금학옥봉 | Jinheyu feng | 원형 | 녹피 | 화피 | 황 | 1.5 |
| 10 | K243491 | 荃银佳玲 | 전은가령 | Quan yin jia ling | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 3 |
| 11 | K243492 | 正品春红玉 | 정품춘홍옥 | Zhengpin chun hong yu | 타원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 2 |
| 12 | K243493 | 雅兰 | 아란 | Ya lan | 원형 | 녹피 | 화피 | 황 | 1.5~2 |
| 13 | K243494 | 甜妞 | 철뉴 | Tian niu | 타원형 | 황피 | 망무늬 | 적 | 5 |
| 14 | K243495 | 安生红美人 | 안생홍미인 | Ansheng hong meiren | 타원형 | 황피 | 화피 | 적 | 2~3 |
| 15 | K243496 | 黄金三号 | 황금삼호 | Huangjin 3 | 타원형 | 황피 | 화피 | 적 | 1~5 |
| 16 | K243497 | 千鼎三号 | 천정삼호 | Qian ding 3 | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 3~5 |
| 17 | K243498 | 千鼎四号 | 천정사호 | Qian ding 4 | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 5 |
| 18 | K243499 | 国豫二号 | 국예이호 | Guo yu 2 | 원형 | 녹피 | 화피 | 적 | 1~1.5 |

(나) 인도네시아 시판품종의 유전자원 수집

- 인도네시아 자바 지역에서 판매 중인 시판종 중에서 중복인 시판품종을 제외하고 유전자원 수집
- 동일 품종에 대해 여러 회사에서 다른 이름으로 판매 중에 있으며 그 중 10개의 중점 종자 수집(표 1-24).
- 인도네시아 시판종 수집



표 1-23. 인도네시아 동부자바 지역 수집 수박 시판종(F1)자원 목록

| 번호 | 시판품종 | 품종 등록일 | 원산지 및 정보 | 회사 |
|----|-----------------|--------------------------|-------------------------------|-------------------------|
| 1 | AMARA F1 | 1603/kpts/SR.120/5/2012 | 2961M×2961F | EAST WEST Seed Ind |
| 2 | BLACK SWEET | 미정 | Semangka Berbiji | TUNAS SEED |
| 3 | ESTRELLA KUNING | 미정 | hibrida F1 | Benih Semangka Non Biji |
| 4 | GREEN PILLOW | 470/kpts/SR.120/4/2008 | PT. Eratani Jakarta-Indonesia | Chung-Shin Seed Co. |
| 5 | INKUN | 미정 | 미정 | BAM SEED |
| 6 | INNA | 368/kpts/SR.120/5/2006 | PT. Primasid Andalan Utama | PRIMASID |
| 7 | KIDUNG | 4280/kpts/SR.120/10/2011 | PT. Tunas Agro Persada | TUNAS SEED |
| 8 | SETABINDO-1 | 1005/kpts/tp.240/12/1997 | Thailand | CHIA TAI SEED |
| 9 | SUN FLOWER | 348/kpts/SR.120/4/2006 | Acegreen Seed Co. | CHUNG-SHIN SEED CO. |
| 10 | SUNJAYA F1 | 미정 | Semangka hibrida F1 | CLAUSE |

(다) 중국 운남, 시안지역 수박 주요품종 수집

- 중국 운남, 시안 지역에서 판매 중인 시판종 중에서 중복인 시판품종을 제외하고 유전자원 수집
- 1년차에 수집종자를 제외를 원칙으로 하여 46개의 중점 종자 수집



(라) 중국·인도네시아 수집자원의 품종 주요특성에 대한 database 구축

- 1차년도에 평가한 중국 수집 시판종 51점을 대상으로 품종명, 육성처, 수집지역, 판매회사, 과크기, 과피특성, 숙기, 과형, 과육색 및 일반특성 등에 대하여 database를 작성하였음.
- 2015년 1월 인도네시아에서 수집 품종 및 3월 중국 운남, 해남지역 수집 품종에 대해 4월 database 구축
- Database 작성을 위한 소프트웨어는 MicroSoft사의 Access프로그램을 이용하였으며 기본 자료는 종자포장에 명기된 정보와 사진을 이용하였음.



(2) 중국, 브라질, 스페인 시판품종의 유전자원 수집 및 등록

(가) 중국, 브라질, 스페인의 유전자원 수집 및 등록

- 중국 ‘美国先锋’과 ‘时代先锋’ 등 44품종의 수박 시판종, 스페인에서 수집한 ‘발도리아’ 등 11품종 및 브라질에서 수집한 ‘올림피아’ 총 70점을 농촌진흥청 농업유전자원 센터에 기탁하였음(표 1-25).

표 1-25. 중국, 스페인, 브라질 지역 수집 수박 시판종(F1)자원 기탁 목록

| 번호 | 품종명(한자) | 품종명(한글) | 품종명(영명) | 과형 | 과피색 | 과피무늬 | 과육색 | 과중(kg) |
|----|--------------|-------------|-----------------------------------|-----|-----|------|------|-----------|
| 1 | 美國先鋒 | 미국선봉 | Meiguo xianfeng | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 15~20kg |
| 2 | 時代先鋒 | 시대선봉 | Shidai xianfeng | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 15~20kg |
| 3 | 雷神5号 | 뇌신5호 | Leishen 5 hao | 원형 | 녹색 | 호피 | 적색 | |
| 4 | 美國五星上將 | 미국오성상장 | Meiguo wuxing shang jiang | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 12kg |
| 5 | 凱旋新一代 | 개선신일대 | Kaixuan xin yidai | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 10~12kg |
| 6 | 懶漢黑霸王 | 뢰한흑패왕 | Lanhan hei bawang | 타원형 | 흑색 | 무지 | 대홍색 | 8~10kg |
| 7 | 園藝之星 | 원예지성 | Yuanyi zhixing | 원형 | 녹색 | 무지 | 적색 | 7kg |
| 8 | 卡其(東京蘭貴人F1) | 잡기(동경난귀인) | Kaqi(dongjing lan guiren F1) | 원형 | 녹색 | 호피 | 노란색 | 5~8kg |
| 9 | 小愛神 | 소애신 | Xiao ai shen | 원형 | 녹색 | 호피 | 진황색 | 2kg |
| 10 | 芭芘 | 파비 | Ba pi | 타원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 1.8~2.2kg |
| 11 | 卡其極品黑美人F1 | 잡기극품흑미인 | Kaqi jipin hei meiren F1 | 타원형 | 흑색 | 무지 | 홍색 | 3~5kg |
| 12 | 黑地雷 | 흑지뢰 | Hei dilei | 원형 | 녹색 | 무지 | 적색 | 3~6kg |
| 13 | 懶漢京欣王 | 뢰한경흔왕 | Lanhan jing xin wang | 원형 | 녹색 | 호피 | 적색 | 4~7kg |
| 14 | 特大懶漢瓜王 | 특대뢰한과왕 | Teda lanhan gua wang | 타원형 | 녹색 | 호피 | 적색 | 8kg |
| 15 | 中華國寶 | 중화국보 | Zhonghua guobao | 타원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 10kg |
| 16 | 神禾(早佳84-24) | 신화(조가84-24) | Shen he (zao jia 84-24) | 원형 | 녹색 | 호피 | 적색 | 4~7kg |
| 17 | 泰國尙麒麟(108-A) | 태국당기린 | Taiguo tang qilin (108-A) | 고원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 5kg |
| 18 | 特大新紅寶 | 특대신홍보 | Teda xin hong bao | 타원형 | 녹색 | 망무늬 | 홍색 | 15kg |
| 19 | 抗病地雷王 | 강병지뢰왕 | Kang bing dilei wang | 원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 6~8kg |
| 20 | 早佳84-24 | 조가 | Zao jia 84-24 | 원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 5~8kg |
| 21 | 金色麗人 | 금색여인 | Jinse liren | 타원형 | 녹색 | 호피 | 금색 | 5kg |
| 22 | 富秀 | 부수 | Fu xiu | 타원형 | 녹색 | 무지 | 홍색 | 2.0~2.5kg |
| 23 | 蜜小寶 | 밀소보 | Mi xiao bao | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 8~10kg |
| 24 | 華抗龍丰 | 화강용봉 | Hua kang long feng | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 7~9kg |
| 25 | 亞洲巨龍 | 아주거용 | Yazhou ju long | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | |
| 26 | 日本丰抗八号 | 일본봉항팔 | Riben feng kang ba hao | 원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 6~8kg |
| 27 | 佳珍 | 가진 | Jia zhen | 원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 7~10kg |
| 28 | 西域星 | 서역성 | Xiyu xing | 장방형 | 녹색 | 호피 | 짙은홍색 | 5kg |
| 29 | 佳多寶 | 가다보 | Jia duo bao | 장방형 | 녹색 | 무지 | 심홍색 | 14~16근 |
| 30 | 昊丰大果黑美人人 | 호봉대과흑미인인 | Hao feng da guo hei meiren ren | 원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 6kg |
| 31 | 超抵抗病京欣王 | 초첨항병경흔왕 | Chao tian kang bing jing xin wang | 원형 | 녹색 | 호피 | 황색 | 1.5~2kg |
| 32 | 冰淇淋西瓜 | 빙기림서과 | Bingqilin xigua | 타원형 | 녹색 | 호피 | 붉은색 | 13~18kg |
| 33 | F1台灣新台農八号 | F1태만신태농팔호 | F1 taiwan xintai nong ba hao | 장방형 | 녹색 | 호피 | 적색 | 8kg |
| 34 | 新選西農九号 | 신선서농구호 | Xin xuan xi nong jiu hao | 타원형 | 흑색 | 호피 | 대홍색 | 16~22kg |
| 35 | 特大景丰黑抵王 | 특대경봉흑첨왕 | Teda jing feng hei tian wang | 장방형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 22kg |
| 36 | 景龍寶3号 | 경용보3호 | Jing long bao 3 hao | 원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 8~15kg |
| 37 | 欣領裕 | 흔영유 | Xin ling yu | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 28kg |
| 38 | 國審紅冠龍 | 국심홍관용 | Guo shen hong guan long | 타원형 | 녹색 | 호피 | 대홍색 | 10~12kg |
| 39 | 王者之尊 | 왕자지존 | Wangzhe zhi zun | 원형 | 녹색 | 호피 | 황색 | 2kg |
| 40 | 金小鳳 | 금소봉 | Jinxiaofeng | 원형 | 녹색 | 호피 | 선홍 | 7kg |
| 41 | 抵王麒麟瓜 | 첨왕기린과 | Tian wang qilin gua | 타원형 | 녹색 | 호피 | 홍색 | 4kg |
| 42 | 特大鄭雜五号 | 특대정잡오호 | Teda zheng za wu hao | 원형 | 녹색 | 호피 | 대선홍 | 8kg |
| 43 | 科龍208 | 과용 | Ke long 208 | 장방형 | 녹색 | 호피 | 적색 | 8kg |
| 44 | 抗病西農八 | 항병서농팔 | Kang bing xi nong ba | 장방형 | 흑색 | 무지 | 대선홍 | 10kg |

| | | | | | | | |
|----|-------------------|--------------------------------|----------|-----|-----|----|-----------|
| 45 | 산디아 슈가 베이비 | SANDIA SUGAR BABY | 타원형 | 녹색 | 호피 | 적색 | 5 - 8kg |
| 46 | 산디아 크림슨 스위트 | Sandia Crimson Sweet | 둥근 타원형 | 녹색 | 크림슨 | 적색 | 5 - 8kg |
| 47 | 산디아 슈가 베이비 | Sandia Sugar Baby | 원형 | 녹색 | 크림슨 | 적색 | 8kg이상 |
| 48 | 크림슨 스위트 | Crimson Sweet | 둥근 타원형 | 녹색 | 크림슨 | 적색 | 8kg이상 |
| 49 | 워터멜론 머리디언 | WATERMELON MERIDIAN | 가늘고 긴 모양 | 녹색 | 호피 | 적색 | 6 - 9kg |
| 50 | 산디아 에콜로지카 크림슨 스위트 | SANDIA ECOLOGICA CRIMSON SWEET | 둥근 타원형 | 녹색 | 크림슨 | 적색 | 2.5 - 4kg |
| 51 | 산디아 클론다이크 RS57 | Sandia Klondike RS57 | 가늘고 긴 모양 | 녹색 | 호피 | 적색 | 대형 |
| 52 | 멜란시아 라운드 | MELANCIA REDONDA | 타원형 | 녹색 | | 적색 | |
| 53 | 올림피아 | Olimpia | 타원형 | 농녹색 | | 적색 | |
| 54 | 멜란시아 크림슨 | Melancia Crimson Sweet | 타원형 | 농녹색 | 크림슨 | 적색 | 10 ~ 14kg |
| 55 | 멜란시아 페어팩스 | Melancia Fairfax | 장방형 | 녹색 | | 적색 | 12 ~ 16kg |
| 56 | 멜란시아 오마루 야마토 | MELANCIA OMARU YAMATO | 원형 | 연녹색 | | 적색 | |
| 57 | 멜란시아 페어팩스 | MELANCIA FAIRFAX | 장방형 | 연녹색 | | 적색 | 대형 |
| 58 | 멜란시아 크림슨 플러스 | MELANCIA CRIMSON SELECT PLUS | 원형 | 연녹색 | | 적색 | |
| 59 | 멜란시아 콩고 | MELANCIA CONGO | 장방형 | 녹색 | | 적색 | 대형 |
| 60 | 멜란시아 찰스톤 그레이 | Melancia Charleston Gray | 장방형 | 연녹색 | | 적색 | 12 ~ 18kg |
| 61 | 미니 이브리두 베니 마쿠라 | Mini Hibrido Beni Makura | 타원형 | 녹색 | | 적색 | |
| 62 | 멜란시아 페어팩스 | Melancia Fairfax | 장방형 | 농녹색 | | 적색 | |
| 63 | 멜란시아 찰스톤 그레이 수페르 | Melancia CHARLESTON GRAY SUPER | 장방형 | 녹색 | | 적색 | 10 ~ 18kg |
| 64 | 뉴 베니 코다마 | Hibrida New Beni Kodama | 원형 | 농녹색 | | 적색 | |
| 65 | 타이요 | Taiyo | 타원형 | 담황색 | | 적색 | |
| 66 | 멜란시아 오마루 야마토 | Melancia OMARU YAMATO | | 연녹색 | | 적색 | 6 ~ 10kg |
| 67 | 발도리아 | Valdoria | | | | 적색 | |
| 68 | 9601HQ | 9601HQ | | | | 적색 | |
| 69 | 프리미엄 | premium | | | | 적색 | |
| 70 | ACX5117T | ACX5117T | | | | 적색 | |

(나) 중국, 브라질, 스페인 수집자원의 품종 주요특성에 대한 database 구축

- 2015년 중국 수집 품종 및 스페인, 브라질 지역 수집 품종에 대해 database 구축
- 2, 3차년도에 평가한 중국 수집 시판종 70점을 대상으로 품종명, 육성처, 수집지역, 판매 회사, 과크기, 과피특성, 숙기, 과형, 과육색 및 일반특성 등에 대하여 database를 작성하였음.
- Database 작성을 위한 소프트웨어는 MicroSoft사의 Access프로그램을 이용하였으며 기본 자료는 종자포장에 명기된 정보와 사진을 이용하였음.



(3) 그리스, 미서부 시판품종의 유전자원 수집 및 등록

(가) 그리스, 미서부의 유전자원 수집 및 등록

- 그리스 17품종의 수박 시판종, 미서부에서 수집한 43품종 총 60점을 농촌진흥청 농업유전자원 센터에 기탁하였음(표 1-26).

제 4 절 제4세부프로젝트 연구내용 및 결과

1. 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발

가. 연구개발 수행 내용

(1) F2 계통 전개, 분리계통 특성검정, 현장평가회 및 분양

해외에서 우점하고 있는 품종의 F2 계통 전개를 위하여 농협종묘 등 7개 종묘회사와 국립원예특작과학원으로부터 종자를 공급 받아 2013년 하반기부터 2016년까지 전개를 하였다. 계통별 특성을 고려하여 20립 ~ 200립을 파종하여 회사 및 기관에서 요구한 사항을 반영하여 접목 및 무접목으로 육묘하여 정식하여 수정 및 특성을 조사하였다.

계통들의 분리되는 특성을 유지하기 위하여 개체별로 자가수분을 실시하였으며, 타가수분을 방지하기 위하여 화분매개충의 유입을 방지하는 방충망을 설치하였다. 엽의 생육특성과 개화특성은 3번자화 개화기에 실시하여 유전적인 특성이 잘 조사되도록 하였다. 착과는 제3번 자화에 실시함으로써 생리장해과 발생 가능성을 낮추었고, 1개체당 1개의 과일을 착과시켰다. 추비는 표준시비방법에 따라 착과가 70% 이루어진 시점부터 1주일 간격으로 3회 실시하였다.

현장평가 및 선발은 작형 별로 2~4회에 걸쳐 실시하였으며, 숙기는 소과종의 경우 적산온도를 800℃로 하였으며, 대과종은 950℃를 기준으로 하여 수확하였다. 수확 5~10전에는 품질향상을 위하여 단수를 실시하였다. 시험재배는 전북 고창군 대산면 연동리 682-1에서 실시하였다.

(2) 해외 목표시장 우점품종 및 정보 수집

국내 종묘회사의 해외 목표시장의 수출에 필요한 우점품종 수집 및 정보 수집을 위하여 2013년 중국을 시작하여, 14년 인도네시아, 2015년 인도, 2016년 캄보디아를 방문하여, 종자판매점의 시판종자와 판매되는 과일로부터 채취한 종자를 수집하였으며, 수집된 종자는 국립농업유전자원센터에 기탁하였다.

우점품종이 재배되고 있는 환경 및 재배특성에 관한 정보를 수집하기 위하여 현지 포장을 방문하고, 유관기관을 방문하였다.

나. 연구개발 수행 결과

(1) F2 계통 전개, 분리계통 특성검정, 현장평가회 및 분양

(가) 유용 F2 계통 전개

1년차에 프로젝트에 참여한 7개 회사로부터 원하는 형질을 보유한 F2 31계통을 수집하여 2013년 7월 15일에 22계통을 파종하여 8월 5일에 정식하였고 8월 28일부터 9월 9일까지 수정하였다.(표 1)

표 1. 종묘회사별 전개 계통 및 전개 내역(1년차)

| 회사명 | 공여 계통 수 | 파종 계통 수 | 파종 립수 | 총 파종 립수 | 목표시장 및 특성 |
|-------|---------|-----------|-------|--------------|---------------------------------|
| 현대 | 3 | 3 | 100 | 300 | 중국 시설재배용, 기능성 물질 고함유, |
| 파트너 | 4 | 3 | 100 | 300 | 베트남, 중국남부, 크립슨, icebox 타입 |
| 아시아 | 4 | 3 | 100 | 300 | 인도 수출용 icebox 타입, 녹피적육원형, 장타원형 |
| 코레곤 | 4 | 3 | 100 | 300 | 태국, 인도네시아 |
| 삼성 | 8 | 6 | 100 | 600 | 중국 동북·화동·북부, 저온기 비대력 우수, 중소과종 |
| 농협 | 2 | 2 | 150 | 300 | 산동지방용, 원형계 내저온성, 접목100립, 무접목50립 |
| 동부팜한농 | 6 | 2 | 200 | 400 | 터키 및 유럽, 크립슨 타입 대과형, 무접목 |
| 총계 | 31 | 22 | | 2,500 | |

2년차에는 프로젝트에 참여한 6개 회사로부터 원하는 형질을 보유한 F2 20계통을 수집하여 2014년 3월 25일에 20계통을 계통당 120립 ~ 200립을 파종하여 회사에서 요구한 사항을 반영하여 접목 및 무접목으로 육묘하여 4월 16일에 정식하였고 5월 13일부터 5월 27일까지 수정하였다.(표 2)

표 2. 종묘회사별 전개 계통 및 전개 내역(2년차)

| 회사명 | 공여 계통수 | 파종 계통수 | 파종 립수 | 총파종 립수 | 목표시장 및 특성 | 비고 |
|-------|--------|--------|-------|--------|---------------------------------|-------------------|
| 현대 | 3 | 3 | 120 | 360 | 중국 시설재배용, 기능성 물질 고품유 | 접목재배, 2줄기 재배 |
| 아시아 | 3 | 3 | 120 | 360 | 인도 수출용 icebox 타입, 녹피적육 원형, 장타원형 | 무접목재배 |
| 코레곤 | 2 | 2 | 200 | 400 | 태국, 인도네시아 | 무접목 50% 접목 50% |
| 농협 | 3 | 3 | 120 | 360 | 산동지방용, 원형계 내저온성 | 접목 67% 무접목 33% |
| 삼성 | 6 | 6 | 100 | 600 | 중국 동북·화동·북부, 저온기 비대력 우수, 중소과종 | 접목재배 |
| 동부팜한농 | 3 | 3 | 200 | 360 | 터키 및 유럽, 크림슨 타입 대과형 | 무접목재배 |
| 총계 | 20 | 20 | - | 2,440 | | |

3년차부터는 고온기와 저온기로 구분하여 시험을 수행하였으며, 고온기는 현대종묘 등 6개 회사로부터 원하는 형질을 보유한 F2 17계통을 수집하여 2015년 3월 11일에 17계통을 계통당 120립 ~ 200립을 파종하여 회사에서 요구한 사항을 반영하여 접목 및 무접목으로 육묘하여 4월 6일에 정식하였고 5월 2일부터 5월 24일까지 수정하였다.(표 3)

표 3. 종묘회사별 전개 계통 및 전개 내역(3년차-고온기)

| 회사명 | 공여 계통수 | 파종 계통수 | 파종 립수 | 총파종 립수 | 목표시장 및 특성 | 비고 |
|-------|--------|--------|-------|--------|---------------------------------|-----------------------|
| 현대종묘 | 3 | 3 | 120 | 360 | 중국 시설재배용, 기능성 물질 고품유 | 접목육묘, 2줄기 재배 |
| 아시아종묘 | 4 | 4 | 120 | 360 | 인도 수출용 icebox 타입, 녹피적육 원형, 장타원형 | |
| 코레곤종묘 | 2 | 2 | 200 | 400 | 태국, 인도네시아 | |
| 농협종묘 | 3 | 3 | 120 | 360 | 산동지방용, 원형계 내저온성 | |
| 삼성종묘 | 3 | 3 | 100 | 600 | 중국 동북·화동·북부, 저온기 비대력 우수, 중소과종 | |
| 동부팜한농 | 2 | 2 | 200 | 360 | 터키 및 유럽, 크림슨 타입 대과형 | 무접목재배 50% 접목재배 50% |
| 총계 | 17 | 17 | - | 2,440 | | |

