

작물별 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종 특성의 국가표준 DB 구축 최종보고서

2017. 3. 28.

주관연구기관 / 국립종자원
 협동연구기관 / 충북대학교 산학협력단
 협동연구기관 / 경북대학교 산학협력단
 협동연구기관 / 세종대학교 산학협력단
 협동연구기관 / 경북 영양고추연구소
 협동연구기관 / 농협종묘센터
 협동연구기관 / 경기도농업기술원
 협동연구기관 / 충남 화훼연구소
 협동연구기관 / 국립원예특작과학원
 위탁연구기관 / 공주대학교 산학협력단

농 립 축 산 식 품 부

생명산업기술개발사업 R&D Report

작물별 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종 특성의 국가표준 DB 구축 최종보고서

2017

농림축산식품부

1. 제출문

제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “작물별 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종특성의 국가표준 DB 구축”(개발기간 : 2013.12.16. ~ 2016.12.15.)과제의 최종보고서로 제출합니다.

2017. 3. 28.

- 주관연구기관명 : 국립종자원 (대표자) 원장 (인)
- 협동연구기관명 : 충북대학교 산학협력단 (대표자) 산학협력단장 (인)
- 협동연구기관명 : 경북대학교 산학협력단 (대표자) 산학협력단장 (인)
- 협동연구기관명 : 세종대학교 산학협력단 (대표자) 산학협력단장 (인)
- 협동연구기관명 : 영양고추연구소 (대표자) 소장 (인)
- 협동연구기관명 : 농협종묘센터 (대표자) 센터장 (인)
- 협동연구기관명 : 경기도농업기술원 (대표자) 원장 (인)
- 협동연구기관명 : 충남농업기술원 화훼연구소 (대표자) 소장 (인)
- 협동연구기관명 : 국립원예특작과학원 (대표자) 원장 (인)
- 참여기관명 : 공주대학교 산학협력단 (대표자) 산학협력단장 (인)

- 주관연구책임자 : 윤무경
- 세부연구책임자 : 정진기
- 협동연구책임자 : 송재영
- 협동연구책임자 : 김홍식
- 협동연구책임자 : 김경민
- 협동연구책임자 : 심성철
- 협동연구책임자 : 전수경
- 협동연구책임자 : 김윤성
- 협동연구책임자 : 이영순
- 협동연구책임자 : 박하승
- 협동연구책임자 : 박서준
- 참여기관책임자 : 박용진

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의합니다.

2. 보고서 요약서

보고서 요약서

과제고유번호	313043-03-1-CG000	해당 단계 연구 기간	2015.12.16~ 2016.12.15	단계 구분	3차년도/ (총 3개년)
연구사업명	중사업명	생명산업기술개발사업			
	세부사업명				
연구과제명	대과제명	작물별 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종특성의 국가표준 DB 구축			
	세부과제명				
연구책임자	윤무경	해당단계 참여 연구원 수	총: 81명 내부: 66명 외부: 15명	해당단계 연구개발비	정부: 500,000천원 민간: 170,000천원 계: 670,000천원
		총연구기간 참여 연구원 수	총: 258명 내부: 197명 외부: 61명	총연구개발비	정부: 1,500,000천원 민간: 510,000천원 계: 2,010,000천원
연구기관명 및 소속부서명	국립종자원 품종보호과 국립종자원 종자검정연구센터 충남대학교 산학협력단 경북대학교 산학협력단 세종대학교 산학협력단 영양고추연구소 경기도농업기술원 충남농업기술원 화훼연구소 국립원예특작과학원			참여기업명: 농협종묘센터	
위탁연구	연구기관명: 공주대학교 산학협력단			연구책임자: 박용진	
요약 ○ 주요 작물의 농업 특성 DB 구축: 12작물 ○ 특성조사 정보 제공 시스템 개발 ○ 주요 작물의 DNA Profile DB 구축: 13작물 ○ 품종보호출원 품종에 대한 DNA 보관체계 구축: 국화, 장미 등 ○ 품종의 유사성 판단 기법 개발 및 사회적 합의 도출				보고서 면수	

3. 국문 요약문

		코드번호	D-01		
연구의 목적 및 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 주요 작물의 농업 특성(12작물) 및 DNA 데이터베이스 구축 ○ 품종보호출원 품종 100품종 이상의 DNA bank 구축 ○ 품종유사성 판단 기법 및 판단 근거 기준 확립 ○ 국내 유통품종의 특성 DB를 제공하는 전산시스템 개발 ○ 품종보호출원 품종에 대한 DNA 보관체계 구축 : 국화, 장미 				
연구개발성과	<ul style="list-style-type: none"> ○ 주요 작물의 농업 특성 DB 구축 : 12작물 <ul style="list-style-type: none"> - 식량작물(3작물) : 벼, 콩, 보리 - 채소(5작물) : 고추, 무, 토마토, 수박, 배추 - 화훼(2작물) : 장미, 국화 - 과수(2작물) : 배, 블루베리 ○ 특성조사 정보 제공 시스템 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 국내 유통품종의 특성 DB 및 육종의 기초정보를 제공하는 전산시스템 개발 ○ 주요 작물의 DNA Profile DB 구축 : 13작물 <ul style="list-style-type: none"> - 대상작물 : 식량(벼,콩,보리), 채소(고추,토마토,무,배추,수박,상추), 화훼(장미,국화), 과수(배, 블루베리) - 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test 추진 → 표준화된 DB 구축 ○ 품종보호출원 품종에 대한 DNA 보관체계 구축 : 국화, 장미 등 ○ 개발된 기술의 현장 적용 검증 및 평가실시 <ul style="list-style-type: none"> - 품종별 형태적 특성 평가, 품종보호 품종의 수확물 진위 여부 확인 ○ 품종의 유사성 판단 기법 개발 및 사회적 합의 도출 <ul style="list-style-type: none"> - 학회, 공청회 등을 활용한 품종간 유사성 기준 설정 				
연구개발성과의 활용계획 (기대효과)	<p>(1) 기술적 측면</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 작물 특성 및 DNA 데이터베이스 구축을 통한 신품종의 육성 목표 설정 자료 제공 ○ 국가기관 및 종자업체에 표준화된 품종식별 마커 개발을 통한 혼란의 사전 방지 <p>(2) 경제적·산업적 측면</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 품종보호권의 권리분쟁 및 품종진위성과 관련 종자분쟁에 적극적인 대처 가능 ○ 작물별 DNA 검정 방법의 품종의 순도, 진위성 확인, 종자분쟁의 사전 방지에 기여 				
중심어 (5개 이내)	품종보호	품종특성	품종식별	데이터베이스	

4. 영문 요약문

< SUMMARY >

		코드번호	D-02		
Purpose& Contents	<ul style="list-style-type: none"> ○ Construction of agricultural characteristics and DNA profile database for major 12 crops ○ Construction of DNA profile bank for more than 300 protected plant varieties. ○ Establishment of methods for plant variety discrimination. ○ Development of web based computer system providing characteristics DB for domestic distributed varieties. ○ Construction of DNA storage system for protected plant varieties : chrysanthemum, rose 				
Results	<ul style="list-style-type: none"> ○ Construction of agricultural characteristics database for major 12 crops <ul style="list-style-type: none"> - Agricultural crops(3) : rice, bean, barley - Vegetable crops(5) : pepper, radish, tomato, watermelon, chinese cabbage - Ornamental crops(2) : rose, chrysanthemum - Fruit tree crops(2) : pear, blueberry ○ Development of web based computer system providing characteristics DB for domestic distributed varieties. ○ Construction of DNA profile bank for major 13 crops <ul style="list-style-type: none"> - Crops : Agricultural crops(rice, bean, barley), Vegetable(pepper, radish, tomato, watermelon, chinese cabbage), Ornamental (rose, chrysanthemum), Fruit tree crops(pear, blueberry) - Ring test of DNA analysis among company, university, research institute → Construction of standard DNA profile database ○ Construction of DNA storage system for protected plant varieties : chrysanthemum, rose ○ Development of methods and social agreement for plant variety discrimination <ul style="list-style-type: none"> - Establishment of a standard for plant variety discrimination through research society and public forum 				
Expected Contribution	<ul style="list-style-type: none"> ○ Technical aspects <ul style="list-style-type: none"> - Establishment of varietal distinction based on morphological traits and DNA profiling for plant varieties ○ Industrial and economical aspects <ul style="list-style-type: none"> - Establishment of distinct criteria and method for distinction of crop varieties similarity - Establishment of novelty in new registered varieties and discrimination of varieties on the market 				
Keywords	Plant Variety Protection	Variety Characteristic	Variety Identification	Database	

5. 영문목차

<Contents>

1. Summary of the main results in our study
2. Current status of the related technologies world-wide
3. Results and discussions
4. Goal achievements and expected contributions
5. Implications
6. Related information
7. Security level of our study
8. Research facilities and equipments registered in NDSL(National Digital Science Library)
9. Protocols for lab safety
10. Research Performance of our study
11. Others
12. References

6. 본문목차

< 목 차 >

1. 연구개발과제의 개요	1
2. 국내외 기술개발 현황	11
3. 연구수행 내용 및 결과	13
4. 목표달성도 및 관련분야 기여도	916
5. 연구결과의 활용계획	923
6. 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보	923
7. 연구개발결과의 보안등급	924
8. 국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황	924
9. 연구개발과제 수행에 따른 연구실 등의 안전조치 이행실적	924
10. 연구개발과제의 대표적 연구실적	926
11. 기타사항	926
12. 참고문헌	926

7. 뒷면지

주 의

1. 이 보고서는 농림축산식품부에서 시행한 생명산업기술개발사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표하는 때에는 반드시 농림축산식품부에서 시행한 생명산업기술 개발사업의 연구 결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니됩니다.

1. 연구개발과제의 개요

코드번호	D-03
------	------

제 1 장 서 론

제 1 절 연구개발 목적

1. 최종 목표

- 주요 작물의 농업 특성 DB 구축 : 12작물
 - 대상작물: 식량, 채소, 과수, 화훼 등
- DNA profiling DB구축 : 13작물 이상
 - 신뢰도 및 공정성이 확보된 DB 구축
 - 유전거리 추정 프로그램 포함
- 품종보호출원 품종 300품종 이상의 DNA bank 구축
- 품종유사성 판단 기법 및 판단 근거 기준 확립

2. 과제별(세부·협동) 연구개발의 목표

제 1 세부과제 : 형태적 특성 검정에 의한 국가 표준 데이터베이스 구축(국립종자원)

- 주요 작물의 농업 특성 DB 구축 (1작물)
 - 대상작물 : 배추
 - 조사방법 : 국립종자원 특성조사 기준에 의해 실시.
- 육종의 기초정보 제공
 - 품종 간 구별되는 거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험 결과 분석.
 - 작물별 특성에 대한 표준품종 선정.
- 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발
 - 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화.
- 특성조사 정보 제공 시스템 개발
 - 국내 유통품종의 특성 DB 및 육종의 기초정보를 제공하는 전산시스템 개발.

제 2 세부과제 : 유전자분석에 의한 주요 농작물의 국가 표준 데이터베이스 구축(국립종자원)

- 국제식물신품종보호동맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술 활용 작물별 DNA DB 구축(13작물)
 - 대상작물 : 벼, 콩, 보리, 고추, 무, 배추, 수박, 토마토, 장미, 국화, 배, 블루베리.
 - DNA 분석 방법 : Microsatellite 또는 SNP 분석 방법 활용.
 - 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test 추진 → 표준화된 DB 구축.
 - 1차적으로 국립종자원에서 활용하고 있는 분자표지를 활용하여 DB 초안 개발.
 - 협동세부과제에서 개발된 마커 및 국립종자원에서 기 개발된 분자표지중 품종식별력이 우수한 30~40개 분자표지 최종 선정.
 - 세부과제 DNA 분석 담당자와 국립종자원간의 DNA 분석 교차분석 실시하여 분석 마

키별 정확도 비교 분석 실시.

- 품종보호출원 품종에 대한 DNA 보관 체계 구축
 - 영양번식작물을 중심으로 한 DNA 보관체계 구축 : 장미, 국화, 배, 포도 등.
 - DNA 농도 및 순도를 측정된 다음 특정분자 마커를 활용하여 PCR을 통한 증폭여부 확인.
 - 작물 및 품종별로 바코드화하여 -70℃ 보관.
- 품종보호 등록품종의 수확 및 가공품에 대한 DNA 분석 방법 개발
 - 수박 과실, 떡, 두유 등에 대한 DNA 분리 방법 개발.
 - DNA 분리후 농도 및 순도 확인.
 - 품종식별분자 마커를 활용한 품종 확인 여부 분석.
- DNA 검정 및 형태적 특성을 이용한 품종간 최소거리 설정
 - DNA DB의 유전적 유사도를 근거로 한 재배시험 실시.
 - 작물별 전문가를 활용한 DNA 특성 유사도별 품종 구분여부 blind test 실시.
 - 학회, 공청회 등을 활용한 품종간 유사성 설정 기준 마련.

제 1 협동과제 : 벼 품종의 형태적 특성과 DNA profiling에 의한 품종판별 체계 확립(충북대)

- 국내 육성 벼 품종들의 형태적 특성 조사.
- 국내 육성 벼 품종들의 외관 형질의 전체 및 세부 사진 이미지 DB 구축.
- 벼 품종들에 대한 DNA profiling 실시.
- 벼 품종의 형태적 특성과 DNA 특성에 의한 품종 판별체계 확립 및 DB 구축.

제 2 협동과제 : 콩 품종의 형태적 특성과 DNA profiling에 의한 품종판별 체계 확립(충북대)

- 시험품종: 국내 육성 콩 품종 180종(국립종자원 등록 121종 및 기타 국내품종 59종).
- 콩 품종의 형태적 특성 조사 및 품종별 주요특성 사진 이미지 촬영.
- 콩 품종의 SSR 마커 이용 DNA 분석.
 - 콩 품종의 질적, 양적형질 및 SSR 마커에 의한 유연관계 분석.
 - SSR 마커에 의한 품종판별 체계 확립.

제 3 협동과제 : 보리 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종 특성 데이터베이스 구축

- 보리의 국내 유통품종 특성조사, 특성 DB 구축.
- 품종간 구별되는 거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험.
- 작물별 특성에 대한 표준품종 선정.
- 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화.
- UPOV가 제안하는 유전자 분석 기술(SSR, SNP)을 활용한 DNA Profile DB 구축.
- 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test를 추진하여 표준화된 DB 구축.

제 4 협동과제 : 토마토, 무 형태적 특성과 DNA 검정에 의한 품종 특성 데이터베이스 구축 및 생물정보학 이용 프로그램 개발

- 품종보호출원 및 생산·판매 신고된 토마토(60종), 무(120종) 품종의 형태적 특성 평가.
- 품종간 차이를 식별할 수 있는 SNP, SSR 마커 개발 및 DNA profiling 수행.
- 형태적 특성 및 DNA profile에 대한 국가 표준 DB 구축.
- 품종간 유전거리 및 유연관계 분석 프로그램을 개발.

□ 제 5 협동과제 : 고추 품종 특성 데이터베이스 구축 (영양고추연구소)

- 국내 유통 고추품종을 수집(약100품종/년)하여 고추 특성조사요령(국립종자원)을 기준으로 양적·질적 형질 47항목을 평가하여 DB 구축.
 - 품 종 : 보호출원 또는 생산·판매신고 품종 약 100품종.
 - 특성평가 : 고추 특성조사요령기준(국립종자원), 양적·질적형질 47항목 조사 .

□ 제 6 협동과제 : 분자표지 및 특성분석을 통한 박과작물 품종판별 시스템 구축(농협종묘)

- 수박 품종간 차이를 판별 할 수 있는 다수의 분자표지 (SSR, SNP) 확보.
- 형태조사 방법 및 기준 제시를 통한 효율적인 특성조사 방법 수립
 - 품종을 구별하기 위한 핵심 형태적 특성 형질 선발 (평가기준, 평가 중요도).
 - 품종을 구별하기 위한 새로운 비(非)형태적 지표(기능성 물질, 당도, 식감, 저장성 등) 확립.
- 분자표지와 형태적 특성간의 유의성 분석.

□ 제 7 협동과제 : 장미 품종 특성 데이터베이스 구축 (경기도농업기술원)

- 장미 국내 유통품종의 형태적 특성조사.
 - 국내 유통품종 수집 : 60품종.
 - 재배환경(고온·저온)에 따른 품종별 형태적 특성조사.
 - 주요조사내용 : 고유특성(화색, 화형, 향기, 엽색, 병해충발생도 등), 가변특성(절화장, 절화 굵기, 절화수명, 절화수량 등).
- 육종의 기초정보 제공.
 - 환경(고온·저온)에 따른 품종별 형태적 특성 및 표준품종 선정.
- 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발.
 - 양적형질이 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화.

□ 제 8 협동과제 : 국화 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종별 데이터베이스 구축(국화시험장)

- 국내 유통 국화품종 DB 구축.
 - 국내 유통 국화품종 수집 : 60품종(대조 12품종).
 - 기상환경(고·저온)에 따른 재배시험 : 5품종/2회/년.
 - 특성조사 : 신품종등록기준(절화장, 줄기굵기, 엽수, 착화수 등).
- 육종의 기초정보 제공.
 - 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험.
 - 작물별 특성에 대한 표준품종 선정.
- 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발.
 - 양적형질이 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화.
- 품종보호출원 품종에 대한 DNA 보관체계 구축 및 DB화.
 - DNA profile DB화 및 품종간 유전거리 분석.

□ 제 9 협동과제 : 과수 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종별 데이터베이스 구축(원예특작과학원)

- 배, 블루베리의 국내 유통품종 특성조사, 특성 DB 구축.
- 품종간 구별되는 거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험.

- 작물별 특성에 대한 표준품종 선정.
- 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화.
- 국제식물신품종보호동맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술(SSR)을 활용한 DNA profile DB 구축.
 - 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test 추진하여 표준화된 DB 구축.

제 2 절 연구개발의 필요성

□ 현황

- 국내 식물 종자는 농촌진흥청에서 약 160천점을 보관하고 있으며, 이중 일부 식물 유전자원에 대한 특성 DB를 구축하고 있음.
- 국립종자원에서는 품종보호 출원품종의 등록품종과 국가목록등재 신청품종 등 법정종자를 약 22천점 보관하고 있으며, 출원품종에 대해 심사 목적으로 출원과 대조 및 표준품종 등을 포함하여 일부작물에 대해 부분적으로 품종특성 DB를 구축하고 있음(151작물).
- 현재 295작물의 특성조사요령을 작성하였고, 이중 일부 작물에 국내 유통 표준품종이 선정되어 육종가의 특성조사에 활용 → 국내 및 국외로부터의 출원 및 신고되는 작물의 수 : 600작물
- 품종보호 출원품종 대상의 전작물 지정('12.1.6.)으로 마이너 작물의 출원이 증가하고 있음.
- 국제식물신품종보호동맹(UPOV)을 중심으로 재배심사 기법이 개발되어 있으나 각 나라별로 실정에 맞는 방법을 쓰고 있고 국립종자원에서도 우리 심사 시스템에 맞는 재배심사 기법을 개발하여 활용하고 있음.
- UPOV에서는 유전자 분석의 기법의 표준화와 DB화를 위해 DNA 검정 지침서(BMT Guideline)를 제정하고 품종보호제도에 이용 방안과 작물별 활용사례(BMT-DUS)에 대한 문서를 채택함.
- 유럽품종보호사무소(CPVO)에서는 표준화된 DNA DB를 구축하기 위한 연구지원 사업을 수행하고 있으며, 토마토, 감자, 복숭아, 장미 등의 작물에서 국가별 컨소시엄을 구성하여 표준화된 DNA DB 구축하였거나 구축 중에 있음.
- 스페인에서는 체리, 블루베리, 올리브 등 11작물에 대한 DNA 분석 체계를 구축하고 이를 품종보호침해 등에 활용하고 있고 '04~'08까지 분석 건수가 50건에 이르며 법원은 DNA 분석 자료를 충분히 인정함.
- 일본은 벼, 딸기, 골풀 등 17개 작물에 대한 DNA 검정 방법을 개발하여 품종보호품종의 가공품(팥앙금,밥,가공차 등)에 대한 유전자 분석 체계를 구축함. 또한 영양번식작물을 대상으로 DNA 보존사업을 수행하여 장미 등 50작물 360품종에 대한 DNA를 보관하고 있음.

□ 문제점

- 식물에 대한 국내 유통품종 중 법정종자를 제외한 품종의 특성 DB를 구축하여 관리하는 곳은 없음.
- 품종 간 구별되는 최소거리에 대해 법정 분쟁 및 환경과 작형의 차이에 따른 특성 차이에 대한 연구가 미흡.
- 신규 특성조사요령 작성시 UPOV(국제식물신품종보호동맹)의 표준품종을 인용하나 국내 유통되지 않는 품종이 많아 활용도가 낮음.
- 국제적인 조화속의 국내 심사기법의 개발을 위한 각계 전문가들과의 공동 연구와 합의가 미흡.
- 국가기관마다 서로 다른 분석 마커의 활용으로 인한 혼란 발생 상존 → 벼 : 농산물품질관리원(SNP), 농촌진흥청(SSR).
- 일부 종자업체에서 박과작물에 대한 유전자 분석 기법을 보유하고 이를 자사 품종의 침해여부에 활용하는 것으로 추정 → 무분별한 권리분쟁 발생 가능성이 클 것으로 예상.
- 국립종자원 18작물에 대한 DNA Profile의 DB를 구축하여 다방면에 활용하고 있으나, CPVO의 사례와 같이 국가적이고 표준화된 DB의 구축은 미흡한 실정임. → 분석결과와 신뢰도 및 공정성에 대한 문제점 발생 예상.

□ 필요성

- 국내 유통품종의 특성 DB 구축은 품종 육성 시 육종 목표 설정 등에 활용 가능하고 품종보호 출원품종 심사의 정밀도를 향상시킬 수 있을 뿐만 아니라 품종의 권리 및 침해 분쟁의 해결에 도움.
- 품종 간 구별되는 최소거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 특성 차이, 작물별 특성에 대한 표준품종 선정, 마이너 작물의 특성조사요령 작성 등 육종에 기초가 되는 정보를 제공함으로써 신품종 육성에 기여.
- 양적형질에 대한 통계적 구별 방법 정립 등 재배심사 기법 개발이 필요.
- 재배심사 기법을 명확하게 규정하고 또한 국제규격과 동조함으로써 늘어나는 권리분쟁에 대비가 필요.
- 국내에 산재되어 있는 작물별 품종식별분자 표지를 활용한 통합화된 국가 표준의 DNA profile DB 구축 필요성 대두.
 - 지식재산권인 품종보호권 강화 및 유사복제품종 개발 사전 차단.
 - 품종보호 품종의 수확물에 대한 진위여부 확인 가능.
 - 연구개발의 중복투자 방지를 통한 예산 절감 효과.
- 품종보호출원 및 등록 품종에 대한 DNA 보관체계 구축.
 - 영양번식작물의 권리분쟁 발생시 원품종 확인을 통한 분쟁해결 가능.