3년차 저온기에는 농협종묘 등 4개 회사로부터 원하는 형질을 보유한 F2 9계통을 수집하여 2015년 9월 12일에 9계통을 계통당 100립 ~ 130립을 파종하여 회사에서 요구한 사항을 반영하여 접목으로 육묘하여 10월 13일에 정식하였고 11월 10일부터 12월 14일까지 수정하였다.(표 4) 시험재배는 전북 익산시 망성면 화산리 2010-10번지로 3중 비닐하우스와 2중의 소형터널과, 전열선, 보일러를 이용하여 재배 관리하였다

표 4. 종묘회사별 전개 계통 및 전개 내역(3년차-저온기)

| 회사명 | 공여 계통수 | 과중 계통수 | 과중 립수 | 총과중 립수 | 목표시장 및 특성 | 비고 |
|-------|--------|--------|-------|--------|----------------------------------|-----------------|
| 농협종묘 | 3 | 3 | 130 | 390 | 산동지방용, 원형계 내저온성 | 접목재배, 2줄기 재배 |
| 동부팜한농 | 3 | 3 | 130 | 390 | 터키 및 유럽, 크립슨 타입 대과형 | |
| 삼성종묘 | 2 | 2 | 120 | 240 | 중국 동북·화동·북부, 저온기 비대력 우수, 중소과중 | |
| 현대종묘 | 1 | 1 | 130 | 130 | 중국 시설재배용, 기능성 물질 고품유 | |
| 총계 | 9 | 9 | | 1,150 | | |

4년차 저온기에는 농협종묘 등 7개 회사 및 기관으로부터 원하는 형질을 보유한 F2 16계통을 수집하여 2016년 1월 8일에 16계통을 계통당 3립 ~ 100립을 과중하여 회사 및 기관에서 요구한 사항을 반영하여 접목 후 육묘하여 2월 5일에 정식하였고, 3월 31일부터 4월 11일까지 수정하였다.(표 5)

표 5. 종묘회사별 전개 계통 및 전개 내역(4년차-저온기)

| 회사명 | 계통명 | 정식 개체수 | 비고 |
|-------|---------------------------------------|--------|-----------------|
| 농협종묘 | 2015-157(마즈리바야시), 2015-162(NW-132 西瓜) | 140 | 접목육묘, 2줄기 재배 |
| 팜한농 | DW-64, DW-65 | 140 | |
| 삼성종묘 | SS-1529, SS-1532, SS-1538 | 210 | |
| 아시아종묘 | AW198 | 100 | |
| 코레곤종묘 | KD-1 | 89 | |
| 현대종묘 | 2016HD-1, 2016HD-2, 2016HD-3 | 210 | |
| 원예원 | 미국오성상장, 시대선봉, 특대경혼, 흑지뢰 | 80 | |

4년차 고온기에는 농협종묘 등 7개 회사 및 기관으로부터 원하는 형질을 보유한 F2 16계통을 수집하여 2016년 4월 6일에 16계통을 계통당 3립 ~ 100립을 과중하여 회사 및 기관에서 요구한 사항을 반영하여 접목 후 육묘하여 대과종은 5월 26일, 중소과종은 5월 31일에 정식하였다.(표 6) 수정은 6월 13일부터 6월 27일까지 수정하였다.

표 6. 종묘회사별 전개 계통 및 전개 내역(4년차-고온기)

| 제공 회사 | 계통명 | 정식 개체수 | |
|-------|---|--------|-----------------|
| 농협종묘 | 180, 184, 187, 190, 192 | 496 | 접목육묘, 2줄기 재배 |
| 팜한농 | #1, #2 | 489 | |
| 삼성종묘 | SS-601, SS-602, SS-603 | 414 | |
| 아시아종묘 | AW161, AW162, AW163, AW164, AW165, AW166, | 507 | |
| 코레곤종묘 | KDK-1, KDK-2, KDK-3 | 481 | |
| 현대종묘 | 16HD-4, 16HD-5, 16HD-6 | 468 | |
| 원예원 | GSP12-4, GSP13-2, GSP14-2, GSP22-3, GSP43-3 | 427 | |

(가) 유용 F2 전개계통의 분리세대 생육특성

○ 잎 생육특성

1년차에 전개한 계통의 잎의 형태는 22계통 중 21계통이 모두 녹색이었고 hd-2의 경우 황록색과 녹색으로 분리되어 나타났다. 잎 결각 깊이는 hd-3, jenny, wm-10, 풍광, 경흠이 깊었고, sangria, bn834는 얇았으며 나머지는 중간정도였고, 잎 모양은 장폭비가 1.0 ~ 1.2로 나타났다.

표 7. 잎 생육특성(1년차)

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 엽색 | 잎결각 깊이 | 잎몸 반점 | 엽장 (cm) | 엽폭 (cm) | 잎몸 모양 |
|-------|------|---------------|-----|-----------|----------|------------|------------|----------|
| 현대 | 404 | hd-1 | 2 | 5 | 1 | 22.7 | 18.9 | 1.2 |
| | 405 | hd-2 | 1.5 | 5 | 1 | 17.9 | 15.9 | 1.1 |
| | 406 | hd-3 | 2 | 7 | 1 | 26.2 | 22.8 | 1.2 |
| 파트너 | 407 | sangria | 2 | 3 | 1 | 24.6 | 24.5 | 1.0 |
| | 408 | jenny | 2 | 7 | 1 | 22.4 | 21.3 | 1.0 |
| | 409 | kiran | 2 | 5 | 1 | 25.6 | 21.9 | 1.2 |
| 아시아 | 411 | wm-11 | 2 | 5 | 1 | 24.4 | 21.6 | 1.1 |
| | 412 | wm-10 | 2 | 7 | 1 | 25.0 | 22.2 | 1.1 |
| | 413 | Black panther | 2 | 5 | 1 | 26.4 | 22.0 | 1.2 |
| 코레곤 | 415 | bn836 | 2 | 5 | 1 | 26.2 | 24.7 | 1.1 |
| | 416 | bn833 | 2 | 5 | 1 | 23.8 | 21.5 | 1.1 |
| | 417 | bn834 | 2 | 3 | 1 | 25.6 | 21.8 | 1.2 |
| 농협 | 419 | 감옥금기관 | 2 | 5 | 1 | 22.3 | 20.9 | 1.1 |
| | 420 | 챔피언 | 2 | 5 | 1 | 25.0 | 24.2 | 1.0 |
| 삼성 | 421 | 풍광 | 2 | 7 | 1 | 22.9 | 21.6 | 1.1 |
| | 422 | 경흠 | 2 | 7 | 1 | 24.0 | 21.3 | 1.1 |
| | 423 | 쌍성 | 2 | 5 | 1 | 23.4 | 21.1 | 1.1 |
| | 424 | 국사 | 2 | 5 | 1 | 21.8 | 20.4 | 1.1 |
| | 425 | 금마마9호 | 2 | 5 | 1 | 24.2 | 21.9 | 1.1 |
| | 426 | 판거정 | 2 | 5 | 1 | 22.0 | 18.6 | 1.2 |
| 동부팜한농 | 427 | dw4 | 2 | 5 | 1 | 22.5 | 21.6 | 1.0 |
| | 428 | dw5 | 2 | 5 | 1 | 23.1 | 22.6 | 1.0 |

※ 엽색(1.황록, 2.록, 3.회록), 잎결각깊이(3.얕다, 5.중간, 7.깊다), 잎몸반점(1.없다, 9.있다), 잎몸 모양(길이/너비 비율)

2년차에 전개한 계통의 잎의 형태는 20계통 중 20계통이 모두 녹색이었다. 잎 결각 깊이는

Nory, 경호태공대지뢰, SGL-4 3계통이 가장 깊었고, SGL-3, SGL-5, SGL-6가 비교적 깊었으며, HD-171은 비교적 얇았고 나머지는 중간정도였다. 잎 모양은 장폭비가 1.0 이하가 13계통, 1.1 이상이 7계통으로 나타났다.

표 8. 잎 생육특성(2년차)

| 회사명 | 과중번호 | 계통번호 | 엽색 | 잎결각 깊이 | 잎몸 반점 | 엽장 (cm) | 엽폭 (cm) | 잎몸 모양 |
|-------|------|-----------|-----|-----------|----------|------------|------------|----------|
| 현대 | 501 | HD-171 | 2.0 | 4.2 | 1.0 | 28.2 | 26.2 | 1.1 |
| | 502 | HD-172 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 35.0 | 25.9 | 1.3 |
| | 503 | HD-175 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 20.5 | 21.8 | 0.9 |
| 아시아 | 504 | Black br. | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 21.7 | 22.9 | 0.9 |
| | 505 | Nory | 2.0 | 7.0 | 1.0 | 20.6 | 21.3 | 1.0 |
| | 506 | HWL-1 | 2.0 | 5.4 | 1.0 | 17.9 | 20.5 | 0.9 |
| 코레콘 | 507 | BN 638 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 21.6 | 22.2 | 1.0 |
| | 508 | BN 835 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 19.4 | 20.6 | 0.9 |
| 농협 | 509 | 동희 3호 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 28.9 | 24.3 | 1.2 |
| | 510 | 새이지뢰왕 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 24.1 | 21.8 | 1.1 |
| | 511 | 경호태공대지뢰 | 2.0 | 7.0 | 1.0 | 22.4 | 20.4 | 1.1 |
| 삼성 | 512 | SGL-1 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 27.7 | 22.7 | 1.2 |
| | 513 | SGL-2 | 2.0 | 5.4 | 1.0 | 17.3 | 20.3 | 0.9 |
| | 514 | SGL-3 | 2.0 | 6.6 | 1.0 | 20.8 | 20.5 | 1.0 |
| | 515 | SGL-4 | 2.0 | 7.0 | 1.0 | 24.4 | 23.9 | 1.0 |
| | 516 | SGL-5 | 2.0 | 6.6 | 1.0 | 24.9 | 24.0 | 1.0 |
| | 517 | SGL-6 | 2.0 | 6.6 | 1.0 | 20.9 | 21.0 | 1.0 |
| 동부팜한농 | 518 | DW-41 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 22.0 | 21.2 | 1.0 |
| | 519 | DW-42 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 25.3 | 24.8 | 1.0 |
| | 520 | DW-43 | 2.0 | 5.0 | 1.0 | 24.7 | 22.5 | 1.1 |

※ 엽색(1.황록, 2.록, 3.회록), 잎결각깊이(3.얕다, 5.중간, 7.깊다), 잎몸반점(1.없다, 9.있다), 잎몸 모양(길이/너비 비율)

3차년도 고온기에 전개한 계통의 잎 생육특성을 조사한 결과 잎색은 17계통 중 16계통은 녹색이었으며, 1계통(황피지뢰)은 황녹색이었다. 잎 결각 깊이는 15HD 등 5계통이 가장 깊었고, 새이뢰수 1계통이 비교적 얇았고 나머지는 중간정도였다. 잎몸반점은 모두 없었다. 엽면적은 권미4K가 가장 넓었으며, 소과중 계통의 AW112와 AW193가 매우 작았다. 잎모양은 장폭비가 1.2가 4계통, 1.1은 7계통이었으며, 1.0은 6계통이었다.

표 9. 잎 생육특성(3년차 고온기)

| 회사명 | 계통번호 | 엽색 | 엽색강도 | 엽결각깊이 | 엽신반점 | 엽장(cm) | 엽폭(cm) | 엽면적(cm ²) |
|-------|---------|----|------|-------|------|--------|--------|-----------------------|
| 현대종묘 | 15HD-1 | 2 | 5 | 5 | 1 | 23 | 19 | 180 |
| | 15HD-2 | 2 | 5 | 5 | 1 | 24 | 21 | 197 |
| | 15HD-3 | 2 | 5 | 7 | 1 | 19 | 18 | 128 |
| 아시아종묘 | AW111 | 2 | 5 | 7 | 1 | 18 | 17 | 125 |
| | AW112 | 2 | 5 | 5 | 1 | 19 | 17 | 97 |
| | AW193 | 2 | 7 | 5 | 1 | 15 | 13 | 54 |
| | AW199 | 2 | 5 | 7 | 1 | 18 | 16 | 120 |
| 코레곤종묘 | S605 | 2 | 5 | 5 | 1 | 20 | 19 | 186 |
| | 659 | 2 | 5 | 7 | 1 | 17 | 17 | 123 |
| 농협종묘 | 새이뢰수 | 2 | 5 | 3 | 1 | 23 | 18 | 251 |
| | 권미4K | 2 | 5 | 5 | 1 | 24 | 23 | 272 |
| | 황피지뢰 | 1 | 5 | 7 | 1 | 19 | 19 | 174 |
| 삼성종묘 | SS14150 | 2 | 5 | 5 | 1 | 22 | 19 | 190 |
| | SS14154 | 2 | 5 | 5 | 1 | 21 | 19 | 166 |
| | SS14164 | 2 | 5 | 5 | 1 | 23 | 22 | 245 |
| 동부관한농 | DW-51 | 2 | 5 | 5 | 1 | 22 | 21 | 208 |
| | DW-52 | 2 | 5 | 5 | 1 | 22 | 21 | 229 |

※ 엽색(1.황녹, 2.녹, 3.회녹), 잎결각깊이(3.얕다, 5.중간, 7.깊다), 잎몸반점(1.없다, 9.있다)

○ 개화특성

1차년도에 전개한 계통의 개화특성을 조사한 결과 수정일은 8월 28일부터 9월 3일까지였으며 착과 절위는 16.4 ~ 22.0절까지 3번 ~ 4번 암꽃에 착과가 되었으며 씨방 솜털을 많은 편이었고 양성화 발생은 적었는데 이는 여름철 고온기 재배로 초세가 비교적 약하거나 안정적이었기 때문으로 판단된다.

표 10. 개화 특성(1년차)

| 회사명 | 과중번호 | 계통번호 | 수정일(월.일) | 착과마디수(절) | 씨방길이(mm) | 씨방너비(mm) | 씨방솜털 | 꽃잎모양 | 양성화 |
|-----|------|---------------|----------|----------|----------|----------|------|------|-----|
| 현대 | 404 | hd-1 | 8.31 | 20.7 | 19.8 | 8.1 | 6.6 | 4.0 | 1.0 |
| | 405 | hd-2 | 8.30 | 21.5 | 12.3 | 8.3 | 7.0 | 3.0 | 1.0 |
| | 406 | hd-3 | 8.28 | 22.0 | 13.0 | 8.2 | 5.6 | 3.0 | 2.6 |
| 파트너 | 407 | sangria | 9.05 | 21.4 | 22.8 | 7.8 | 6.0 | 3.6 | 1.0 |
| | 408 | jenny | 9.01 | 19.0 | 16.7 | 10.2 | 5.2 | 4.4 | 1.0 |
| | 409 | kiran | 8.30 | 19.4 | 20.0 | 7.0 | 6.0 | 4.6 | 1.0 |
| 아시아 | 411 | wm-11 | 8.30 | 16.9 | 14.9 | 10.4 | 5.6 | 3.4 | 1.8 |
| | 412 | wm-10 | 8.28 | 17.5 | 15.5 | 10.4 | 5.8 | 3.4 | 1.0 |
| | 413 | Black panther | 8.29 | 18.6 | 17.4 | 6.5 | 6.6 | 4.0 | 1.8 |
| 코레곤 | 415 | bn836 | 8.31 | 18.5 | 15.4 | 8.2 | 6.8 | 4.6 | 1.0 |
| | 416 | bn833 | 8.28 | 17.5 | 13.7 | 7.0 | 7.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 417 | bn834 | 8.29 | 17.1 | 18.8 | 6.9 | 7.0 | 5.6 | 1.0 |

| 회사명 | 과중번호 | 계통번호 | 수정일 (월.일) | 착과 마디수 (절) | 씨방길이 (mm) | 씨방너비 (mm) | 씨방 습털 | 꽃잎 모양 | 양성화 |
|-------|------|-------|--------------|------------------|--------------|--------------|----------|----------|-----|
| 농협 | 419 | 감옥금기관 | 8.31 | 21.2 | 14.2 | 9.7 | 7.0 | 4.4 | 1.0 |
| | 420 | 채피은 | 9.03 | 16.4 | 15.4 | 10.7 | 4.8 | 4.2 | 1.0 |
| 삼성 | 421 | 풍광 | 9.03 | 14.3 | 13.6 | 9.6 | 7.0 | 4.6 | 1.0 |
| | 422 | 경흠 | 9.02 | 17.5 | 13.3 | 9.5 | 6.8 | 4.0 | 1.0 |
| | 423 | 쌍성 | 8.30 | 16.7 | 13.4 | 9.7 | 4.4 | 4.6 | 1.0 |
| | 424 | 국사 | 9.01 | 15.9 | 13.6 | 10.2 | 5.8 | 4.6 | 1.0 |
| | 425 | 금마마9호 | 9.01 | 15.7 | 13.4 | 10.2 | 5.2 | 3.0 | 1.0 |
| | 426 | 판거정 | 9.03 | 20.3 | 15.2 | 10.8 | 6.6 | 3.8 | 1.0 |
| 동부팜한농 | 427 | dw4 | 9.03 | 18.6 | 15.4 | 9.3 | 7.0 | 3.6 | 1.0 |
| | 428 | dw5 | 9.02 | 20.5 | 14.7 | 9.0 | 7.0 | 3.8 | 1.0 |

※ 씨방 습털(3.적다, 5.중간, 7.많다), 꽃잎 모양(3.뽕족, 5.등글, 7.몽푹), 양성화(1.없다, 9.있다)

2차년도에 전개한 계통의 개화특성을 조사한 결과 수정은 5월 15일부터 5월 20일 사이였으며 착과 절위는 15.4~19.0절까지 3번~4번 암꽃에 착과가 되었다. 씨방 습털은 Nory, HWL-1은 많은 편이었고 HD-2, HD-3, BN 638, SGL-3은 비교적 많은 편이었다. 양성화 발생은 없었는데 이는 최적의 광량과 온도조건에서 수박이 재배되어 초세가 비교적 안정적이었기 때문으로 판단된다.

표 11. 개화 특성(2년차)

| 회사명 | 과중번호 | 계통번호 | 수정일 (월.일) | 착과 마디수 (절) | 씨방길이 (mm) | 씨방너비 (mm) | 씨방 습털 | 꽃잎 모양 | 양성화 |
|-------|------|-----------|--------------|------------------|--------------|--------------|----------|----------|-----|
| 현대 | 501 | HD-171 | 5.17 | 16.8 | 16.7 | 12.6 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 502 | HD-172 | 5.20 | 19.0 | 13.4 | 9.3 | 6.2 | 5.0 | 1.0 |
| | 503 | HD-175 | 5.18 | 18.4 | 18.5 | 8.0 | 5.8 | 5.0 | 1.0 |
| 아시아 | 504 | Black br. | 5.19 | - | 15.2 | 5.7 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 505 | Nory | 5.18 | - | 10.7 | 7.7 | 7.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 506 | HWL-1 | 5.19 | - | 15.0 | 9.5 | 7.0 | 5.0 | 1.0 |
| 코레곤 | 507 | BN 638 | 5.19 | - | 14.0 | 9.7 | 6.2 | 5.0 | 1.0 |
| | 508 | BN 835 | 5.18 | - | 15.5 | 7.2 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| 농협 | 509 | 동희 3호 | 5.19 | 18.6 | 14.3 | 10.6 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 510 | 새이지뢰왕 | 5.17 | 17.4 | 15.4 | 10.8 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 511 | 경태광대자뢰 | 5.15 | 18.6 | 15.4 | 10.0 | 5.4 | 5.0 | 1.0 |
| 삼성 | 512 | SGL-1 | 5.17 | 18.4 | 11.7 | 9.5 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 513 | SGL-2 | 5.19 | 18.0 | 14.1 | 9.7 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 514 | SGL-3 | 5.16 | 17.8 | 15.3 | 11.5 | 6.6 | 5.0 | 1.0 |
| | 515 | SGL-4 | 5.17 | 15.4 | 12.4 | 8.7 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 516 | SGL-5 | 5.17 | 19.0 | 15.9 | 32.4 | 5.4 | 5.0 | 1.0 |
| | 517 | SGL-6 | 5.15 | 17.2 | 15.4 | 10.9 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| 동부팜한농 | 518 | DW-41 | 5.19 | 17.0 | - | - | - | - | - |
| | 519 | DW-42 | 5.20 | 17.6 | 14.5 | 9.4 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |
| | 520 | DW-43 | 5.19 | 17.2 | 15.5 | 8.1 | 5.0 | 5.0 | 1.0 |

※ 씨방 습털(3.적다, 5.중간, 7.많다), 꽃잎 모양(3.뽕족, 5.등글, 7.몽푹), 양성화(1.없다, 9.있다)

3차년도 고온기에 전개한 계통의 개화특성을 조사한 결과 꽃잎길이, 꽃잎폭, 씨방길이, 씨방폭은 대과종과 소과종에 따라 구별되지 않고, 계통의 고유 특성과 개체의 초세에 따라 다르게 나타났다. 씨방의 습털은 대부분 많은 편이었으나, 15HD-1은 비교적 적은 편이었다. 양성화 발생은 없었는데 이는 적합한 광량과 온도조건에서 수박이 재배되어 초세가 비교적 안정적이었

기 때문으로 판단된다.