- 권리분쟁 등에 소요되는 시간, 비용 절감 및 결과의 신뢰도 제고.
- 차세대 DNA 분석 기술 개발시 활용 가능.
- 개발된 DNA 검정기술의 현장 적용 검증을 통한 실용화 촉진.
 - F1 품종의 경우 종자의 순도 분석을 통한 종자생산 원가절감.
 - 형태적 특성 관련(병저항성 등) 분자마커를 활용한 육종효율 제고.
 - 신품종 육성시 선 DNA 검정을 통한 기존품종과 유전적 차별성 예측 가능.
- 품종간 최소거리 설정을 통한 유사 복제 품종 근절 효과.

제 3 절 연구개발 범위

구분	연구 범위	연구수행방법 (이론적·실험적 접근방법)	구체적인 내용
[제1세부] 국내 배추 유통품종 의 특성 DB 구축	국내 배추 유통품종의 특성 DB 구축	○ 국내 배추 유통품종의 특성 DB 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 배추 유통품종 수집 - 국립종자원 특성조사요령에 의한 재배시험 실시(2차) 	○ 국내 배추 유통품종의 특성 DB 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 배추 품종보호 등록 품종 중 수집 가능한 10품종 추가 수집 (총 74품종) - 국립종자원 특성조사요령에 의한 파종, 정식, 재배관리 등 재배시험 실시(2차) - 배추의 특성조사요령에 따른 형태적 특성조사 실시(예정)
		○ 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 배추 표준품종 선정 - 배추 특성 중 양적형질의 계급화 구분 	○ 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 배추 표준품종 선정 - 배추 양적형질의 계급화 구분
[제2세부] 유전자 분석에 의한 주요 농작물의 국가 표준 데이터베이스 구축	UPOV가 제안하는 유전자 분석 기술 활용 DNA profile 데이터베이스 구축(13작물) 대상작물: 벼, 콩, 보리, 고추, 무, 배추, 수박, 토마토, 상추, 장미, 국화, 배, 블루베리	○ 국가표준 DNA DB 구축을 위한 공시품종 선정 및 수집	○ 국가표준 DNA DB 구축을 위 하여 1차년도 구축 DB에 2차 년도 공시품종 추가 및 1차 년도 공시품종 재분석
		○ 작물별 품종식별 분자표지 신규 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 국내외 논문 등에 발표된 작물별 SSR마커 정보 수집 	○ 작물별 공개된 SSR 마커를 이용 하여 8~10개의 품종 간에 다형 성을 나타내는 신규 분자표지 선발
		○ 기존마커로부터 재선발 된 마커와 신규 마커, 협동과제로부터 인수 한 마커를 이용한 13작물의 DNA profile DB 구축	○ 수집된 공시품종과, 선발된 분자 표지를 이용한 작물별 DNA profile 데이터베이스 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 자동염기서열분석기를 이용한 품종별 대립유전자 크기 분석 후 유연관계 분석

			<ul style="list-style-type: none"> - 협동과제와 유전자분석이 중복되는 9작물의 경우 교차분석을 위한 마커 교환 및 분석
		○ 영양채 작물에 대한 DNA 보관 체계 구축	<ul style="list-style-type: none"> ○ 영양채 DNA DB 구축 작물의 품종별 DNA 보관을 위한 DNA 바코드화 추진 - 장미, 국화, 배, 블루베리
		○ 수확물, 가공품에 대한 DNA 분리 기법 개발	<ul style="list-style-type: none"> ○ 수확물(멜론, 포도 과실, 양과구), 과수대목(줄기), 밥, 두유로부터 안정적인 DNA 분리 가능성 탐색
[제1협동] 벼 품종의 형태적 특성과 DNA profiling에 의한 품종관별 체계 확립	벼 품종의 형태적 특성 조사	○ 벼 국내육성품종 243종을 충북대학교 포장에 재배하여 국립종자원에서 정한 ‘작물별 특성조사요령’을 기반으로 하여 조사항목 구축	○ 벼 국내육성품종 243종을 포장에 재배한 후 출수기를 포함하여 42개 조사항목을 구축한 후 벼의 주요 질적형질 및 양적형질 등 형태적 특성 조사
	주요표현형 특성 이미지 촬영	○ 형태적 특성을 조사하면서 특징적으로 나타나는 주요 표현형들의 특성을 이미지로 촬영	○ 형태적 특성 조사와 동시에 품종별 주요 형태적 특성 이미지 촬영을 실시. 출수기 및 수확기의 포장, 잎 완전전개기 이후의 잎 형태, 등숙기 이후의 종실 형태
	핵심집단이용 PIC=0.7 이상의 다형성 마커선발	○ 선행연구결과를 통해 얻어진 SSR 마커를 적용하여 다형성 마커를 선발	○ 선행연구결과를 통해 얻어진 SSR 마커를 적용하여 다형성 마커를 선발하여 적용
[제2협동] 콩 품종의 형태적 특성과 DNA profiling에 의한 품종관별 체계 확립	콩 품종의 형태적 특성조사	○ 품종의 형태적특성, 생육중의 생육특성 및 수확후 종실특성 조사	1913년부터 한국에서 육성된 콩 육성품종 172품종(국립종자원 등록 121품종과 미등록 국내 51품종) 및 등록 중국 1품종의 총 173 품종의 질적형질 13개, 양적형질 7개 총 20개조사
	콩 품종의 이미지화	○ 포장 생육중의 엽모양, 초형 및 종실 특성 이미지화	○ 1913년부터 한국에서 육성된 콩 육성품종 172품종(국립종자원 등록 121품종과 미등록 국내 51품종) 및 등록 중국 1품종의 총 173품종의 정엽전개기

			에 복엽, 성숙기에 초형, 수확 후 종실 특성 이미지화
	SSR마커에 의한 유연관계 분석 및 품종 판별	○ 20개 마커 선발 후 유연관계의 분석 및 품종판별을 위한 마커 선발	○ 1913년부터 한국에서 육성된 콩 육성품종 172품종(국립종자원 등록 121품종과 미등록 국내 51품종) 및 등록 중국 1품종의 총 173품종의 SSR 20개 마커로 유전적 다양성 분석 및 품종판별을 위한 최소마커수의 선발, 확정
[제3협동] 보리 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종 특성 데이터베 이스 구축	보리(88품종)을 이용 30개 이 상의 SSR을 활 용한 DNA profile DB 작 성	○ 보리의 품종별 파종 후 겨울을 지나 2월부터 그 형태적 특성을 조사함 ○ 도수분포표를 이용하여 형질을 계급화 하였고, 통계처리함. ○ DNA 추출 및 분자생물학적인 방법을 이용하여 SSR 마커를 개발함.	○ 작물별 27항목 특성조사 한후 각각 항목별 표준품종 선정함 ○ 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화를 하였음 ○ 국제신품종보호연맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술을 활용하여 32개 SSR를 개발하였다.
[제4협동] 토마토 무 형태적 특성과DNA 검정에 의한 품종 특성 데이터베이 스 구축 및 생물정보화 이용 프로그램 개발	종자 수집	토마토 ○ 국립종자원 홈페이지에서 품종보호출원 된 토마토, 무 품종에 대해 조사 후, 종자를 수집 무	○ 1-2차년도에 가나종묘 외 총 20개사의 54개 토마토 품종 종자를 수집함 ○ 1-2차년도에 품종보호출원 및 판매신고된 128개 무 품종 종자 수집 완료
	특성 평가	토마토 ○ 국립종자원의 신품종 심사를 위한 토마토 특성조사 매뉴얼에 기준하여 수집된 52개 공시품종을 대상으로 재배 및 특성검정을 수행 무 ○ 국립종자원의 신품종 심사를 위한 무 재배 및 특성조사 매뉴얼에 기준하여, 수집된 무 품종의 재배 및 특성조사를 실시	○ 토마토 종자를 유리온실에서 파종하여 6주 이상의 모종을 육묘하여 시설재배를 통해 2반복 시험구에서 52개 공시품종을 대상으로 20개 형질을 조사하여 분석중 ○ 기수집 58개 품종을 1차 여름 파종하여 지상부에 관한 특성 조사를 실시하였고 전체 수집 품종 128개를 2차 가을파종하여, 국립종자원 재배특성요령에 따라 32개 특성평가를 실시 예정 (10월말 수확예정)
	유전자	토마토 ○ 논문에서 발표된 토마토	○ 2,500개 이상의 토마토 InDels

	형 분석		InDel을 이용하여 품종식별용 신규마커를 개발하고 DNA profiling 및 품종간 유연관계 분석	중 PIC값, 염색체상의 위치, 대립유전자의 크기를 고려하여 76개의 마커를 선발하고 형태적 차이가 뚜렷한 8 품종에서 이러한 마커들의 대립유전자 검출유무를 조사하여 신규 품종식별마커 개발, DNA profile, 및 유전적 유연관계를 분석함
		무	○ 국내외 논문 등에 발표된 무의 SSR마커 정보 수집 및 이를 이용한 무의 DNA profile	○ 신규EST-SSR마커 프라이머 99개를 주문하여 PCR후 다형성 분석을 하였고 그 중, 24개 품종간 다형성을 보이는 10개를 선발. 128개 수집품종의 DNA 추출을 완료하고, SSR-유전형 분석을 진행 중
	프로그램 개발		○ 품종간 유사도를 효율적으로 평가할 수 있는 웹 기반의 분석프로그램을 개발	○ 품종간 유전적 차이를 시각적으로 보여줄 수 있는 graphical genotype 기능을 포함하고 더불어 유전거리를 계산하여 유연관계를 분석할 수 있는 웹 기반 프로그램을 개발이 진행 중
[제5협동] 고추 품종 특성 데이터베이스 구축	고추 품종의 형태적 특성 조사		○ 고추 보호출원 및 생산판매 신고된 품종 100점을 정식하여 특성 조사	○ 노지에 3반복 정식한 100품종을 질적형질 7항목, 양적형질 31항목, 유사질적형질 9항목을 조사함
	주요 특성 촬영	표현형 이미지	○ 형태적 특성 평가에 따라 주요 특성을 이미지로 촬영함	○ 과실, 잎, 착과상태 등 주요형질 이미지화
[제6협동] 분자표지 및 특성분석을 통한 박과작물 품종판별 시스템 구축	국내외 수박 특성 평가기준		○ 시판 품종의 주요 형태적 특성 선발	○ 국내외 시판 품종 41개 품종을 200평 하우스에 재배하여 형태적 특성 조사
	SSR 마커 다형성 조사		○ NGS 결과를 활용하여 SNP, SSR 등 품종판별 마커개발	○ 8개 계통에 대한 NGS 결과를 분석하여 사용가능한 SNP 및 SSR 마커 조사 - 다형성이 큰 마커를 먼저 선발하고 서로 적당한 간격만큼 떨어진 마커를 선발 - 품종을 10여개 선택하여 실제 다형성이 있는지 확인
	SNP 적용		○ 등록된 품종에 대한 개발된	○ 50개 이상의 품종에서 SNP 마

		SNP 적용	<ul style="list-style-type: none"> 키를 적용하여 품종 구별이 가능한지 조사 - SNP는 HRM으로 분석
[제7협동] 장미 품종 특성 데이터베이스 구축	장미 품종의 형태적 특성 평가	<ul style="list-style-type: none"> ○ 장미 유통품종 수집 및 생육관리 ○ 형태적 특성 조사 	<ul style="list-style-type: none"> ○ 장미 유통품종 수집 : 36품종 - 외국품종 23, 국내육성 13 ○ 식물체 생육관리 - 삼목묘 정식 및 양액재배 ○ 형태적 특성조사 - UPOV TG 조사 기준에 의거 양적 및 질적 형질 조사
[제8협동] 국화 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종별 데이터베이스 구축	<p>국내 주요 유통국화 20품종</p> <p>[위탁과제] 국내 유통국화 품종구분을 위한 DNA profile DB 구축</p>	<ul style="list-style-type: none"> ○ 국내 유통 국화품종 DB 구축 ○ 육종의 기초정보 제공 ○ 국화 유용 EST-SSR 선발 및 기확보 유용 SSR 마커 활용 	<ul style="list-style-type: none"> ○ 국내 유통 국화품종 수집 20 품종 ○ 기상환경에 따른 재배시험 ○ 특성조사 : 신품종등록기준 ○ 국화 품종 구분위한 polymorphic SSR마커 선발 - 국내 유통 국화 품종 20품종/년(국내 18,대조2)
[제9협동] 과수 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종별 데이터베이스 구축	배, 블루베리 품종 구분 지표 개발	<ul style="list-style-type: none"> ○ 과수 표현형 특성평가 - 표현형 특성 평가 - 작물별 표준품종 선정 ○ 국제식물신품종보호동맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술(SSR)을 활용한 DNA Profile DB 구축 	<ul style="list-style-type: none"> ○ 과수 표현형 특성 평가 - 배 107개 품종 표현형 특성 평가 - 블루베리 56개 품종 표현형 특성 평가 - 작물별 표준 품종 선정 - 양적 형질의 계급화

2. 국내외 기술개발 현황

코드번호

D-04

제 2 장 국내외 기술개발 현황

제 1 절 국외 연구동향

1. 국제식물신품종보호연맹은 스위스의 제네바에 본부를 두고 있는 정부간 조직이다. UPOV란 약어는 ‘Union Internationale pour la Protection des Obtentions Vegetales’란 조직의 프랑스 이름으로부터 유래한다. UPOV는 식물신품종보호를 위한 국제협약에 의한 창설되었으며 1961년 파리에서 조인되어 1968년부터 업무를 개시하였다. 동 협약은 1972년, 1978년 및 1991년에 제바에서 수정된바 있다. 회원국들은 그 협약에서 확립된 원칙에 따라 국제적 조화를 바탕으로 새로운 식물품종에 대한 육종가의 권리를 인정해 왔다.
2. 대부분의 UPOV 회원국에서는 신품종 보호를 위해 그 업무를 담당할 공신력있는 국가대리기관을 지정하여 그 기관에 신청토록 하고 있다. 현행 UPOV 회원국들은 품종검사와 종자의 품질을 관리하기 위하여 책임있는 기관이 식물품종보호를 실시할 수 있도록 제도적 장치를 마련해오고 있다. 많은 경우 품종보호를 위해 구별성, 균일성, 안정성 등 기술적 조건을 만족시키는 것을 이미 어떤 품종을 공식 품종목록에 등록시키기 위한 필수조건으로 삼고 있다.
3. UPOV에서는 유전자 분석을 위한 기법의 표준화와 DB화를 위해 DNA 검정 지침서(BMT Guideline)를 제정하고 품종보호제도에 대한 이용 방안과 작물별 활용사례(BMT-DUS)에 대한 문서를 채택하였다.
4. 세계 종자시장의 70% 이상을 몬산토, 듀폰, 신젠타 등 다국적 기업이 장악하고 있다. 이들 다국적 기업들은 막대한 연구비를 투입하여 새로운 생명공학기술을 개발하고, 유용형질에 관여하는 원천 유전자를 탐색하고 유전자의 기능을 확인하는 등의 연구개발 활동을 하고 있다. 반면, 2014년 11월까지 국내에서 등록된 종자업체의 수는 1,368개에 달하지만, 대부분의 종묘회사는 영세하여 자체 품종 개발능력이 없으며, 유전자원 보유, 신품종 육성, 종자품질관리 등 품종육성 전문 경쟁력을 갖춘 업체는 몇 개사에 불과하다.
5. 유럽에서의 식물신품종에 대한 보호는 개별 국가 내에서의 식물신품종보호제도를 통한 보호뿐만 아니라, 유럽연합 차원에서의 유럽연합 식물품종보호제도(Community Plant Varieties Rights, CPVR)를 통해서도 이루어지고 있다. 유럽연합 식물품종보호는 EC Council Regulation No 2100/94를 근거로 유럽연합품종보호사무소(Community Plant Variety Office, CPVO)를 중심으로 이루어지고 있다. CPVO를 통한 출원은 꾸준히 증가하여, 최근에는 연간 3,000건 이상의 출원이 이루어지고 있으며, 누적 CPVR 개수는 20,000여건을 넘어섰다. CPVO에서는 표준화된 DNA DB를 구축하기 위한 연구지원 사업을 수행하고 있으

며, 토마토, 감자, 복숭아, 장미 등의 작물에서 국가별 컨소시엄을 구성하여 표준화된 DNA DB 구축하였거나 구축 중에 있다.

6. 중국 국무원은 1997년 3월 중화인민공화국 식물신품종보호조례를 공포하였고, 농업부는 1999년 시행세칙을 제정하였다. 또한, 1999년에는 UPOV 조약에 가입하여 품종 지식재산권 보호체계의 구축을 통해 종자산업 기술시장의 형성에 대한 법률적 기초를 마련하였다. 품종보호권의 침해와 같은 분쟁과 관련하여 전문적인 문제에 대한 검정을 요구하는 경우, 검정자격이 있는 기관과 검정인에 의해 검정하게 된다. 검정은 포장관찰, DNA 분석 등의 방법을 통해 이루어질 수 있으며, 검정 결과에 대해 인민법원은 법에 의해 그 증명결과를 인정한다.
7. 스페인의 경우 체리, 블루베리, 올리브 등 11개 작물에 대한 DNA 분석 체계를 구축하고 이를 품종보호침해 등에 활용하고 있으며 2004년부터 2008년까지 분석 건수가 50건에 이르며 법원은 DNA 분석 자료를 충분히 인정한다.
8. 일본은 종묘법을 통해 식물신품종을 보호하고 있다. 종묘법의 보호대상이 되는 품종이란 ‘중요한 형질에 관계되는 특성의 전부 또는 일부에 의하여 다른 식물체의 집합과 구별할 수가 있으며 또한 그 특성의 전부를 유지하면서 번식시킬 수 있는 하나의 식물체의 집합’을 말한다. 벼, 딸기, 골풀 등 17개 작물에 대한 DNA 검정 방법을 개발하여 품종보호 품종의 가공품(팥앙금, 밥, 가공차 등)에 대한 유전자 분석 체계를 구축하였으며 영양번식 작물을 대상으로 DNA 보존사업을 수행하여 장미 등 50개 작물 360품종에 대한 DNA를 보관하고 있다.

제 2 절 국내 연구동향

1. 2012년 및 2013년 국정감사에서는 특허제도와 품종보호제도의 별도 운영으로 인해 발생할 수 있는 이용자의 편의성의 문제와 종자의 지재권 창출 및 활용에 관한 관계 부처간의 협력 문제 등에 대한 개선을 요구하는 의견이 있었다. 이에 따라 관계부처인 농식품부와 특허청은 종자 기재권의 포괄적, 효율적 보호방안 마련을 위해 상호 협력하기로 하고, 2014년 4월 종자분야 IP 권리화 및 분쟁 해결 지원 등의 분야에서 협력하기 위한 MOU를 체결하였다.
2. 우리나라가 가입한 1991 UPOV 협약에서는 식물신품종 보호제도 시행 초년도에는 보호 대상작물을 15개 이상의 작물로 하고, 향후 10년 이내에 전작물로 보호대상을 확대하도록 되어 있다. 그에 따라, 2002년 1월 7일에 가입한 우리나라는 시행 초년도에 벼, 배추, 사과 등 27개 작물을 보호대상으로 지정하였고, 이후 작물별 국제경쟁력 수준, 농업에 미치는 영향 등을 종합적으로 고려하여 보호대상작물을 확대해 왔으며, 2012년 1월 7일자로 딸기, 나무딸기, 감귤, 블루베리, 양앵두, 해조류가 포함되면서 품종보호 대상작물이 모든 작물로

확대되었다.

3. 국립종자원에서는 품종보호 출원품종의 등록품종과 국가목록등재 신청품종 등 법정종자를 보관하고 있으며, 2016년 12월 말까지 총 8,867건의 품종보호출원이 있었으며, 이들 중 6,392건의 품종이 등록되었고, 1,054건이 거절되었다. 등록된 6,392 품종을 작물군별로 보면, 화훼류 3,493, 채소류 1,192, 식량 954, 과수 337, 특용 244, 버섯 130, 사료작물 42품종으로 나타났다. 출원인별로 살펴보면, 종자업계 2,553, 국가 1,867, 지자체 1,109, 개인 687, 기타 176건으로 나타났다. 또한 6,392품종 중 국내품종은 4,991품종이었고, 외국품종은 1,401품종으로 나타났다. 국립종자원에서는 출원품종에 대한 심사 목적으로 출원과 대조 및 표준품종 등을 포함하여 일부작물과 관련해 부분적으로 품종특성 DB를 구축하고 있다.
4. 현재 국내에서는 356개 작물의 특성조사기준을 작성하였고, 이중 일부 작물에 관한 국내 유통 표준품종이 선정되어 육종가의 특성조사에 활용되어지고 있다. 종자관리요강에 의하면, 신품종 심사를 위한 작물별 세부 특성조사기준에 있는 조사특성 중에서 한 가지 이상의 특성이 대조 품종과 명확하게 구별되는 경우에 구별성이 인정된다. 이 때, 잎의 모양 및 색 등과 같은 질적 특성의 경우는 관찰에 의하여 특성 조사를 실시하고 그 결과를 계급으로 표현하여 출원품종과 대조품종의 계급이 한 등급 이상 차이가 나면 출원품종은 구별성이 있는 것으로 판정하며, 잎의 길이와 같은 양적 특성의 경우에는 특성별로 계급을 설정하고 품종 간에 두 계급 이상의 차이가 나면 구별성이 있다고 판정한다.

3. 연구수행 내용 및 결과

코드번호

D-05

제 3 장 연구수행 내용 및 결과

제1절 [1세부과제: 형태적 특성 검정에 의한 국가 표준 데이터베이스 구축]

1. 국내 배추 유통품종의 특성 DB 구축

1) 서론

국내 식물 종자는 농촌진흥청에서 약 160천점을 보관하고 있으며, 이중 일부 식물 유전자원에 대한 특성 DB를 구축하고 있음.

국립종자원에서는 품종보호 출원품종의 등록품종과 국가목록등재 신청품종 등 법정종자를 약 22천점 보관하고 있으며, 출원품종에 대해 심사 목적으로 출원과 대조 및 표준품종 등을 포함하여 일부작물에 대해 부분적으로 품종특성 DB를 구축하고 있음(151작물).

국내 유통품종의 특성 DB 구축은 품종 육성 시 육종 목표 설정 등에 활용 가능하고 품종 보호 출원품종 심사의 정밀도를 향상시킬 수 있을 뿐만 아니라 품종의 권리 및 침해분쟁의

해결에 도움이 될 것으로 사료됨.