표 12. 개화 특성(3년차 고온기)

| 계통번호 | 반복 | 암꽃 | | | | | | | 수꽃 | |
|-------|---------|------------|-----------|------------|-----------|-------|-------|-----|-----------|-----------|
| | | 꽃잎 길이 (mm) | 꽃잎 폭(m m) | 씨방 길이 (mm) | 씨방 폭 (mm) | 씨방 숨털 | 꽃잎 모양 | 양성화 | 꽃잎 길이(mm) | 꽃잎 폭 (mm) |
| 현대종묘 | 15HD-1 | 12.6 | 9.1 | 11.5 | 8.1 | 7 | 3 | 1 | 18.5 | 15.3 |
| | 15HD-2 | 14.0 | 10.0 | 13.5 | 7.5 | 7 | 5 | 1 | 18.7 | 13.9 |
| | 15HD-3 | 17.9 | 12.7 | 18.6 | 14.8 | 5 | 5 | 1 | 16.3 | 14.1 |
| 아시아종묘 | AW111 | 8.7 | 6.4 | 14.6 | 5.3 | 7 | 5 | 1 | 14.9 | 10.8 |
| | AW112 | 7.3 | 4.7 | 14.8 | 5.8 | 7 | 5 | 1 | 11.6 | 10.9 |
| | AW193 | 10.7 | 6.0 | 15.1 | 5.4 | 7 | 5 | 1 | 19.8 | 12.2 |
| | AW199 | 13.8 | 10.5 | 14.5 | 10.6 | 5 | 5 | 1 | 15.8 | 12.1 |
| 코레곤종묘 | S605 | 13.2 | 8.2 | 17.1 | 7.8 | 5 | 3 | 1 | 15.7 | 10.3 |
| | 659 | 15.9 | 9.8 | 15.8 | 11.6 | 7 | 3 | 1 | 16.1 | 11.1 |
| 농협종묘 | 새이뢰수 | 18.9 | 12.0 | 16.4 | 11.8 | 7 | 3 | 1 | 17.7 | 13.5 |
| | 권미4K | 19.8 | 13.4 | 18.5 | 10.4 | 7 | 5 | 1 | 19.7 | 15.2 |
| | 황피지뢰 | 16.4 | 11.3 | 13.9 | 10.3 | 7 | 5 | 1 | 22.2 | 14.2 |
| 삼성종묘 | SS14150 | 13.4 | 8.6 | 16.2 | 7.9 | 7 | 5 | 1 | 17.3 | 12.0 |
| | SS14154 | 19.7 | 11.8 | 20.3 | 10.2 | 7 | 4 | 1 | 22.6 | 13.6 |
| | SS14164 | 19.3 | 10.8 | 18.3 | 12.0 | 7 | 5 | 1 | 21.9 | 13.3 |
| 동부관한농 | DW-51 | 12.4 | 8.6 | 17.2 | 8.3 | 7 | 5 | 1 | 14.6 | 10.3 |
| | DW-52 | 16.3 | 10.3 | 19.3 | 9.9 | 5 | 5 | 1 | 16.5 | 14.3 |

※ 씨방 숨털(3.적다, 5.중간, 7.많다), 꽃잎 모양(3.뾰족, 5.둥글, 7.뿔), 양성화(1.없다, 9.있다)

(다) 유망계통 선발 및 분양

1차년도에는 현장평가회 및 선발은 총 3회에 걸쳐 실시하였으며, 최종적으로 선발한 계통은 현대종묘 3계통에서 총 30개체, 파트너종묘 3계통에서 35개체, 아시아종묘 3계통에서 55개체, 코레곤종묘 3계통에서 50개체, 농협 2계통에서 36개체, 삼성종묘 6계통에서 58개체, 동부팜한농 2계통에서 25개체로 7개회사 22계통에서 289개체를 선발하였으며, 선발된 개체에 대하여 과일 품질특성을 모두 조사한 후 종자를 수확하여 조사한 성적 데이터 시트와 종자를 7개 회사에 모두 분양하였다. 종자 분양 원칙은 F2 종자를 공여한 회사에 30%, 나머지 6개회사와 수박시험장 각각 10%씩 참여한 모든 회사가 자원을 공유할 수 있도록 하였다.

표 13. 분양 계통(1년차)

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 선발계통 | 소계 | 총계 |
|-------|------|---------------|---|----|----|
| 현대 | 404 | hd-1 | 5, 15, 17, 28, 32, 38, 39, 51, 52, 56, 66, 67 | 12 | 30 |
| | 405 | hd-2 | 6, 12, 16, 22, 24, 25, 26, 27, 31, 38, 63, 66, 73, 85 | 14 | |
| | 406 | hd-3 | 13, 28, 56, 63 | 4 | |
| 파트너 | 407 | sangria | 2, 15, 17, 24, 27, 32, 33, 36, 51, 54, 55, 61, 64 | 13 | 35 |
| | 408 | jenny | 11, 19, 23, 39, 40, 52, 69, 70 | 8 | |
| | 409 | kiran | 1, 5, 11, 19, 21, 24, 26, 31, 42, 53, 67, 69, 82, 85 | 14 | |
| 아시아 | 411 | wm-11 | 2, 5, 9, 10, 19, 39, 41, 43, 46, 52, 62, 63, 73, 77, 80, 81, 83 | 17 | 55 |
| | 412 | wm-10 | 1, 2, 6, 9, 11, 22, 31, 37, 42, 65, 72, 79, 84 | 13 | |
| | 413 | Black panther | 1, 5, 7, 14, 24, 26, 32, 33, 35, 41, 42, 44, 45, 46, 49, 50, 56, 57, 60, 73, 74, 75, 77, 83, 84 | 25 | |
| 코레곤 | 415 | bn836 | 1, 3, 6, 11, 14, 19, 25, 26, 32, 33, 34, 36, 39, 41, 45, 47, 61, 62, 64, 66, 75, 78, 79, 83, 93, 96 | 26 | 50 |
| | 416 | bn833 | 25, 36, 46, 62, 63, 74, 75, 78, 79, 86, 87 | 11 | |
| | 417 | bn834 | 2, 7, 9, 16, 18, 19, 23, 27, 35, 52, 58, 63, 67 | 13 | |
| 농협 | 419 | 감옥금기판 | 7, 9, 10, 30, 36, 51, 56, 63, 82, 95, 109, 117, 121, 128 | 14 | 36 |
| | 420 | 챔피온 | 2, 18, 36, 37, 37, 38, 42, 43, 45, 49, 53, 55, 59, 63, 75, 97, 99, 103, 105, 109, 110, 116 | 22 | |
| 삼성 | 421 | 풍광 | 2, 4, 26, 30, 38, 54, 90 | 7 | 58 |
| | 422 | 경흠 | 6, 10, 12, 24, 25, 48, 55, 60, 61, 72, 73, 74, 88, 98, 102 | 15 | |
| | 423 | 쌍성 | 26, 35, 37, 54, 57, 60, 71, 89, 96, 100 | 10 | |
| | 424 | 국사 | 1, 12, 59, 60, 74, 77 | 6 | |
| | 425 | 금마마9호 | 2, 6, 16, 20, 31, 32, 70, 79, 83, 86, 89, 90 | 12 | |
| | 426 | 판거정 | 12, 28, 31, 40, 49, 55, 60, 62 | 8 | |
| 동부팜한농 | 427 | dw4 | 2, 7, 30, 56, 82, 91, 109, 119, 149 | 9 | 25 |
| | 428 | dw5 | 1, 3, 5, 19, 27, 53, 58, 67, 70, 84, 87, 123, 138, 140, 143, 151 | 16 | |

계통별 과품질 조사 결과, 현대종묘는 기능성 물질 고함유 품종, 파트너종묘는 크림슨 타입과 icebox 타입, 아시아종묘는 icebox 타입과 녹피적육 원형, 장타원형, 코레곤 종묘는 흑피, 연한 녹피 장타원형, 삼성종묘는 저온기 비대력이 우수한 품종과 증소과종, 농협종묘는 원형계 내저온성 품종, 동부팜한농은 크림슨타입 대과형 품종 육성을 목표로 F2 세대를 전개하여 개체를 선발하였다. 조사한 항목은 과피색 등 질적형질 9항목, 과중, 당도 등 양적형질 9항목이며 이미지 3부위를 촬영하였다. 표 4는 과중과 당도 등 가장 대표적인 조사항목으로 계통별로 선발한 개체 모두를 평균한 값이며, 과실·잎·수꽃/암꽃 이미지 역시 가장 대표적인 개체이다. 선발된 이들 특성에 대한 모든 데이터는 그림 4에서와 같이 엑셀프로그램 데이터시트에 자료화 하여 참여한 회사에 송부하여 품종 육성시 사용할 수 있도록 하였다.

표 14. 과품질 특성(1년차)

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 과형 (장폭비) | 과중 (kg) | 당도 (°Brix) | 과실 1 | 과실 2 | 잎 | 수꽃/암꽃 |
|-----|------|--------------|-------------|------------|---------------|------|------|---|-------|
| 현대 | 404 | hd-1 | 1.7 | 3.7 | 12.0 | | | | |
| | 405 | hd-2 | 1.0 | 3.3 | 10.3 | | | | |
| | 406 | hd-3 | 1.1 | 4.8 | 7.9 | | | | |
| 파트너 | 407 | sangria | 1.9 | 7.3 | 11.8 | | | | |
| | 408 | jenny | 1.2 | 3.8 | 10.6 | | | | |
| | 409 | kiran | 2.1 | 4.0 | 11.3 | | | | |
| 아시아 | 411 | wm-11 | 1.1 | 5.2 | 11.9 | | | | |
| | 412 | wm-10 | 1.1 | 5.5 | 12.0 | | | | |
| | 413 | Blackpanther | 2.1 | 4.2 | 11.4 | | | | |
| 코레곤 | 415 | bn836 | 1.5 | 5.3 | 10.6 | | | | |
| | 416 | bn833 | 1.6 | 3.8 | 12.4 | | | | |
| | 417 | bn834 | 2 | 4.1 | 12.8 | | | | |
| 삼성 | 421 | 풍광 | 1 | 5.4 | 11.8 | | | | |
| | 422 | 경흠 | 1 | 5.7 | 11.9 | | | | |
| | 423 | 쌍성 | 0.9 | 4.5 | 12.9 | | | | |

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 과형 (장폭비) | 과중 (kg) | 당도 (°Brix) | 과실 1 | 과실 2 | 잎 | 수꽃/암꽃 |
|-----------|------|-----------|-------------|------------|---------------|------|------|---|-------|
| | 424 | 국사 | 1 | 4.9 | 12.0 | | | | |
| | 425 | 금마마9호 | 1 | 5.4 | 12.6 | | | | |
| | 426 | 판거정 | 1.1 | 4.9 | 12.2 | | | | |
| 농협 | 419 | 감옥금기 관 | 1.1 | 4.2 | 12.4 | | | | |
| | 420 | 참피운 | 1.2 | 4.3 | 12.4 | | | | |
| 동부팜 한농 | 427 | dw4 | 1.3 | 6.1 | 10.8 | | | | |
| | 428 | dw5 | 1.4 | 5.5 | 10.5 | | | | |

2차년도에는 현장 선발은 총 2회에 걸쳐 실시하였으며, 최종적으로 선발한 계통은 현대종묘 3계통에서 총 30개체, 아시아종묘 3계통에서 59개체, 코레곤종묘 2계통에서 14개체, 농협 3계통에서 21개체, 삼성종묘 6계통에서 38개체, 동부팜한농 3계통에서 47개체로 6개 회사 20계통에서 209개체를 선발하였으며, 선발된 개체에 대하여 과일품질특성을 모두 조사한 후 종자를 수확하여 조사한 성적 데이터 시트와 종자를 6개 회사에 모두 분양하였다. 종자 분양 원칙은 F2 종자를 공여한 회사에 30%, 나머지 5개 회사에서 10%, 수박시험장이 20%씩 참여한 모든 회사가 자원을 공유할 수 있도록 하였다.





























표 15. 분양 계통(2년차)



| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 선발계통 | 소계 | 총계 |
|-----|------|-----------|--|----|----|
| 현대 | 501 | HD-171 | 15, 46, 66, 110, 111 | 5 | 30 |
| | 502 | HD-172 | 1, 21, 24, 28, 32, 35, 66, 78, 88, 101, 104, 108 | 12 | |
| | 503 | HD-175 | 1, 4, 5, 6, 10, 14, 22, 26, 34, 57, 60, 63, 115 | 13 | |
| 아시아 | 504 | Black br. | 3, 7, 9, 11, 16, 20, 24, 39, 42, 45, 57, 64, 71, 82, 111, 117 | 16 | 59 |
| | 505 | Nory | 6, 9, 11, 14, 20, 28, 32, 35, 48, 51, 64, 69, 78, 81, 89, 106, 111, 118 | 18 | |
| | 506 | HWL-1 | 2, 16, 23, 25, 33, 34, 40, 44, 51, 56, 57, 58, 59, 64, 67, 85, 93, 96, 101, 107, 109, 110, 112, 116, 118 | 25 | |
| 코레곤 | 507 | BN 638 | 4, 13, 14, 28, 28-1, 29, 34, 35, 51 | 9 | 14 |
| | 508 | BN 835 | 31, 37, 64, 76, 80/81 | 5 | |
| 농협 | 509 | 동희 3호 | 16, 36, 49, 64, 86, 106, 110, 112 | 8 | 21 |
| | 510 | 새이지뢰왕 | 10, 36, 72, 76, 80, 111, 112 | 7 | |
| | 511 | 경호태공대지뢰 | 9, 15, 27, 70, 87, 107 | 6 | |
| 삼성 | 512 | SGL-1 | 7, 12, 19, 33, 38, 63, 71, 80 | 8 | |
| | 513 | SGL-2 | 5, 11, 15, 45, 52, 93, 97 | 7 | |

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 선발계통 | 소계 | 총계 |
|-------|------|-------|---|----|----|
| | 514 | SGL-3 | 27, 32, 41, 51, 60, 63 | 6 | 38 |
| | 515 | SGL-4 | 5, 29, 60, 82 | 4 | |
| | 516 | SGL-5 | 1, 8, 30, 35, 57, 70 | 6 | |
| | 517 | SGL-6 | 4, 5, 11, 40, 46, 72, 77 | 7 | |
| 동부팜한농 | 518 | DW-41 | 1, 3, 10, 16, 20, 21, 23, 27, 39, 43, 69, 74, 75, 85, 91, 100, 106 | 17 | 47 |
| | 519 | DW-42 | 4, 9, 12, 16, 21, 22, 23, 24, 28, 30, 47, 48, 54, 55, 61, 69, 80, 81, 83, 86, 87, 88, 100, 101, 102 | 25 | |
| | 520 | DW-43 | 13, 20, 29, 73, 93 | 5 | |

계통별 과품질 조사 결과 현대종묘는 기능성 물질 고함유 품종, 아시아종묘는 icebox 타입과 녹피적육 원형, 장타원형, 코레곤 종묘는 흑피, 연한 녹피 장타원형, 삼성종묘는 저온기 비대력이 우수한 품종과 중소과종, 농협종묘는 원형계 내저온성 품종, 동부팜한농은 크림슨타입 대과형 품종 육성을 목표로 F2 세대를 전개하여 개체를 선발하였다. 조사한 항목은 과피색 등 질적형질 9항목, 과중, 당도 등 양적형질 9항목이며 이미지 3부위를 촬영하였다. 표 5는 과중과 당도 등 가장 대표적인 조사항목으로 계통별로 선발한 개체 모두를 평균한 값이며, 과실·잎·수꽃/암꽃 이미지 역시 가장 대표적인 개체이다. 선발된 이들 특성에 대한 모든 데이터는 그림 4에서와 같이 엑셀 프로그램 데이터시트에 자료화 하여 참여한 회사에 송부하여 품종 육성시 사용할 수 있도록 하였다.

표 16. 과품질 특성(2년차)

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | 과형 (장폭비) | 과중 (kg) | 당도 (°Brix) | 과실 1 | 과실 2 | 잎 | 수꽃/암꽃 | |
|-----|------|-----------|-------------|------------|---------------|------|---|--|---|---|
| 현대 | 501 | HD-171 | 평균 | 1.0 | 7.6 | 8.4 |  |  |  |  |
| | | | CV | 5.9 | 43.4 | 23.7 | | | | |
| | 502 | HD-172 | 평균 | 1.0 | 7.6 | 7.4 |  |  |  |  |
| | | | CV | 4.6 | 15.7 | 19.2 | | | | |
| | 503 | HD-175 | 평균 | 1.3 | 6.4 | 9.1 |  |  |  |  |
| | | | CV | 27.0 | 20.2 | 7.0 | | | | |
| 아시아 | 504 | Black br. | 평균 | 1.9 | 4.3 | 10.8 |  |  |  |  |
| | | | CV | 13.3 | 27.8 | 8.2 | | | | |
| | 505 | Nory | 평균 | 1.1 | 3.4 | 12.5 |  |  |  |  |
| | | | CV | 7.4 | 20.6 | 9.9 | | | | |
| | 506 | HWL-1 | 평균 | 1.3 | 3.3 | 11.6 |  |  |  |  |
| | | | CV | 16.2 | 28.1 | 8.8 | | | | |
| 코레곤 | 507 | BN 638 | 평균 | 1.1 | 2.1 | 8.8 |  |  |  |  |
| | | | CV | 4.7 | 24.5 | 23.0 | | | | |

| 회사명 | 과종번호 | 계통번호 | | 과형 (장폭비) | 과중 (kg) | 당도 (°Brix) | 과실 1 | 과실 2 | 잎 | 수꽃/암꽃 |
|-------|-------------|--------|-----|-------------|------------|---|---|--|---|---|
| 농협 | 508 | BN 835 | 평균 | 2.0 | 4.2 | 12.2 |  |  |  |  |
| | | | CV | 11.9 | 17.3 | 2.5 | | | | |
| | 509 | 동희 3호 | 평균 | 1.0 | 8.6 | 7.6 |  |  |  |  |
| | | | CV | 6.4 | 18.1 | 17.4 | | | | |
| | 510 | 새이지뢰왕 | 평균 | 1.0 | 9.3 | 10.7 |  |  |  |  |
| | | | CV | 5.2 | 26.6 | 12.1 | | | | |
| 511 | 경호태공 대지뢰 | 평균 | 1.0 | 9.1 | 11.4 |  |  |  |  | |
| | | CV | 5.0 | 31.2 | 11.7 | | | | | |
| 삼성 | 512 | SGL-1 | 평균 | 1.0 | 8.0 | 11.5 |  |  |  |  |
| | | | CV | 3.0 | 24.7 | 7.8 | | | | |
| | 513 | SGL-2 | 평균 | 1.0 | 7.7 | 11.5 |  |  |  |  |
| | | | CV | 4.4 | 21.3 | 7.3 | | | | |
| | 514 | SGL-3 | 평균 | 1.0 | 8.2 | 10.7 |  |  |  |  |
| | | | CV | 7.4 | 20.5 | 7.6 | | | | |
| | 515 | SGL-4 | 평균 | 1.0 | 8.2 | 11.3 |  |  |  |  |
| | | | CV | 4.1 | 15.2 | 3.6 | | | | |
| | 516 | SGL-5 | 평균 | 1.0 | 8.2 | 11.2 |  |  |  |  |
| | | | CV | 5.3 | 37.1 | 10.4 | | | | |
| | 517 | SGL-6 | 평균 | 1.1 | 8.6 | 12.5 |  |  |  |  |
| | | | CV | 3.8 | 27.3 | 6.1 | | | | |
| 동부팜한농 | 518 | DW-41 | 평균 | 1.0 | 7.5 | 9.8 |  |  |  |  |
| | | | CV | 12.0 | 18.8 | 11.3 | | | | |
| | 519 | DW-42 | 평균 | 1.3 | 6.8 | 9.9 |  |  |  |  |
| | | | CV | 26.2 | 13.6 | 9.1 | | | | |
| | 520 | DW-43 | 평균 | 1.3 | 7.0 | 9.4 |  |  |  |  |
| | | | CV | 24.8 | 23.7 | 7.2 | | | | |

3년차 고온기에 현장 선발은 총 2회에 걸쳐 실시하였으며, 최종적으로 선발한 계통은 현대종묘 3계통에서 총 25개체, 아시아종묘 4계통에서 13개체, 코레곤종묘 3계통에서 32개체, 농협 2계통에서 27개체, 삼성종묘36계통에서 36개체, 동부팜한농 2계통에서 11개체로 6개회사 17계통에서 144개체를 선발하였으며, 선발된 개체에 대하여 과일품질특성을 모두 조사한 후 종자를 수확하여 조사한 성적 데이터 시트와 종자를 6개 회사에 모두 분양하였다. 종자 분양 원칙은

F2 종자를 공여한 회사에 30%, 나머지 5개 회사에서 10%, 수박시험장이 20%씩 참여한 모든 회사가 자원을 공유할 수 있도록 하였다.




표 17. 분양 계통(3년차 고온기)

| 회사명 | 계통번호 | 선발계통수 | 선발계통 |
|-------|---------|-------|---|
| 합 계 | | 144 | |
| 현대종묘 | 15HD-1 | 11 | 2, 16, 29, 30, 31, 51, 52, 57, 62, 94, 99 |
| | 15HD-2 | 13 | 6, 7, 16, 25, 42, 49, 56, 62, 74, 78, 84, 93, 104 |
| | 15HD-3 | 1 | 67 |
| 아시아종묘 | AW111 | 1 | 11 |
| | AW112 | 3 | 30,37,42 |
| | AW193 | 1 | 5 |
| | AW199 | 8 | 1,6,10,13,16,19,26,46 |
| 코레곤종묘 | S605 | 7 | 12,46,55,130,160,162,180 |
| | 659 | 9 | 4,5,9,19,30,73,77,84,96 |
| | 새이뢰수 | 16 | 23,27,33,47,50,52,56,57,60,67,68,69,72,80,82,86 |
| 농협종묘 | 권미4K | 10 | 4,5,9,22,24,39,41,54 |
| | 황피지뢰 | 17 | 3,5,13,30,31,32,35,45,49,59,62,66,69,70,74,77,78 |
| 삼성종묘 | SS14150 | 18 | 4,12,14,19,22,32,41,56,58,72,94,107,117,131,135,151,152,160 |
| | SS14154 | 9 | 8,24,28,73,81,96,114,120,149 |
| | SS14164 | 9 | 12,23,61,65,81,99,120,127,149 |
| 동부팜한농 | DW-51 | 3 | 136,156,168 |
| | DW-52 | 8 | 접목(22,28,49,55,71),무접목(8,28,32) |

계통별 과품질 조사 결과, 현대종묘는 기능성 물질 고함유 품종, 아시아종묘는 icebox 타입과 녹피적육 원형, 장타원형, 코레곤 종묘는 흑피, 연한 녹피 장타원형, 삼성종묘는 저온기 비대력이 우수한 품종과 중소과종, 농협종묘는 원형계 내저온성 품종, 동부팜한농은 크림슨타입 대과형 품종 육성을 목표로 F2 세대를 전개하여 개체를 선발하였다. 조사한 항목은 과피색 등 질적형질 9항목, 과중, 당도 등 양적형질 9항목이며 이미지 3부위를 촬영하였다. 표 5는 과중과 당도 등 가장 대표적인 조사항목으로 계통별로 선발한 개체 모두를 평균한 값이며, 과실·잎·수꽃/암꽃 이미지 역시 가장 대표적인 개체이다. 선발된 이들 특성에 대한 모든 데이터는 그림 4에서와 같이 엑셀 프로그램 데이터시트에 자료화 하여 참여한 회사에 송부하여 품종 육성시 사용할 수 있도록 하였다.

표 18. 과품질 특성(3년차 고온기)

| 회사명 | 계통번호 | 구분 | 과중(kg) | 과형 | 당도(Brix) | 과실1 | 과실2 | 잎 | 수꽃/암꽃 |
|-------|---------|----|--------|------|----------|-----|-----|---|-------|
| 현대종묘 | 15HD-1 | 평균 | 5.2 | 1 | 9.6 | | | | |
| | | CV | 29.7 | 3.2 | 18.9 | | | | |
| | 15HD-2 | 평균 | 5.8 | 1.5 | 10.4 | | | | |
| | | CV | 10.3 | 5.6 | 8.1 | | | | |
| | 15HD-3 | 평균 | 7.2 | 1 | 9.2 | | - | | |
| | | CV | - | - | - | | | | |
| 아시아종묘 | AW111 | 평균 | 4.2 | 1.3 | 12.6 | | - | | |
| | | CV | | | | | | | |
| | AW112 | 평균 | 1.1 | 1.6 | 9.8 | | | | |
| | | CV | - | 10.5 | 27.3 | | | | |
| | AW193 | 평균 | 0.9 | 1.5 | 11.9 | | | | |
| | | CV | | | | | | | |
| | AW199 | 평균 | 7.1 | 1.1 | 11.8 | | | | |
| | | CV | 36.1 | 12.9 | 6.2 | | | | |
| 코레곤종묘 | S605 | 평균 | 5.4 | 1.4 | 10.5 | | | | |
| | | CV | 32.7 | 16 | 10.3 | | | | |
| | 659 | 평균 | 6.6 | 1 | 11.1 | | | | |
| | | CV | 23.1 | 4.5 | 9.7 | | | | |
| 농협종묘 | 새이뢰수 | 평균 | 6 | 1.1 | 10.5 | | | | |
| | | CV | 12.6 | 7.8 | 10 | | | | |
| | 권미4K | 평균 | 5 | 1.4 | 10.4 | | | | |
| | | CV | 22.3 | 16.8 | 7.9 | | | | |
| | 황피지뢰 | 평균 | 5.8 | 1.1 | 10 | | | | |
| | | CV | 22.5 | 8.9 | 8.6 | | | | |
| 삼성종묘 | SS14150 | 평균 | 5.8 | 1.5 | 11.2 | | | | |
| | | CV | 20.9 | 9.1 | 8 | | | | |
| | SS14154 | 평균 | 6 | 1.2 | 10.9 | | | | |
| | | CV | 19.8 | 18.4 | 9.8 | | | | |
| | SS14164 | 평균 | 6.4 | 1.2 | 11.1 | | | | |
| | | CV | 9.3 | 14 | 11.5 | | | | |

| 회사명 | 계통번호 | 구분 | 과중(kg) | 과형 | 당도(Brix) | 과실1 | 과실2 | 잎 | 수꽃/암꽃 |
|-------|-------|----|--------|------|----------|---|--|---|---|
| 동부팜한농 | DW-51 | 평균 | 6.6 | 1.2 | 10.5 |  |  |  |  |
| | | CV | 4.7 | 6.86 | 1.9 | | | | |
| | DW-52 | 평균 | 7.8 | 1.4 | 10.3 |  |  |  |  |
| | | CV | 20.9 | 13.9 | 18.2 | | | | |

3차년도 저온기에 현장 선발은 총 3회에 걸쳐 실시하였으며, 최종적으로 130계통을 선발하였으며, 이 중에서 발아가 가능한 종자가 채종된 계통은 98계통으로 농협종묘 3계통에서 총 39개체, 동부팜한농 3계통에서 21개체, 삼성종묘 2계통에서 15개체, 현대종묘 1계통에서 13개체로 4개회사 9계통에서 98개체이다, 선발된 개체에 대하여 과일품질특성을 모두 조사한 후 종자를 수확하여 건조 후 조사한 성적 데이터 시트와 종자를 4개 회사에 모두 분양하였다. 종자 분양 원칙은 F2 종자를 공여한 회사에 30%, 나머지 5개회사에서 10%, 수박시험장이 20%씩 참여한 모든 회사가 자원을 공유할 수 있도록 하였다.

표 19. 분양 계통(3년차 저온기)

| 회사명 | 계통번호 | 선발계통수 | 선발계통 |
|-------|----------|-------|--|
| 합 계 | | 98 | |
| 농협종묘 | 3086 | 6 | 1, 9, 18, 19, 74, 76 |
| | 3087 | 17 | 3, 8, 10, 22, 25, 40, 47, 50, 53, 54, 57, 60, 62, 63, 70, 81, 85 |
| | 3088 | 16 | 8, 14, 29, 37, 38, 39, 40, 41, 45, 53, 70, 76, 78, 86, 85, 88 |
| 동부팜한농 | DW-61 | 0 | |
| | DW-62 | 13 | 2, 3, 4, 8, 10, 13, 16, 21, 27, 29, 32, 36, 43 |
| | DW-63 | 18 | 1, 6, 7, 9, 13, 15, 23, 24, 30, 35, 36, 46, 50, 51, 65, 67, 72, 77 |
| 삼성종묘 | SS-01 | 4 | 29, 53, 79, 88 |
| | SS-02 | 11 | 9, 16, 33, 36, 68, 72, 73, 77, 79, 84, 87 |
| 현대종묘 | 2015HD-1 | 13 | 5, 6, 11, 14, 17, 31, 39, 51, 52, 53, 67, 69, 79 |

표 20. 과품질 특성(3년차 저온기)

| 제공회사 | 계통명 | 과중 (kg) | 당도 (중양) | 과실사진 | 꽃사진 | 잎사진 |
|------|--------|---------|---------|---|---|---|
| 농협종묘 | 3086 | 2.3 | 11.6 |  |  |  |
| 농협종묘 | 3087 | 1.9 | 13.2 |  | - |  |
| 농협종묘 | 3088 | 2 | 11.9 |  |  |  |
| 팜한농 | DW-61 | - | - | - |  |  |
| 팜한농 | DW-62 | 1.7 | 11.6 |  |  |  |
| 팜한농 | DW-63 | 2.1 | 11.2 |  |  |  |
| 삼성종묘 | SS-01 | 1.4 | 11.3 |  |  |  |
| 삼성종묘 | SS-02 | 1.8 | 10.9 |  |  |  |
| 현대종묘 | 15HD-1 | 1.8 | 12.5 |  | - |  |

4차년도 저온기에 현장 선발은 총 2회에 걸쳐 실시하였다. 농협종묘 2계통에서 8개체, 팜한농 2계통에서 2개체, 삼성종묘 3계통에서 19개체, 아시아종묘 1계통에서 17개체, 코레곤종묘 1계통에서 3개체, 현대종묘 3계통에서 28개체, 원예원 4계통에서 9개체를 각각 선발 및 분양하였으며, 총 7개 종묘회사 및 기관의 16계통에서 86개체이다. 선발된 개체에 대하여 과일품질특성을 모두 조사한 후 종자를 수확하여 건조 후 조사한 성적 데이터 시트와 종자를 모두 분양하였다.

표 21. 분양 계통(4년차 저온기)

| 제공 회사 | 계통명 | 분양 계통수 | 분양계통 |
|-------|----------|-----------|---|
| 7 | 16 | 86 | |
| 농협종묘 | 2015-157 | 5 | 1, 26, 30, 33, 71 |
| | 2015-162 | 3 | 6, 7, 47 |
| 팜한농 | DW-64 | 1 | 7 |
| | DW-65 | 1 | 69 |
| 삼성종묘 | SS-1529 | 7 | 16, 21, 36, 40, 42, 51, 54 |
| | SS-1532 | 5 | 1, 20, 50, 69, 71 |
| | SS-1538 | 7 | 2, 10, 27, 42, 53, 59, 70 |
| 아시아종묘 | AW198 | 17 | 3, 16, 18, 30, 35, 37, 42, 45, 52, 55, 73, 7, 84, 88, 89, 91, 96, 101 |
| 코레곤종묘 | KD-1 | 3 | 55, 66, 86 |
| 현대종묘 | 2016HD-1 | 4 | 4, 9, 13, 36 |
| | 2016HD-2 | 9 | 24, 30, 37, 38, 42, 58, 60, 64, 66 |
| | 2016HD-3 | 15 | 1, 4, 5, 10, 14, 22, 23, 27, 37, 45, 52, 54, 55, 58, 66 |
| 원예원 | 미국오성상장 | 1 | 28 |
| | 시대선봉 | 2 | 3, 15 |
| | 특대경혼 | 1 | 3 |
| | 흑지뢰 | 5 | 1, 3, 19, 21, 22 |

표 22. 과품질 특성(4년차 저온기)

| 제공회사 | 계통명 | 과중 (kg) | 당도 (중양) | 과실사진 | 꽃사진 | 잎사진 |
|-------|----------|---------|---------|---|---|---|
| 농협종묘 | 2015-157 | 6.2 | 12.4 | - |  |  |
| 농협종묘 | 2015-162 | 7.3 | 12.2 | - |  |  |
| 팜한농 | DW-64 | 7.2 | 9.7 |  |  |  |
| 팜한농 | DW-65 | 6.8 | 13.3 |  |  |  |
| 삼성종묘 | SS-1529 | 4.9 | 11.6 |  |  |  |
| 삼성종묘 | SS-1532 | 12.2 | 11.5 |  |  |  |
| 삼성종묘 | SS-1538 | 6.1 | 12.4 |  |  |  |
| 아시아종묘 | AW198 | 6.8 | 11.8 |  |  |  |
| 코레곤종묘 | KD-1 | 10.1 | 10.8 | - |  |  |
| 현대종묘 | 2016HD-1 | 4.9 | 13.5 |  |  |  |
| 현대종묘 | 2016HD-2 | 7.4 | 14.1 |  |  |  |
| 현대종묘 | 2016HD-3 | 5.9 | 11 |  |  |  |
| 원예원 | 미국오성상장 | 6 | 10.5 | - |  |  |
| 원예원 | 시대선봉 | 6 | 14.1 |  |  |  |

| 제공회사 | 계통명 | 과중 (kg) | 당도 (중양) | 과실사진 | 꽃사진 | 잎사진 |
|------|------|---------|---------|---|---|---|
| 원예원 | 특대경혼 | 7.4 | 12.6 |  | - |  |
| 원예원 | 흑지뢰 | 4.5 | 16.7 |  |  |  |


4차년도 고온기에 현장 선발은 총 2회에 걸쳐 실시하였으며, 최종적으로 172계통을 선발·분양하였으며, 농협종묘 5계통에서 23개체, 팜한농 2계통에서 6개체, 삼성종묘 3계통에서 35개체, 아시아종묘 6계통에서 67개체, 코레곤종묘 3계통에서 15개체, 현대종묘 3계통에서 10개체, 원예원 5계통에서 16개체로 총 7개 종묘회사 및 기관의 27계통에서 172개체이다. 선발된 개체에 대하여 과일품질특성을 모두 조사한 후 종자를 수확하여 건조 후 조사한 성적 데이터 시트와 종자를 모두 분양하였다.

표 23. 분양 계통(4년차 고온기)

| 제공 회사 | 계통명 | 분양 계통수 | 분양계통 |
|-------|---------|--------|--|
| 7 | 27 | 172 | |
| 농협종묘 | 180 | 4 | 18, 87, 90, 95 |
| | 184 | 7 | 3, 4, 7, 28, 37, 53, 77 |
| | 187 | 4 | 55, 65, 93, 100 |
| | 190 | 4 | 2, 29, 34, 57 |
| | 192 | 4 | 11, 479, 60, 75 |
| 팜한농 | #1 | 4 | 1, 88, 188, 205 |
| | #2 | 2 | 32, 76 |
| 삼성종묘 | SS-601 | 10 | 10, 19, 21, 34, 45, 48, 54, 63, 79, 103 |
| | SS-602 | 12 | 3, 9, 20, 51, 60, 76, 81, 89, 107, 114, 126, 141 |
| | SS-603 | 13 | 4, 5, 11, 16, 42, 44, 47, 59, 75, 90, 135, 156, 160 |
| 아시아종묘 | AW161 | 11 | 4, 10, 25, 30, 52, 54, 67, 75, 90, 121, 123 |
| | AW162 | 15 | 5, 13, 22, 33, 46, 55, 60, 80, 93, 99, 101, 104, 112, 117, 122 |
| | AW163 | 17 | 2, 3, 4, 5, 7, 17, 19, 34, 35, 41, 43, 46, 58, 66, 72, 80, 81 |
| | AW164 | 4 | 8, 13, 17, 41 |
| | AW165 | 10 | 3, 10, 18, 20, 31, 32, 39, 53, 54, 60 |
| | AW166 | 10 | 5, 9, 16, 23, 30, 35, 50, 55, 56, 64 |
| 코레곤종묘 | KDK-1 | 10 | 2, 8, 20, 27, 29, 34, 37, 49, 52, 66 |
| | KDK-2 | 3 | 19, 25, 48 |
| | KDK-3 | 2 | 7, 74 |
| 현대종묘 | 16HD-4 | 1 | 1 |
| | 16HD-5 | 4 | 40, 46, 73, 101 |
| | 16HD-6 | 5 | 25, 41, 59, 79, 116 |
| 원예원 | GSP12-4 | 3 | 37, 41, 82 |
| | GSP13-2 | 3 | 15, 37, 52 |

| 제공 회사 | 계통명 | 분양 계통수 | 분양계통 |
|-------|---------|-----------|----------------------------|
| | GSP14-2 | 1 | 45 |
| | GSP22-3 | 7 | 10, 11, 18, 45, 57, 85, 88 |
| | GSP43-3 | 2 | 26, 33 |

표 24. 과품질 특성(4년차 고온기)

| 제공회사 | 계통명 | 과중 (kg) | 당도 (중양) | 과실사진 | 꽃사진 | 잎사진 |
|-------|--------|---------|------------|---|--|---|
| 농협종묘 | 180 | 5.1 | 11.5 |  |  |  |
| | 184 | 3.1 | 11.3 |  |  |  |
| | 187 | 6.1 | 12.8 |  |  |  |
| | 190 | 4.6 | 13 |  |  |  |
| | 192 | 4.8 | 12.2 |  |  |  |
| 팜한농 | #1 | 5.1 | 12.7 |  |  |  |
| | #2 | 4.6 | 10.8 |  |  |  |
| 삼성종묘 | SS-601 | 4.5 | 11.8 |  |  |  |
| | SS-602 | 3.8 | 11.2 |  |  |  |
| | SS-603 | 3.8 | 12.1 |  |  |  |
| 아시아종묘 | AW161 | 4.5 | 10.3 |  |  |  |
| | AW162 | 3.6 | 10 |  | - |  |

| 제공회사 | 계통명 | 과중 (kg) | 당도 (중양) | 과실사진 | 꽃사진 | 잎사진 |
|------|---------|---------|---------|------|-----|-----|
| | AW163 | 4.7 | 12.8 | | | |
| | AW164 | 3.8 | 11 | | | |
| | AW165 | 5.6 | 12.7 | | | |
| | AW166 | 5.9 | 12.2 | | | |
| 코레곤 | KDK-1 | 5 | 10.1 | | | |
| | KDK-2 | 3.8 | 11.5 | | | |
| | KDK-3 | 3.9 | 12.4 | | | |
| 현대종묘 | 16HD-4 | 4.5 | 10.8 | | | |
| | 16HD-5 | 6.2 | 14 | | | |
| | 16HD-6 | 3.8 | 12 | | | |
| 원예원 | GSP12-4 | 5.7 | 8.4 | | | |
| | GSP13-2 | 4.8 | 10.2 | | | |
| | GSP14-2 | 2.7 | 13.3 | | | |
| | GSP22-3 | 4.1 | 11.2 | | | |
| | GSP43-3 | 4.8 | 11.8 | | | |

(2) 해외 목표시장 우점품종 및 정보 수집

(가) 중국 우점품종 종자 및 정보 수집

○ 우점품종 종자 수집

우점품종 종자 수집을 위하여 매년 10월에 열리는 제남 종자 전시회와 수광시 구향 종자시장, 청도시 청양구 농수산물 도매시장, 수박 주산지 종자시장을 방문하여 F1 품종과 현장에서 구입한 수박으로부터 F2 품종을 수집하였다. 유전자원 수집은 다른 경로를 통하여 구입한 F1 10종과 F2 4종 등 14종을 국립농업유전자원센터에 기탁하여 임시번호를 부여하였다.

표 25. 수박 자원 수집 및 기탁내역

| 연번 | 임시번호 | 자원명 | 원산지 | 자원내력 | 특 성 |
|----|---------|------------------------|-----|------|-----------------------|
| 1 | K243628 | Zao kang li jia | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 원형 적육 중과종 |
| 2 | K243629 | Yu you teda hei meiren | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 적육 중과종 |
| 3 | K243630 | Teda jing xin wang | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 원형 적육 대과종 |
| 4 | K243631 | Xintai nong ba hao | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 적육 대과종 |
| 5 | K243632 | Lu kang ju long | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 적육 대과종 |
| 6 | K243633 | Hei pi jiangjun | CHN | F1 | 흑색과피 무지 타원형 적육 대과종 |
| 7 | K243634 | Taiwan teda hei meiren | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 적육 중과종 |
| 8 | K243635 | Sheng nu | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 적육 소과종 |
| 9 | K243636 | Huang xiaoyu | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 원형 황육 소과종 |
| 10 | K243637 | Yu meiren | CHN | F1 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 황육 소과종 |
| 11 | K243638 | Shuangxing F2 | CHN | F2 | 녹색과피 검정줄무늬 원형 적육 대과종 |
| 12 | K243639 | 네덜란드 시교 F2 | NLD | F2 | 녹색과피 검정줄무늬 타원형 적육 대과 |
| 13 | K243640 | 8424 F2 | CHN | F2 | 녹색과피 무지 타원형 원형 적육 소과종 |
| 14 | K243641 | 8424 F2 | CHN | F2 | 녹색과피 검정줄무늬 원형 적육 소과종 |

○ 수박생산·유통 현황 및 재배적 특성

중국 수박재배면적은 1,813만ha(2010년)로 비슷한 수준을 유지하고 있지만 단위면적당 생산량 증가함에 따라 총 생산량 역시 2001년 5,718톤에서 2010년 6,182톤으로 증가하고 있는 추세이다. 수박 주산지는 하남성, 산둥성, 안휘성 등으로 이들 3개 지역의 재배면적이 중국 전체 재배면적의 약 40%를 차지하며, 전국 생산량의 45%가 이들 3개 지역에서 생산되고 있다. 본 연구 과제 중 중국 우점품종 및 정보수집을 위하여 2013년 10월 10일부터 17일까지 7박 8일 동안 중국 절강성과 산둥성을 방문하였다.

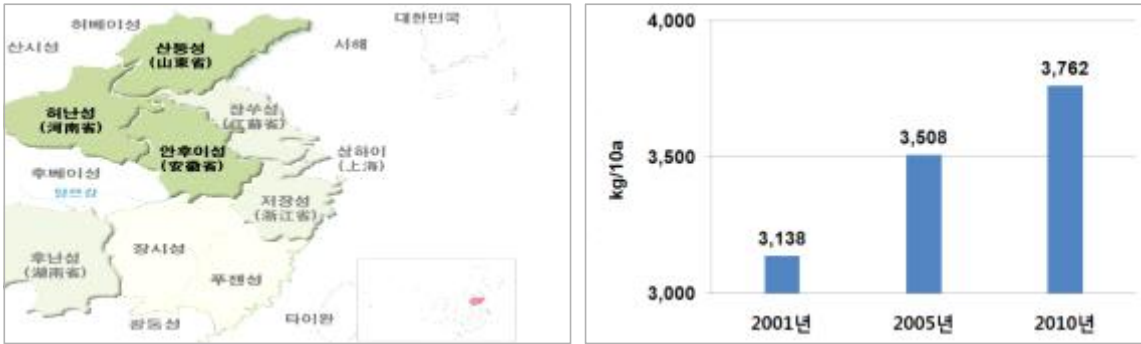


그림 1. 중국 수박 주요 주산지 및 단위면적당 생산량 변화

절강성내 주요 재배품종은 8424호로 1.5kg 정도의 원형계 소과종이었으며, 재배특성은 1월에 정식하여 4월부터 수확하며 매일 1개씩 수확하여 10월까지 1주당 5~7개를 수확하였다. 줄기유인방법은 줄기를 돌려가면서 유인하였으며 여름에는 방임재배 하였다. 또한 접목을 하지 않고 재배하기 때문에 덩굴쪄짐병 발생을 피하기 위하여 매년 재배지를 이동하여 재배하였고, 현지 농가 방문시 포장에는 응애와 점무늬병, Mg 결핍증상 발생이 많았다.

수박 품질 특성은 껍질이 얇지만 비교적 열과에 강하며 당도도 높았고, 치감도 비교적 양호하였으며 첫 맛은 매우 달지만 뒷맛이 바로 사라지기 때문에 현지인은 그 맛을 ‘얼음설탕’으로 표현하였다. 우점품종인 8424호는 1984년에 육성하여 현재까지 가장 많이 이용되고 있으며 1.5kg정도의 녹색바탕에 검정줄무늬가 있는 소과종 원형이었다. 농가소득은 부부가 2,000평 정도 재배하였을 때 순수익 18~20만 원 정도로 비교적 높았다.

재배시설의 특징은 대부분 대나무 하우스로 폭 3m, 높이 2m로 매우 좁았고 측창환기시설이 없었지만 하우스가 짧기 때문에 고온피해를 줄일 수 있을 것으로 판단되며 관수시설이 없어 고랑관수를 실시하고 있었지만 토질이 미사질토양으로 배수가 매우 양호하여 재배에 큰 영향은 없는 것으로 생각된다. 또한 10개월 동안 장기 연장재배 하면서도 균일한 품질을 만들어 내는 재배법에 대해서는 검토할 필요 있으며 소과종 재배법 개발에 응용할 수 있을 것으로 생각되며, 1개 품종이 30여년을 우점 할 수 있는 스타 품종개발이 필요할 것으로 생각된다.