국제식물신품종보호동맹(UPOV)을 중심으로 재배심사 기법이 개발되어 있으나 각 나라별로 실정에 맞는 방법을 쓰고 있고 국립종자원에서도 우리 심사 시스템에 맞는 재배심사 기법을 개발하여 활용하고 있음.

환경과 작형의 차이에 따른 특성 차이, 작물별 특성에 대한 표준품종 선정, 특성조사요령 작성 등 육종에 기초가 되는 정보를 제공함으로써 신품종 육성에 기여하고 양적형질에 대한 통계적 구별 방법 정립 등 재배심사 기법 개발이 필요하다.

배추(*Brassica rapa* L. var. *pekinensis* (Lour.) Kitam.)는 2014년 재배면적이 32천ha이고 생산량이 2,539천톤에 달하며(농림축산식품 주요통계 2015), 2015년 8월 현재까지 품종보호 출원 신청된 품종이 204품종, 등록된 품종이 137품종, 생산판매 신고된 것이 1,229건으로 채소작물 중 고추, 무 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://seed.go.kr>).

2) 재료 및 방법

가. 공신품종

배추 유통종자에 대한 특성 데이터베이스 구축을 위하여 ‘15년 9월까지 품종보호 등록된 96품종 중 수집 가능한 74품종의 종자를 수집하여 특성 데이터베이스 구축 재료로 활용하였다(Table 1).

Table 1. Commercial chinese cabbage varieties assayed for phenotype characterization.

연번	품종명	회사명	품종보호 등록일
1	이서월동장수	(주) 이서	2013-06-19
2	CR강산	농업협동조합중앙회	2008-07-17
3	참실	농업협동조합중앙회	2010-07-09
4	눈나라	농업협동조합중앙회	2011-10-13
5	아라리	농업협동조합중앙회	2012-12-12
6	CR맛	농업회사법인 (주)농우바이오	2004-07-19
7	여름맛엇같이	농업회사법인 (주)농우바이오	2009-10-12
8	쌈이랑	농업회사법인 (주)농우바이오	2009-05-08
9	대통	농업회사법인 (주)농우바이오	2009-05-08
10	우리	농업회사법인 (주)농우바이오	2010-06-25
11	추월	농업회사법인 (주)농우바이오	2010-06-25
12	월동천하	농업회사법인 (주)농우바이오	2011-03-24
13	수호	농업회사법인 (주)농우바이오	2012-06-22
14	앞쌈홍	농업회사법인 아시아종묘(주)	2010-07-12
15	만수무강	농업회사법인 아시아종묘(주)	2010-07-12
16	춘쌈황51	농업회사법인 아시아종묘(주)	2011-03-17
17	씨알만수무강엇같이	농업회사법인 아시아종묘(주)	2013-06-19
18	원교20034호	농촌진흥청	2011-03-14
19	원교20036호	농촌진흥청	2013-11-01
20	원교20035호	농촌진흥청	2011-03-14
21	황금숙음	동부팜한농 주식회사	2007-12-06
22	씨알알찬	동부팜한농 주식회사	2008-08-12
23	불암플러스	동부팜한농 주식회사	2008-07-18
24	진청	동부팜한농 주식회사	2010-06-25
25	통큰맛쟁	동부팜한농 주식회사	2013-06-24
26	에이치와와	바이오통	2012-06-18

27	신록엿갈이	사카타코리아(주)	2003-05-28
28	CR명품	사카타코리아(주)	2004-04-27
29	겨울노랑	사카타코리아(주)	2004-04-27
30	노랑쌈	사카타코리아(주)	2006-02-01
31	영웅맛자랑	사카타코리아(주)	2007-04-30
32	노랑맛하장	사카타코리아(주)	2006-11-27
33	추광	사카타코리아(주)	2008-07-03
34	CR새신록엿갈이	사카타코리아(주)	2008-07-03
35	상장군	사카타코리아(주)	2009-05-11
36	추풍	사카타코리아(주)	2012-07-02
37	남도장군	사카타코리아(주)	2012-07-02
38	휘파람골드	사카타코리아(주)	2012-07-02
39	월동장군	사카타코리아(주)	2013-06-20
40	새론쌈	삼성종묘주식회사	2010-07-12
41	손바닥	삼성종묘주식회사	2013-06-20
42	씨알황금	신젠타종묘(주)	2002-04-01
43	씨알진심	신젠타종묘(주)	2005-07-08
44	황금알	신젠타종묘(주)	2006-08-04
45	씨알농심	신젠타종묘(주)	2006-08-04
46	설야	우리종묘	2010-06-30
47	청옥	우리종묘	2010-06-30
48	케이756	우리종묘	2012-05-01
49	케이758	우리종묘	2012-05-01
50	암탁	제일종묘농산(유)	2013-05-30
51	CR월동청청	진홍종묘(주)	2009-10-12
52	청호엿갈이	진홍종묘(주)	2009-05-25
53	청광엿갈이	진홍종묘(주)	2009-10-12
54	CR자랑	진홍종묘(주)	2009-10-12
55	CR진품엿갈이	진홍종묘(주)	2010-07-12
56	골드맛채	진홍종묘(주)	2013-06-24
57	씨알하왕	진홍종묘(주)	2012-12-18
58	씨알신세계	진홍종묘(주)	2012-12-18
59	CR정품	진홍종묘(주)	2013-06-24
60	사강	한국종묘(주)	2012-11-15
61	와와쌈	한국종묘(주)	2012-12-05
62	대상겨울	현대종묘(주)	2010-07-14
63	케이티엑스	현대종묘(주)	2012-06-27
64	위풍당당	현대종묘(주)	2013-03-20
65	한설노랑	한국종묘(주)	2014-06-12
66	씨씨이이사이	농업회사법인 (주)농우바이오	2013-06-04
67	통큰맛짱	동부팜한농 주식회사	2013-06-24
68	케이925	우리종묘	2014-02-19
69	씨알황옥엿갈이	한국종묘(주)	2014-01-27
70	강심장	농업회사법인 (주)농우바이오	2014-06-23
71	케이파워	농업회사법인 (주)농우바이오	2014-02-03
72	자풍	삼성종묘(주)	2015-04-07
73	선진1호	한국종묘(주)	2015-09-07
74	에이치엔겨울나기	동부팜한농 주식회사	2014-07-08

나. 재배시험 및 특성조사

배추 유통종자에 대한 특성 데이터베이스 구축을 위하여 기존에 국립종자원에서 사용 중인 재배시험 방법(Table 2) 및 특성조사요령(종자⑩-8)의 33항목을 10월 하순 수확기에 조사.

Table 2. Outline of cultivation methods for database construction of chinese cabbage varieties.

구분	방법
시험 장소	국립종자원 김천 시험포장(밭2-8포장)
재식 거리	75×40cm(2줄 재배)
재식 주수	20주×2반복
소요 면적	768㎡(6㎡/구)
파종 방법	육묘 정식(파종일 8월 10일, 정식일 9월 2일)
재배법	표준영농교본 준수

다. 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발

배추 표준품종 선정을 위한 전문가협의회를 개최하고 재배시험 및 특성조사에서 확인 하여 확정. 배추의 특성조사기준을 개정하여 활용토록 함.

배추 양적형질의 계급화 구분은 기존의 국립종자원 계급테이블을 활용하여 재배시험 및 특성조사를 통하여 확인 및 개선하여 확정토록 함

3) 결과 및 고찰

가. 배추 특성 DB 구축을 위한 특성조사 결과

배추 유통종자에 대한 특성 데이터베이스 구축을 위하여 1년차(2014년)에 64품종에 대한 재배 시험 및 특성조사를 수행하였으며 그 결과는 표 3과 같음. 2~3년차(2015~2016)에는 74품종(64품종에 대한 확인 및 추가 10품종에 대한 특성조사)에 대한 재배시험을 수행하여 10월 하순 수확기에 특성조사를 진행하였음.

Table 3. Examination results for phenotypic database of chinese cabbage varieties.

번호	특성	표현형태	계급	이서월동 장수 (1)		CR강산 (2)		참설 (3)		눈나라 (4)		아라리 (5)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	39.9	3	31.8	5	43.8	5	45.7	3	30.8
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	6	46.3	5	34.6	6	50.8	6	49.4	4	33.6
		중간	5										
		길다	7										

4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	4	32.2	3	26.9	4	32.2	4	32.2	2	23.4
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	1		2		3		3		3	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽푹한모양	1	2		2		2		3		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5		6		5		5		7	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5		4		7		5		3	
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		2		2		2		2	
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		1		1		1		1	
		있다	9										
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5		5		5		5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2		2		2		3		2	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1		2		1		1	
		중간	2										
		심하다	3										

17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎:중륵의 가로 자른면의 모양	불록하다	1	2		2		1		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎:중륵의 길이	짧다	3	6	35.3	4	23.3	6	35.6	6	35.5	4	23.5
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎:중륵의 너비	좁다	3	5	6.2	5	6.7	6	7.0	6	7.7	6	6.9
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중륵의 색	흰색	1	2		2		1		1		2	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	5	26.8	4	24.6	5	27.9	6	29.6	4	23.8
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	5	15.7	4	13.7	6	18.1	6	17.9	4	14.2
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	2		2		2		3		5	
		타원형	2										
		달걀형	3										
		거꾸로세운달걀형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열림	1	2				2		3		2	
		반열림	2										
		단힘	3										
26. (* ㉔	결구품종 : 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5				7		5		3	5
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구 : 윗부분의 색	흰색	1	3				3		4		3	3
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										

28. (*) ㉔	구 : 윗부분이 녹새인 품종 : 구 : 녹색의 정도(강도)	열다	3	5	3	5	3	5	5
		중간	5						
		진하다	7						
29. ㉔	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7	7	7	7	7	7
		약하다	3						
		중간	5						
		심하다	7						
		매우심하다	9						
30. (*) ㉔	구 : 속 색깔	흰색	1	3	2	4	3	3	3
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	3	7	5	5	5	5
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	3	3	3	3	3
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	3	6	5	5	3
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	CR맛 (6)		여름맛 엇같이 (7)		쌈이랑 (8)		대통 (9)		우리 (10)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	34.5	3	31.8	3	31.2	3	33.8	4	36.3
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	39.2	4	33.7	5	34.5	5	38.6	5	39.6
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	27.7	3	26.6	3	27.3	3	28.8	3	28.0
		중간	5										
		넓다	7										

5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	2	1	2	2	2	2
		넓은달걀형	2						
		거꾸로 세운 달걀형	3						
		좁은달걀형	4						
		긴타원형	5						
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	뿔뿔한모양	1	2	2	3	3	3	2
		둥근모양(원두)	2						
		평평한모양(평두)	3						
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5	7	5	5	5	5
		중간	5						
		많다	7						
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5	3	5	5	5	5
		중간	5						
		크다	7						
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2	2	2	2	2	2
		녹색	2						
		회록색	3						
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5	5	5	5	5	5
		중간	5						
		질다	7						
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1	1	1	1	1	1
		있다	9						
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5	5	5	5	5	5
		중간	5						
		강하다	7						
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5	5	5	5	5	5
		적다	3						
		중간	5						
		많다	7						
		매우 많다	9						
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2	3	3	3	3	3
		평평하다	2						
		볼록하다	3						
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5
		중간	5						
		심하다	7						
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1	1	1	1	1	1
		중간	2						
		심하다	3						
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5
		중간	5						
		심하다	7						

18. ㉔	바깥잎:중특의 가로 자른면의 모양	불록하다	1	2		2		2		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎:중특의 길이	짧다	3	5	30.1	4	22.0	4	23.2	5	27.6	5	28.7
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎:중특의 너비	좁다	3	6	6.8	6	7.3	5	6.6	5	6.6	6	6.8
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중특의 색	흰색	1	2				2		2		1	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	23.8	4	24.9	3	22.6	4	24.9	5	26.1
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	14.4	5	15.2	4	14.2	5	15.5	5	16.0
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		4		2		3		2	
		타원형	2										
		달걀형	3										
		거꾸로세운달걀형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열림	1	2				2		2		2	
		반열림	2										
		단합	3										
26. (* ㉔	결구품종 : 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5		7		7		5		7	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구 : 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구 : 윗부분이 녹색인 품종 : 구 : 녹색의 정도(강도)	열다	3	5		5		5		5		3	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		7		7		7	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										

30. (*) ㉔	구 : 속 색깔	흰색	1	3	2	3	3	2
		연한 노랑색	2					
		노랑색	3					
		진한 노랑색	4					
		주황색	5					
		연녹색	6					
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	7	7	7	7	7
		약하다	3					
		중간	5					
		강하다	7					
		매우 강하다	9					
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	2	3	3	2
		둥근모양	2					
		평평한 모양	3					
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	3	3	5	5
		빠르다	3					
		중간	5					
		늦다	7					
		매우늦다	9					

번호	특성	표현형태	계급	추월 (11)		월동천하 (12)		수호 (13)		잎삼홍 (14)		만수무강 (15)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	34.8	4	39.7	3	33.0	4	39.8	3	33.05
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	40.6	6	45.2	5	36.8	6	44.0	5	35.36
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	28.0	4	31.9	3	26.3	4	31.5	3	24.00
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3		2		2		4		2	
		넓은달걀형	2										
		거꾸로 세운 달걀형	3										
		좁은달걀형	4										
		긴타원형	5										

6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽푼한모양	1	2	2	2	2	2	2	2		
		등근모양(원두)	2									
		평평한모양(평두)	3									
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5	7	5	5	5	7			
		중간	5									
		많다	7									
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5	3	5	5	7				
		중간	5									
		크다	7									
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2	2	2	4	적	2			
		녹색	2									
		회록색	3									
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	얕다	3	5	5	5	5	7				
		중간	5									
		깊다	7									
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1	1	1	9	1				
		있다	9									
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5	5	5	5	5	5			
		중간	5									
		강하다	7									
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5	5	5	5	5	5			
		적다	3									
		중간	5									
		많다	7									
		매우 많다	9									
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2	2	3	3	2				
		평평하다	2									
		볼록하다	3									
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5			
		중간	5									
		심하다	7									
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1	1	1	1	2				
		중간	2									
		심하다	3									
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5			
		중간	5									
		심하다	7									
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2	2	2	2	2	2			
		평평하다	2									

19. ㉠	바깥잎:중특의 길이	짧다	3	5	27.9	6	33.6	4	26.4	5	31.1	4	25.60
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉠	바깥잎:중특의 너비	좁다	3	6	6.9	6	7.3	5	6.5	5	6.1	5	6.90
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉠	바깥잎:중특의 색	흰색	1	2		1		2		1		1	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉠	구: 키	작다	3	5	27.5	4	24.5	4	24.3	6	31.1	4	24.90
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉠	구: 너비	좁다	3	4	14.8	5	15.3	5	15.4	2	7.5	4	14.36
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉠	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	4		2		3		6		2	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉠	구: 결구형태	열림	1	2		2		2		2		3	
		반열림	2										
		단힘	3										
26. (* ㉠	결구품종 : 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5		5		7		5		3	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉠	구 : 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		4	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉠	구 : 윗부분이 녹색인 품종 : 구 : 녹색의 정도(강도)	열다	3	5		5		5		5		3	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉠	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		7		7		3	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										

30. (* ㉔)	구 : 속 색깔	흰색	1	3	3	3	3	3	3
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	5	5	7	3	3	
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	2	2	3	2	2	
		등근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (* ㉔)	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	7	5	5	5	
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	춘삼황51(16)		씨알만수무강엇갈이(17)		원교20034호(18)		원교20036호(19)		원교20035호(20)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+ ㉔)	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		1		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (* ㉔)	식물체: 키	작다	3	4	34.7	3	31.6	5	45.7	7	59.7	5	47.1
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	40.1	5	34.5	6	45.7	7	57.4	6	49.7
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	28.7	3	26.4	3	27.1	3	24.4	3	30.9
		중간	5										
		넓다	7										
5. (* (+ ㉔)	바깥잎: 모양	원형	1	2		2		4		5		4	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										

6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	뽕특한모양	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	6	7	5	5	5	5	5	5	5	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	4	3	6	3	3	3	5	5	5	
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	7	5	7	3	3	3	5	5	5	
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
		있다	9										
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5	5	4	5	5	5	5	5	5	
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5	5	5	5	5	5	5	5	5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2	3	1	2	2	2	3	3	3	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5	5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1	1	2	2	2	2	1	1	1	
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5	7	7	7	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	5	28.9	4	24.6	6	35.9	8	48.6	7	39.2
		중간	5										
		길다	7										

20. ㉔	바깥잎:중특의 너비	좁다	3	5	6.4	6	6.9	5	6.0	3	4.9	3	4.5
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중특의 색	흰색	1	1				1		1		1	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	23.6	4	25.2	5	29.2	8	36.2	6	31.2
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	14.5	4	14.2	4	13.1	1	5.6	4	13.5
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		3		5		6		4	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열립	1	2				2		1		2	
		반열립	2										
		단립	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	7				3		1		3	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3				4		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	3				3		3		5	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7				5		3		7	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										
30. (* ㉔	구: 속 색깔	흰색	1	2				2		2		2	
		연한 노랑색	2										
		노랑색	3										
		진한 노랑색	4										
		주황색	5										
		연녹색	6										

31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	7	7	3	1	3
		약하다	3					
		중간	5					
		강하다	7					
		매우 강하다	9					
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	2	3	1	1	2
		등근모양	2					
		평평한 모양	3					
33. (* ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	3	3	7	5	5
		빠르다	3					
		중간	5					
		늦다	7					
		매우늦다	9					

번호	특성	표현형태	계급	황금숙음 (21)		씨알알찬 (22)		불암플러스 (23)		진청 (24)		통근맛짱 (25)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+ ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (* ㉔	식물체: 키	작다	3	3	30.5	3	32.1	3	32.6	3	33.6	4	35.7
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	35.4	5	36.1	5	37.9	5	37.6	5	39.7
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	26.3	3	25.3	3	25.3	3	27.3	3	27.6
		중간	5										
		넓다	7										
5. (* (+ ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3		2		4		1		2	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+ ㉔	바깥잎: 선단	몽특한모양	1	2		3		2		2		2	
		등근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (* ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	6		7		5		6		5	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	4		3		5		4		5	
		중간	5										
		크다	7										

9. (*) ㉔	바깥일: 색깔	황록색	1	2	2	2	2	2	2	2	2		
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥일: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5	5	5	5	5	5	7	7		
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥일: 안토시아닌 색소	없다	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
		있다	9										
12. ㉔	바깥일: 광택	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5		
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥일: 털의 다소	없거나 약하다	1	5	5	7	7	5	5	7	7		
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥일: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3	3	2	2	2	2	3	3		
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥일: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5		
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥일: 가장자리 결각	없다	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥일: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5		
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥일: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	1	2	2	2	2	2	2	2		
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥일: 중륵의 길이	짧다	3	4	23.4	4	24.8	4	26.9	4	25.7	5	28.7
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥일: 중륵의 너비	좁다	3	5	6.7	5	6.7	4	5.8	6	6.9	5	6.0
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥일: 중륵의 색	흰색	1	2	1	2	2	2	2	2	2	2	
		연녹색	2										
		녹색	3										

22. ㉔	구: 키	작다	3	3	22.7	4	23.8	4	25.2	4	23.4	4	25.5
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	14.7	5	15.3	4	14.6	4	13.8	5	15.7
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	4		2		3		3		3	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열림	1	2		2		2		2		2	
		반열림	2										
		단힘	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	7		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	3		5		5		5		5	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		7		7		7	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										
30. (* ㉔	구: 속 색깔	흰색	1	2		2		3		3		2	
		연한 노랑색	2										
		노랑색	3										
		진한 노랑색	4										
		주황색	5										
		연녹색	6										
31. ㉔	구: 단단한 정도	매우 약하다	1	7		7		7		5		5	
		약하다	3										
		중간	5										
		강하다	7										
		매우 강하다	9										

32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	2	3	3	2	3
		둥근모양	2					
		평평한 모양	3					
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	3	5	5	3	5
		빠르다	3					
		중간	5					
		늦다	7					
		매우늦다	9					

번호	특성	표현형태	계급	에이치와와 (26)		신록엷갈이 (27)		CR명품 (28)		겨울노랑 (29)		노랑쌈 (30)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	35.6	3	32.5	4	34.8	4	37.4	3	30.5
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	40.1	5	35.7	5	41.7	6	42.8	5	34.9
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	26.9	3	24.6	3	27.9	3	26.6	3	24.7
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3		3		2		3		2	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툭한모양	1	2		2		3		3		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	6		5		5		5		7	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	4		5		5		5		3	
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		2		2		2		2	
		녹색	2										
		회록색	3										

10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		1		1		1		1	
		있다	9										
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5		5		5		5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3		3		2		2		3	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1		1		1		1	
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	5	29.2	4	25.1	5	30.1	5	31.7	4	24.2
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎: 중륵의 너비	좁다	3	5	6.2	6	7.1	5	6.0	7	7.5	5	6.0
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎: 중륵의 색	흰색	1	1		2		2		2		2	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	24.2	4	26.0	4	24.3	4	24.7	3	22.0
		중간	5										
		크다	7										

23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	14.1	4	13.9	5	15.1	5	15.4	4	13.0
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	2		3		4		3		2	
		타원형	2										
		달걀형	3										
		거꾸로세운달걀형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열림	1	2				2		2		2	
		반열림	2										
		단힘	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	7		7		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	5		3		5		5		5	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		7		7		7	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										
30. (* ㉔	구: 속 색깔	흰색	1	2		2		2		3		3	
		연한 노랑색	2										
		노랑색	3										
		진한 노랑색	4										
		주황색	5										
		연녹색	6										
31. ㉔	구: 단단한 정도	매우 약하다	1	7		7		5		5		5	
		약하다	3										
		중간	5										
		강하다	7										
		매우 강하다	9										
32. ㉔	구: 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3		3		3		3		3	
		둥근모양	2										
		평평한 모양	3										

33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	3	5	7	3					
		빠르다	3										
		중간	5										
		늦다	7										
		매우늦다	9										
번호	특성	표현형태	계급	영웅맞자랑 (31)		노랑맞하장 (32)		추광 (33)		CR새싹 엇갈이 (34)		상장군 (35)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	41.1	3	30.9	3	33.9	3	31.7	3	31.0
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	6	46.8	5	34.8	5	37.6	5	34.5	5	35.0
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	30.4	3	27.8	3	25.4	2	23.6	3	25.9
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	2		2		2		3		2	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툭한모양	1	2		2		2		2		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5		7		5		5		5	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5		3		5		5		5	
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		2		2		2		2	
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5		5		5		7		7	
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		1		1		1		1	
		있다	9										

12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5		5		5		5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2		3		2		3		3	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1		1		1		1	
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	6	33.0	4	23.7	5	27.2	4	24.8	4	25.3
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎: 중륵의 너비	좁다	3	5	6.3	5	6.3	5	6.0	5	6.7	4	5.8
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎: 중륵의 색	흰색	1	1		1		2		1		2	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	25.3	4	25.0	4	24.8	3	21.2	4	25.4
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	5	17.3	5	15.6	4	14.9	4	14.4	4	14.1
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		2		3		3		3	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										

25. (*) ㉔	구: 결구형태	열림	1	2	2	2	2	2	2
		반열림	2						
		단힘	3						
26. (*) ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5	5	5	7	5	
		중간	5						
		심하다	7						
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3	3	3	3	3	
		노랑	2						
		연두	3						
		녹색	4						
28. (*) ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	5	5	5	3	3	
		중간	5						
		진하다	7						
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7	7	7	7	5	
		약하다	3						
		중간	5						
		심하다	7						
		매우심하다	9						
30. (*) ㉔	구: 속 색깔	흰색	1	3	2	3	2	2	
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구: 단단한 정도	매우 약하다	1	5	7	5	7	7	
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구: 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	3	3	3	3	
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	3	5	3	5	
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	손바닥 (41)		씨알황금 (42)		씨알진심 (43)		황금알 (44)		씨알농심 (45)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	3	29.4	3	31.5	3	31.3	4	37.9	3	29.2
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	4	31.8	5	34.8	5	34.3	5	39.0	5	35.8
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	2	23.7	2	23.6	2	22.5	3	29.2	3	24.5
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	2		2		3		3		2	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툭한모양	1	2		3		2		2		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5		6		7		3		5	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5		4		3		5		5	
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		2		2		2		2	
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5		5		5		5		7	
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		1		1		1		1	
		있다	9										

12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5		5		7		5	
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5		5		5		5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3		3		3		2		3	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		5		3		5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1		1		1		1	
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5		5		3		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		1		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	3	21.4	4	24.6	4	24.6	4	25.4	4	23.9
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎: 중륵의 너비	좁다	3	4	5.5	4	5.7	5	6.3	6	6.9	4	5.6
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎: 중륵의 색	흰색	1	1		2		1		1		1	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	23.0	3	22.8	4	23.0	6	29.5	3	21.7
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	14.2	5	15.6	4	14.0	6	17.5	4	13.8
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		3		2		2		3	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										

25. (* ㉔)	구: 결구형태	열림	1	2	2	2	2	2	2
		반열림	2						
		단힘	3						
26. (* ㉔)	결구품종: 구: 잎 겹침의 정도	약하다	3	7	5	5	5	5	5
		중간	5						
		심하다	7						
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3	3	3	3	3	3
		노랑	2						
		연두	3						
		녹색	4						
28. (* ㉔)	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	5	3	5	5	5	5
		중간	5						
		진하다	7						
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7	7	7	5	7	7
		약하다	3						
		중간	5						
		심하다	7						
		매우심하다	9						
30. (* ㉔)	구: 속 색갈	흰색	1	2	2	2	3	2	2
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구: 단단한 정도	매우 약하다	1	7	5	5	3	5	5
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구: 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	2	3	3	2	2
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (* ㉔)	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	5	5	5	3	3
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	추풍 (36)		남도장군 (37)		휘파람골드 (38)		월동장군 (39)		새론쌈 (40)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1										
		약간서다	2	2		2		2		2		2	
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3										
		중간	5	4	34.4	3	33.5	3	31.6	4	36.4	3	31.0
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3										
		중간	5	5	39.3	5	37.5	5	36.8	5	41.9	4	32.6
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3										
		중간	5	3	27.5	3	24.9	3	24.3	3	26.4	2	23.2
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1										
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3	2		3		2		4		3	
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툰모양	1										
		둥근모양(원두)	2	2		2		2		3		3	
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3										
		중간	5	5		6		5		5		7	
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3										
		중간	5	5		4		5		5		3	
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1										
		녹색	2	2		2		2		2		2	
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	얕다	3										
		중간	5	5		5		7		5		5	
		깊다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1										
		있다	9	1		1		1		1		1	
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3										
		중간	5	5		5		5		5		5	
		강하다	7										

13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5		5		5		5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2		2		2		3		3	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1		1		1		1	
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎:중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎:중륵의 길이	짧다	3	5	28.4	5	27.2	5	27.1	5	30.9	4	23.4
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎:중륵의 너비	좁다	3	5	6.1	6	7.0	4	5.7	6	7.1	5	6.1
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중륵의 색	흰색	1	1		2		2		2		1	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	25.8	3	20.3	4	23.8	5	26.3	3	22.5
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	5	15.8	5	15.7	4	14.4	5	16.8	4	13.1
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		3		3		2		3	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열립	1	2		2		2		2		2	
		반열립	2										
		단립	3										

26. (*) ㉔	결구품종 : 구 : 잎 겹침의 정도	약하다	3	7		5	5	5	5	5	5	5	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구 : 윗부분의 색	흰색	1	3		3	3	3	3	3	3	3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (*) ㉔	구 : 윗부분이 녹색인 품종 : 구 : 녹색의 정도(강도)	열다	3	5		5	5	5	5	5	5	5	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7	7	7	7	7	7	7	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										
30. (*) ㉔	구 : 속 색깔	흰색	1	2		2	3	2	2	2	2	3	
		연한 노랑색	2										
		노랑색	3										
		진한 노랑색	4										
		주황색	5										
		연녹색	6										
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	7		5	5	5	5	5	5	5	
		약하다	3										
		중간	5										
		강하다	7										
		매우 강하다	9										
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3		3	3	3	3	3	3	3	
		둥근모양	2										
		평평한 모양	3										
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5		7	5	5	5	5	5	5	
		빠르다	3										
		중간	5										
		늦다	7										
		매우늦다	9										
번호	특성	표현형태	계급	설야 (46)		청옥 (47)		케이756 (48)		케이758 (49)		압탁 (50)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎 : 자세	곧추서다	1	3		2	2	2	2	2	2	2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체 : 키	작다	3	4	14.4	3	31.1	3	32.5	4	34.3	4	36.6
		중간	5										
		크다	7										

3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	6	44.2	5	34.3	5	37.4	5	39.0	5	39.8
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	4	31.1	2	23.2	3	26.5	3	27.6	3	24.8
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3				2		2		3	
		넓은달걀형	2										
		거꾸로 세운 달걀형	3										
		좁은달걀형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툭한모양	1	2				2		2		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	7				5		6		5	5
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	7				5		4		5	5
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2				2		2		2	2
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	얼다	3	5				5		5		5	5
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1				1		1		1	1
		있다	9										
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5				5		5		5	5
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	3				7		5		5	5
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2				3		3		3	3
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5				5		5		5	5
		중간	5										
		심하다	7										

16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	2		1	1	1	1	1			
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5	5	5	5	5			
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎:중특의 가로 자른면의 모양	불룩하다	1	2		2	2	2	2	2			
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎:중특의 길이	짧다	3	5	28.9	4	24.9	4	26.1	5	27.7	5	28.0
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎:중특의 너비	좁다	3	7	7.7	4	5.6	5	6.3	5	6.2	4	5.6
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중특의 색	흰색	1	1		1	1	1	1	1			
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	5	28.2	4	24.1	4	24.7	5	26.2	5	27.7
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	6	18.0	4	13.2	4	14.3	5	15.3	4	14.1
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	2		3	3	3	3	3	5		
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열림	1	3		2	2	2	2	2	1		
		반열림	2										
		단힘	3										
26. (* ㉔	결구품종 : 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5		5	5	5	5	5	5		
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구 : 윗부분의 색	흰색	1	3		3	3	3	3	3	3		
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										

28. (*) ㉔	구 : 윗부분이 녹새인 품종 : 구 : 녹색의 정도(강도)	열다	3	5	5	5	5	3	5
		중간	5						
		진하다	7						
29. ㉔	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7	7	7	7	7	7
		약하다	3						
		중간	5						
		심하다	7						
		매우심하다	9						
30. (*) ㉔	구 : 속 색갈	흰색	1	4	2	2	2	2	2
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	4	5	7	5	5	5
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	3	3	3	3	2
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	6	5	3	5	5	5
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	CR월동청청 (51)		청호엇같이 (52)		청광엇같이 (53)		CR자랑 (54)		CR진품엇같이 (55)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		3		2		2		2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	34.7	4	34.0	3	30.0	3	32.2	3	30.4
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	40.5	5	39.8	4	32.1	5	35.3	4	33.9
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	25.7	3	25.0	2	21.7	2	22.4	2	23.3
		중간	5										
		넓다	7										

5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3	1	3	3	3		
		넓은달걀형	2							
		거꾸로 세운 달걀형	3							
		좁은달걀형	4							
		긴타원형	5							
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	뿔뿔한모양	1	2	2	2	2	2		
		둥근모양(원두)	2							
		평평한모양(평두)	3							
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5	5	5	5	5		
		중간	5							
		많다	7							
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5	7	5	5	5		
		중간	5							
		크다	7							
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2	2	2	2	2		
		녹색	2							
		회록색	3							
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5	5	7	5	5		
		중간	5							
		질다	7							
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1	1	1	1	1		
		있다	9							
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5	5	5	5	5		
		중간	5							
		강하다	7							
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5	5	5	5	5		
		적다	3							
		중간	5							
		많다	7							
		매우 많다	9							
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	2	2	3	2	3		
		평평하다	2							
		볼록하다	3							
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5	5	5	5	5		
		중간	5							
		심하다	7							
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1	2	1	1	1		
		중간	2							
		심하다	3							

17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎:중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎:중륵의 길이	짧다	3	5	28.9	5	28.8	4	23.0	4	25.1	4	23.6
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎:중륵의 너비	좁다	3	6	6.9	5	6.4	5	6.0	5	6.0	5	6.1
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중륵의 색	흰색	1	1		1		1		1		1	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	3	21.4	4	25.0	3	21.1	4	23.4	3	22.6
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	14.5	4	14.9	4	14.2	4	14.2	4	14.0
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	2		2		3		3		2	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열립	1	2		3		2		2		2	
		반열립	2										
		단립	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5		3		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	5		3		3		3		5	
		중간	5										
		진하다	7										

29. ㉔	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7	7	7	7	7	7
		약하다	3						
		중간	5						
		심하다	7						
		매우심하다	9						
30. (*) ㉔	구 : 속 색갈	흰색	1	3	3	2	3	3	
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	5	6	5	3	5	
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	2	3	2	3	
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	7	5	5	5	5	
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	폴드맛채 (56)		씨알하왕 (57)		씨알신세계 (58)		CR정품 (59)		사강 (60)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2	40.3	4	34.1	3	32.5	3	29.8	3	32.6
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	42.2	5	36.6	5	35.6	5	34.2	5	37.1
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	42.2	5	36.6	5	35.6	5	34.2	5	37.1
		중간	5										
		길다	7										

4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	3	24.8	2	23.8	2	22.6	2	21.9	2	23.9
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3									
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툰한모양	1	2									
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	7									
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	3									
		중간	5										
		크다	7										
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2									
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5									
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1									
		있다	9										
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	7									
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5									
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3									
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5									
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1									
		중간	2										
		심하다	3										

17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎:중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	1		2		1		2		2	
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎:중륵의 길이	짧다	3	5	30.7	4	26.0	4	25.4	4	23.9	4	26.1
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎:중륵의 너비	좁다	3	4	5.6	4	5.9	4	5.7	5	6.0	5	6.0
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중륵의 색	흰색	1	1		2		2		2		2	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	4	25.1	4	25.1	4	23.9	3	20.7	3	21.4
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	2	9.3	4	14.3	4	14.3	4	14.9	4	13.4
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	4		2		3		2		2	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열립	1	2		2		2		2		2	
		반열립	2										
		단립	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	3		7		7		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	3		3		5		5		5	
		중간	5										
		진하다	7										

29. ㉔	구 : 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7	7	7	7	7	7
		약하다	3						
		중간	5						
		심하다	7						
		매우심하다	9						
30. (*) ㉔	구 : 속 색갈	흰색	1	3	2	2	3	2	
		연한 노랑색	2						
		노랑색	3						
		진한 노랑색	4						
		주황색	5						
		연녹색	6						
31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	3	7	7	5	7	
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	2	3	3	2	3	
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	5	5	5	5	
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	와와쌈 (61)		대상겨울 (62)		케이티엑스 (63)		위풍당당 (64)		한설노랑 (65)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	3	30.6	4	34.7	3	29.4	3	30.7	5	45.9
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	5	34.1	5	40.8	4	33.3	4	33.5	6	46.9
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	2	23.2	3	24.7	2	22.4	2	22.0	4	33.2
		중간	5										
		넓다	7										
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3	3	3	2	2	3	3	2	2	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										

6. (+) (u)	바깥잎: 선단	뽕특한모양	1	2		2		2		2		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (* (u)	바깥잎: 요철	적다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		많다	7										
8. (u)	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		크다	7										
9. (* (u)	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		2		2		2		2	
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (* (u)	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	7		5		5		5		5	
		중간	5										
		질다	7										
11. (u)	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		1		1		1		1	
		있다	9										
12. (u)	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		강하다	7										
13. (u)	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	7		7		5		5		5	
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. (u)	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3		2		3		3		3	
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. (u)	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
16. (u)	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1		1		1		1	
		중간	2										
		심하다	3										
17. (u)	바깥잎: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
18. (u)	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		2		2	
		평평하다	2										
19. (u)	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	4	24.7	5	28.7	4	22.3	4	23.1	6	36.1
		중간	5										
		길다	7										

20. ㉔	바깥잎:중특의 너비	좁다	3	4	5.8	4	5.4	4	5.6	5	6.5	7	7.5
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎:중특의 색	흰색	1	1		1		2		2		2	
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	3	20.1	3	19.9	4	23.5	3	21.6	6	32.5
		중간	5										
		크다	7										
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	4	12.7	4	14.0	5	15.4	4	14.8	7	20.1
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		2		3		4		3	
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열립	1	2				2		2		2	
		반열립	2										
		단립	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	5		5		5		5		5	
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3		3	
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	3		5		5		5		3	
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		7		7		7	
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										
30. (* ㉔	구: 속 색갈	흰색	1	2		2		3		2		3	
		연한 노랑색	2										
		노랑색	3										
		진한 노랑색	4										
		주황색	5										
		연녹색	6										

31. ㉔	구 : 단단한 정도	매우 약하다	1	5	3	5	5	5	5
		약하다	3						
		중간	5						
		강하다	7						
		매우 강하다	9						
32. ㉔	구 : 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3	3	3	2	3	
		둥근모양	2						
		평평한 모양	3						
33. (* ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5	9	5	7	5	
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	씨씨이이사이 (66)		통근맛짱 (67)		케이925 (68)		씨알황옥 엇갈이 (69)		강심장 (70)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+ ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2	2	2	2	2	2	2	
		약간서다	2										
		수평이다	3										
2. (* ㉔	식물체: 키	작다	3	5	44.1	4	41.7	5	43.3	3	33.0	4	36.6
		중간	5										
		크다	7										
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	6	47.9	6	47.0	6	45.6	5	36.6	5	41.7
		중간	5										
		길다	7										
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	4	34.8	4	31.3	4	31.6	3	28.9	3	29.5
		중간	5										
		넓다	7										
5. (* (+ ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3		3		2		2		3	
		넓은달갈형	2										
		거꾸로 세운 달갈형	3										
		좁은달갈형	4										
		긴타원형	5										
6. (+ ㉔	바깥잎: 선단	몽툭한모양	1	2		2		2		2		2	
		둥근모양(원두)	2										
		평평한모양(평두)	3										
7. (* ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5		5		3		7		3	
		중간	5										
		많다	7										
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5		5		5		5		7	
		중간	5										
		크다	7										

9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		2	2		2		2		
		녹색	2										
		회록색	3										
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5		5	3		7		5		
		중간	5										
		질다	7										
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		1		1		1			
		있다	9										
12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5	5		5		5		
		중간	5										
		강하다	7										
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5	5		5		5		
		적다	3										
		중간	5										
		많다	7										
		매우 많다	9										
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3		3	3		3		3		
		평평하다	2										
		볼록하다	3										
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		7	5		7		7		
		중간	5										
		심하다	7										
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		1	1		1		1		
		중간	2										
		심하다	3										
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 톱니모양	약하다	3	5		5	5		3		5		
		중간	5										
		심하다	7										
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2	2		2		2		
		평평하다	2										
19. ㉔	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	6	33.9	6	35.5	6	43.8	5	27.4	5	29.3
		중간	5										
		길다	7										
20. ㉔	바깥잎: 중륵의 너비	좁다	3	5	6.1	5	6.0	5	6.5	6	7.1	5	6.5
		중간	5										
		넓다	7										
21. ㉔	바깥잎: 중륵의 색	흰색	1	1		2	2		2		1		
		연녹색	2										
		녹색	3										
22. ㉔	구: 키	작다	3	5	29.4	6	30.1	4	29.0	5	29.6	4	26.1
		중간	5										
		크다	7										

23. ㉔	구: 너비	좁다	3	7	21.6	7	20.2	6	19.3	6	18.5	6	18.8
		중간	5										
		넓다	7										
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	2		3		3		3			3
		타원형	2										
		달갈형	3										
		거꾸로세운달갈형	4										
		장타원형	5										
		긴장타원형	6										
25. (* ㉔	구: 결구형태	열립	1	2				2		2			2
		반열립	2										
		단힘	3										
26. (* ㉔	결구품종: 구: 잎 접침의 정도	약하다	3	3		5		5		5			5
		중간	5										
		심하다	7										
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3			3
		노랑	2										
		연두	3										
		녹색	4										
28. (* ㉔	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	3		3		3		3			3
		중간	5										
		진하다	7										
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		5		7			7
		약하다	3										
		중간	5										
		심하다	7										
		매우심하다	9										
30. (* ㉔	구: 속 색깔	흰색	1	3		3		2		2			3
		연한 노랑색	2										
		노랑색	3										
		진한 노랑색	4										
		주황색	5										
		연녹색	6										
31. ㉔	구: 단단한 정도	매우 약하다	1	3		5		7		7			7
		약하다	3										
		중간	5										
		강하다	7										
		매우 강하다	9										
32. ㉔	구: 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	3		2		2		2			3
		둥근모양	2										
		평평한 모양	3										

33. (*) ㉔	수확 성숙기	매우 빠르다	1	7	5	5	5	5	5
		빠르다	3						
		중간	5						
		늦다	7						
		매우늦다	9						

번호	특성	표현형태	계급	케이파워 (71)		자풍 (72)		선진1호 (73)		에이치엔겨울나기 (74)	
				계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1. (+) ㉔	바깥잎: 자세	곧추서다	1	2		2		2		2	
		약간서다	2								
		수평이다	3								
2. (*) ㉔	식물체: 키	작다	3	4	39.9	5	44.6	5	47.3	6	50.1
		중간	5								
		크다	7								
3. ㉔	바깥잎: 길이	짧다	3	6	44.1	7	51.1	6	48.0	7	54.5
		중간	5								
		길다	7								
4. ㉔	바깥잎: 너비(폭)	좁다	3	4	32.9	4	33.8	3	27.2	4	35.3
		중간	5								
		넓다	7								
5. (*) (+) ㉔	바깥잎: 모양	원형	1	3		3		4		3	
		넓은달갈형	2								
		거꾸로 세운 달갈형	3								
		좁은달갈형	4								
		긴타원형	5								
6. (+) ㉔	바깥잎: 선단	몽툭한모양	1	2		2		2		2	
		둥근모양(원두)	2								
		평평한모양(평두)	3								
7. (*) ㉔	바깥잎: 요철	적다	3	5		5		5		5	
		중간	5								
		많다	7								
8. ㉔	바깥잎: 요철의 크기	작다	3	5		5		5		5	
		중간	5								
		크다	7								
9. (*) ㉔	바깥잎: 색깔	황록색	1	2		5(자)		2		2	
		녹색	2								
		회록색	3								
10. (*) ㉔	바깥잎: 색깔의 강도(녹색 품종만)	열다	3	5		-		7		5	
		중간	5								
		질다	7								
11. ㉔	바깥잎: 안토시아닌 색소	없다	1	1		9		1		1	
		있다	9								

12. ㉔	바깥잎: 광택	약하다	3	5		5		7		5	
		중간	5								
		강하다	7								
13. ㉔	바깥잎: 털의 다소	없거나 약하다	1	5		5		5		5	
		적다	3								
		중간	5								
		많다	7								
		매우 많다	9								
14. ㉔	바깥잎: 세로로 자른면의 만곡	오목하다	1	3		3		3		3	
		평평하다	2								
		볼록하다	3								
15. ㉔	바깥잎: 가장자리 물결 모양	약하다	3	5		5		7		5	
		중간	5								
		심하다	7								
16. ㉔	바깥잎: 가장자리 결각	없다	1	1		2		1		1	
		중간	2								
		심하다	3								
17. ㉔	바깥잎: 가장자리의 툽니모양	약하다	3	5		3		5		5	
		중간	5								
		심하다	7								
18. ㉔	바깥잎: 중륵의 가로 자른면의 모양	볼록하다	1	2		2		2		2	
		평평하다	2								
19. ㉔	바깥잎: 중륵의 길이	짧다	3	6	32.5	7	39.8	7	38.5	7	41.2
		중간	5								
		길다	7								
20. ㉔	바깥잎: 중륵의 너비	좁다	3	6	6.9	6	6.9	6	6.8	7	7.7
		중간	5								
		넓다	7								
21. ㉔	바깥잎: 중륵의 색	흰색	1	2		2		3		2	
		연녹색	2								
		녹색	3								
22. ㉔	구: 키	작다	3	5	29.2	6	30.7	8	36.6	6	32.1
		중간	5								
		크다	7								
23. ㉔	구: 너비	좁다	3	6	19.7	5	16.5	5	15.1	6	19.9
		중간	5								
		넓다	7								
24. ㉔	구: 세로로 자른면의 모양	원형	1	3		2		5		4	
		타원형	2								
		달갈형	3								
		거꾸로세운달갈형	4								
		장타원형	5								
		긴장타원형	6								

25. (* ㉔)	구: 결구형태	열림	1	2		2		2		2	
		반열림	2								
		단합	3								
26. (* ㉔)	결구품종: 구: 잎 겹침의 정도	약하다	3	5		3		5		7	
		중간	5								
		심하다	7								
27. ㉔	구: 윗부분의 색	흰색	1	3		3		3		3	
		노랑	2								
		연두	3								
		녹색	4								
28. (* ㉔)	구: 윗부분이 녹색인 품종: 구: 녹색의 정도(강도)	열다	3	3		3		5		5	
		중간	5								
		진하다	7								
29. ㉔	구: 바깥잎의 요철	없거나 약하다	1	7		7		7		7	
		약하다	3								
		중간	5								
		심하다	7								
		매우심하다	9								
30. (* ㉔)	구: 속 색깔	흰색	1	3		3		2		2	
		연한 노랑색	2								
		노랑색	3								
		진한 노랑색	4								
		주황색	5								
		연녹색	6								
31. ㉔	구: 단단한 정도	매우 약하다	1	7		3		7		7	
		약하다	3								
		중간	5								
		강하다	7								
		매우 강하다	9								
32. ㉔	구: 고갱이 선단(정단부)의 모양(성숙기)	돌기형	1	2		2		2		3	
		둥근모양	2								
		평평한 모양	3								
33. (* ㉔)	수확 성숙기	매우 빠르다	1	5		5		5		5	
		빠르다	3								
		중간	5								
		늦다	7								
		매우늦다	9								

Fig. 1. Photos for phenotypic database of chinese cabbage varieties.