그림 2. 절강성 수박재배 대나무 하우스(A), 재배품종 8424호(B), 현장 시식(C)

항주시 중앙도매시장에서 수박은 유통되지 않았으며 대형마트를 방문한 결과 소과종이 유통되고 있었으며 품종은 8424호 이거나 그와 유사한 품종이었으며 품질은 균일하였다.

산동성내 3대 수박 주산단지는 위방, 수광, 청락으로 이중 청도시 청락 시설재배단지를 방문하였다. 재배면적은 100만무(약 66,700ha) 정도이며 시설은 콘크리트 기둥에 대나무를 이용하여 설치한 중앙 높이가 2m, 측면높이 1m 하우스로 무거운 조기재배시 집열 및 보온효과를 높이기 위하여 시설을 낮게 설치하였다. 방문한 농가는 엽장이 길고 엽면적이 넓은 것을 볼 때 생육초기 ~ 착과초기에 일조 부족 과 대과생산을 위하여 시설 내 다습조건을 유지한 것으로 판단되며 착과후 역시 4~5일 정도 강우가 지속되면서 과실초기 비대가 지연되자 비대 후기에 과실 비대를 위하여 속효성 비료를 과다 시용한 결과 열과 발생이 많은 것으로 판단된다. 대부분의 농가들이 품질보다는 우선 수량 중심으로 재배하며 품질은 전적으로 품종에 의존하는 것을 볼 때 착과 후 과실비대 초기에 과비대력이 좋고 열과에 강한 품종을 육성해야 할 것으로 생각된다.



그림 3. 산동성 수박재배 하우스(A), 열과현상(B), 대규모 시설재배 단지(C)

(나) 인도네시아 우점품종 종자 및 정보 수집

○ 우점품종 종자 수집

인도네시아에서 우점하고 있는 품종 종자 16종을 수집을 수집하여 국립농업유전자원센터에 기탁하여 임시번호를 부여하였다.

표 26. 수박 자원 수집 및 기탁내역

| 연번 | 임시번호 | 자원명 | 제공국 | 특 성 |
|----|---------|-------------------|-------|---------------------|
| 1 | K250402 | Amor | 인도네시아 | 원형, 녹피, 호피무늬, 적육 |
| 2 | K250403 | Angela | 인도네시아 | 단타원형, 흑피, 무지, 황육 |
| 3 | K250404 | Aura Kuning | 인도네시아 | 장타원형, 흑피, 무지, 황육 |
| 4 | K250405 | Baginda | 인도네시아 | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 5 | K250406 | Bangkok Flower | 인도네시아 | 단타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 6 | K250407 | Black Sugar | 인도네시아 | 장타원형, 흑피, 무지, 적육 |
| 7 | K250408 | Black Sweet | 인도네시아 | 장타원형, 녹피, 얼룩, 적육 |
| 8 | K250409 | Garnis | 인도네시아 | 장타원형, 녹피, 무지, 황육 |
| 9 | K250410 | Golden Bright | 인도네시아 | 원형, 녹피, 호피, 황육 |
| 10 | K250411 | Innole Kuning 175 | 인도네시아 | 장타원형, 흑피, 무지, 황육 |
| 11 | K250412 | Kharisma | 인도네시아 | 단타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 12 | K250413 | Nina | 인도네시아 | 고구형, 녹피, 호피, 적육 |
| 13 | K250414 | 311 Round Dragon | 인도네시아 | 원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 14 | K250415 | Sun Flower | 인도네시아 | 원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 15 | K250416 | Tm-King | 인도네시아 | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 16 | K250417 | Xinlu long bawang | 인도네시아 | 장타원형, 연녹피, vein, 적육 |

○ 수박생산·유통 현황 및 재배적 특성

인도네시아 수박재배면적은 33,015ha(2012년)로 계속 증가하고 있으며 단위면적당 생산량도 증가하여 총 생산량은 2000년 171,885톤에서 2012년 520,883톤으로 증가하고 있는 추세이다. 수박 주산지는 중·동부 자바주로 이 지역의 재배면적이 인도네시아 전체 재배면적의 약 30%를 차지하며, 남부 칼리만탄주, 북부 수마트라주, 서부 자바주 등에서도 골고루 재배하고 있다.

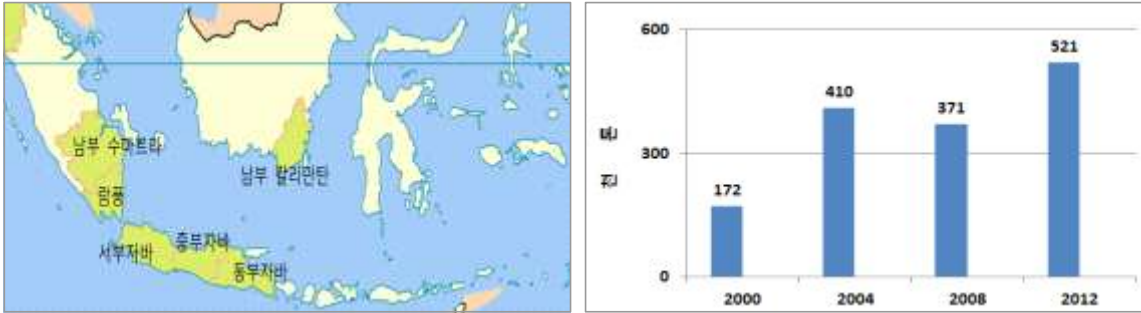


그림 4. 인도네시아 수박 주산지 및 단위면적당 생산량 변화

우점품종은 3배체는 Quality, 2배체는 Sun flower와 New dragon이었으며 3배체 씨 없는 수박 재배면적 증가로 2배체 수박 면적과 비슷해지는 추세이다. 3배체 수박의 종자는 kg당 500달러 수준이며 2배체 수박은 kg당 약 160 ~ 180달러 수준이었다. 인도네시아는 대만농우의 지배력이 높은 시장으로서 2배체인 Pengan(원형계)과 Dragon(타원형계)이 주를 이루다가 Pengan은 차츰 Flower 품종으로 바뀌고 있다. 최근에는 3배체 Quality품종 도입으로 2배체와 3배체 시장으로 구분되고 있다. 또한 2배체 소과종혹피 타원형 품종이 확산되고 있으며 다국적 종자회사에서 황육원형계 3배체 수박품종을 보급하고 있다.

표 27. 인도네시아 주 재배지역 및 우점품종

| 구 분 | 3배체 | 2배체 | |
|--------|------------------|-------------------------|------------------------------|
| | | 원형계 | 타원계 |
| 주 재배지역 | 람퐁, 동부 자바, 중부 자바 | 남부 자바, 중부 자바 남부 수마트라 | 남부 칼리만탄, 북부 수마트라, 남부 수마트라 |
| 우점품종 | Quality | Sun flower | New dragon |

현지에서 품종을 육성하고 있는 SARI TANI SEED를 방문하여 2배체 및 3배체 F1 조합능력 검정 및 선발에 참여하였는데, 현지 시장에서 선호하는 품종 특성은 ① 단타원형, 유색과피, 유색과육, 씨없는 수박, ② 우리나라보다 약간 연한 과육, 적당한 당도, ③ 도로 사정이 나쁜 관계로 수송성이 좋은 단단한 수박이었으며, 씨 없는 수박과 씨 있는 수박의 재배 비율은 1:1 정도로 우리나라(1% 미만)에 비하여 씨 없는 수박의 재배 비율이 매우 높은 편이었다. 씨 없는 수박은 주로 고급 마트에서 판매하고 있었으며, 씨 있는 수박은 일반 시장이나 노점에서 판매하고 있었다. SARI TANI SEED 방문 시 특이한 점은 수박 특성조사 및 채종 후 쓰레기 문제로 인하여 과실을 폐기하기 위한 파쇄기를 주문제작 중에 있었으며, 과육이 단단한 4배체 채종을 위해 간단하지만 매우 유용한 도구를 자체 제작하여 사용하고 있었다.

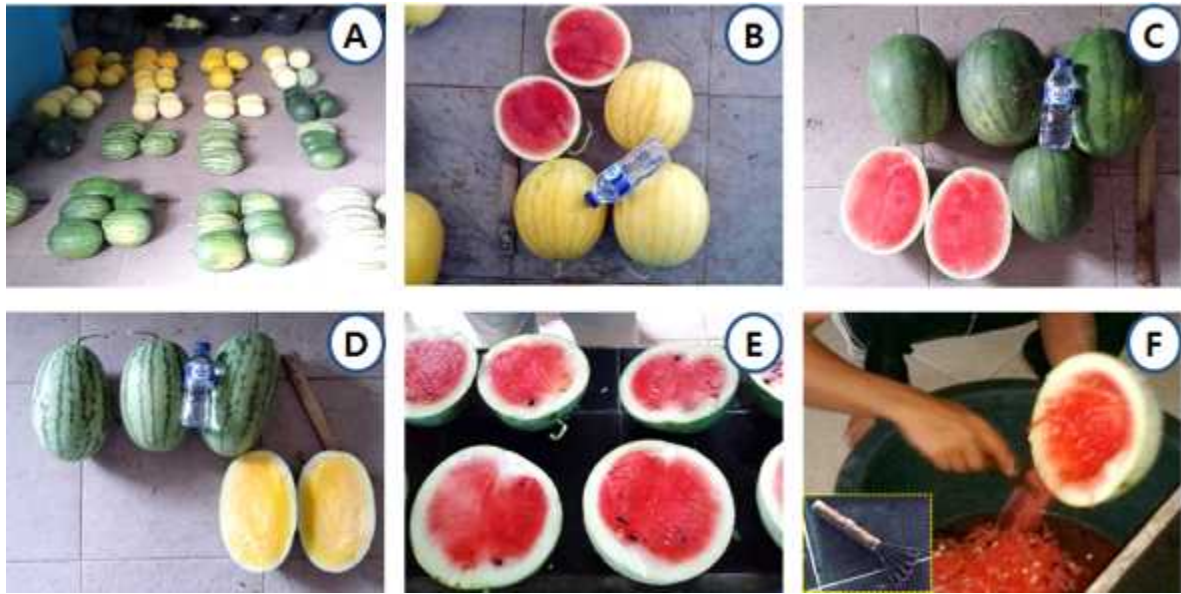


그림 5. 2배체, 3배체 F1 조합능력 검정 및 선발. 20계통 수확 후 모습(A), 황피적육 계통(B), 녹피적육계통(C), 녹피황육 계통(D), 4배체 계통 선발(E), 4배체 채종모습과 채종도구(F)

농가재배 모습을 보기 위하여 발리섬 Jembrana 지역을 방문 결과 재배방식은 논에서 무경운으로 재배하고 있었으며 20~30cm의 고랑을 판 후 파낸 흙을 이랑에 올리고 그 위에 멀칭한 후 정식하였다. 주로 무점목으로 재배하였으며, 재식거리는 50~55cm 정도였고 시비량은 우리나라 보다 적었다. 줄기는 3줄기(어미줄기1 + 아들줄기 2)를 유인하였고 착과전에 측지를 적심하였다. 병충해 방제는 농약을 1주일 주기로 살포하였다. 씨 없는 수박 재배는 3배체와 수분수(2배체)를 분리하여 다른 포장에 재배하면서 관리하였고, 이랑 양쪽 끝에는 오이를 심어 노는 땅 없이 약간의 빈 곳까지도 이용하였지만 이형주 발생에 대해 비교적 관대하였으며 비가 많이 오는 우기임에도 불구하고 논지에서 경운을 하지 않을 뿐만 아니라 멀칭을 하지 않고 재배하였다. 농가의 품종 선호도는 원형에서 단타원형, 씨 있는 수박에서 3배체 씨 없는 수박으로 변하고 있었으며, 종자시장 현황은 종자생산업체에서 판매업체로 종자를 공급 후 판매업체마다 다른 품종 이름을 붙여 판매하고 있어 품종 선택 시 반드시 공급자 확인이 필요한 것으로 판단되었다.



그림 6. 수박 재배농가 및 종자판매점. 노지 무경운 재배(A), 포장설명(B), 이형주 발생(C), 방제작업 모습(D), 종자판매점(E), 수박 종자(F)

(다) 인도 우점품종 종자 및 정보 수집

○ 우점품종 종자 수집

인도의 우점품종은 장타원형의 NS 295(NAMDHARI SEED)이며, 남부지역에서는 Icebox type의 수박의 재배되어 증가추세에 있으며, 일부농가는 크림스타입의 수박을 재배를 시작하기도 하였다. 종자 수집은 종자판매점에서 하였는데, 종자판매점마다 1~2개 정도의 품종만을 판매하고 있었으며, 종묘사와 연계되어 있었다. 판매형태는 소포장(25g, 50g)이었으며, 보증 발아율은 대부분 60% 이상이었으며, 가장 높은 보증 발아율이 70% 이상으로 국내(80%이상)보다 낮은 경향이였다. 그러나 종자의 순도는 대부분 95% 또는 98%로 품종에 따라 달랐으나 높은 편이었다.(일부는 90%인 이상으로 낮은 경우도 있음) 시판종자는 파종기가 지나면 잔여 종자는 모두 반품되어 대부분의 종자판매점에서 판매되지 않는다고 한다.

10여곳의 종자판매점을 방문하여 인도지역에 우점품종과 시판종자를 23점 수집하여 국립농업유전자원센터에 기탁하여 임시번호를 부여하였다.

표 28. 수박 자원 수집 및 기탁내역

| 연번 | 임시번호 | 자원명 | 제공국 | 특 성 |
|----|---------|---------------|-----|-------------------|
| 1 | K256238 | 205 | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 2 | K256239 | Abhishek | 인도 | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 3 | K256240 | AFA-306 | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 4 | K256241 | Ankur Kashish | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 5 | K256242 | Apoorva | 인도 | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 6 | K256243 | Arun-0035 | 인도 | 장타원형, 흑피, 무지, 적육 |
| 7 | K256244 | Badshah | 인도 | 장타원형, 흑피, 무지, 적육 |
| 8 | K256245 | Chirag | 인도 | 장타원형, 녹피, 무지, 적육 |

| | | | | |
|----|---------|------------|----|-------------------|
| 9 | K256246 | Charan 2 | 인도 | 장타원형, 녹피, 무지, 적육 |
| 10 | K256247 | Devyani | 인도 | 원형, 녹피, 호피, 황육 |
| 11 | K256248 | Gulfam | 인도 | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 12 | K256249 | H 20 | 인도 | 장타원형, 녹피, 무지, 적육 |
| 13 | K256250 | JK Lekha | 인도 | 타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 14 | K256251 | Kashmira | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 15 | K256252 | Maharaja | 인도 | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 16 | K256253 | NS 295 | 인도 | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 17 | K256254 | Ozeki-777 | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 18 | K256255 | Ramya | 인도 | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 19 | K256256 | Ranjeet-52 | 인도 | 원형, 흑피, 무지, 적육 |
| 20 | K256257 | SS 345 | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 21 | K256258 | Suman-235 | 인도 | 장타원형, 흑피, 무지, 적육 |
| 22 | K256259 | Suprit | 인도 | 장타원형, 연녹피, 호피, 적육 |
| 23 | K256260 | Veda-0009 | 인도 | 장타원형, 흑피, 무지, 적육 |

○ 수박생산·유통 현황 및 재배적 특성

인도의 수박재배면적은 160,000ha로 슈빌리타입의 호피적육 수박이 주를 이루며, 아이스박스타입의 흑피적육 수박이 증가 추세에 있다.

수박을 재배하는 포장은 대부분 1acre단위로 되어 있으며, 농가 당 1~3acre 정도 재배하고 있었다. 장타원형의 호피적육 수박의 재배가 주를 이루며, 흑피적육의 아이스박스타입도 약간 재배가 이루어지고 있었다. 그러나 최근에는 재배가 이루어지고 있지 않는 것으로 알려진 크림슨타입의 수박도 재배되고 있음을 관찰할수 있었다.

농업 투자에 있어서는 농가의 재정 상태와 기술력에 따라 많은 차이를 보였으며, 무피복과 피복, 미휴립과 휴립, 관수와 무관수 등의 차이를 보였다. 비닐피복을 실시하는 경우에는 관수시설이 함께 설치되어 관수되고 있었으며, 관수시설은 점적이 주를 이루었다.

인도에서는 육묘와 접목을 실시하지 않아서 대목이 불필요하며, 이에 따라 노지에 직접 종자를 파종하여 재배하였다. 직파 시 종자 소요비용 절감을 위하여 1립씩 파종하였다. 주간거리는 20cm로 지그재그 형태로 파종하며, 옆 이랑까지의 거리는 1.5m정도 였다. 시비방법은 경운 전에 기비를 실시하고, 관수시설이 없는 지역에서는 비대 초기에 질소와 칼륨질 비료를 표층시비하였다.

수박의 결순 관리는 결순의 제거 없는 자연방임으로 하고 있었으며, 자연상태의 벌에 의한 수분·수정이 이루어지며, 착과절위는 첫 번째 암꽃이 피는 7~9마디 정도였고, 과실 숙기가 없어 다착과되며, 수확은 일시에 1회만 수확하는 경우와 2~3회까지도 수확하는 경우가 있으며, 이는 재배농업인의 재배관리 및 유통형태에 따라 다르게 나타났다. 판매형태는 중간업자와 포전매매가 주를 이루었다.



그림 7. 수박 재배 현황. 비휴립+,무관수+크림슨타입 수박 재배포장(A), 크림슨타입 수박 착과(B), 휴립 후 비닐멀칭+관수 재배포장(C)

유통시장 조사는 재래시장과 백화점에서 실시하였다.

우리가 현장조사를 실시한 10월은 인도의 우기에 속하여, 수박의 재배가 적으며, 소비 또한 적어서 시장에 5~10개 내외의 소량이 판매되고 있었다. 품질은 불량한 편으로 외관상 국내의 기준상 판매가 어려워 보이는 수박도 상당수 진열 판매되고 있었다. 주로 호피적육 수박이 판매되고 있었으며, 아이스박스타입(호피적육)의 수박도 일부 판매되고 있었다. 수박의 품질을 살펴보기 위하여 재래시장에서 수박 5개를 직접 구입하여 품질 조사를 실시한 결과 중심부의 당도는 10brix 이상으로 정상이었으나, 3개의 비상품과(미숙과 1, 과숙과 1, 기형과(착색불량) 1)가 관찰되었다.

백화점에서도 재래시장처럼 몇 개의 수박만을 진열하여 판매하고 있었으며, 외관상 품질이 낮아 보였다. 그러나 가격은 재래시장의 2배정도로 높았다.



그림 8. 수박 유통 현황. 아이스박스타입 수박 판매(A~B), 호피무늬 수박 판매(C), 재래시장에서 구입한 수박의 과실 품질 조사(D), 백화점 수박 판매(E), 음식점 디저트 수박(F)

(라) 캄보디아 우점품종 종자 및 정보 수집

○ 우점품종 종자 수집

캄보디아에서 재배되는 종자는 대부분 베트남과 중국으로부터 수입해 오고 있는 상황이다. 이 중에서 캄보디아 수박시장을 우점하고 있는 품종종자와 시판종자를 10점 수집하여 국립농업 유전자원센터에 기탁하여 임시번호를 부여하였다.

라. 수박품종 수집

○ 목표 수집량 : 10종 이상(캄보디아 수박 우점 품종 및 지역재래종)

- 판매점마다 2~3개 정도의 품종만을 판매함
- 판매는 대부분 소포장(25g, 50g)으로 되어 있음.
- 보증 발아율은 대부분 60% 이상이였으며, 가장 높은 보증 발아율이 70% 이상으로 국내 (80%이상)보다 낮음
- 종자의 순도는 대부분 95% 또는 98%로 품종에 따라 달랐으며, 일부는 90%인 이상으로 낮은 경우도 있음
- 포장형태는 비닐팩과 캔 형태가 있음
- 주 파종 시기 이후에는 반품됨

표 29. 수박 자원 수집 및 기탁내역

| 연번 | 임시번호 | 자원명 | 원산지 | 과형 |
|----|---------|--|----------|------------------|
| 1 | K261311 | Hirock | TAIWAN | 장타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 2 | K261312 | Kinaree | TAIWAN | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 3 | K261313 | Yellow Smile | TAIWAN | 타원형, 연녹피, 호피, 황육 |
| 4 | K261314 | Black | THAILAND | 원형, 흑피, 무지, 적육 |
| 5 | K261315 | Run Run | THAILAND | 장타원형, 녹피, 호피, 황육 |
| 6 | K261316 | Sonya | THAILAND | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 7 | K261317 | Black red | THAILAND | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 8 | K261318 | Aree | THAILAND | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |
| 9 | K261319 | DUA HAU FI RUOT VANG NOI HUONG NONG | VIETNAM | 원형, 녹피, 호피, 황육 |
| 10 | K261320 | O.P. 175 | THAILAND | 타원형, 녹피, 호피, 적육 |

○ 수박생산·유통 현황 및 재배적 특성

캄보디아에서 주로 생산되는 수박은 장타원형의 호피, 적육이며, 일부는 원형 또는 흑피수박이 재배되기도 한다. 경제력과 기술력이 아직은 낮은 수준이어서 비휴립과 무피복으로 재배하는 경우가 대부분이었다. 직파와 육묘가 양존하고 있는데 직파하는 경우에는 2~4립 정도를 직파하였으며, 육묘하는 경우에는 본포 가장자리에 간이 육묘텐트를 설치하여 육묘를 하고 있었으며, 무접목으로 하고 있었다. 본포의 로터리는 이루어지지 않은 상태로 우리나라의 70년대 이전의 재배방식처럼 구덩이 정식형태가 주를 이루었다. CARDI에서는 선진농업기술로 휴립 후

비닐피복을 실시하는 형태의 재배방법을 제시하기도 하나 현장에서는 이루어지지 않고 있었다. 수박 재배 시 주간거리는 50~80cm정도 이며, 조간 간격은 주간간격보다 다소 넓은 형태이나 농가별로 약간씩 달랐다. 시비는 제초 후 포기 주변에 복합비료 살포를 1회 정도 실시하고 있으며, 수박 결순의 제거 없는 자연방임재배 실시하고 있으며, 수정은 자연상태의 벌에 의한 수분·수정이 이루어지며, 과실 숙기가 없어 다착과 시키고 있으며, 수확은 숙기를 고려하여 수확 실시하고 있으며, 판매는 대부분이 중간업자와 포전매매형태가 주를 이루고 있었다.