눈나라(4)



아라리(5)



CR맛(6)



여름맛엇갈이(7)



쌈이랑(8)





대통(9)



우리(10)



추월(11)



월동천하(12)



수호(13)





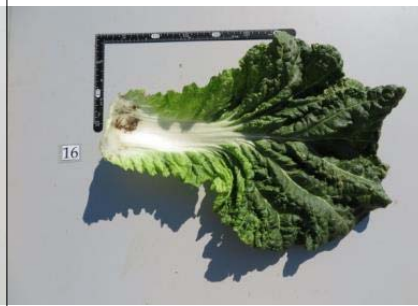
잎쌈홍(14)



만수무강(15)



춘쌈황51(16)



씨알만수무강엇갈이(17)



원교20034호(18)





원교20036호(19)



원교20035호(20)



황금숙음(21)



씨알알찬(22)



불암플러스(23)





진청(24)



통큰맛짱(25)



에이치와와(26)



신록엇갈이(27)



CR명품(28)





겨울노랑(29)



노랑쌈(30)



영웅맛자랑(31)



노랑맛하장(32)



추광(33)





CR 새싹갯갈이(34)



상장군(35)



추 풍(36)



남도장군(37)



휘파람골드(38)





월동장군(39)



새론쌈(40)



손바닥(41)



씨알황금(42)



씨알진심(43)





(황금알)(44)



씨알농심(45)



(설야)(46)



청옥(47)



케이756(48)





CR진품엇갈이(55)



골드맛채(56)



케이758(49)



암탁(50)



CR월동청청(51)





(청호엇갈이)(52)



청광엇갈이(53)



CR자랑(54)



CR진품엇갈이(55)



골드맛채(56)





씨알하왕(57)



씨알신세계(58)



CR 정 품(59)



사강(60)

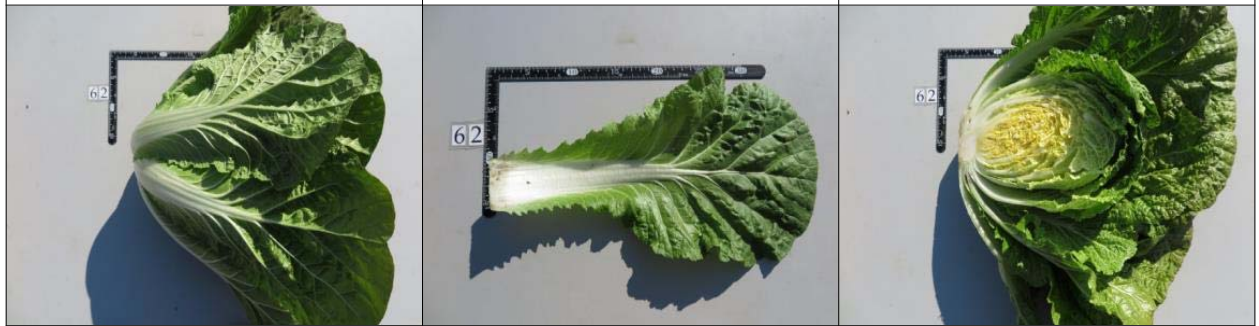


와와쌈(61)





대상겨울(62)



케이티엑스(63)



위풍당당(64)



한설노랑(65)



씨씨이이사이(66)





통큰맛짱(67)



케이925(68)



씨알황옥엇갈이(69)



강심장(70)



케이파워(71)





자풍(72)



선진1호(73)



에이치엔겨울나기(74)



다. 배추 표준품종 선정 및 양적형질의 계급화 구분

배추 표준품종 선정을 위한 전문가협의회(13년 개최, 전문가: 사카타코리아 김해동, 농우바이오 박영수, 국립원예특작과학원 박수형) 개최하여 특성조사기준 항목별 표준품종 전문가 선정 결과 취합하고 15년~16년도 추작 시험에서 재확인 후 선정 완료하여 17년 3월에 배추 특성조사기준에 표준품종을 추가한 개정안을 확정 및 알릴 예정임.

배추 특성 중 양적형질의 계급화 구분은 양적형질의 계급화 구분: 기존 계급구간표를 활용하여 14년~16년 연구과제 시험에서 확인하여 개선하였음.

Table 4. 배추 양적형질의 계급구간표

2. 식물체: 키

계급시작값	10.0000	계급개수	9	계급구간값	8.0000	LSD 1%	5.4829	LSD 5%	4.1191
-------	---------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	10	17.99	1
2	18	25.99	2
3	26	33.99	3
4	34	41.99	4
5	42	49.99	5
6	50	57.99	6
7	58	65.99	7
8	66	73.99	8
9	74	81.99	9

3. 바깥잎: 길이

계급시작값	0.0000	계급개수	9	계급구간값	8.5000	LSD 1%	3.7706	LSD 5%	2.8327
-------	--------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	0	8.49	1
2	8.5	16.99	2
3	17	25.49	3
4	25.5	33.99	4
5	34	42.49	5
6	42.5	50.99	6
7	51	59.49	7
8	59.5	67.99	8
9	68	76.49	9

4. 바깥: 너비(폭)

계급시작값	10.0000	계급개수	9	계급구간값	7.0000	LSD 1%	3.2180	LSD 5%	2.4175
-------	---------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	10	16.99	1
2	17	23.99	2
3	24	30.99	3
4	31	37.99	4
5	38	44.99	5
6	45	51.99	6
7	52	58.99	7
8	59	65.99	8
9	66	72.99	9

19. 바깥:중복의 길이

계급시작값	5.0000	계급개수	9	계급구간값	5.5000	LSD 1%	2.9098	LSD 5%	2.1860
-------	--------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	5	10.49	1
2	10.5	15.99	2
3	16	21.49	3
4	21.5	26.99	4
5	27	32.49	5
6	32.5	37.99	6
7	38	43.49	7
8	43.5	48.99	8
9	49	54.49	9

20. 바깥:중특의 너비

계급시작값	3.0000	계급개수	9	계급구간값	0.7500	LSD 1%	0.8245	LSD 5%	0.6194
-------	--------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	3	3.74	1
2	3.75	4.49	2
3	4.5	5.24	3
4	5.25	5.99	4
5	6	6.74	5
6	6.75	7.49	6
7	7.5	8.24	7
8	8.25	8.99	8
9	9	9.74	9

22. 구: 키

계급시작값	13.0000	계급개수	9	계급구간값	2.6000	LSD 1%	2.6727	LSD 5%	2.0079
-------	---------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	13	15.59	1
2	15.6	18.19	2
3	18.2	20.79	3
4	20.8	23.39	4
5	23.4	25.99	5
6	26	28.59	6
7	28.6	31.19	7
8	31.2	33.79	8
9	33.8	36.39	9

23. 구: 너비

계급시작값	7.0000	계급개수	9	계급구간값	2.1000	LSD 1%	2.2845	LSD 5%	1.7163
-------	--------	------	---	-------	--------	--------	--------	--------	--------

번호	FROM	TO	계급값
1	7	9.09	1
2	9.1	11.19	2
3	11.2	13.29	3
4	13.3	15.39	4
5	15.4	17.49	5
6	17.5	19.59	6
7	19.6	21.69	7
8	21.7	23.79	8
9	23.8	25.89	9

라. 배추 주요 특성별 계급 빈도 및 표준품종

번호	특성	계급개수	계급	표준 품종	
				품명	번호
1	시금치/시금치 (H) (H)	시금치	1	시금치	시금치
		시금치	2	시금치	시금치
		시금치	3	시금치	시금치

시금치: 시금치
시금치: 시금치
시금치: 시금치




번호	특성	계급개수	계급	표준 품종	
				품명	번호
2	시금치/시금치 (H) (H)	시금치	4	시금치	시금치
		시금치	5	시금치	시금치
		시금치	7	시금치	시금치

시금치: 시금치
시금치: 시금치
시금치: 시금치



번호	특성	계급개수	계급	표준 품종	
				품명	번호
3	배추/배추 (H) (H)	배추	3	배추	배추
		배추	3	배추	배추
		배추	3	배추	배추

배추: 배추
배추: 배추
배추: 배추

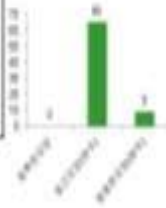
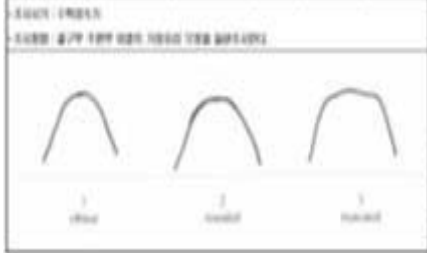



번호	특성	계급개수	계급	표준 품종	
				품명	번호
3	배추/배추 (H) (H)	배추	1	배추	배추
		배추	2	배추	배추
		배추	3	배추	배추
		배추	4	배추	배추
		배추	5	배추	배추

배추: 배추
배추: 배추
배추: 배추
배추: 배추
배추: 배추




번호	국명	종명	번호	유전종	
				SPV	번호
2	대한민국	종명	1	Spina	종명
11	대한민국	종명	2	Spina	종명

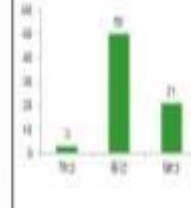


11

번호	국명	종명	번호	유전종	
				SPV	번호
7	대한민국	종명	1	Spina	종명
11	대한민국	종명	2	Spina	종명
11	대한민국	종명	3	Spina	종명

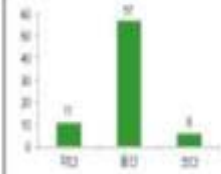
상세: 종명

상세: 품종



12

번호	국명	종명	번호	유전종	
				SPV	번호
1	대한민국	종명	1	Spina	종명
2	대한민국	종명	2	Spina	종명
3	대한민국	종명	3	Spina	종명



13

번호	국명	종명	번호	유전종	
				SPV	번호
1	대한민국	종명	1	Spina	종명
2	대한민국	종명	2	Spina	종명
3	대한민국	종명	3	Spina	종명

상세: 종명

상세: 품종



14

번호	국명	종명	번호	유전종	
				SPV	번호
1	대한민국	종명	1	Spina	종명
2	대한민국	종명	2	Spina	종명
3	대한민국	종명	3	Spina	종명

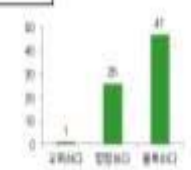


15

번호	국명	종명	번호	유전종	
				SPV	번호
1	대한민국	종명	1	Spina	종명
2	대한민국	종명	2	Spina	종명
3	대한민국	종명	3	Spina	종명

상세: 종명

상세: 품종



16

번호	특성	재배형태	종교	유전종류	
				유전자	종이
24	C7-고령화 호박 (Blood heat variety (old 'heat' source of sweetpotato leaf))	노지	3	Shimada	노지
25		노지	5	Shimada	노지
26		노지	7	Kato	노지

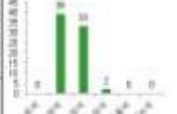
조사지역 : 경북영주
조사형태 : 노지재배
구분 : 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배




25

번호	특성	재배형태	종교	유전종류	
				유전자	종이
26	C7-4호 재배 (Heat / internal heat)	노지	1	-	-
27		노지	2	-	노지재배
28		노지	3	Wako	노지
29		노지	4	-	노지

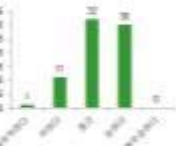
조사지역 : 경북영주
조사형태 : 노지재배
구분 : 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배

26

번호	특성	재배형태	종교	유전종류	
				유전자	종이
27	C7-고령화 호박 (Heat / internal heat)	노지	1	-	노지재배
28		노지	2	Shimada	노지
29		노지	3	Shimada	노지
30		노지	4	Shimada	노지
31		노지	5	Shimada	노지

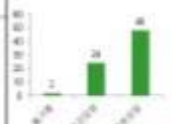
조사지역 : 경북영주
조사형태 : 노지재배
구분 : 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배

27

번호	특성	재배형태	종교	유전종류	
				유전자	종이
28	C7-고령화 호박 (Heat / internal heat)	노지	1	-	노지재배
29		노지	2	-	노지재배
30		노지	3	-	노지재배

조사지역 : 경북영주
조사형태 : 노지재배
구분 : 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배

28

번호	특성	재배형태	종교	유전종류	
				유전자	종이
28	고령화 호박 (Heat of harvest material)	노지	1	Shimada	-
29		노지	2	Nagano Sakurajima	노지
30		노지	3	Nagano Sakurajima	노지
31		노지	4	Nagano Sakurajima	노지
32		노지	5	Nagano Sakurajima	노지

조사지역 : 경북영주
조사형태 : 노지재배
구분 : 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배, 노지재배

번호	종교	종이	유전자	종이
28	노지	1	Shimada	-
29	노지	2	Nagano Sakurajima	노지
30	노지	3	Nagano Sakurajima	노지
31	노지	4	Nagano Sakurajima	노지
32	노지	5	Nagano Sakurajima	노지

29

마. 재배 환경의 차이에 따른 재배시험 결과 연구

호박, 무, 배추 재배시험 및 특성조사를 통한 환경 차이 별 특성조사 결과 조사

서양계 호박 3품종의 터널 망 재배 및 노지 포장재배에서 특성을 조사한 결과 특성조사 기준의 질적특성은 차이가 없으나 양적특성은 차이가 있었음

무 출원 등록 5품종, 배추 5품종의 노지포장 재배 및 연동하우스 재배에서 특성을 조사한 결과 특성조사기준의 질적특성은 차이가 없으나 양적특성은 차이가 있었음

제2절 [제2세부과제: 유전자분석에 의한 주요 농작물의 국가 표준 데이터베이스 구축]

1. SSR 마커를 이용한 벼 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

아시아에서 재배되는 벼(*Oryza sativa* L.)는 세계에서 가장 중요한 식량 작물 중 하나이며, 약 10,000년 동안 재배되어 온 것으로 추정된다(Liu et al. 2007). 우리나라 쌀 산업은 쌀 소비의 지속적인 감소와 연속된 풍년, 수요량을 초과하는 쌀 생산 및 수입증가로 인해 재고량이 매년 증가하고 있으므로 가격이 안정적이지 못하다. 따라서 생산자와 소비자가 선호하는 고품질의 벼를 개발하고 이를 이용하는 것이 중요하다고 생각된다. 또한 기후변화로 인해 앞으로 이에 대처할 수 있는 환경변이에 대응 가능한 벼 품종을 개발하는 것이 시급하다고 판단된다. 국내에서 소비자가 선호하는 고품질의 벼를 육성하기 위해 유전적 배경이 유사한 자포니카 품종을 교배모본으로 하여 새로운 품종이 육성되기 때문에 최근에 육성된 벼 품종은 유전적 근연관계가 가까운 것으로 추정되고 있다.

우리나라의 경우 벼 보급종이 모든 보급종 공급량의 약 65%를 차지하고 있으며, 2010년 대부터는 고품질과 내재해성 품종위주로 공급되고 있다(종자관리 주요통계 2014). 2014년 8월 통계에 의하면 국내 벼 재배면적은 815,506 ha로 2013년 832,625 ha보다 2.1% 감소하였으며 (<http://kostat.go.kr>, 통계청), 벼 품종보호출원 및 등록현황을 보면 2014년 10. 1일 기준 출원 실적은 19품종이고 등록 실적은 346품종으로 보고되었다(<http://www.seed.go.kr>). 최근 국내 유통되고 있는 우리나라의 육성 벼 품종을 대상으로 하여 분자표지를 활용하여 품종간 유전적 유연관계 분석이나 품종 식별에 활용한 경우는 많지 않은 실정이다. Microsatellites는 short tandem repeat motifs이며 높은 다형성을 가진다는 장점이 있고(Smith et al. 1997) genome상에 많이 분포되어 있으며 단지 적은양의 DNA만으로 짧은 시간에 분석이 가능하다는 이점이 있다. 그렇기 때문에 SSR 마커는 아라비도시스, 벼, 밀, 콩, 고구마를 포함한 많은 식물종에서 유용하게 사용되고 있다(Smith et al. 1997; Depeige et al. 1995; Roder et al. 1995 and Senior et al. 1993).

분자표지에 의해 국내 육성된 벼 품종의 식별이 모두 가능하다면 차후 분쟁 발생시 이를 조정하는 보조 자료로 활용될 수 있고, 육종에도 많은 도움이 되리라 생각된다. 따라서 본 연구는 국내에서 육성된 재배벼 품종을 SSR 마커를 이용한 유전자형 분석을 통해 품종판별에 대한 활용성을 검토하고 유전관계를 분석하여 종자분쟁 및 벼 품종 육성에 필요한 기초 자료를 제시하고자 한다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

본 시험에서 국내에서 유통되는 벼 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 향후 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 충북대학교로부터 벼 212품종의 종자를 분양받았고, 이들을 유전자 분석 재료로 이용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용

하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 순도 및 농도를 확인한 후 μ L당 5 ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial 212 rice varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분	연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분
1	금영	Geumyoung	품종보호등록	71	미형		품종보호등록
2	두루진미	Durujinmi	품종보호등록	72	백진주	Baegjinju	품종보호등록
3	만호	Manho	품종보호등록	73	보람찬	Boramchan	품종보호등록
4	산들진미	Sanduljinmi	품종보호등록	74	세계화		
5	삼천벼	Samcheonbyeo	품종보호등록	75	서농10호	Sunong 10ho	품종보호등록
6	운장벼	Unjangbyeo	품종보호등록	76	서농16호	Seonong 16ho	품종보호등록
7	원평	Wonpyeong	품종보호등록	77	세계진미	Segyejinmi	품종보호등록
8	적진주	Jeogjinju	품종보호등록	78	수진	Sujin	품종보호등록
9	조생흑찰	Josaengheugchal	품종보호등록	79	원창		
10	조안	Joan	품종보호등록	80	주남	Junam	품종보호등록
11	중모1011	Jungmo1011	품종보호등록	81	중모1013	Jungmo1013	품종보호등록
12	진봉	Jinbong	품종보호등록	82	청아	Cheonga	품종보호등록
13	태봉	Taebong	품종보호등록	83	청해진미	Cheonghaejinmi	품종보호등록
14	태성	Taeseong	품종보호등록	84	진농	Chinnong	품종보호등록
15	황금보라	Hwangkeumbora	품종보호등록	85	큰섬	Keunseom	품종보호등록
16	흑선찰	Heugseonchal	품종보호등록	86	평안	Pyungan	품종보호등록
17	그루벼	Gurubyeo	품종보호등록	87	향미벼1호	Hwangmibyeo 1	품종보호등록
18	금성	Keumsung	품종보호등록	88	호안	Hoanbyeo	품종보호등록
19	둔내벼	Dunnaebyeo	품종보호등록	89	화신1호	Hwasin 1	품종보호등록
20	만나	manna	품종보호등록	90	후남		
21	만주			91	간척벼	Gancheokbyeo	품종보호등록
22	삼백벼	Sambaegbyeo	품종보호등록	92	강백	Gangbaek	품종보호등록
23	상산벼	Sangsanbyeo	품종보호등록	93	강찬	Gangchan	품종보호등록
24	상주찰벼	Sangjuchalbyeo	품종보호등록	94	고아미2호	Goami2	품종보호등록
25	설백	Seolbaek	품종보호등록	95	고아미4	Goami4	품종보호등록
26	신운봉1호	Sinunbong 1	품종보호등록	96	고품	Gopum	품종보호등록
27	안산벼	Ansanbyeo	품종보호등록	97	금남벼	Geumnambyeo	품종보호등록
28	원해	Wonhea	품종보호등록	98	금오벼1호	Keumobyeo 1	품종보호등록
29	월백	Wolbaek	품종보호등록	99	남천벼	Namcheonbyeo	품종보호등록
30	인월	Inweolbyeo	품종보호등록	100	녹원찰		
31	조운	Joun	품종보호등록	101	농안		
32	중모1007	Jungmo1007	품종보호등록	102	다미	Dami	품종보호등록
33	중화벼	Junghwabyeo	품종보호등록	103	다산2호	Dasan2	품종보호등록
34	청백찰	Cheongbaekchal	품종보호등록	104	대진	Daejin	품종보호등록
35	향미벼2호	Hwangmibyeo 2	품종보호등록	105	드리미2	Drimi2ho	품종보호등록
36	고운	Goun	품종보호등록	106	만풍	Manpung	품종보호등록
37	남일	Namil	품종보호등록	107	보석찰	Boseogchal	품종보호등록
38	만안	Mananbyeo	품종보호등록	108	삼광	Samkwang	품종보호등록
39	문장	Munjang	품종보호등록	109	삼덕	Samdeog	품종보호등록
40	상미	Sangmibyeo	품종보호등록	110	상골	Sanggol	품종보호등록
41	새상주			111	상옥	Sangok	품종보호등록
42	오대1호	Odaelho	품종보호등록	112	서농12호	Sunong 12ho	품종보호등록
43	운두	Undoobyeo	품종보호등록	113	서농6호	Sunong 6ho	품종보호등록
44	원품			114	서농8호	Sunong 8ho	품종보호등록
45	적진주찰	Jeogjinjuchal	품종보호등록	115	서농9호	Sunong 9ho	품종보호등록
46	조평	Jopyeong	품종보호등록	116	서안1호	Seoan1ho	품종보호등록
47	대찬	Daechan	품종보호등록	117	서은	Seoun	품종보호등록
48	중모1010			118	서평	Seopyeong	품종보호등록
49	흑진주벼		품종보호등록	119	석정		품종보호등록
50	자광찰	Jakwangchal	품종보호등록	120	설강		품종보호등록
51	황금찰	Hwangkeumchal	품종보호등록	121	수라	Surabyeo	품종보호등록
52	대안벼	Daeanbyeo	품종보호등록	122	신명흑찰	Sinmyungheugchal	품종보호등록
53	서명	seomyeong	품종보호등록	123	신백	Shinbaek	품종보호등록
54	서진	Seojinbyeo	품종보호등록	124	신토흑미	Sintoheugmi	품종보호등록
55	주안벼	Juanbyeo	품종보호등록	125	아름	Areum	품종보호등록
56	호진	Hojin	품종보호등록	126	안다	Andabyeo	품종보호등록
57	화랑	Hwarang	품종보호등록	127	안미	Anmi	품종보호등록
58	화명벼	Hwamyongbyeo	품종보호등록	128	양조벼	Yangjobyeo	품종보호등록
59	남평벼	Nampyeongbyeo	품종보호등록	129	영해벼	Yeonghaebyeo	품종보호등록
60	내풍벼	Naepungbyeo	품종보호등록	130	오래	Orae	품종보호등록
61	다산	DASAN	품종보호등록	131	온누리	Onnuri	품종보호등록
62	다산1호	DASAN1HO	품종보호등록	132	원광	Wonkwang	품종보호등록
63	대산벼	Daesanbyeo	품종보호등록	133	원미	Wonmi	품종보호등록
64	동보	Dongbo	품종보호등록	134	원황	Weonhwangbyeo	품종보호등록

65	동안		품종보호등록	135	윤농참쌀	Yunnongchamssal	품종보호등록
66	동진2	Dongjin2	품종보호등록	136	조령벼	Joryeongbyeo	품종보호등록
67	동진찰	Dongjinchal	품종보호등록	137	중남		품종보호등록
68	동해진미	Donghaejinmi	품종보호등록	138	주안1호	Juan1ho	품종보호등록
69	말그미	Malgeumi	품종보호등록	139	중모1001	Jungmo1001	품종보호등록
70	미광	Migwang	품종보호등록	140	중모1012	Jungmo1012	품종보호등록

Table 1. Continued

연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분	연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분
141	중모1014	Jungmo1014	품종보호등록	177	새추청BIL-3	Saechucheong BIL-3	품종보호등록
142	중모1009	Jungmo1009ho	품종보호등록	178	서농15	Sunong 15ho	품종보호등록
143	중산	Jungsan	품종보호등록	179	설향찰	Seolhyangchal	품종보호등록
144	청담	Cheongdam	품종보호등록	180	성조찰	Seongjochal	품종보호등록
145	청호	Cheongho	품종보호등록	181	수안	Suan	품종보호등록
146	퐁미	Pungmi	품종보호등록	182	신동진	Sindongjin	품종보호등록
147	퐁미1호	Pungmil	품종보호등록	183	아랑향찰벼	Aranghangchalbyeo	품종보호등록
148	한강찰1호	Hangangchal 1	품종보호등록	184	오노찌노이찌		품종보호등록
149	한마음	Hanmaeum	품종보호등록	185	원추		품종보호등록
150	한아름2	Hanareum 2	품종보호등록	186	중안	Jungan	품종보호등록
151	해평	Haepyeong	품종보호등록	187	진보	Jinbo	품종보호등록
152	해평찰	Haepyeongchal	품종보호등록	188	진상	Jinsang	품종보호등록
153	향남벼	Hyangnambyeo	품종보호등록	189	가락	Garok	품종보호등록
154	홍진주	HONGJINJU	품종보호등록	190	광안	Kwanganbyeo	품종보호등록
155	화남벼	Hwanambyeo	품종보호등록	191	금탑	Geumtap	품종보호등록
156	화동벼	Hwadongbyeo	품종보호등록	192	노른자찰	Noreunjachal	품종보호등록
157	화봉	Hwabongbyeo	품종보호등록	193	눈보라	Nunbora	품종보호등록
158	화삼벼	Daesanbyeo	품종보호등록	194	대립자미	Daeripjami	품종보호등록
159	화선찰벼	Hwaseonchalbyeo	품종보호등록	195	동진1호	Dongjin 1 ho	품종보호등록
160	화신벼	Hwasinbyeo	품종보호등록	196	만월		품종보호등록
161	화안	Hwaan	품종보호등록	197	만종	Manjong	품종보호등록
162	화중벼	Hwajungbyeo	품종보호등록	198	서농14	Sunong14ho	품종보호등록
163	흑가위찰	Heugkawichal	품종보호등록	199	소비	Sobi	품종보호등록
164	건강홍미	Geongganghongmi	품종보호등록	200	영안		품종보호등록
165	고아미	Goami	품종보호등록	201	진품	Jinpum	품종보호등록
166	금안	Geuman	품종보호등록	202	큰눈	Geunnun	품종보호등록
167	금오벼2호	Keumobyeo 2	품종보호등록	203	큰눈자미	Keunnunjami	품종보호등록
168	넘강벼		품종보호등록	204	호평	Hopyung	품종보호등록
169	녹양	NOKYANG	품종보호등록	205	흑광	Heugkwang	품종보호등록
170	대립벼1호	Daeripbyeo 1	품종보호등록	206	농호	Nonghobyeo	품종보호등록
171	대평	Daepyeong	품종보호등록	207	미풍		품종보호등록
172	동원	Dongwonsal	품종보호등록	208	슈퍼자미	Superjami	품종보호등록
173	만미	Manmi	품종보호등록	209	수려진미	Suryeojinmi	품종보호등록
174	목양	Mogyang	품종보호등록	210	흑향	Heughyang	품종보호등록
175	밀키퀸	Milky queen	품종보호등록	211	백진주1호	Baegjinju1ho	품종보호등록
176	삼평	Sampyeong	품종보호등록	212	중모1015	Jungmo1015	품종보호등록

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

벼 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 국립종자원에서 사용 중인 마커 26개(Kwon et al. 2013)(Table 2) 중 다형성이 있고 재현성이 있는 19개 마커를 선발하여 이용하였다. 본 연구에 사용된 마커는 Table 3와 같다.

Table 2. The 26 SSR markers used for selection of rice SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Reference	Forward Primer(5'→3')	Reverse Primer(5'→3')
1	HvSSR01-32	CTT	Kwon et al. 2013	AAACTGGAGATGAACTCGAA	GTAACGAACTAGAGCATGGG
2	HvSSR01-71	CT	Kwon et al. 2013	TCATCTTACCTCCCTTGTG	GAGAGCTAACCATGAGCAAC
3	HvSSR01-84	CT	Kwon et al. 2013	TCTCTCGTCGATCTTAGCAG	TCGTTAATGAAGTCGTTTCGT
4	HvSSR02-12	GA	Kwon et al. 2013	TCTCCAATTCTCCATCAAAC	CTTGCTTGAGCGAGTCTAAT
5	HvSSR02-62	CT	Kwon et al. 2013	GGTCGTCACCTCGTCAGTAGT	ACGAAACAACACACAGCATA
6	HvSSR02-86	AAC	Kwon et al. 2013	CTGCATCAATATAATTGCGA	GCTACTTACACCACCACCAT
7	HvSSR03-62	AG	Kwon et al. 2013	ACATGGCCTTGTAGTAGACG	GAAGGAATCCAATGTGTGTT
8	HvSSR03-68	AAT	Kwon et al. 2013	CTCTATCAATACAAAGGCGG	CCTGTACTTGCTTTAATCGG
9	HvSSR04-17	TA	Kwon et al. 2013	GCTGATCAGTGCTGTAACAA	TAGAGATCGGCCAGAGATTA

10	HvSSR05-43	GA	Kwon et al. 2013	GTGCATTTGCAACTTAAACA	GGGAGATCAAGAAGAGGTTT
11	HvSSR05-49	TCT	Kwon et al. 2013	GCTTAGTACTTGCGGCTAAA	CCATCTTACATGTCCTCACC
12	HvSSR05-57	CT	Kwon et al. 2013	GACCTCTCCTCGCCCTAC	CAGAGAGCACTTCCTGAATC
13	HvSSR05-63	TG	Kwon et al. 2013	GTTATGCGCTTCTGCTTATT	AGTTGGCTTCTGGATTACAA
14	HvSSR06-03	GAA	Kwon et al. 2013	CTAGGGAATCAGCGGTTAG	GCTCTCTTGTCCTTCTTCTTC
15	HvSSR06-19	TTA	Kwon et al. 2013	CACTGACAAAGCTTCCGTAT	ATAGTTGCGGAGTGGATAGA
16	HvSSR06-29	TTA	Kwon et al. 2013	GCGATTCAAAGTGACTGATT	CGCATGTGCAATATGCTA
17	HvSSR06-56	TC	Kwon et al. 2013	GAACAAATCTGCTGACCTGG	CCTATACTGGTAATGGCAGC
18	HvSSR06-63	TC	Kwon et al. 2013	GTGTGGCAATTTAACATCCT	TTGTTGCTTGTTCCTTCACTG
19	HvSSR06-75	AAT	Kwon et al. 2013	TTTAGAGATCATGCCGAGTT	GACGGAGGGAATAACACTTT
21	HvSSR08-19*	AG	Kwon et al. 2013	CATCTCTTGAGAAATCTGCC	TGTGCATTTTCGTCTTTCATA
22	HvSSR08-35	AT	Kwon et al. 2013	CTGCAACGTTTATAGCTCAA	TGTTTGTGAACAGATCGTGA
23	HvSSR09-40	CT	Kwon et al. 2013	AACTTAAATCCAAACAGGCA	GATCTTTAGTCCCGGATTCT
24	HvSSR10-08*	ATG	Kwon et al. 2013	CAAGAAAGCCGAGTTAAAGA	TCCTCAAAGATGGTATGAC
25	HvSSR10-35	AG	Kwon et al. 2013	AGCTTGTTGGCAGTTTGTAT	ACACTAAGTGGGCAAATCAG
26	HvSSR11-23*	CTT	Kwon et al. 2013	GGTCCCAATGCAGTATAGA	CACTAACGACCAAGGTAAGG

Table 3. The 19 SSR markers used for selection of rice new SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Forward Primer(5'→3')	Reverse Primer(5'→3')
1	HvSSR01-32	CTT	AAACTGGAGATGAACTCGAA	GTAACGAACTAGAGCATGGG
2	HvSSR01-71	CT	TCATCTTACCTTCCCTTGTG	GAGAGCTAACCATGAGCAAC
3	HvSSR01-84	CT	TCTCTCGTCGATCTTAGCAG	TCGTTAATGAAGTCGTTTCGT
4	HvSSR02-12	GA	TCTCCAATTCTCCATCAAAC	CTTGCTTGAGCGAGTCTAAT
5	HvSSR02-62	CT	GGTCGTCACCTCGTCAGTAGT	ACGAAACAACACACAGCATA
6	HvSSR02-86	AAC	CTGCATCAATATAAATTGCGA	GCTACTTACACCACCACCAT
7	HvSSR03-62	AG	ACATGGCCTTGTAGTAGACG	GAAGGAATCCAATGTGTGTT
8	HvSSR03-68	AAT	CTCTATCAATACAAAGGCGG	CCTGTACTTGTCTTAATCGG
9	HvSSR05-43	GA	GTGCATTTGCAACTTAAACA	GGGAGATCAAGAAGAGGTTT
10	HvSSR05-49	TCT	GCTTAGTACTTGCGGCTAAA	CCATCTTACATGTCCTCACC
11	HvSSR05-57	CT	GACCTCTCCTCGCCCTAC	CAGAGAGCACTTCCTGAATC
12	HvSSR05-63	TG	GTTATGCGCTTCTGCTTATT	AGTTGGCTTCTGGATTACAA
13	HvSSR06-03	GAA	CTAGGGAATCAGCGGTTAG	GCTCTCTTGTCCTTCTTCTTC
14	HvSSR06-19	TTA	CACTGACAAAGCTTCCGTAT	ATAGTTGCGGAGTGGATAGA
15	HvSSR06-75	AAT	TTTAGAGATCATGCCGAGTT	GACGGAGGGAATAACACTTT
16	HvSSR08-19*	AG	CATCTCTTGAGAAATCTGCC	TGTGCATTTTCGTCTTTCATA
17	HvSSR09-40	CT	AACTTAAATCCAAACAGGCA	GATCTTTAGTCCCGGATTCT
18	HvSSR10-08*	ATG	CAAGAAAGCCGAGTTAAAGA	TCCTCAAAGATGGTATGAC
19	HvSSR10-35	AG	AGCTTGTTGGCAGTTTGTAT	ACACTAAGTGGGCAAATCAG

PCR 반응은 벼 genomic DNA 40 ng, 1 μ M의 형광 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), Ex-Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 \times PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 5분, denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 30초, annealing은 55 $^{\circ}$ C에서 30초, extension은 72 $^{\circ}$ C에서 45초, final-extension은 72 $^{\circ}$ C에서 5분간 수행하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 벼 212품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l는 Hi-Di formamide 9.2 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3130xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij} 는 마커 i 의 밴드들 중에서 j 번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

19개의 SSR 마커를 이용하여 212개 국내유통 벼 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석한 결과 141 bp에서 384 bp 크기의 범위에서 총 332개의 allele가 탐지되었고, 마커별로 allele 수는 9개(HvSSR06-19)에서 29개(HvSSR10-35) 분포를 보였으며, 평균 allele 수는 17개였다. 분석에 사용한 마커에 대한 유전적 다양성을 나타내는 PIC는 HvSSR06-19 마커에서 0.58로 가장 낮았으며, HvSSR03-62에서 0.87로 가장 높게 나타났고, 평균은 0.78이었다(Table 4). Xiao et al.(2012)은 38개의 한국과 중국의 자포니카 품종에 대해 47개의 SSR 마커를 이용하여 분석한 결과 마커의 평균 PIC 값이 0.44라고 보고하였고, Kwon et al. (2006)은 벼 보급종 21 품종에 대해 50개의 SSR 마커를 이용하여 분석한 결과 평균 PIC 값이 0.46이라고 보고하였다. 본 연구에서의 PIC 평균값은 0.78로서 본 연구에 이용된 국내 벼 유통품종의 유전적 다양성이 매우 높은 것으로 판단된다. 본 연구에서는 SSR loci의 allele수와 PIC값의 수치가 대체적으로 비례하는 것으로 관찰되었다. PIC는 유전적 연관관계에 근거하여 유전자형간 차이를 알아내는데 있어서 마커의 이용 가능성과 SSR loci의 정보를 보여준다. 마커 HvSSR03-62의 경우 많은 allele 수와 높은 PIC값을 나타내었는데, 이 SSR loci는 국내 육성 벼 품종의 유전연구에 매우 유용하게 이용될 것이라 생각된다.

Table 4. Characteristics of 19 SSR markers selected for database construction of rice cultivars

Marker name	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
HvSSR01-32	55	228-270	14	0.792	VIC
HvSSR01-71	55	154-204	16	0.854	PET
HvSSR01-84	55	200-242	19	0.865	FAM
HvSSR02-12	55	226-336	19	0.818	VIC
HvSSR02-62	55	322-384	21	0.837	NED
HvSSR02-86	55	249-312	13	0.766	FAM

HvSSR03-62	55	244-318	24	0.879	PET
HvSSR03-68	55	188-226	12	0.641	FAM
HvSSR05-43	55	228-286	20	0.818	FAM
HvSSR05-49	55	141-201	12	0.727	VIC
HvSSR05-57	55	219-259	16	0.765	NED
HvSSR05-63	55	171-255	23	0.828	PET
HvSSR06-03	55	156-216	14	0.782	FAM
HvSSR06-19	55	296-355	9	0.586	VIC
HvSSR06-75	55	149-252	13	0.735	VIC
HvSSR08-19*	55	169-243	24	0.846	NED
HvSSR09-40	55	267-299	17	0.830	FAM
HvSSR10-08*	55	304-370	17	0.773	NED
HvSSR10-35	55	226-294	29	0.825	FAM
Total			332		
Mean			17	0.788	

UPGMA분석을 이용한 공시품종의 dendrogram 작성결과, 유사도 지수는 0.05에서 1.0의 분포를 보였으며, 212개 벼 품종은 약 0.19의 유전적 거리에서 크게 2개 그룹으로 분류되었다 (Fig. 1). 그룹 I에는 금영, 신동진, 자광찰벼 등 국내육성 195 품종이 속했으며, 그룹 II에는 향미벼2호, 눈보라 등 17품종이 분포하였다. 본 연구에서 사용한 19개의 마커로 ‘상골’과 ‘설갱’, ‘중모1014’와 ‘중모1009’, ‘산들진미’와 ‘삼백벼’ 품종을 구분하는 것은 불가능하였다. 이는 벼 품종의 육성 과정을 살펴볼 때 품종육성에 제한된 유전자원을 활용하였기 때문에 나타난 결과라고 판단된다. 그룹 I의 ‘산들진미’의 육성내역을 살펴보면 교배모본이 ‘삼백’이므로, ‘삼백’ 품종과 유전적으로 매우 유사한 것으로 사료된다. ‘상골’과 ‘설갱’의 경우도 품종육성과정이 일품벼에 들연변이를 처리하여 육성된 품종으로 같으므로 동일한 유전자형을 보이는 것으로 판단된다. ‘중모1014’와 ‘중모1009’의 경우도 본 연구에 이용된 마커로 식별이 불가능 하였는데, 이들은 교배 모본이 서로 다르나 벼 품종의 생태형이나 형질이 비슷하여 유전적으로 매우 유사할 것으로 사료된다.

본 연구에서는 다형성이 높은 19개의 SSR마커를 이용하였지만 공시된 212 벼 유통 품종 전체를 구분하는 것은 불가능하였고 206 품종의 판별이 가능하였다. 따라서 국내 유통 벼 품종을 보다 효율적으로 구분하기 위해 앞으로 제1협동과제에서 수행한 주요 형태적인 특성 조사 및 작물학적 특성 성적을 참조하여 추가적인 SSR 마커의 선발이 요구되며, 조사 성적들의 DB구축이 이루어진다면 종자분쟁 발생시 보조적인 해결수단으로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

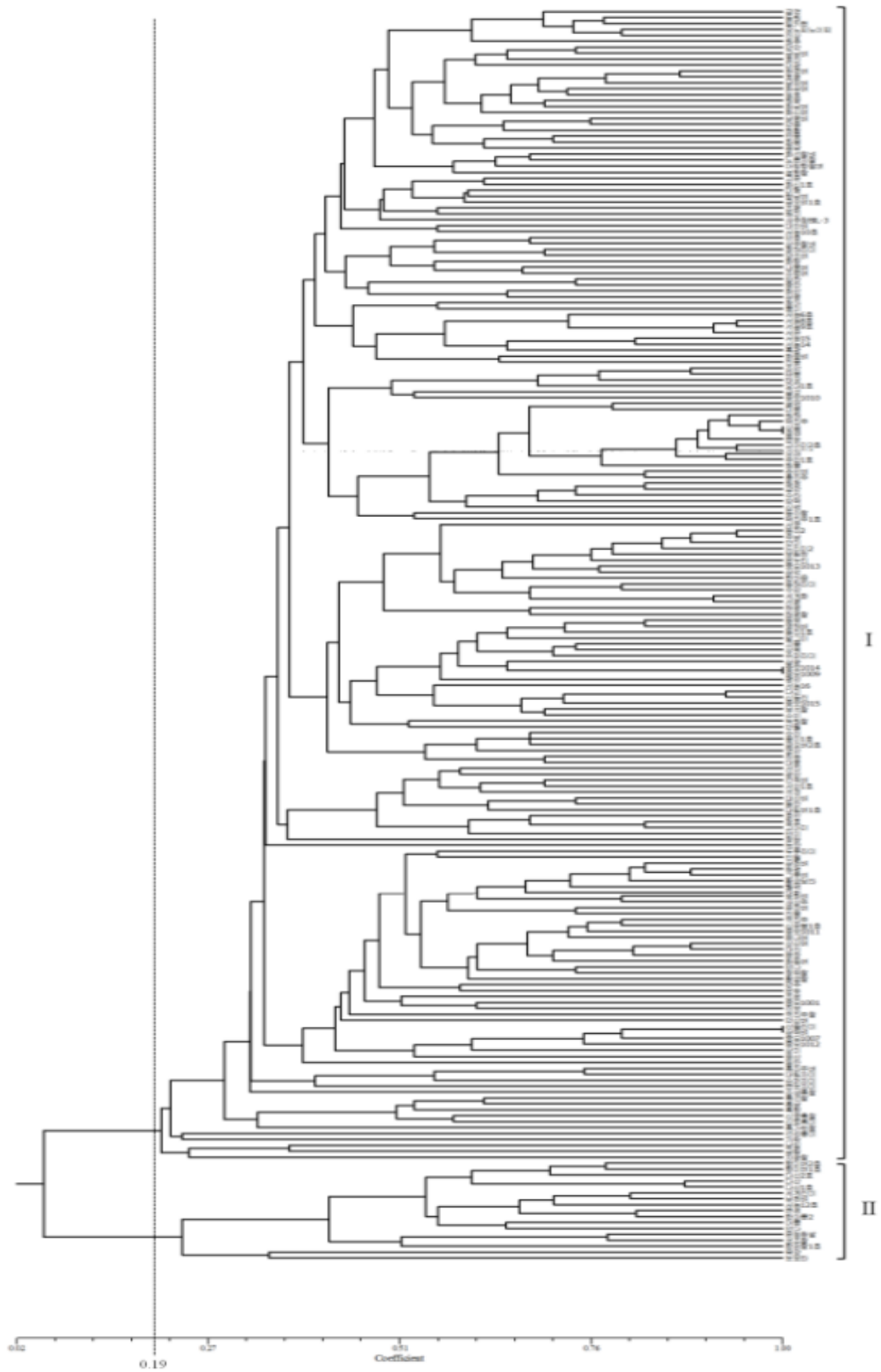


Fig. 1. Dendrogram of 212 rice cultivars using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