그림 9. 수박 재배 현황. 직파재배(A), 육묘 텐트(B), 묘 정식 포장의 제초(C), 비료 살포(D), 수박 생육 포장(E), 다착과 모습(F)

유통시장 조사는 재래시장과 대형마트에 대하여 실시하였으며, 재래시장에서 유통되는 수박은 품질이 국내에 비하여 낮은 편이었다. 과실돌리기가 이루어지지 않아 지면과 맞닿은 면은 노란색을 띠었다. 육질은 국내에 비하여 무른편이었으며, 당도는 비슷하였다. 수박의 꼭지가 길게 달려있다는 것이 우리나라와 비슷 특징이었는데 우리나라와 같은 T자 형태는 드물었으며, 대부분은 꼭지가 줄기에서 바로 절단되어 길게 붙어 있는 형태였다

대형마트의 수박은 재래시장에 비하여 약간 가격이 높은 편이었으나, 품질의 차이는 크게 다르지 않았으며, 과일표피에 상처가 많으며, 흙 등의 이물질이 부착되어 있으며, 해충에 의한 상처 발생 과일도 판매되고 있는 등 품질이 낮은 편이었다. 그리고 재래시장처럼 과일꼭지가 길게 붙어있는 형태로 판매되고 있었다. 판매되는 과일의 크기가 중형과 임에도 불구하고 1/2조각, 1/4조각 또는 바로 시식이 가능한 작은 조각 형태로 가공되어 판매되고 있었다.

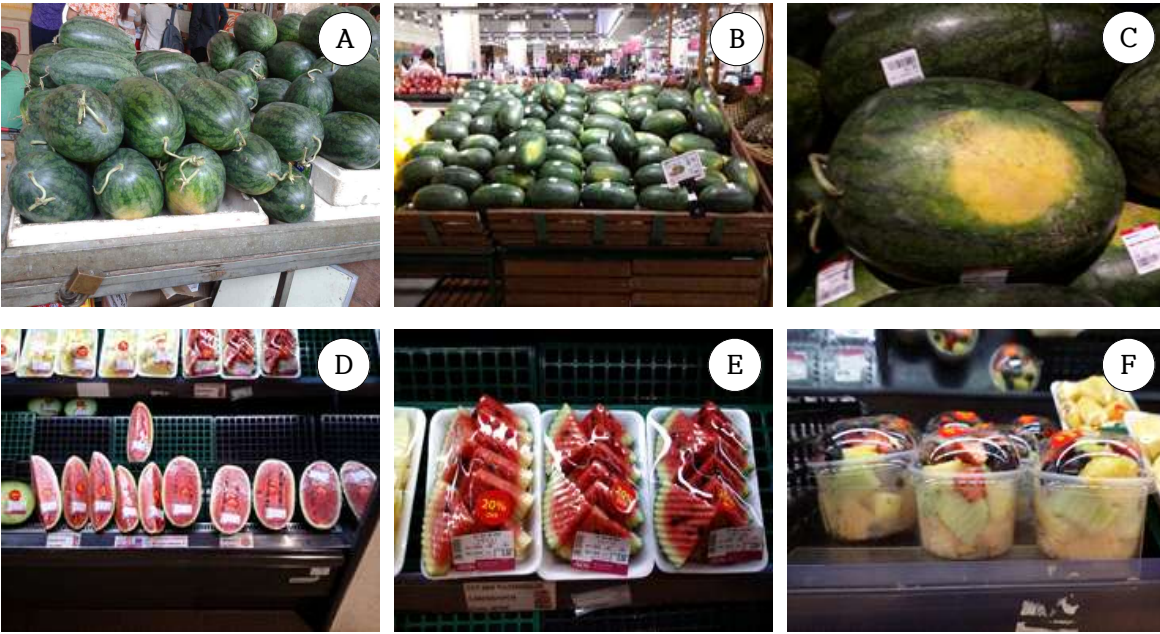


그림 10. 수박 유통 현황. 재래시장 수박 진열판매(A), 대형마트 수박 진열판매(B), 과실 돌리기 미실시에 따른 착색불량(C), Fresh 다양한 형태의 후레쉬컷 수박 판매(D~F)

제 4 장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

제 1 절 연도별 연구목표 및 평가착안점에 입각한 연구개발목표의 달성도

1. 연도별 연구개발목표의 달성도 (제1세부 프로젝트)

| 구분 | 평가항목 | 비중 (%) | 개발목표치 | 달성도 (%) |
|----------------|-----------------------------|--------|--|---------|
| 1차년도 (2013) | -병저항성 지표확립, 병원균 확보, 접종방법 확립 | 30 | -만할병, 탄저병 race, isolate 총 4종 확보 -만할병, 탄저병, potyvirus 지표 총 3종 -병접종방법 확립 3종 및 특성조사 | 100 |
| | -마커개발용 및 핵심유전자원집단 구축 | 20 | -만할병, 탄저병 저항성 모부분 결정 및 집단양성 시작 (3집단) -응성불임성 NIL집단 진전 (1집단) | 100 |
| | -핵심계통 SNP 탐색 시작 | 30 | -목적형질관련 분석용 집단의 모부분 핵심계통 resequencing (6계통) | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -비SCI 1편 | 0 |
| 2차년도 (2014) | -병저항성 지표확립, 병원균 확보, 접종방법 확립 | 20 | -판별식물을 이용한 흰가루병 race 동정 -흰가루병 2W race 내병성 지표확립 -저항성계통 내병성 특성검정 (3점) | 100 |
| | -마커개발용 및 핵심유전자원집단 구축 | 20 | -만할병, 탄저병 F2, BC1 집단 (2집단) -흰가루병, 바이러스병 F1집단 -응성불임성 NIL집단 양성 계속 (1집단) | 100 |
| | -핵심계통 SNP탐색 및 마커 개발 | 30 | -분석용 집단의 resequencing (6점) -만할병, 탄저병, 응성불임성에 대한 후보 마커 개발 시작 (2년차 후반기) | 100 |
| | -논문/특허수 | 30 | -SCI 1편, 비SCI 1편, 특허출원 1편 | 100 |
| 3차년도 (2015) | -마커개발용 분리집단 양성 및 표현형 검정 | 20 | -만할병, 탄저병 F3집단 및 저항성 표현형 검정 (2집단) -흰가루병, 바이러스병 F2, BC1 집단 -상호전좌 집단 양성 시작 (1집단) | 100 |
| | -핵심유전자원 집단의 SNP 분석 | 30 | -분석용 집단의 resequencing (6점) -분석집단들의 SNP마커 도출 | 100 |
| | -목적 형질 MAS용 마커개발 | 30 | -만할병, 탄저병 후보마커 개발, 검정 (후보 5점 이상) -흰가루병, 바이러스병, 응성불임성 후보 마커 개발 시작 | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -SCI 2편, 특허출원 1편 | 100 |
| 4차년도 (2016) | -마커개발용 분리집단 및 표현형 검정 | 20 | -바이러스병 F3집단 및 저항성 표현형 검정 (1집단) -상호전좌 NIL집단 (2집단) | 100 |
| | -목적 형질 MAS용 마커개발 | 30 | -만할병, 탄저병 표현형 유전자지도 연관 분석 (2집단) -흰가루병, 바이러스병, 응성불임성 후보 | 100 |

| | | | | |
|--|--------------------|----|--|-----|
| | | | 마커 표현형 검정 (각 1점이상) | |
| | -핵심유전자원 집단의 SNP 분석 | 20 | -분석용 집단의 resequencing (6점) -분석집단들의 SNP마커 도출 | 100 |
| | -민간회사 MAS 지원 | 10 | -만할병, 탄저병 연관마커 MAS지원 | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -SCI 2편, 출원 1편, 등록 1편 | 100 |

2. 연도별 연구개발목표의 달성도 (제2세부 프로젝트)

| 구분 | 평가항목 | 비중 (%) | 개발목표치 | 달성도 (%) |
|----------------|--------------------|--------|--------------------|---------|
| 1차년도 (2013) | -표현형 분석기술 개발 | 35 | -과특성 형질 3종 | 100 |
| | -핵심유전자원집단 구축 | 25 | -과특성 4점 | 100 |
| | -마커개발용 분리집단 양성 | 20 | -과특성 F1 6 집단 | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -비SCI 1편 | 0 |
| 2차년도 (2014) | -표현형 분석기술 개발 | 35 | -기능성 형질 3종 | 100 |
| | -핵심유전자원집단 구축 | 25 | -과특성 4점, 기능성 1점 | 100 |
| | -마커개발용 분리집단 양성 | 20 | -과특성 F2, BC1 각 3집단 | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -비SCI 1편, 출원 1편 | 200 |
| 3차년도 (2015) | -마커개발용 분리집단 양성 | 20 | -과특성 F2, BC1 각 3집단 | 100 |
| | -핵심유전자원 집단의 SNP 분석 | 30 | -과특성 부모본 2점 | 100 |
| | -과특성 형질 MAS용 마커개발 | 30 | -과특성 형질 2종 | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -SCI 1편 | 300 |
| 4차년도 (2016) | -마커개발용 분리집단 양성 | 20 | -기능성 F1, BC1 각 3집단 | 100 |
| | -민간회사 MAS 지원 | 10 | -과특성 형질 2종 | 100 |
| | -과특성 형질 MAS용 마커개발 | 30 | -과특성 형질 3종 | 100 |
| | -핵심유전자원 집단의 SNP 분석 | 20 | -기능성 부모본 2점 | 100 |
| | -논문/특허수 | 20 | -SCI 1편, 출원 1편 | 200 |

3. 연도별 연구개발목표의 달성도 (제3세부 프로젝트)

| 구분 | 평가항목 | 비중 (%) | 개발목표치 | 달성도 (%) |
|----------------|-------------------------|--------|------------------|---------|
| 1차년도 (2013) | -중국(중북부) 시설재배용 수박 품종 수집 | 60 | - 40품종 및 계통 / 45 | 113 |
| | -수집자원의 원예적 특성조사 및 평 | 40 | - 40품종 및 계통 / 51 | 128 |

| | | | | |
|--------|-----------------------------------|----|------------------|-----|
| | 가 | | | |
| 2차년도 | -중국 남부, 인도네시아 열대/아열대 재배용 수박 품종 수집 | 60 | - 40품종 및 계통 / 50 | 128 |
| (2014) | -수집자원 원예적 특성조사 및 평가 | 40 | - 40품종 및 계통 / 49 | 123 |
| 3차년도 | -스페인, 브라질 온대지역 재배용 수박 품종 수집 | 60 | - 40품종 및 계통 / 70 | 175 |
| (2015) | -수집자원 원예적 특성조사 및 평가 | 40 | - 40품종 및 계통 / 44 | 110 |
| 4차년도 | -그리스, 미서부 온대지역 재배용 수박 품종 수집 | 60 | - 40품종 및 계통 / 60 | 150 |
| (2016) | -수집자원 원예적 특성조사 및 평가 | 40 | - 40품종 및 계통 / 41 | 103 |

4. 연도별 연구개발목표의 달성도 (제4세부 프로젝트)

| 구분 | 평가항목 | 비중 (%) | 개발목표치 | 달성도 (%) |
|----------------|-----------------------------------|--------|--------------|---------|
| 1차년도 (2013) | 1. 수출용 육성재료 수집 | 20 | - 10품종 및 계통 | 100 |
| | 2. 목표한 F ₂ 유전자원 전개 계통수 | 20 | - 10품종 및 계통 | 100 |
| | 3. F ₂ 원예적 특성 조사 | 40 | - 20품종 및 계통 | 100 |
| | 4. 유망계통 선발 및 분양 실적 | 20 | - 20품종 및 계통 | 100 |
| 2차년도 (2014) | 1. 수출용 육성재료 수집 | 20 | - 20품종 및 계통 | 100 |
| | 2. 목표한 F ₂ 유전자원 전개 계통수 | 20 | - 15품종 및 계통 | 100 |
| | 3. F ₂ 원예적 특성 조사 | 40 | - 50품종 및 계통 | 100 |
| | 4. 유망계통 선발 및 분양 실적 | 20 | - 50품종 및 계통 | 100 |
| 3차년도 (2015) | 1. 수출용 육성재료 수집 | 20 | - 20품종 및 계통 | 100 |
| | 2. 목표한 F ₂ 유전자원 전개 계통수 | 20 | - 21품종 및 계통 | 100 |
| | 3. F ₂ 원예적 특성 조사 | 40 | - 70품종 및 계통 | 100 |
| | 4. 유망계통 선발 및 분양 실적 | 20 | - 70품종 및 계통 | 100 |
| 4차년도 (2016) | 1. 수출용 육성재료 수집 | 20 | - 10품종 및 계통 | 100 |
| | 2. 목표한 F ₂ 유전자원 전개 계통수 | 20 | - 20품종 및 계통 | 100 |
| | 3. F ₂ 원예적 특성 조사 | 40 | - 100품종 및 계통 | 100 |
| | 4. 유망계통 선발 및 분양 실적 | 20 | - 100품종 및 계통 | 100 |

제 2 절 관련분야의 기술발전예의 기여도

1. 관련분야 기술발전 기여도 (제1세부 프로젝트)

- 제1, 2세부과제에서는 1단계 4년동안 특허출원 9건, 특허등록 2건, SCI 논문 10편, 분자마커 개발 17건으로 국내외 수박 분자유종관련 기술개발에 중요한 기여를 하였음.
- 본 프로젝트에서는 육종현장에서 직접적인 활용이 가능한 MAS용 분자마커 개발과 동시에, 육종산업의 기반을 튼튼히 하기 위하여, 수박 품목을 대상으로 한국 우수계통 표준유전체 확보, 다양한 상업용 계통 및 목적형질을 갖는 야생계통들의 유전체 재분석, QTL 분석을 위한 GBS 방법 및 고밀도 유전자지도 작성법의 확립, MABC 적용을 위한 분석기반 확립, GWAS 분석기반 확립, 전사체 분석기법 확립, 유전자 및 유전자마커 기능검정을 위한 바이러스벡터 개발 등의 연구결과를 제시하였음.
- 이러한 기반과제로서의 노력과 결과는 향후 2단계 GSP채소종자사업에서 결실을 맺을 수 있을 것으로 기대하고 있으며, 해외 글로벌 육종산업과 비교할 때 절대 뒤떨어지지 않는 기반을 확충하여 세계적인 육종기술 및 지원 시스템 확립의 위치를 점하고 있다고 판단하고 있음.
- 수박에서 주로 발병하는 만할병, 탄저병, 흰가루병, 바이러스(ZYMV) 등의 병원체 동정부터 저항성 판별지표개발을 수행하였고, 상호전좌 분석을 통한 씨적은 수박의 개발 및 음성불임 연관분자마커 개발 등 내병성 및 변이염색체 육종체계를 확립하여 국내 육종회사에서 활용 가능한 결과를 확보하였고, 육종회사로 특허의 기술이전과 매년 진단 및 마커지원 서비스를 수행하였음.

2. 관련분야 기술발전 기여도 (제2세부 프로젝트)

- 국내 수박 육종 프로그램에 분자마커 활용 기반 마련
 - 국내 수박의 분자마커 개발 및 활용도는 타 작물에 비해 매우 낮은 수준이었지만 본 과제를 통해 육종소재 및 분리집단의 확보, 표현형 검정기술의 개발 등 마커개발에 기반이 되는 기술 및 정보를 확보함
 - 특히 Texture Analyser를 이용한 과육경도의 측정은 기존 경도계를 이용하는 방법보다 신뢰성이 높아 고경도 품종육성용 분자마커 개발을 위한 분리집단의 표현형 분석 등에 활용가치가 매우 높음
- MAS용 분자마커 개발 및 활용
 - 전통육종에서 이루어지는 표현형 기반의 선발에 비해 목표형질과 연관된 분자표지를 수박 육성에 활용함으로써 정확하고 신속하게 목표 형질을 지닌 개체 선발(MAS)이 가능하게 되었음

- 본 연구에서 개발된 과형, 과색, 과피무늬 마커들은 실제 민간육종회사에 MAS 프로그램에 활용되고 있으며 이를 통해 육종연한 및 노동력, 비용을 절감할 수 있게 되었음
- 이들 형질 이외에 고라이코펜 함량, 과육경도 연관 분자표지 개발에 필요한 유전자원, 집단, 염기서열정보가 확보되어 향후 마커개발이 용이하리라 봄
- NGS 기반 유전체 분석 및 분자마커이용여교잡(MABC)용 분자마커 개발
 - 최근 주요작물에서 NGS를 기반으로한 resequencing, GBS 등이 활발히 이루어지고 있으나, 국내 수박 연구에서는 본 과제를 통해 최초로 시도되었음
 - 축적된 노하우를 통해 수박 및 박과작물에서 지속적인 유전체 연구를 위한 NGS 기술이 확보되었다고 할 수 있음
 - 특히 여교잡육종에 있어 MABC을 통해 신속하게 회복친의 유전자들을 선발함으로써 MAS와 함께 활용할 경우 목표형질의 우수 고정계통 개발 효율을 극대화 할 수 있는데, 본 과제에서 확보한 19개 품종의 resequencing 정보와 96개 품종의 GBS 정보는 MABC 마커를 개발하는데 효과적으로 활용되었음
 - 또한 96개 품종에 대한 과특성 형질이 조사되어 있고 대량 SNP정보가 확보되어 있어 향후 GWAS를 통한 마커개발의 가능성을 수박에서 검토해 볼 수 있는 기반을 마련하였음

3. 관련분야 기술발전 기여도 (제3세부 프로젝트)

- 수출 목표시장별(중국, 인도네시아, 스페인, 그리스, 브라질, 미서부) 수박의 시판종 및 유전자원 225점 수집
- 수출 목표시장별(중국, 인도네시아, 스페인, 그리스, 브라질, 미서부) 수박의 시판종 및 유전자원 225점 등록
- 수집자원에 대한 병저항성 검정 190점, 원예적 특성 검정 및 기능성 분석 169점을 실시
- 수집자원의 F2 계통 대해 4개 민간종자회사 31계통 1,460립을 대해 분양
- 수집자원의 주요특성에 대한 database 구축

4. 관련분야 기술발전 기여도 (제4세부 프로젝트)

- 수출 목표시장 주요 품종(F₁) 수집 및 재래종 등 유전자원 63건 수집
- F₂ 계통 111점을 전개하여 원예적 특성 평가, 분리세대 작성 후 database 구축
- 해외 수출용 육종 소재로 활용될 우량계통을 999점 선발·분양함

제 5 장. 연구개발 성과 및 성과활용 계획

제 1 절 연구개발 성과활용 계획

1. 제1세부과제: 수출용 수박 내병성 및 변이염색체 활용 분자유종 시스템 개발

- 특허출원한 분자마커 5건 외에 추가 개발된 마커들은 특허출원 및 신규 기술이전을 통해 사업단을 비롯한 종자회사에서 활용 가능하도록 지원할 계획임 (탄저병 저항성 및 응성 불임 분자마커는 특허출원 진행 중임)
- 분리세대 및 육종 현장에서 검증이 된 연구결과들은 논문으로 게재 예정임 (흰가루병, 탄저병, 만할병 저항성 및 응성불임, 상호전좌, 종자크기 관련 논문 작성을 진행 중임)
- 1단계에서 개발된 마커들은 2단계에서 다양한 분리개체들에 대한 genotyping을 추가로 수행하여 좀더 근접 연관마커로 개발하여 MABC에 활용할 수 있는 MAS용 마커로 활용할 예정임
- 1단계에서 확보한 분리집단 및 우수 형질보유 계통들은 잎 샘플들을 최대한 보관하고 있어 DNA 서열정보와 같이 2단계에서 활용할 예정임
- 1단계에서 확립한 생물정보학적 분석 프로그램 등의 기반시스템을 2단계에서 지속적으로 활용할 예정임

2. 제2세부과제: 수출용 기능성 수박분자유종 시스템 개발

- 특허출원한 분자마커 기술(과형, 호피무늬, MABC용 마커)에 대해서는 기술이전을 통해 사업단을 비롯한 종자회사에서 활용 가능하도록 지원할 계획임
- 특허출원 후 연구결과를 국내외 SCI 논문에 게재하여 연구 성과를 홍보 함 (3편의 논문이 발표되었으며, 현재 2 편의 논문을 준비 중에 있으며 곧 국제 SCI 논문에 투고 예정)
- 개발된 마커 중 과특성 연관 마커는 현재 MAS 지원에 활용 하고 있으며, 최근 개발된 MABC용 마커와 수박 타입간 판별 마커에 대해서는 특허출원이 완료되었고, 추후 사업단과의 기술이전을 협약하고 민간종자회사 MABC 지원에 활용하고자 함.
- 1 단계에서 개발된 마커개발용 분리집단, 부모본 계통, 표현형 분석 기술, 게놈염기서열 정보 등은 2 단계 연구사업에서도 지속적으로 활용 될 수 있도록 지원할 계획임

3. 제3세부과제: 수박 수출 목표시장별 우수 시판종 수집 및 평가

- 수출 목표시장별(중국, 인도네시아, 스페인, 그리스, 브라질, 미서부) 수박의 시판종 및 유전자원 225점에 대해 국립농업과학원 농업유전자원센터에 등록되어 있어 분양신청을 통한 국내 육종 연구에 활용
- 1 단계에서 수집한 유전자원에 대해 2 단계 연구사업에서도 민간종자회사에 지속적으로 활용 될 수 있도록 지원할 계획임

4. 제4세부과제: 수박 해외 우수시판종의 분리세대 전개 및 선발

- 국내 종묘회사들의 수박 수출품종 육성을 위하여 우량형질을 보유한 F₂계통을 전개하여 여기에서 분리되어 다시 선발된 수출목표 시장별 적합한 우량 F₃계통을 4년간 999점을 분양함.
- 이 계통들을 현재 육종회사에서 재선발, 고정, 교잡의 과정을 거치고 있으며, 향후 수출품종으로 활용될 계획이다. 그리고 해외에서 수집된 우점품종 63점은 국립농업유전자원센터에 기탁되어 있으며, 육종회사에서 필요 시 분양 요청에 의해서 활용될 예정임.

제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

2015년 8월 중국 농림과학원 산하 채소작물연구소에서는 본 연구팀과 동일한 야생 수박 유전자원인 PI 189225를 사용하여 DArTseq 방법으로 유전자 지도를 작성하였으며, segregation distortion 에 대한 해석을 시도하였다. 특히 PI 189225 자원에 대한 중요성을 언급하였다.