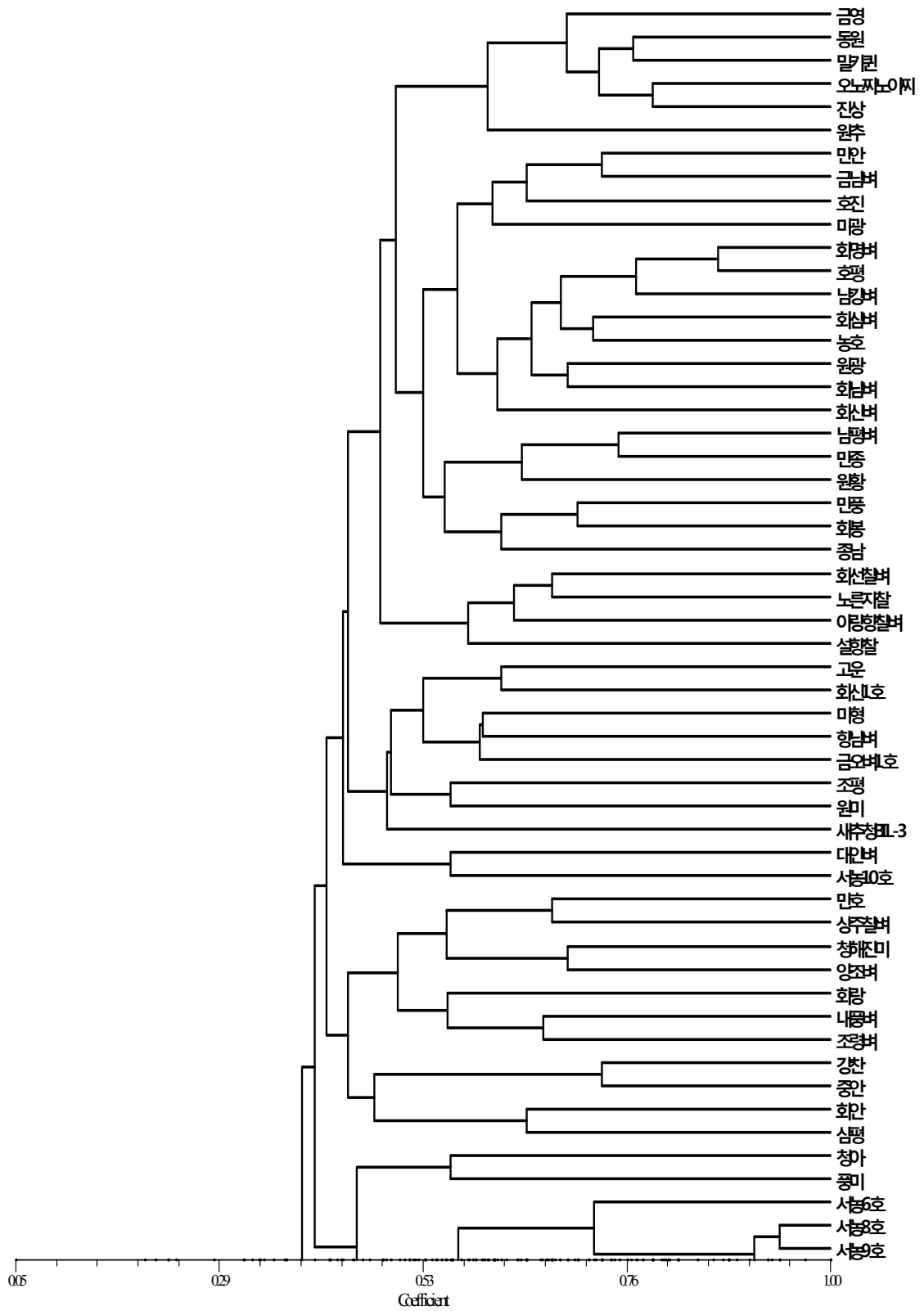


Fig. 1. Continued to expand (Fig.1)

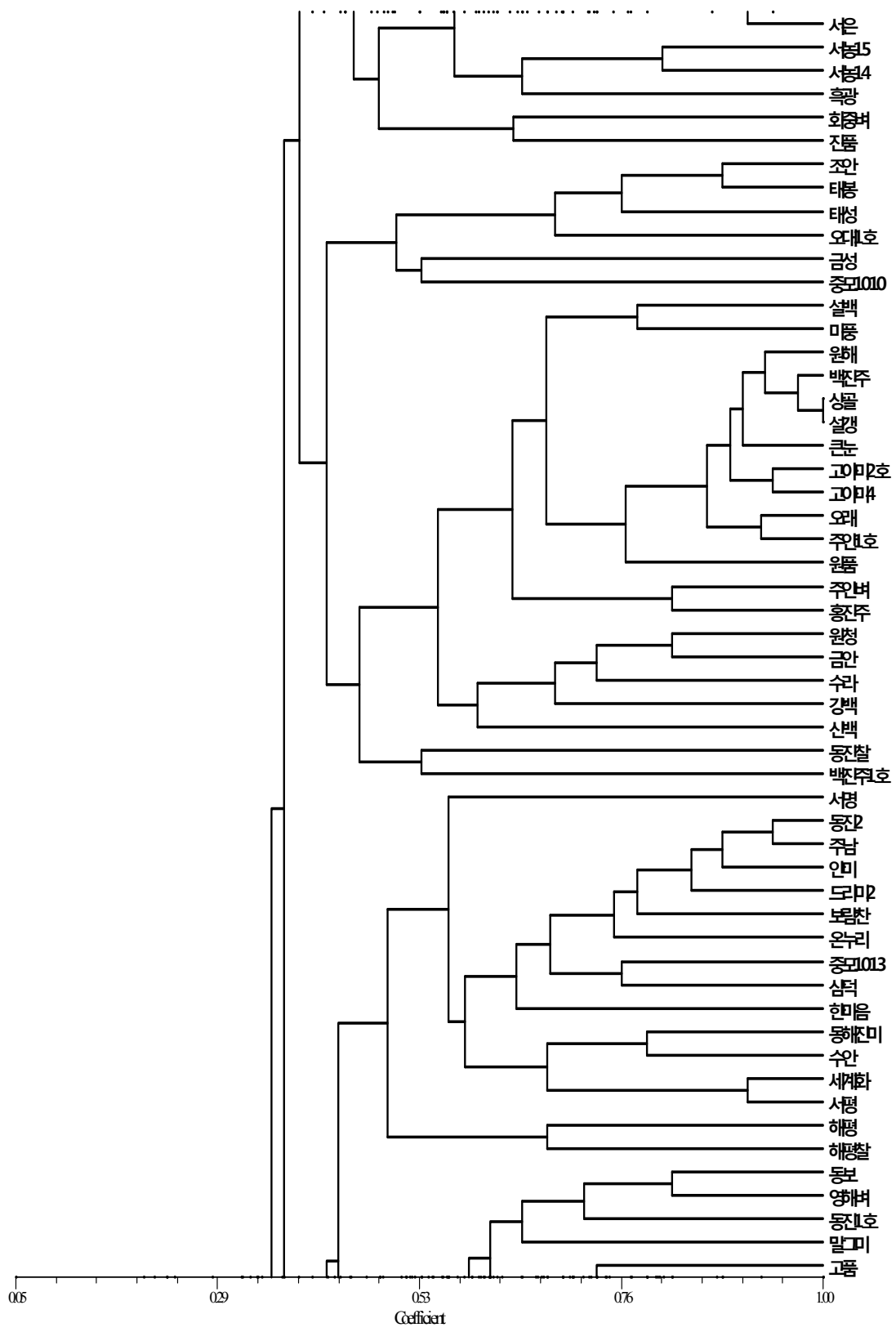


Fig. 1. Continued

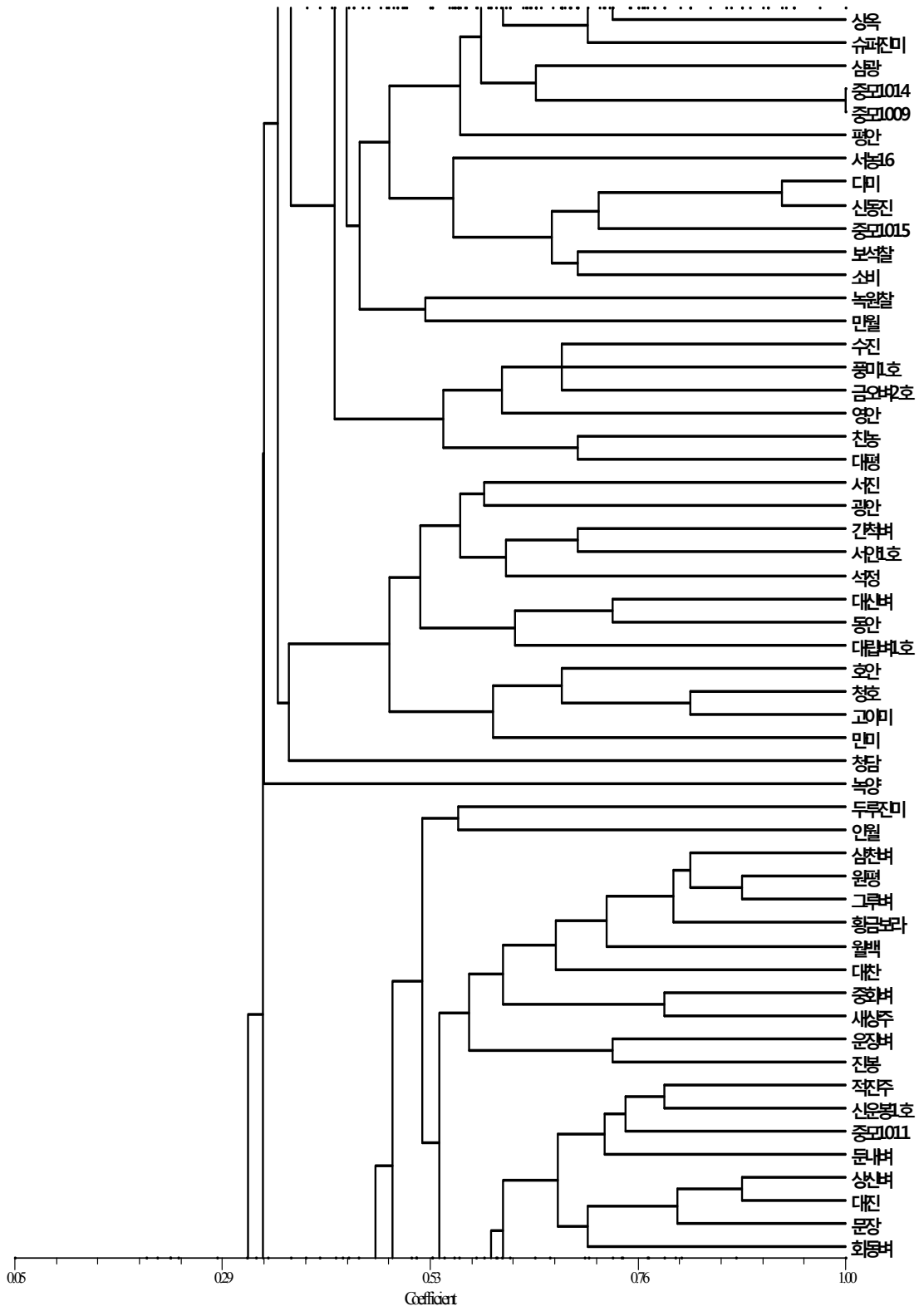


Fig. 1. Continued

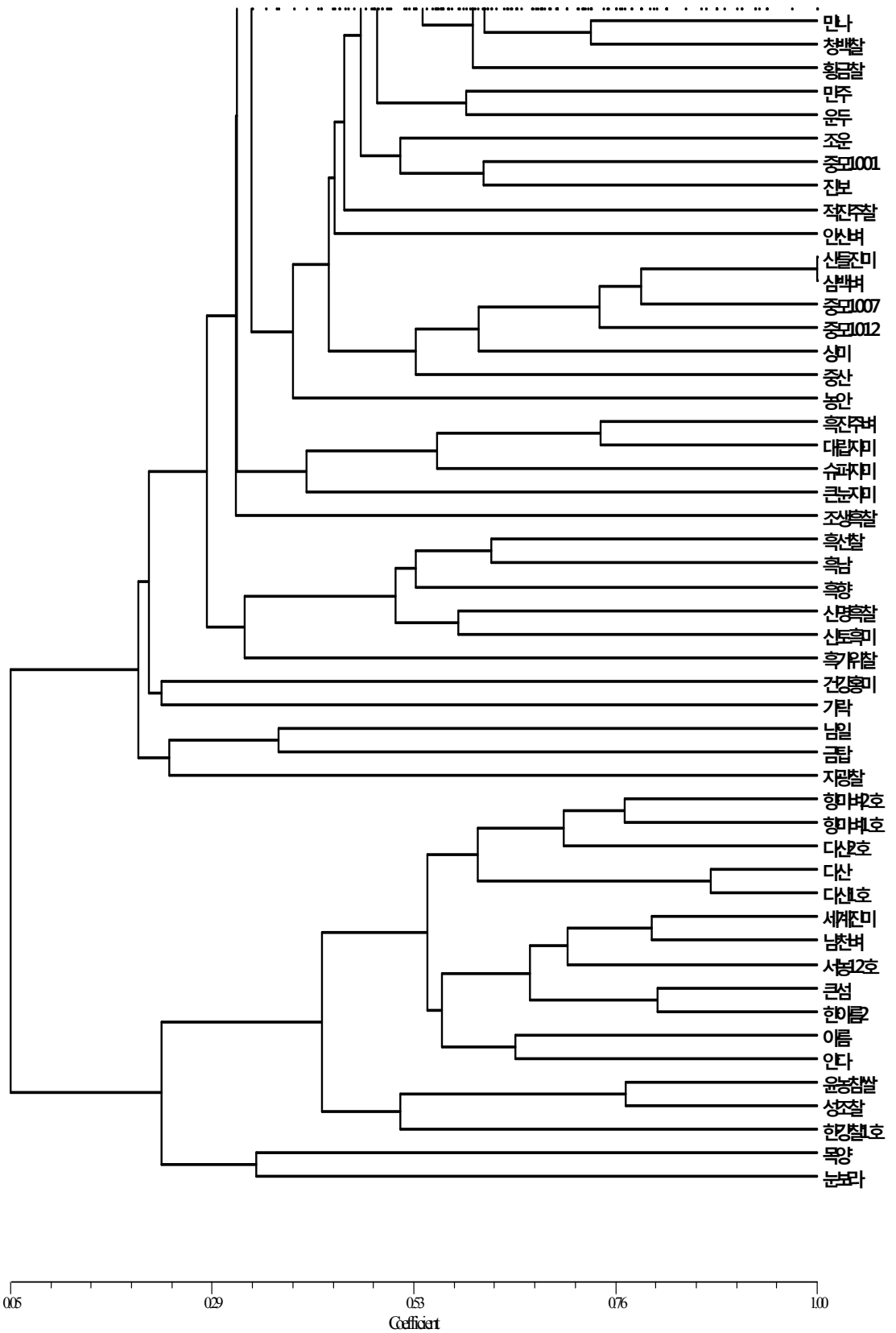


Fig. 1. Continued

<2차년도 수행결과>

1. SSR 마커를 이용한 벼 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

1) 서론

아시아에서 재배되는 벼(*Oryza sativa* L.)는 세계에서 가장 중요한 식량 작물 중 하나이며, 약 10,000년 동안 재배되어 온 것으로 추정된다(Liu et al. 2007). 우리나라 쌀 산업은 쌀 소비의 지속적인 감소와 연속된 풍년, 수요량을 초과하는 쌀 생산 및 수입증가로 인해 재고량이 매년 증가하고 있으므로 가격이 안정적이지 못하다. 따라서 생산자와 소비자가 선호하는 고품질의 벼를 개발하고 이를 이용하는 것이 중요하다고 생각된다. 또한 기후변화로 인해 앞으로 이에 대처할 수 있는 환경변이에 대응 가능한 벼 품종을 개발하는 것이 시급하다고 판단된다. 국내에서 소비자가 선호하는 고품질의 벼를 육성하기 위해 유전적 배경이 유사한 자포니카 품종을 교배모본으로 하여 새로운 품종이 육성되기 때문에 최근에 육성된 벼 품종은 유전적 근연관계가 가까운 것으로 추정되고 있다.

2015년 8월 통계에 의하면 국내 벼 재배면적은 799,344 ha이며 (<http://kostat.go.kr>, 통계청), 벼 품종보호출원 및 등록현황을 보면 2015년 3. 31일 기준 누적 출원 실적은 434품종이고 등록 실적은 370품종으로 보고되었다(<http://www.seed.go.kr>). 최근 국내 유통되고 있는 우리나라의 육성 벼 품종을 대상으로 하여 분자표지를 활용하여 품종간 유전적 유연관계 분석이나 품종 식별에 활용한 경우는 많지 않은 실정이다. Microsatellites는 short tandem repeat motifs이며 높은 다형성을 가진다는 장점이 있고(Smith et al. 1997) genome상에 많이 분포되어 있으며 단지 적은양의 DNA만으로 짧은 시간에 분석이 가능하다는 이점이 있다. 그렇기 때문에 SSR 마커는 아라비도시스, 벼, 밀, 콩, 고구마를 포함한 많은 식물종에서 유용하게 사용되고 있다(Smith et al. 1997; Depeige et al. 1995; Roder et al. 1995 and Senior et al. 1993).

분자표지 분석 결과는 차후 분쟁 발생시 이를 조정하는 보조 자료로 활용될 수 있고, 육종에도 많은 도움이 된다. 따라서 본 연구는 국내에서 육성된 재배벼 품종을 SSR 마커를 이용한 유전자형 분석을 통해 품종판별에 대한 활용성을 검토하고 유전관계를 분석하여 종자 분쟁 및 벼 품종 육성에 필요한 기초자료를 제시하고자 한다. 1차 년도에는 벼 품종 식별에 효과적인 SSR 마커를 1차 선별하고 DNA profile 데이터베이스를 구축하였고, 2차 년도에는 구축된 데이터베이스에 품종을 추가하여 DB를 보완한 결과를 보고하고자 한다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

본 시험에서 국내에서 유통되는 벼 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 충북대학교로부터 분양받은 벼 212품종과 2차 년도에 국립종자원에서 재배심사 중인 35품종을 추가하여 총 247품종을 2차년도 유전자 분석 재료로 이용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial 247 rice varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	구분(출원, 등록)	비고	연번	품종명	구분(출원, 등록)	비고
1	금영미	품종보호등록	1차년도	71	미행	품종보호등록	1차년도
2	두루진미	품종보호등록	1차년도	72	백진주	품종보호등록	1차년도
3	만호	품종보호등록	1차년도	73	보람찬	품종보호등록	1차년도
4	산들진미	품종보호등록	1차년도	74	세계화	품종보호등록	1차년도
5	삼천벼	품종보호등록	1차년도	75	서농10호	품종보호등록	1차년도
6	은장벼	품종보호등록	1차년도	76	서농16	품종보호등록	1차년도
7	원평주	품종보호등록	1차년도	77	세계진미	품종보호등록	1차년도
8	적선호찰	품종보호등록	1차년도	78	수진	품종보호등록	1차년도
9	조생조안	품종보호등록	1차년도	79	수원청	품종보호등록	1차년도
10	조안11	품종보호등록	1차년도	80	주남	품종보호등록	1차년도
11	중모1011	품종보호등록	1차년도	81	중모1013	품종보호등록	1차년도
12	진봉	품종보호등록	1차년도	82	청아	품종보호등록	1차년도
13	태봉성	품종보호등록	1차년도	83	청해진미	품종보호등록	1차년도
14	태보	품종보호등록	1차년도	84	친농	품종보호등록	1차년도
15	황금찰	품종보호등록	1차년도	85	농심안	품종보호등록	1차년도
16	후선라	품종보호등록	1차년도	86	평안	품종보호등록	1차년도
17	그루벼	품종보호등록	1차년도	87	향미벼1호	품종보호등록	1차년도
18	금성	품종보호등록	1차년도	88	호안	품종보호등록	1차년도
19	둔내벼	품종보호등록	1차년도	89	화신1호	품종보호등록	1차년도
20	만나	품종보호등록	1차년도	90	후남	품종보호등록	1차년도
21	만주	품종보호등록	1차년도	91	간척벼	품종보호등록	1차년도
22	삼백벼	품종보호등록	1차년도	92	강백찬	품종보호등록	1차년도
23	상산벼	품종보호등록	1차년도	93	강찬	품종보호등록	1차년도
24	상주찰	품종보호등록	1차년도	94	고아미2호	품종보호등록	1차년도
25	설백	품종보호등록	1차년도	95	고아미4	품종보호등록	1차년도
26	신운봉1호	품종보호등록	1차년도	96	고품	품종보호등록	1차년도
27	안산벼	품종보호등록	1차년도	97	금남벼	품종보호등록	1차년도
28	원해	품종보호등록	1차년도	98	금오벼1호	품종보호등록	1차년도
29	월백	품종보호등록	1차년도	99	남천벼	품종보호등록	1차년도
30	인인	품종보호등록	1차년도	100	녹원찰	품종보호등록	1차년도
31	조은	품종보호등록	1차년도	101	농안	품종보호등록	1차년도
32	중모1007	품종보호등록	1차년도	102	다미	품종보호등록	1차년도
33	중화벼	품종보호등록	1차년도	103	다산2호	품종보호등록	1차년도
34	청찰	품종보호등록	1차년도	104	대진	품종보호등록	1차년도
35	향미벼2호	품종보호등록	1차년도	105	드리미2	품종보호등록	1차년도
36	고남	품종보호등록	1차년도	106	만풍	품종보호등록	1차년도
37	일안	품종보호등록	1차년도	107	보석찰	품종보호등록	1차년도
38	만안	품종보호등록	1차년도	108	삼광	품종보호등록	1차년도
39	문장	품종보호등록	1차년도	109	삼삼	품종보호등록	1차년도
40	상미	품종보호등록	1차년도	110	상골	품종보호등록	1차년도
41	새상주	품종보호등록	1차년도	111	상옥	품종보호등록	1차년도
42	오대1호	품종보호등록	1차년도	112	서농12호	품종보호등록	1차년도
43	은두	품종보호등록	1차년도	113	서농6호	품종보호등록	1차년도
44	원주찰	품종보호등록	1차년도	114	서농8호	품종보호등록	1차년도
45	적진주찰	품종보호등록	1차년도	115	서농9호	품종보호등록	1차년도
46	조평	품종보호등록	1차년도	116	서안1호	품종보호등록	1차년도
47	대찬	품종보호등록	1차년도	117	서은	품종보호등록	1차년도
48	중모1010	품종보호등록	1차년도	118	서은평	품종보호등록	1차년도
49	후진주벼	품종보호등록	1차년도	119	서석	품종보호등록	1차년도
50	자광찰	품종보호등록	1차년도	120	석정	품종보호등록	1차년도
51	황금찰	품종보호등록	1차년도	121	설강	품종보호등록	1차년도
52	대안벼	품종보호등록	1차년도	122	수라찰	품종보호등록	1차년도
53	서명	품종보호등록	1차년도	123	신명	품종보호등록	1차년도
54	서진	품종보호등록	1차년도	124	신신	품종보호등록	1차년도
55	주안벼	품종보호등록	1차년도	125	신도	품종보호등록	1차년도
56	호진	품종보호등록	1차년도	126	아름	품종보호등록	1차년도
57	화랑	품종보호등록	1차년도	127	안다	품종보호등록	1차년도
58	화명벼	품종보호등록	1차년도	128	안미	품종보호등록	1차년도
59	남평벼	품종보호등록	1차년도	129	양조벼	품종보호등록	1차년도
60	내풍벼	품종보호등록	1차년도	130	영해벼	품종보호등록	1차년도
61	다산	품종보호등록	1차년도	131	온누리	품종보호등록	1차년도
62	다산1호	품종보호등록	1차년도	132	원광	품종보호등록	1차년도
63	대산벼	품종보호등록	1차년도	133	원미	품종보호등록	1차년도
64	동보	품종보호등록	1차년도	134	원원	품종보호등록	1차년도
65	동안	품종보호등록	1차년도	135	원환	품종보호등록	1차년도
66	동진2	품종보호등록	1차년도	136	윤농	품종보호등록	1차년도
67	동진찰	품종보호등록	1차년도	137	참쌀	품종보호등록	1차년도
68	동해진미	품종보호등록	1차년도	138	조평벼	품종보호등록	1차년도
69	말그미	품종보호등록	1차년도	139	중남	품종보호등록	1차년도
70	미광	품종보호등록	1차년도	140	중모1001	품종보호등록	1차년도
					중모1012	품종보호등록	1차년도

Table 1. Continued.