Mol Genet Genomics
DOI 10.1007/s00438-015-0997-7

ORIGINAL PAPER

Construction of a high-density DArTseq SNP-based genetic map and identification of genomic regions with segregation distortion in a genetic population derived from a cross between feral and cultivated-type watermelon

Runsheng Ren · Rumiana Ray · Pingfang Li ·
Jinhua Xu · Man Zhang · Guang Liu · Xiefeng Yao ·
Andrzej Kilian · Xingping Yang

Received: 18 November 2014 / Accepted: 17 January 2015
© Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2015

Abstract Watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai] is an economically important vegetable crop grown extensively worldwide. To facilitate the identification of agronomically important traits and provide new information for genetic and genomic research on this species, a high-density genetic linkage map of watermelon was constructed using an F₂ population derived from a cross between elite watermelon cultivar K3 and wild watermelon germplasm PI 189225. Based on a sliding window approach, a total of 1,161 bin markers representing 3,465 SNP markers were mapped onto 11 linkage groups corresponding to the chromosome pair number of watermelon. The total length of the genetic map is 1,099.2 cM, with an average distance between bins of 1.0 cM. The number of markers in each chromosome varies from 62 in chromosome 07 to 160 in chromosome 05. The length of individual chromosomes ranged between 61.8 cM for chromosome 07 and 140.2 cM for chromosome 05. A total of 616

SNP bin markers showed significant ($P < 0.05$) segregation distortion across all 11 chromosomes, and 513 (83.3 %) of these distorted loci showed distortion in favor of the elite watermelon cultivar K3 allele and 103 were skewed toward PI 189225. The number of SNPs and InDels per Mb varied considerably across the segregation distorted regions (SDRs) on each chromosome, and a mixture of dense and sparse SNPs and InDel SDRs coexisted on some chromosomes suggesting that SDRs were randomly distributed throughout the genome. Recombination rates varied greatly among each chromosome, from 2.0 to 4.2 centimorgans per megabase (cM/Mb). An inconsistency was found between the genetic and physical positions on the map for a segment on chromosome 11. The high-density genetic map described in the present study will facilitate fine mapping of quantitative trait loci, the identification of candidate genes, map-based cloning, as well as marker-assisted selection (MAS) in watermelon breeding programs.

Communicated by S. Hohmann.

Electronic supplementary material The online version of this article (doi:10.1007/s00438-015-0997-7) contains supplementary material, which is available to authorized users.

R. Ren · P. Li · J. Xu · M. Zhang · G. Liu · X. Yao · X. Yang (✉)
Institute of Vegetable Crops, Jiangsu Academy of Agricultural
Sciences, 30 Zhongling Street, Nanjing 210014, China
e-mail: xingping@jaus.ac.cn

R. Ren · R. Ray
Division of Plant and Crop Sciences, School of Biosciences,
University of Nottingham, Sutton Bonington Campus,
Loughborough LE12 5RD, UK

A. Kilian
DArT P/L, PO Box 7141, Yarrabankia, Canberra,
ACT 2600, Australia

Keywords Watermelon · Linkage map · SNP ·
High density · DArTseq

Introduction

Watermelon is an important vegetable crop worldwide with production of more than 100 million tons accounting for about 7 % of total vegetable production worldwide (FAO Stat; <http://www.fao.org/>). Watermelon, *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai ($2n = 2x = 22$) is a diploid species belonging to the family Cucurbitaceae with an estimated genome size of 425 Mb (Aramuganathan and Earle 1991). The development of genetic linkage maps can facilitate the identification of biologically and agronomically important trait loci and further deployment in crop

Published online: 22 February 2015

 Springer

2015년 미국의 수박 연구그룹은 수박의 microsatellite marker를 이용하여 과실의 형질에 대한 mapping을 selective sweeps 방법으로 수행하여 보고하였다. 즉, 야생자원의 재배화 과정에서 주요한 대립유전자에 대한 연구로 형질마커를 개발한 내용이다.

Journal of Heredity 2015, 106(2):166–176
doi:10.1093/heredity/077
Advance Access publication November 23, 2014

© The American Genetic Association 2014. All rights reserved.
For permissions, please e-mail journals.permissions@oup.com

A Genome-Wide Scan of Selective Sweeps and Association Mapping of Fruit Traits Using Microsatellite Markers in Watermelon

UMESH K. REDDY*, LAVANYA ABBURI[†], VENKATA LAKSHMI ABBURI, THANGASAMY SAMINATHAN, ROBERT CANTRELL, VENKATA GOPINATH VAJA, RESHI REDDY, YAN R. TOMASON, AMNON LEVI, TODD C. WEHNER, AND PADMA NIRMALAKAYALA*

From the Department of Biology, Gus R. Douglass Institute, West Virginia State University, Institute, WV 25112-1000 (Reddy, Abburi, Saminathan, Cantrell, Vaja, Reddy, Tomason, and Nirmalakayala); the US Vegetable Laboratory, USDA, ARS, 2875 Savannah Highway, Charleston, SC 29414 (Levi); and the Department of Horticultural Science, North Carolina State University, Raleigh, NC 27695-7609 (Wehner).

*These authors contributed equally to the work.

Author correspondence to Umesh K. Reddy at the address above, or e-mail ureddy@wvstateu.edu.

Abstract

Our genetic diversity study uses microsatellites of known map position to estimate genome level population structure and linkage disequilibrium, and to identify genomic regions that have undergone selection during watermelon domestication and improvement. Thirty regions that showed evidence of selective sweep were scanned for the presence of candidate genes using the watermelon genome browser (www.cupj.org). We localized selective sweeps in intragenic regions, close to the promoters, and within the exons and introns of various genes. This study provided an evidence of convergent evolution for the presence of diverse alleles with special reference to American and European ecotypes. Our search for location of linked markers in the whole-genome draft sequence revealed that BVWS00358, a GA repeat microsatellite, is the GAGA type transcription factor located in the 5' untranslated regions of a structure and insertion element that expresses a Cys₂Hhc₂ Zinc finger motif, with presumed biological processes related to chitin response and transcriptional regulation. In addition, BVWS01708, an ATT repeat microsatellite, located in the promoter of a DTW domain-containing protein (Csa002761); and 2 other simple sequence repeats that association mapping link to fruit length and rind thickness.

Subject areas: Genomics and gene mapping, Quantitative genetics and Mendelian inheritance

Key words: domestication, heterozygosity, linkage disequilibrium, population structure, recombination rate

Watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. and Nakai] is a specialty crop with a genome size of 423 Mb ($2n = 2x = 22$). The cultivated desert watermelon flesh contains 87–90% water, a high sugar content (8–13%), and several important health-related compounds, including lycopene, citrulline, arginine, and glutathione (Ren et al. 2012; Nirmalakayala et al. 2014a). *Citrullus lanatus* subsp. *mannissipensis* represent the "agui" watermelon group, and have large edible seeds with a fleshy pericarp; *C. lanatus* subsp. *agui* represent the red sweet dessert type (Parks 1972; Jeffrey 2001). Although genetic diversity within subsp. *agui* is extremely narrow, the cultivars are phenotypically diverse in fruit shape, flesh

texture and color, fruit weight, soluble solids, and rind thickness (Levi 2006).

Beeding watermelon of fairly similar backgrounds has resulted in a narrow bottleneck of genetic diversity (Levi et al. 2001). The molecular diversity of watermelon cultivars is reflected in the low number of single nucleotide polymorphisms (SNPs) between the American heirloom cultivar Charleston Gray and the Chinese *skin* line 97103, which show an average of 1 SNP every 1430bp (Guo et al. 2013). Our previous study confirmed the narrow genetic diversity among American watermelon accessions (Nirmalakayala et al. 2014a). One explanation for this narrow diversity is the

2014년 중국 농림과학원 산하 채소작물연구소의 수박 연구그룹은 4가지 수박 mapping 용 집단을 양성하고 이 집단을 이용하여 주요 경제적 형질에 연관된 QTL 분석을 수행한 바 있다.

Ren et al. *BMC Plant Biology* 2014, **14**:33
<http://www.biomedcentral.com/1471-2229/14/33>



RESEARCH ARTICLE

Open Access

An integrated genetic map based on four mapping populations and quantitative trait loci associated with economically important traits in watermelon (*Citrullus lanatus*)

Yi Ren^{1,2}, Cecilia McGregor¹, Yan Zhang¹, Guoyi Gong³, Haiying Zhang², Shaogui Guo³, Honghe Sun¹, Wantao Cai², Jie Zhang² and Yong Xu^{2*}

Abstract

Background: Modern watermelon (*Citrullus lanatus* L.) cultivars share a narrow genetic base due to many years of selection for desirable horticultural qualities. Wild subspecies within *C. lanatus* are important potential sources of novel alleles for watermelon breeding, but successful trait introgression into elite cultivars has had limited success. The application of marker assisted selection (MAS) in watermelon is yet to be realized, mainly due to the past lack of high quality genetic maps. Recently, a number of useful maps have become available, however these maps have few common markers, and were constructed using different marker sets, thus, making integration and comparative analysis among maps difficult. The objective of this research was to use single-nucleotide polymorphism (SNP) anchor markers to construct an integrated genetic map for *C. lanatus*.

Results: Under the framework of the high density genetic map, an integrated genetic map was constructed by merging data from four independent mapping experiments using a genetically diverse array of parental lines, which included three subspecies of watermelon. The 698 simple sequence repeat (SSR), 219 insertion-deletion (InDel), 36 structure variation (SV) and 386 SNP markers from the four maps were used to construct an integrated map. This integrated map contained 1339 markers, spanning 798 cM with an average marker interval of 0.6 cM. Fifty-eight previously reported quantitative trait loci (QTL) for 12 traits in these populations were also integrated into the map. In addition, new QTL identified for brix, fructose, glucose and sucrose were added. Some QTL associated with economically important traits detected in different genetic backgrounds mapped to similar genomic regions of the integrated map, suggesting that such QTL are responsible for the phenotypic variability observed in a broad array of watermelon germplasm.

Conclusions: The integrated map described herein enhances the utility of genomic tools over previous watermelon genetic maps. A large proportion of the markers in the integrated map are SSRs, InDels and SNPs, which are easily transferable across laboratories. Moreover, the populations used to construct the integrated map include all three watermelon subspecies, making this integrated map useful for the selection of breeding traits, identification of QTL, MAS, analysis of germplasm and commercial hybrid seed detection.

Keywords: Watermelon, integrated genetic map, QTL, sugar content

* Correspondence: yxu@cah.zjhu.cn
²National Engineering Research Center for Vegetables, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticultural Crops (North China), Beijing 100081, China
Full list of author information is available at the end of the article



© 2014 Ren et al.; licensee BioMed Central Ltd. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/2.0/>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

2014년 미국과 이스라엘의 수박 연구그룹은 고밀도 유전자지도를 작성하였으며, 수박의 계통 수준에서 교차에 의한 재조합율을 분석하였고, 수박 자원을 야생형, 반야생형, 재배형으로 나누어 전체 염기의 다양성, LD, selective sweep을 분석하였다.

High-Resolution Genetic Map for Understanding the Effect of Genome-Wide Recombination Rate on Nucleotide Diversity in Watermelon

Umesh K. Reddy,^{*,1,2} Padma Nimmakayala,^{*,1} Amnon Levi,[†] Venkata Lakshmi Abburi,^{*} Thangasamy Saminathan,^{*} Yan. R. Tomason,^{*} Gopinath Vajja,^{*} Rishi Reddy,^{*} Lavanya Abburi,^{*} Todd C. Wehner,[‡] Yefim Ronin,[§] and Abraham Karol[¶]

^{*}Gus R. Douglass Institute, Department of Biology, West Virginia State University, Institute, West Virginia 25112-1000, [†]U.S. Vegetable Laboratory, USDA-ARS, 2875 Savannah Highway, Charleston, South Carolina 29414, [‡]Department of Horticultural Science, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina 27695-7609, and [§]Institute of Evolution, Haifa University, Haifa 31905, Israel

ABSTRACT We used genotyping by sequencing to identify a set of 10,480 single nucleotide polymorphism (SNP) markers for constructing a high-resolution genetic map of 1096 cM for watermelon. We assessed the genome-wide variation in recombination rate (GWRR) across the map and found an association between GWRR and genome-wide nucleotide diversity. Collinearity between the map and the genome-wide reference sequence for watermelon was studied to identify inconsistency and chromosome rearrangements. We assessed genome-wide nucleotide diversity, linkage disequilibrium (LD), and selective sweep for wild, semi-wild, and domesticated accessions of *Citrullus lanatus* var. *lanatus* to track signals of domestication. Principal component analysis combined with chromosome-wide phylogenetic study based on 1563 SNPs obtained after LD pruning with minor allele frequency of 0.05 resolved the differences between semi-wild and wild accessions as well as relationships among worldwide sweet watermelon. Population structure analysis revealed predominant ancestries for wild, semi-wild, and domesticated watermelons as well as admixture of various ancestries that were important for domestication. Sliding window analysis of Tajima's *D* across various chromosomes was used to resolve selective sweep. LD decay was estimated for various chromosomes. We identified a strong selective sweep on chromosome 3 consisting of important genes that might have had a role in sweet watermelon domestication.

KEYWORDS
high-density
genetic map
genotyping by
sequencing
genome-wide
recombination
rate
linkage
disequilibrium
selective sweep
watermelon

Watermelon belongs to the genus *Citrullus* Schrad. Ex Eckl. et Zeyh., which thrives in the Kalahari Desert (Namibia and Botswana) and is indigenous to southern Africa (Whitaker and Bemis 1976). The genus comprises four known diploid ($n = 11$) species (Dane and Liu 2007;

Reddy *et al.* 2013). Among them is the annual *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum et Nakai, which is indigenous to arid sandy regions of southern Africa (Meuse 1962; Robinson and Decker-Walters 1999). *C. lanatus* var. *lanatus* Schrad. Ex Eckl. et Zeyh and *C. lanatus* var. *citroides* (L.H. Bailey) are two botanical varieties (Levi *et al.* 2013). *C. lanatus* var. *lanatus* includes the wild and semi-wild *mucosperma* (egasi types) and sweet *rugaris* forms. The wild *mucosperma* forms and the *Tsamma* types (*citroides*) look similar, except that in var. *lanatus*, the stomata have one pair of subsidiary cells as compared with three pairs in the *Tsamma melon* (Botha 1982). However, the types are quite diverse at the molecular and cytological levels (Nimmakayala *et al.* 2010; Reddy *et al.* 2013).

The Plant Genetic Resources Conservation Unit (PGRCU; Griffin, GA), US Department of Agriculture-Agricultural Research Services (USDA-ARS), maintains more than 1650 US plant introductions of *Citrullus lanatus* var. *lanatus* (Levi *et al.* 2013). Nimmakayala *et al.* (2014) performed the most recent diversity analysis using 134 single

Copyright © 2014 Reddy *et al.*
doi: 10.1534/g3.114.012815

Manuscript received June 18, 2014; accepted for publication September 7, 2014; published Early Online September 15, 2014.

This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Unported License (<http://creativecommons.org/licenses/by/3.0/>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Supporting information is available online at <http://www.g3journal.org/lookup/suppl/doi:10.1534/g3.114.012815/-DC1>

[†]These authors contributed equally to this work.

^{*}Corresponding author: 25 Barcor Drive, Gus R. Douglass Institute, Department of Biology, West Virginia State University, Institute, WV 25112. E-mail: ureddy@wvstateu.edu

- 국제 문헌을 통해 수박 과육색 관련하여 orange, salmon yellow, canary yellow에 해당하는 품종들을 해외로부터 수집하였으며, orange 과육색 중 prolycopene과 b-carotene 성분에 의해 구분되는 유전자원을 확보하고 분리집단 개발 및 마커 개발을 수행 중에 있음
- Lycopene beta-cyclase (LCYB) 유전자 mutant allele로부터 개발된 exon 및 promoter 영역의 CAPS, SCAR 마커정보를 해외 문헌으로부터 수집하여 국내 수박 육성소재에 적용 가능성을 확인하였으며 MAS에 활용 중임
- 국제문헌들로부터 다수의 과중, 과형, 당도 등 과특성 형질 QTL map의 통합 지도 (integrated map)에 대한 정보를 수집하고 본 연구에서 탐색된 후보유전자, 마커들과의 colocalization을 수행 하였음
- 이외, 수박의 high-resolution map, genome resequencing, GBS 등 NGS 기반 유전체 분석결과와 관련된 국제 논문들을 다수 수집하였음

제 7 장 참고문헌

- Bang, Haejeen, et al. "Development of a Codominant CAPS Marker for Allelic Selection between Canary Yellow and Red Watermelon Based on SNP in Lycopene *B*-Cyclase (LCYB) Gene." *Molecular Breeding* 20.1 (2007): 63-72. Print.
- Bang, Haejeen, et al. "Differential Expression of Carotenoid Biosynthesis Genes among Different Colored Flesh in Watermelons [*Citrullus Lanatus* (Thunb)]." *HortScience* 39.4 (2004): 869-70. Print.
- Boyhan, G.E., J.D. Norton, B.R. Abrahams, and H.H. Wen, 1994. A New Source of Resistance to Anthracnose (Race 2) in Watermelon. *Hortscience* 29:111-112.
- Bramley, P. M. "Regulation of Carotenoid Formation during Tomato Fruit Ripening and Development." *Journal of experimental botany* 53.377 (2002): 2107-13. Print.
- Clotault, J., et al. "Expression of Carotenoid Biosynthesis Genes during Carrot Root Development." *Journal of experimental botany* 59.13 (2008): 3563-73. Print.
- Edwards, D., and J. Batley. "Plant Genome Sequencing: Applications for Crop Improvement." *Plant biotechnology journal* 8.1 (2010): 2-9. Print.
- Edwards, D., and J. Batley. "Plant Genome Sequencing: Applications for Crop Improvement." *Plant biotechnology journal* 8.1 (2010): 2-9. Print.
- Elshire, R.J., J.C. Glaubitz, Q. Sun, J.A. Poland, K. Kawamoto, E.S. Buckler, and S.E. Mitchell, 2011. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *PLoS One* 6:e19379.
- Fernandez-Silva, I., I. Eduardo, J. Blanca, C. Esteras, B. Pico, F. Nuez, P. Arus, J. Garcia-Mas, and A.J. Monforte, 2008. Bin mapping of genomic and EST-derived SSRs in melon (*Cucumis melo* L.). *Theor Appl Genet* 118:139-150.
- Grassi, S., et al. "Comparative Genomics Reveals Candidate Carotenoid Pathway Regulators of Ripening Watermelon Fruit." *BMC genomics* 14 (2013): 781,2164-14-781. Print.
- Guo, S., et al. "The Draft Genome of Watermelon (*Citrullus Lanatus*) and Resequencing of 20 Diverse Accessions." *Nature genetics* 45.1 (2013): 51-8. Print.
- Gusmini, G., 2005. Inheritance of fruit characteristics and disease resistance in watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. and Nakai]. North Carolina State University, Ann Arbor, 3162441 Ph.D.
- Hasan, M.M., M.Y. Rafii, M.R. Ismail, M. Mahmood, H.A. Rahim, M.A. Alam, S. Ashkani, M.A. Malek, and M.A. Latif, 2015. Marker-assisted backcrossing: a useful method for rice improvement. *Biotechnol Biotechnol Equip* 29:237-254.

- Hasan, Muhammad Mahmudul, et al. "Marker-Assisted Backcrossing: A Useful Method for Rice Improvement." *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 29.2 (2015): 237-54. Print.
- Hashizume, T., I. Shimamoto, and M. Hirai, 2003. Construction of a linkage map and QTL analysis of horticultural traits for watermelon [*Citrullus lanatus* (THUNB.) MATSUM & NAKAI] using RAPD, RFLP and ISSR markers. *Theor Appl Genet* 106:779-785.
- Hashizume, T., I. Shimamoto, and M. Hirai. "Construction of a Linkage Map and QTL Analysis of Horticultural Traits for Watermelon [*Citrullus Lanatus* (THUNB.) MATSUM & NAKAI] using RAPD, RFLP and ISSR Markers." *Theoretical and Applied Genetics* 106.5 (2003): 779-85. Print.
- Hashizume, T., I. Shimamoto, Y. Harushima, M. Yui, T. Sato, T. Imai, and M. Hirai, 1996. Construction of a linkage map for watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai) using random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Euphytica* 90:265-273.
- Hildebrand, Carl E., et al. "Informativeness of Polymorphic DNA Markers." *The human genome project: deciphering the blueprint of heredity. University Science Books, Sausalito* (1994): 100-2. Print.
- Hwang, Ji-Hyeon, et al. "Evaluation of Genetic Diversity among Persimmon Cultivars (*Diospyros Kaki* Thunb.) using Microsatellite Markers." *Journal of Life Science* 20.4 (2010): 632-8. Print.
- Hwang, Ji-Hyeon, et al. "Evaluation of Genetic Diversity among Persimmon Cultivars (*Diospyros Kaki* Thunb.) using Microsatellite Markers." *Journal of Life Science* 20.4 (2010): 632-8. Print.
- Inthichack, P., Y. Nishimura, and Y. Fukumoto, 2014. Effect of diurnal temperature alternations on plant growth and mineral composition in cucumber, melon and watermelon. *Pak J Biol Sci* 17:1030-1036.
- Jeong, Hyeon-Seok, et al. "Marker-Assisted Backcross Breeding for Development of Pepper Varieties (*Capsicum Annuum*) Containing Capsinoids." *Molecular Breeding* 35.12 (2015): 226. Print.
- Kato, M., et al. "Accumulation of Carotenoids and Expression of Carotenoid Biosynthetic Genes during Maturation in Citrus Fruit." *Plant Physiology* 134.2 (2004): 824-37. Print.
- Kim, K.H., S.G. Ahn, J.H. Hwang, Y.M. Choi, H.S. Moon, and Y.H. Park, 2013. Inheritance of resistance to powdery mildew in the watermelon and development of a molecular marker for selecting resistant plants. *Horticulture Environment and Biotechnology* 54:134-140.
- Kosambi, D.D., 1944. The estimation of map distances from recombination values. *Ann Eugen* 12:172-175.

- Levi, A., C.E. Thomas, T. Trebitsh, A. Salman, J. King, J. Karalius, M. Newman, O.U.K. Reddy, Y. Xu, and X. Zhang, 2006. An extended linkage map for watermelon based on SRAP, AFLP, SSR, ISSR, and RAPD markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 131:393-402.
- Levi, A., C.E. Thomas, X.P. Zhang, T. Joobeur, R.A. Dean, T.C. Wehner, and B.R. Carle, 2001. A genetic linkage map for watermelon based on randomly amplified polymorphic DNA markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 126:730-737.
- Levi, A., E. Thomas, T. Joobeur, X. Zhang, and A. Davis, 2002. A genetic linkage map for watermelon derived from a testcross population: (*Citrullus lanatus* var. *citroides* x *C. lanatus* var. *lanatus*) x *Citrullus colocynthis*. *Theor Appl Genet* 105:555-563.
- Levi, A., J.A. Thies, W.P. Wechter, H.F. Harrison, A.M. Simmons, U.K. Reddy, P. Nimmakayala, and Z.J. Fei, 2013. High frequency oligonucleotides: targeting active gene (HFO-TAG) markers revealed wide genetic diversity among *Citrullus* spp. accessions useful for enhancing disease or pest resistance in watermelon cultivars. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60:427-440.
- Li, H. and R. Durbin, 2009. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics* 25:1754-1760.
- Li, Y.D., Z.Z. Chu, X.G. Liu, H.C. Jing, Y.G. Liu, and D.Y. Hao, 2010. A cost-effective high-resolution melting approach using the EvaGreen dye for DNA polymorphism detection and genotyping in plants. *J Integr Plant Biol* 52:1036-1042.
- Mohanty, Nayan Kumar, et al. "Lycopene as a Chemopreventive Agent in the Treatment of High-Grade Prostate Intraepithelial Neoplasia". *Urologic Oncology: Seminars and Original Investigations*. Elsevier , 2005. 383-385. Print.
- Neeraja, CN, et al. "A Marker-Assisted Backcross Approach for Developing Submergence-Tolerant Rice Cultivars." *Theoretical and Applied Genetics* 115.6 (2007): 767-76. Print.
- Nimmakayala, P., A. Levi, L. Abburi, V.L. Abburi, Y.R. Tomason, T. Saminathan, V.G. Vajja, S. Malkaram, R. Reddy, T.C. Wehner, S.E. Mitchell, and U.K. Reddy, 2014a. Single nucleotide polymorphisms generated by genotyping by sequencing to characterize genome-wide diversity, linkage disequilibrium, and selective sweeps in cultivated watermelon. *BMC Genomics* 15:767.
- Nimmakayala, P., A. Levi, L. Abburi, V.L. Abburi, Y.R. Tomason, T. Saminathan, V.G. Vajja, S. Malkaram, R. Reddy, T.C. Wehner, S.E. Mitchell, and U.K. Reddy, 2014b. Single nucleotide polymorphisms generated by genotyping by sequencing to characterize genome-wide diversity, linkage disequilibrium, and selective sweeps in cultivated watermelon. *BMC Genomics* 15:767.
- Paris, H. S. "Origin and Emergence of the Sweet Dessert Watermelon, *Citrullus Lanatus*." *Annals of botany* 116.2 (2015): 133-48. Print.

- Park, Younghoon, and Seongkeun Cho. "Watermelon Production and Breeding in South Korea." *Israel Journal of Plant Sciences* 60.4 (2012)Print.
- Pecker, Iris, et al. "Cloning and Characterization of the cDNA for Lycopene *B*-Cyclase from Tomato Reveals Decrease in its Expression during Fruit Ripening." *Plant Molecular Biology* 30.4 (1996): 807-19. Print.
- Petroli, C.D., C.P. Sansaloni, J. Carling, D.A. Steane, R.E. Vaillancourt, A.A. Myburg, O.B. da Silva, Jr., G.J. Pappas, Jr., A. Kilian, and D. Grattapaglia, 2012. Genomic characterization of DArT markers based on high-density linkage analysis and physical mapping to the Eucalyptus genome. *PLoS One* 7:e44684.
- Reddy, U.K., P. Nimmakayala, A. Levi, V.L. Abburi, T. Saminathan, Y.R. Tomason, G. Vajja, R. Reddy, L. Abburi, T.C. Wehner, Y. Ronin, and A. Karol, 2014. High-resolution genetic map for understanding the effect of genome-wide recombination rate on nucleotide diversity in watermelon. *G3 (Bethesda)* 4:2219-2230.
- Ren, R., R. Ray, P. Li, J. Xu, M. Zhang, G. Liu, X. Yao, A. Kilian, and X. Yang, 2015. Construction of a high-density DArTseq SNP-based genetic map and identification of genomic regions with segregation distortion in a genetic population derived from a cross between feral and cultivated-type watermelon. *Mol Genet Genomics*.
- Ren, Y., et al. "An Integrated Genetic Map Based on Four Mapping Populations and Quantitative Trait Loci Associated with Economically Important Traits in Watermelon (*Citrullus Lanatus*)." *BMC plant biology* 14 (2014): 33,2229-14-33. Print.
- Ren, Y., H. Zhao, Q. Kou, J. Jiang, S. Guo, H. Zhang, W. Hou, X. Zou, H. Sun, G. Gong, A. Levi, and Y. Xu, 2012. A High Resolution Genetic Map Anchoring Scaffolds of the Sequenced Watermelon Genome. *PLoS ONE* 7.
- Ren, Yi, et al. "A High Resolution Genetic Map Anchoring Scaffolds of the Sequenced Watermelon Genome." *PLoS One* 7.1 (2012): e29453. Print.
- Ronen, Gil, et al. "Regulation of Carotenoid Biosynthesis during Tomato Fruit Development: Expression of the Gene for Lycopene Epsilon-cyclase is Down-regulated during Ripening and is Elevated in the mutantDelta." *The Plant Journal* 17.4 (1999): 341-51. Print.
- Sandlin, Katherine, et al. "Comparative Mapping in Watermelon [*Citrullus Lanatus* (Thunb.) Matsum. Et Nakai]." *Theoretical and Applied Genetics* 125.8 (2012): 1603-18. Print.
- Skelton, R. L., et al. "Tissue Differential Expression of Lycopene Beta-Cyclase Gene in Papaya." *Cell research* 16.8 (2006): 731-9. Print.
- Sonnante, G., A. Gatto, A. Morgese, F. Montemurro, G. Sarli, E. Blanco, and D. Pignone, 2011. Genetic map of artichoke x wild cardoon: toward a consensus map for *Cynara cardunculus*. *Theor Appl Genet* 123:1215-1229.

- Soteriou, G.A., M.C. Kyriacou, A.S. Siomos, and D. Gerasopoulos, 2014. Evolution of watermelon fruit physicochemical and phytochemical composition during ripening as affected by grafting. *Food Chem* 165:282-289.
- Stewart, C.N., Jr. and L.E. Via, 1993. A rapid CTAB DNA isolation technique useful for RAPD fingerprinting and other PCR applications. *Biotechniques* 14:748-750.
- Tadmor, Yaakov, et al. "Comparative Fruit Colouration in Watermelon and Tomato." *Food Research International* 38.8 (2005): 837-41. Print.
- Tetteh, A.Y., T.C. Wehner, and A.R. Davis, 2013. Inheritance of Resistance to the New Race of Powdery Mildew in Watermelon. *Crop Science* 53:880-887.
- van Ooijen, J.W., 2006. JoinMap 4: software for the calculation of genetic linkage maps in experimental population. Kyazma BV, Wageningen.
- Verma, M. and L. Arya, 2008. Development of EST-SSRs in watermelon (*Citrullus lanatus* var. *lanatus*) and their transferability to *Cucumis* spp. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology* 83:732-736.
- Xu, Y., S. Guo, H. Sun, H. Zhang, Y. Ren, H. Zhao, H. He, Y. Zhang, J. Liu, Q. Kou, W. Hou, X. Zou, J. Jiang, G. Gong, Y. Xia, X. Zhang, Y. Li, Y. Zheng, L. Mao, S. Gao, M. Huang, Y. Xu, S. Zhong, A. Bombarely, L.A. Mueller, J.J. Giovannoni, Z. Fei, J. Wang, J. Zhang, Z. Wang, J. Min, X. Guo, P. Ni, B. Wang, Y. Huang, X. Hu, S. Dong, D. Liang, J. Wang, K. Wu, X. Zhao, Z. Zheng, M. Xing, X. Liang, B. Huang, T. Lv, J. Wang, Y. Yin, J. Salse, F. Murat, W.J. Lucas, B.K. Ham, Z. Zhang, Z. Zhang, S. Huang, T. Tan, E. Pang, K. Lin, Q. Hu, H. Kuang, K. Klee, H. Schoof, H. Yi, M. Wu, R. Li, and A. Levi, 2013. The draft genome of watermelon (*Citrullus lanatus*) and resequencing of 20 diverse accessions. *Nature Genetics* 45:51-58.
- Zheng, X., et al. "A High-Performance Computing Toolset for Relatedness and Principal Component Analysis of SNP Data." *Bioinformatics (Oxford, England)* 28.24 (2012): 3326-8. Print.

<첨부>

특허, 논문, 제품(시장) 분석보고서

| | | | |
|-----------------|------------------------------------|----------------------|-------|
| 프로젝트명 | 수출용 수박품종을 위한 분자유종 및 유전자원 지원 시스템 개발 | | |
| 프로젝트 책임자 | 이 공 표 | 프로젝트 연구기관 | 중앙대학교 |

1. 본 연구관련 국내외 기술수준 비교

| 개발기술명 | 관련기술 최고보유국 | 현재 기술수준 | | 기술개발 목표수준 | 비고 |
|------------|---------------------|---------|-------|--------------|---|
| | | 우리나라 | 연구신청팀 | | |
| 내병성 분자마커 | 스위스(신젠타) 미국(몬산토) | 75% | 75% | 90% | 신청팀이 국내 수박 분자마커분야를 선도하고 있음 |
| 변이유전체 분자마커 | 스위스(신젠타) 미국(몬산토) | 90% | 90% | 100% | 신청팀이 국내 수박 분자마커분야를 선도하고 있음 |
| 과형 분자마커 | 스위스(신젠타) 미국(몬산토) | 70% | 70% | 100% | 신청팀이 국내 수박 분자마커분야를 선도하고 있음 |
| 기능성분 분자마커 | 스위스(신젠타) 미국(몬산토) | 65% | 65% | 90% | 신청팀이 국내 수박 분자마커분야를 선도하고 있음 |
| 유전자원보유 | 스위스(신젠타) 미국(몬산토) | 58% | 50% | 80% | 일부는 국립유전자원 센터에서 보유. 국의우수품종의 수집, 전개, 분양으로 확보예정 |

- 1) 개발기술명은 본 연구과제 최종 연구개발 목표기술을 의미
- 2) 현재 기술수준은 선진국 100% 대비 우리나라 및 신청한 연구팀의 기술수준 표시
- 3) 기술개발 목표수준은 당해과제 완료 후 선진국 100% 대비 목표수준 제시
- 4) 부가설명이 필요한 경우 비교란에 작성

2. 특허분석

가. 특허분석 범위

| | |
|--------------|--|
| 대상국가 | 국외(미국, 일본, 유럽) |
| 특허 DB | 통합DB, 웹스 온 (http://www.wipson.com) |
| 검색기간 | 최근 5년간 |
| 검색범위 | 제목 및 초록 |

나. 특허분석에 따른 본 연구과제와의 관련성

| 개발기술명 | | 육종관련 분자마커 | 우수 품종 수집 |
|---------------|------------|---|---|
| Keyword | | marker, breed, watermelon, cucurbit | cucurbit, watermelon, line |
| 검색건수 | | 51 | 73 |
| 유효특허건수 | | 3 | 5 |
| 핵심특허 및 관련성 | 특허명 | DISEASE RESISTANT CUCUMBER PLANTS | Inbred tetraploid watermelon line 90-4194 |
| | 보유국 | 미국 | 미국 |
| | 등록년도 | 2008 | 2002 |
| | 관련성(%) | 10% | 50% |
| | 유사점 차이점 | 박과식물 오이에 해당하는 특허 | 4배체 수박자원 우수 국외품종 수집과는 차이있음 |
| 핵심특허 및 관련성 | 특허명 | Molecular mark of watermelon linked to gene resistant to field pumpkin yellow watermelon yellow mosaic virus and uses | Novel Cucurbita plants |
| | 보유국 | 중국 | 미국 |
| | 등록년도 | 2005 | 2006 |
| | 관련성(%) | 80% | 70% |
| | 유사점 차이점 | 바이러스저항성 마커 수박에서 피해 보고 거의 없음 | CMV-2 저항성 계통 우수 국외품종 수집과는 차이있음 |
| 핵심특허 및 관련성 | 특허명 | CUCUMBER VEIN YELLOWING VIRUS (CVV) RESISTANT CUCUMBER PLANTS (CUCUMIS SATIVUS L.) | F.OXYSPORUM F.SP. MELONIS RACE 1,2-RESISTANT MELONS |
| | 보유국 | EU | 미국 |
| | 등록년도 | 2009 | 2008 |
| | 관련성(%) | 10% | 10% |
| | 유사점 차이점 | 박과식물 마커 오이에 해당하는 특허 | 박과식물 수박이 아닌 멜론의 저항성 |
| 핵심특허 및 관련성 | 특허명 | | INBRED TETRAPLOID WATERMELON LINE 4XASSS4 |
| | 보유국 | | 미국 |
| | 등록년도 | | 2011 |
| | 관련성(%) | | 50% |
| | 유사점 차이점 | | 4배체 수박자원 우수 국외품종 수집과는 차이있음 |
| 핵심특허 및 관련성 | 특허명 | | Cucurbita plant resistant to potyvirus |
| | 보유국 | | EU |
| | 등록년도 | | 2011 |
| | 관련성(%) | | 60% |
| | 유사점 차이점 | | 박과식물 수박에는 제한적 특성 |

- 1) 개발기술명은 본 연구과제 최종 연구개발 목표기술을 의미
- 2) keyword는 검색어를 의미하며, 검색건수는 keyword에 의한 총 검색건수를, 유효특허건수는 검색한 특허 중 핵심(세부)개발기술과 관련성이 있는 특허를 의미
- 3) 핵심특허는 개발기술과의 관련성이 높고 인용도가 높은 특허를 기준으로 분석

3. 논문분석

가. 논문분석 범위

| | |
|-------|--------------|
| 대상국가 | 전세계 |
| 논문 DB | Pubmed(해외) |
| 검색기간 | 최근 5년간 |
| 검색범위 | 제목, 초록 및 키워드 |

나. 논문분석에 따른 본 연구과제와의 관련성

| 개발기술명 | | 육종관련 분자마커 | 우수 품종 수집 |
|---------------|--------|--|--|
| Keyword | | watermelon, marker | watermelon, germplasm |
| 검색건수 | | 34 | 14 |
| 유효논문건수 | | 8 | 2 |
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Genetic diversity in watermelon (Citrullus lanatus) landraces from Zimbabwe revealed by RAPD and SSR markers | Genetic variability of watermelon accessions based on microsatellite markers |
| | 학술지명 | Hereditas | Genet Mol Res |
| | 저자 | Mujaju et al. | Gama et al. |
| | 게재년도 | 2010 | 2013 |
| | 관련성(%) | 50% | 30% |
| | 유사점 | 분자마커 개발 | 유전자원의 다양성 |
| | 차이점 | 형질마커가 아니라 유전적 다양성에 관련한 마커 개발 | microsatellite 마커에 기초한 유전자원의 다양성으로 우수 품종과는 관련 없음 |

| 개발기술명 | | 육종관련 분자마커 | 우수 품종 수집 |
|---------------|---|---|---|
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Non-synonymous single nucleotide polymorphisms in the watermelon eIF4E gene are closely associated with resistance to zucchini yellow mosaic virus | Carotenoid content of 50 watermelon cultivars |
| | 학술지명 | Theor Appl Genet | J Agric Food Chem |
| | 저 자 | Ling | Perkins-Veaze et al. |
| | 게재년도 | 2009 | 2006 |
| | 관련성(%) | 80% | 70% |
| | 유사점 | 수박 ZYMV 저항성 마커 개발 | 국외 카로티노이드 고함량 품종을 소개하고 있으며 가능한 범위 내에서 품종을 수집할 필요 있음 |
| 차이점 | 발표된 내용은 CAPS 마커로 본 연구는 HRM마커 개발을 목표로 함. 다른 potyvirus들 또는 저항성계통에 대한 보고는 없음 | 단순한 함량분석이지만, 높은 lycopene 함량수준이 어느 정도인지 파악할 필요가 있음 (>90mg/kg fw) | |
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Construction of a linkage map and QTL analysis of horticultural traits for watermelon [Citrullus lanatus (THUNB.) MATSUM & NAKAI] using RAPD, RFLP and ISSR markers | |
| | 학술지명 | Theor Appl Genet | |
| | 저 자 | Ling | |
| | 게재년도 | 2009 | |
| | 관련성(%) | 70% | |
| | 유사점 | QTL을 분석하였음 | |
| 차이점 | 형질관련 QTL marker로 사용하기에는 유전적 거리가 너무 멀고, 본 과제의 SNP marker와는 관련도가 낮음 | | |

| 개발기술명 | | 육종관련 분자마커 | 우수 품종 수집 |
|---------------|------------|--|----------|
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Studies of molecular marker-assisted-selection for resistance to Fusarium wilt in watermelon (<i>Citrullus lanatus</i>) breeding | |
| | 학술지명 | Yi Chuan Xue Bao | |
| | 저 자 | Xu et al. | |
| | 게재년도 | 2000 | |
| | 관련성(%) | 80% | |
| | 유사점 차이점 | 수박 만할병 저항성 마커 개발 SCAR 마커로서 공우성 마커인지도 확인이 안되어 있음 | |
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | The draft genome of watermelon (<i>Citrullus lanatus</i>) and resequencing of 20 diverse accessions | |
| | 학술지명 | Nat Genet | |
| | 저 자 | Guo et al. | |
| | 게재년도 | 2013 | |
| | 관련성(%) | 90% | |
| | 유사점 차이점 | 수박 draft genome sequence, 병저항성 유전자부위, 재배화동안의 진화를 밝힘 육종을 위한 marker개발에 중요한 표준유전체 서열을 제공하나, 형질과 연관된 마커의 개발은 아님 | |
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Genetic analysis and chromosome mapping of resistance to Fusarium oxysporum f. sp. niveum (FON) race 1 and race 2 in watermelon (<i>Citrullus lanatus</i> L.) | |
| | 학술지명 | Molecular Breeding | |
| | 저 자 | Yong Xu et al. | |
| | 게재년도 | 2015 | |
| | 관련성(%) | 90% | |
| | 유사점 차이점 | 수박 만할병 마커 개발 만할병 Race 1,2에 대하여 분석은 시도 하였으나, 본논문에서는 SSR, InDel 마커를 개발하였으나, 본 과제에서의 HRM마커 개발과는 거리가 있음. | |

| | | | |
|---------------|--------|--|--|
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Genetic analysis and fine mapping of Watermelon mosaic virus resistance gene in cucumber | |
| | 학술지명 | Molecular Breeding | |
| | 저자 | Shengping Zhang and Xingfang Gu et al. | |
| | 게재년도 | 2016 | |
| | 관련성(%) | 80% | |
| | 유사점 | 수박 WMV 저항성 마커개발 | |
| | 차이점 | 발표된 내용은 CAPS, SSR 마커로 본 연구는 HRM마커 개발을 목표로 함. 논문에 사용된 저항성 집단과 본 연구에서 사용한 저항성 계통이 다름. | |
| 핵심논문 및 관련성 | 논문명 | Genome wide characterization of simple sequence repeats in watermelon genome and their application in comparative mapping and genetic diversity analysis | |
| | 학술지명 | BMC Genomics | |
| | 저자 | Huayu Zhu | |
| | 게재년도 | 2016 | |
| | 관련성(%) | 50 | |
| | 유사점 | 수박, 멜론, 오이 3종에 관한 유연관계 확인 | |
| | 차이점 | 형질과 연관된 마커의 개발은 아님 | |

4. 제품 및 시장 분석

가. 생산 및 시장현황

○ 분자마커 현황

- 현재까지 ZYMV 및 만할병 R1, R2에 관련한 분자마커 만이 논문으로 발표되어 있음.
- 내병성, 옹성불임, 과형 등에 관련한 국내외 육종회사 수요도가 다양하게 존재할 것으로 생각됨

나. 개발기술의 산업화 방향 및 기대효과

1) 산업화 방향(제품의 특징, 대상 등)

○ 분자마커의 기술이전

- 분자마커는 형질관련 마커로서 목적은 육종효율을 증진시킬 수 있는 경제적 효과를 창출하는 특징을 갖는다.
 - 제품의 사용대상은 육종가, 육종회사로서 품종개발을 위해 계통을 육성하고자 할 때, 육성된 품종의 순도를 평가하고자 할 때 주로 이용된다
 - 마커의 기술이전을 통한 산업화는 기술이전료 수입과 같은 직접적인 경제효과 이외에 시장 경쟁력을 갖는 우수 품종을 조기에 경제적인 개발을 할 수 있는 경제적 파급효과와 부가가치 창출액이 매우 높은 분야라 할 수 있다.
- 해외 우수 시판종의 수집, 특성평가, 분리전개, 선발
- 기반과제로서 해외 우수 시판종의 수집, 특성평가, 전개, 선발은 직접적인 경제효과는 매우 낮을 것이나, 육종회사에서 품종개발을 위한 유용한 해외 유전자원의 활용이 가능하여 경제적 파급효과와 부가가치 창출액을 기대할 수 있다.

2) 산업화를 통한 기대효과

(단위 : 백만원)

| 항 목 \ 산업화 기준 | 1차년도 | 2차년도 | 3차년도 | 4차년도 | 5차년도 | 계 |
|--------------|------|------|------|------|------|-----|
| 직접 경제효과 | - | 5 | 10 | 10 | 10 | 35 |
| 경제적 파급효과 | - | 20 | 40 | 40 | 60 | 160 |
| 부가가치 창출액 | - | 40 | 80 | 80 | 200 | 400 |
| 합 계 | - | 65 | 130 | 130 | 270 | 595 |

- 1) 직접 경제효과 : 본 연구과제 개발기술의 산업화를 통해 기대되는 제품의 매출액 추정치
- 2) 경제적 파급효과 : 본 연구과제 개발기술의 산업화를 통한 농가소득효과, 비용절감효과 등 추정치
- 3) 부가가치 창출액 : 본 연구과제 개발기술의 산업화를 통해 기대되는 수출효과, 브랜드가치 등 추정치

주 의

1. 이 보고서는 농림축산식품부 · 해양수산부 · 농촌진흥청 · 산림청에서 시행한 Golden Seed 프로젝트 사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 농림축산식품부 · 해양수산부 · 농촌진흥청 · 산림청에서 시행한 Golden Seed 프로젝트 사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니 됩니다.