연번	품종명	구분(출원, 등록)	비 고	연번	품종명	구분(출원, 등록)	비 고
141	중모1014	품종보호등록	1차 년도 공시	195	동진1호	품종보호등록	1차 년도 공시
142	중모1009	품종보호등록	1차 년도 공시	196	만월	품종보호등록	1차 년도 공시
143	중산	품종보호등록	1차 년도 공시	197	만종	품종보호등록	1차 년도 공시
144	청담	품종보호등록	1차 년도 공시	198	서농14	품종보호등록	1차 년도 공시
145	청호	품종보호등록	1차 년도 공시	199	소비	품종보호등록	1차 년도 공시
146	풍미	품종보호등록	1차 년도 공시	200	영안	품종보호등록	1차 년도 공시
147	풍미1호	품종보호등록	1차 년도 공시	201	진품	품종보호등록	1차 년도 공시
148	한강찰1호	품종보호등록	1차 년도 공시	202	큰눈	품종보호등록	1차 년도 공시
149	한마음	품종보호등록	1차 년도 공시	203	큰눈자미	품종보호등록	1차 년도 공시
150	한아름2	품종보호등록	1차 년도 공시	204	호평	품종보호등록	1차 년도 공시
151	해평	품종보호등록	1차 년도 공시	205	흑광	품종보호등록	1차 년도 공시
152	해평찰	품종보호등록	1차 년도 공시	206	농호	품종보호등록	1차 년도 공시
153	향남벼	품종보호등록	1차 년도 공시	207	미풍	품종보호등록	1차 년도 공시
154	홍진주	품종보호등록	1차 년도 공시	208	슈퍼자미	품종보호등록	1차 년도 공시
155	화남벼	품종보호말소	1차 년도 공시	209	수려진미	품종보호등록	1차 년도 공시
156	화동벼	품종보호등록	1차 년도 공시	210	흑향	품종보호등록	1차 년도 공시
157	화봉	품종보호등록	1차 년도 공시	211	백진주1호	품종보호등록	1차 년도 공시
158	화삼벼	품종보호등록	1차 년도 공시	212	중모1015	품종보호등록	1차 년도 공시
159	화선찰벼	품종보호말소	1차 년도 공시	213	조명	품종보호출원	2차 년도 공시
160	화신벼	품종보호등록	1차 년도 공시	214	골든퀸3호	품종보호출원	2차 년도 공시
161	화안	품종보호등록	1차 년도 공시	215	가향찰1호	품종보호출원	2차 년도 공시
162	화중벼	품종보호말소	1차 년도 공시	216	슈퍼홍미	품종보호출원	2차 년도 공시
163	흑가위찰	품종보호말소	1차 년도 공시	217	영보	품종보호출원	2차 년도 공시
164	건강홍미	품종보호등록	1차 년도 공시	218	백일미	품종보호출원	2차 년도 공시
165	고아미	품종보호등록	1차 년도 공시	219	중모1042	품종보호출원	2차 년도 공시
166	금안	품종보호등록	1차 년도 공시	220	중모1043	품종보호출원	2차 년도 공시
167	금오벼2호	품종보호등록	1차 년도 공시	221	녹우	품종보호출원	2차 년도 공시
168	넘경벼	품종보호등록	1차 년도 공시	222	중모1040	품종보호출원	2차 년도 공시
169	녹양	품종보호등록	1차 년도 공시	223	아세미1호	품종보호출원	2차 년도 공시
170	대립벼1호	품종보호말소	1차 년도 공시	224	선품	품종보호출원	2차 년도 공시
171	대평	품종보호등록	1차 년도 공시	225	해담쌀	품종보호출원	2차 년도 공시
172	동원	-	1차 년도 공시	226	새미면	품종보호출원	2차 년도 공시
173	만미	품종보호등록	1차 년도 공시	227	새신	품종보호출원	2차 년도 공시
174	목양	품종보호등록	1차 년도 공시	228	눈큰흑찰1호	품종보호출원	2차 년도 공시
175	밀키퀸	품종보호등록	1차 년도 공시	229	동원흑향찰1	품종보호출원	2차 년도 공시
176	삼평	품종보호등록	1차 년도 공시	230	동원흑향찰5	품종보호출원	2차 년도 공시
177	새추청BIL-3	품종보호등록	1차 년도 공시	231	중모1044	품종보호출원	2차 년도 공시
178	서농15	품종보호등록	1차 년도 공시	232	중모1041	품종보호출원	2차 년도 공시
179	설향찰	품종보호등록	1차 년도 공시	233	안백	품종보호출원	2차 년도 공시
180	성조찰	품종보호등록	1차 년도 공시	234	만백	품종보호출원	2차 년도 공시
181	수안	품종보호등록	1차 년도 공시	235	운일찰	품종보호출원	2차 년도 공시
182	신동진	품종보호등록	1차 년도 공시	236	서농20호	품종보호출원	2차 년도 공시
183	아랑향찰벼	품종보호등록	1차 년도 공시	237	중모1039호	품종보호출원	2차 년도 공시
184	오노찌노이찌		1차 년도 공시	238	고향찰	품종보호출원	2차 년도 공시
185	원추	품종보호등록	1차 년도 공시	239	참드림	품종보호출원	2차 년도 공시
186	중안	품종보호등록	1차 년도 공시	240	진상2호	품종보호출원	2차 년도 공시
187	진보	품종보호등록	1차 년도 공시	241	토코미2호	품종보호출원	2차 년도 공시
188	진상	품종보호등록	1차 년도 공시	242	골드아미2호	품종보호출원	2차 년도 공시
189	가락	품종보호등록	1차 년도 공시	243	토코미1호	품종보호출원	2차 년도 공시
190	광안	품종보호등록	1차 년도 공시	244	금탑찰	품종보호출원	2차 년도 공시
191	금탑	품종보호등록	1차 년도 공시	245	드리미5호	품종보호출원	2차 년도 공시
192	노른자찰	품종보호등록	1차 년도 공시	246	예농2호	품종보호출원	2차 년도 공시
193	눈보라	품종보호등록	1차 년도 공시	247	예농1호	품종보호출원	2차 년도 공시
194	대립자미	품종보호등록	1차 년도 공시				

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

본 연구에 사용된 마커는 1차 년도에 기존에 국립종자원에서 사용 중인 마커 26개(Kwon et al. 2013) 중 다형성이 있고 재현성이 있고 대립유전자 판독이 용이한 마커 19개를 선발하여 이용하였다(Table 2.)

Table 2. The 19 SSR markers used for selection of rice SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Forward Primer(5'→3')	Reverse Primer(5'→3')
1	HvSSR01-32	CTT	AAACTGGAGATGAACTCGAA	GTAACGAACTAGAGCATGGG
2	HvSSR01-71	CT	TCATCTTACCTTCCCTTGTG	GAGAGCTAACCATGAGCAAC
3	HvSSR01-84	CT	TCTCTCGTCGATCTTAGCAG	TCGTTAATGAAGTCGTTTCGT
4	HvSSR02-12	GA	TCTCCAATTCTCCATCAAAC	CTTGCTTGAGCGAGTCTAAT
5	HvSSR02-62	CT	GGTCGTCACCTCGTCAGTAGT	ACGAAACAACACACAGCATA
6	HvSSR02-86	AAC	CTGCATCAATATAATTGCGA	GCTACTTACACCACCACCAT
7	HvSSR03-62	AG	ACATGGCCTTGTAGTAGACG	GAAGGAATCCAATGTGTGTT
8	HvSSR03-68	AAT	CTCTATCAATACAAAGGCGG	CCTGTACTTGCTTTAATCGG
9	HvSSR05-43	GA	GTGCATTTGCAACTTAAACA	GGGAGATCAAGAAGAGGTTT
10	HvSSR05-49	TCT	GCTTAGTACTTGCGGCTAAA	CCATCTTACATGTCCCTCACC
11	HvSSR05-57	CT	GACCTCTCCTCGCCCTAC	CAGAGAGCACTTCCTGAATC
12	HvSSR05-63	TG	GTTATGCGCTTCTGCTTATT	AGTTGGCTTCTGGATTACAA
13	HvSSR06-03	GAA	CTAGGGAATCAGCGGTTAG	GCTCTCTTGCCTTCTTCTTC
14	HvSSR06-19	TTA	CACTGACAAAGCTTCCGTAT	ATAGTTGCGGAGTGGATAGA
15	HvSSR06-75	AAT	TTTAGAGATCATGCCGAGTT	GACGGAGGGAATAACACTTT
16	HvSSR08-19*	AG	CATCTCTTGAGAAATCTGCC	TGTGCATTTTCGTCTTTCATA
17	HvSSR09-40	CT	AACTTAAATCCAAACAGGCA	GATCTTTAGTCCCGGATTCT
18	HvSSR10-08*	ATG	CAAGAAAGCCGAGTTAAAGA	TCCTCAAAGATGGTATGAC
19	HvSSR10-35	AG	AGCTTGTTGGCAGTTTGTAT	ACACTAAGTGGGCAAATCAG

PCR 반응은 벼 genomic DNA 40 ng, 1 μ M의 형광 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), Ex-Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 \times PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 5분, denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 30초, annealing은 55 $^{\circ}$ C에서 30초, extension은 72 $^{\circ}$ C에서 45초, final-extension은 72 $^{\circ}$ C에서 5분간 수행하였다.

프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지된 19개 마커로 벼 247 품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l는 Hi-Di formamide 9.2 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3130xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 '1', 없으면 '0' 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij} 는 마커 i 의 밴드들 중에서 j 번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

19개의 SSR 마커를 이용하여 247개 국내유통 벼 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석한 결과 9개 품종을 제외한 238 품종의 관별이 가능하였다(Fig 1.). 품종식별이 불가능한 것은 (산들진미, 삼백벼), (중모1014, 중모1009), (백진주, 상골, 설갱), (서농9호, 서은)이었으며, 모계 또는 부계가 동일하거나 유사한 품종이기 때문인 것으로 판단된다. 본 연구를 통해 최종 선발된 19개 마커는 교차분석을 위해 제1협동과제에 제공하였고, 3차 년도에는 제1협동과제로부터 선발된 분자표지를 제공 받아 DB에 분자표지를 추가하여 벼 품종별 표준화된 DB를 구축해야 할 것으로 사료된다. 또한 제1협동과제와 중복되는 품종에 대한 유전자형 분석 결과를 참조하여 분석기기에 따른 대립유전자 크기의 차이를 알아보고 1협동과제의 표현형 분석 결과를 참조하여 분자표지와 형태적 특성의 상관관계를 비교 분석해야 할 것으로 사료된다.

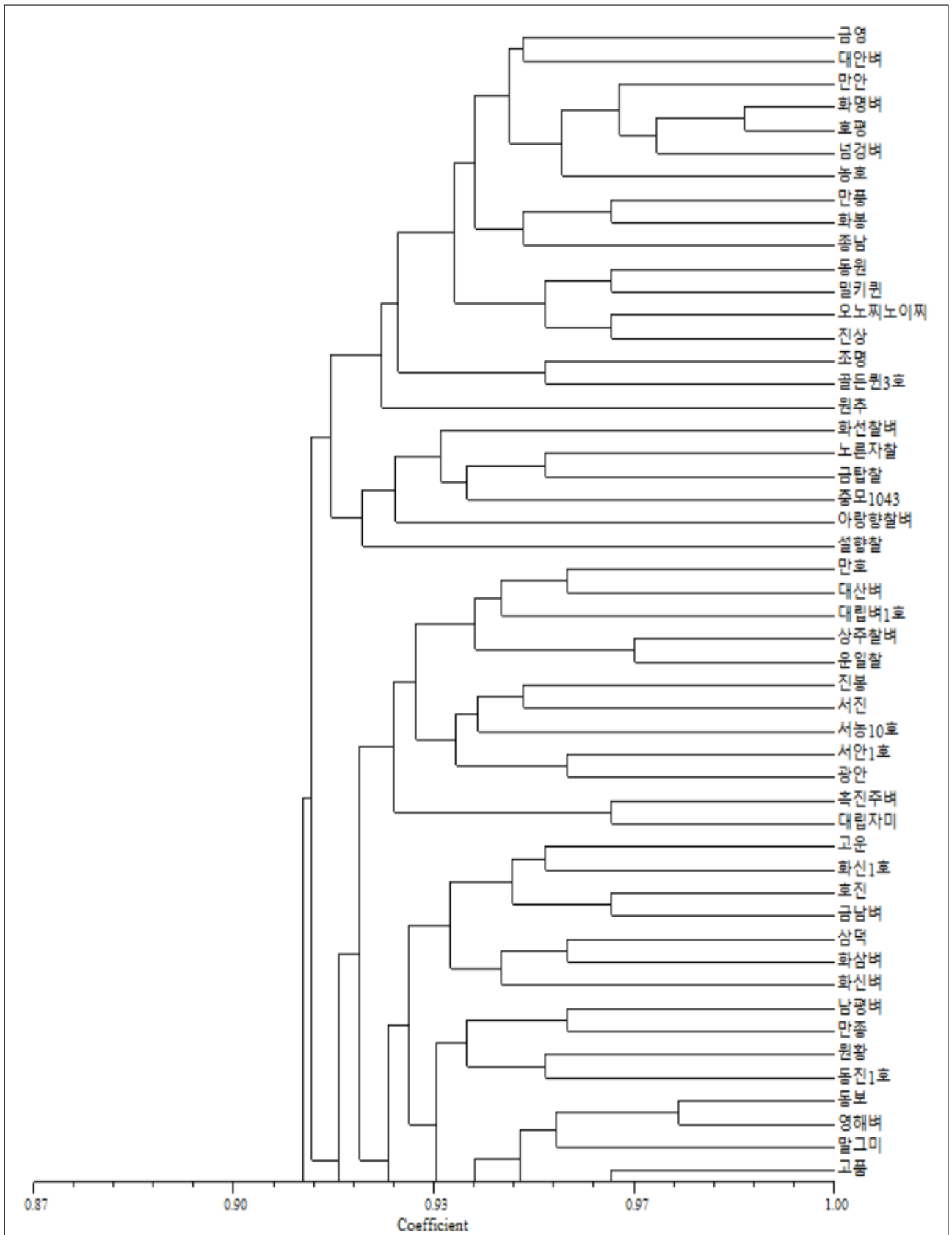


Fig. 1. Dendrogram of 247 rice cultivars using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

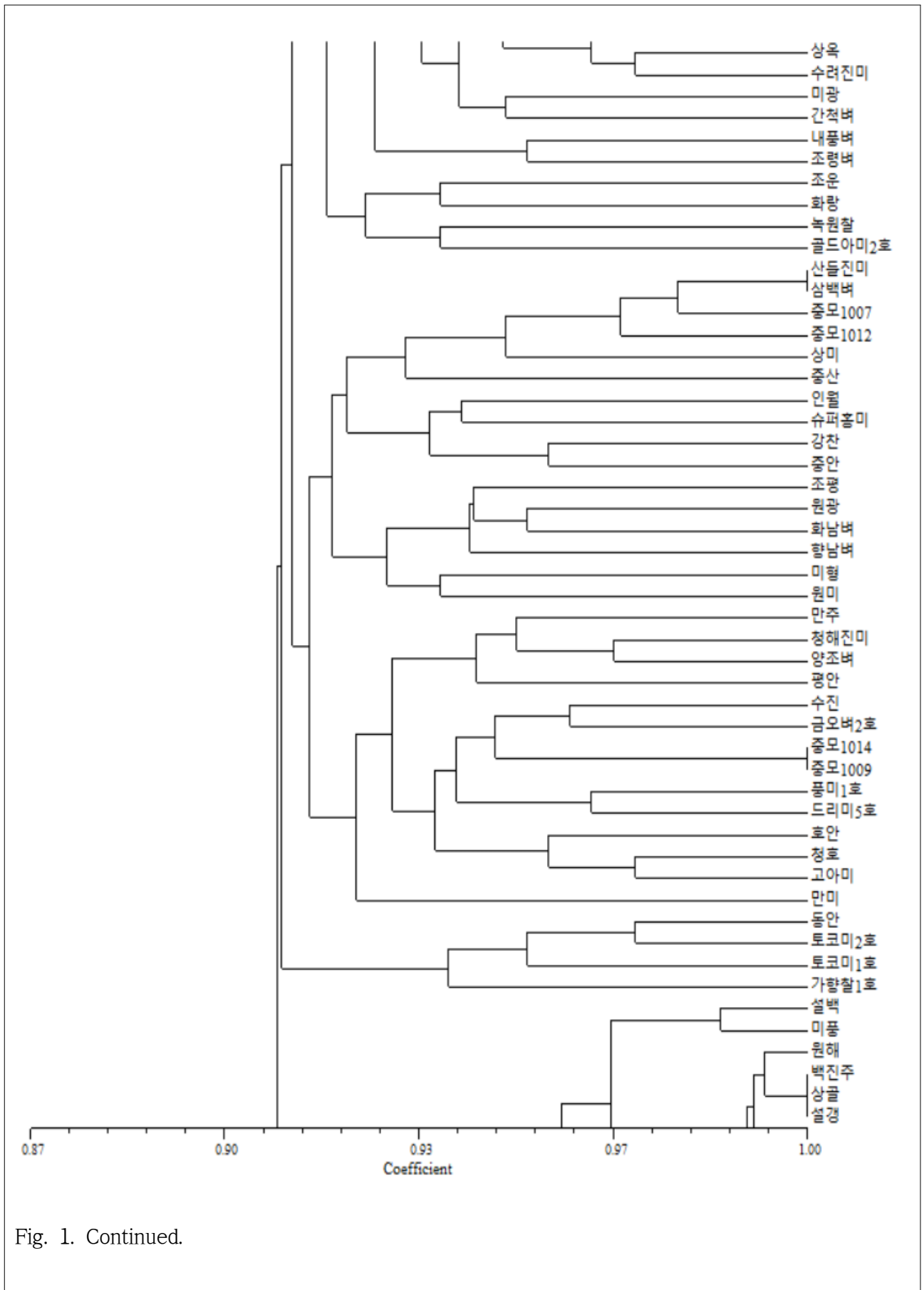


Fig. 1. Continued.

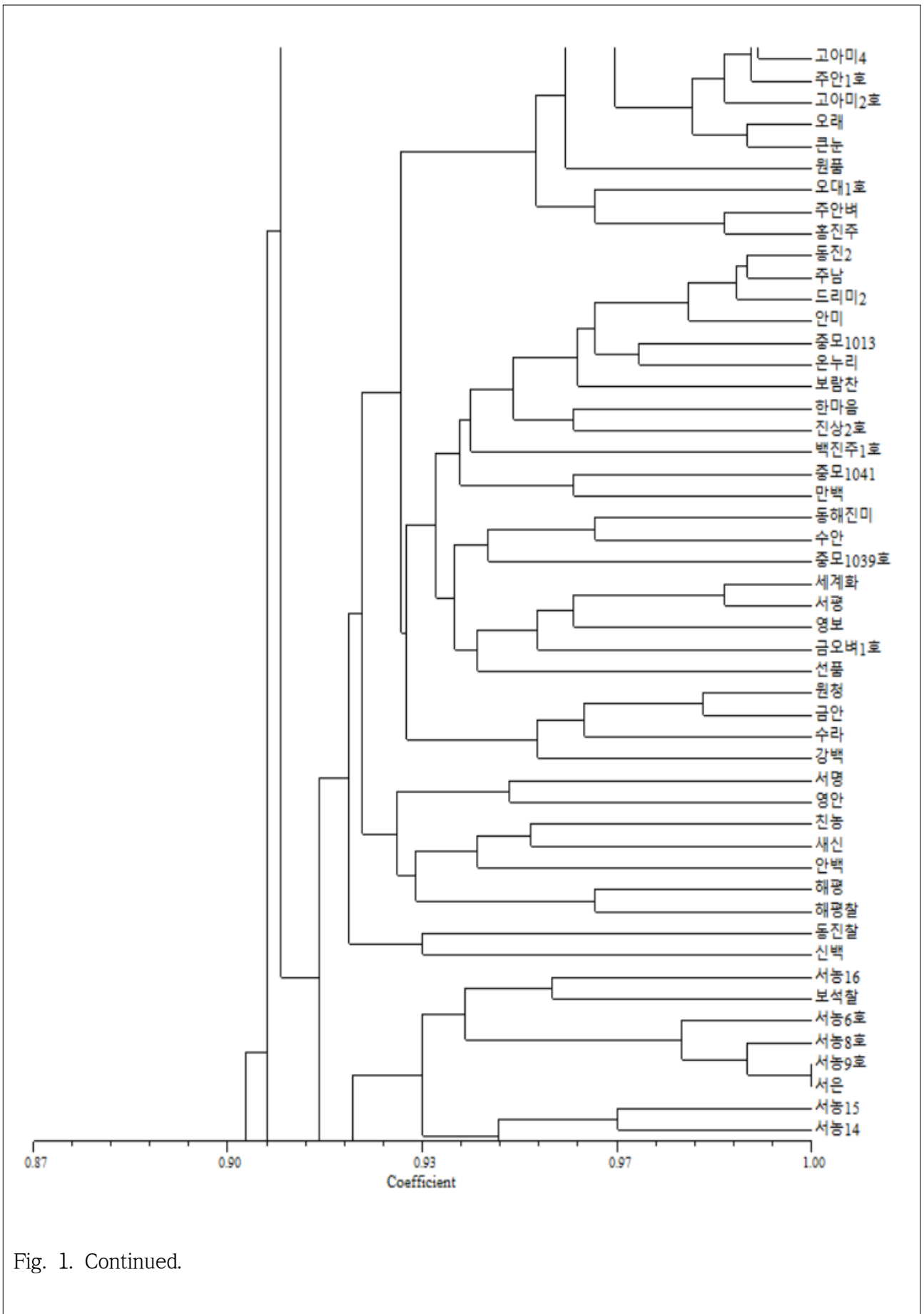


Fig. 1. Continued.

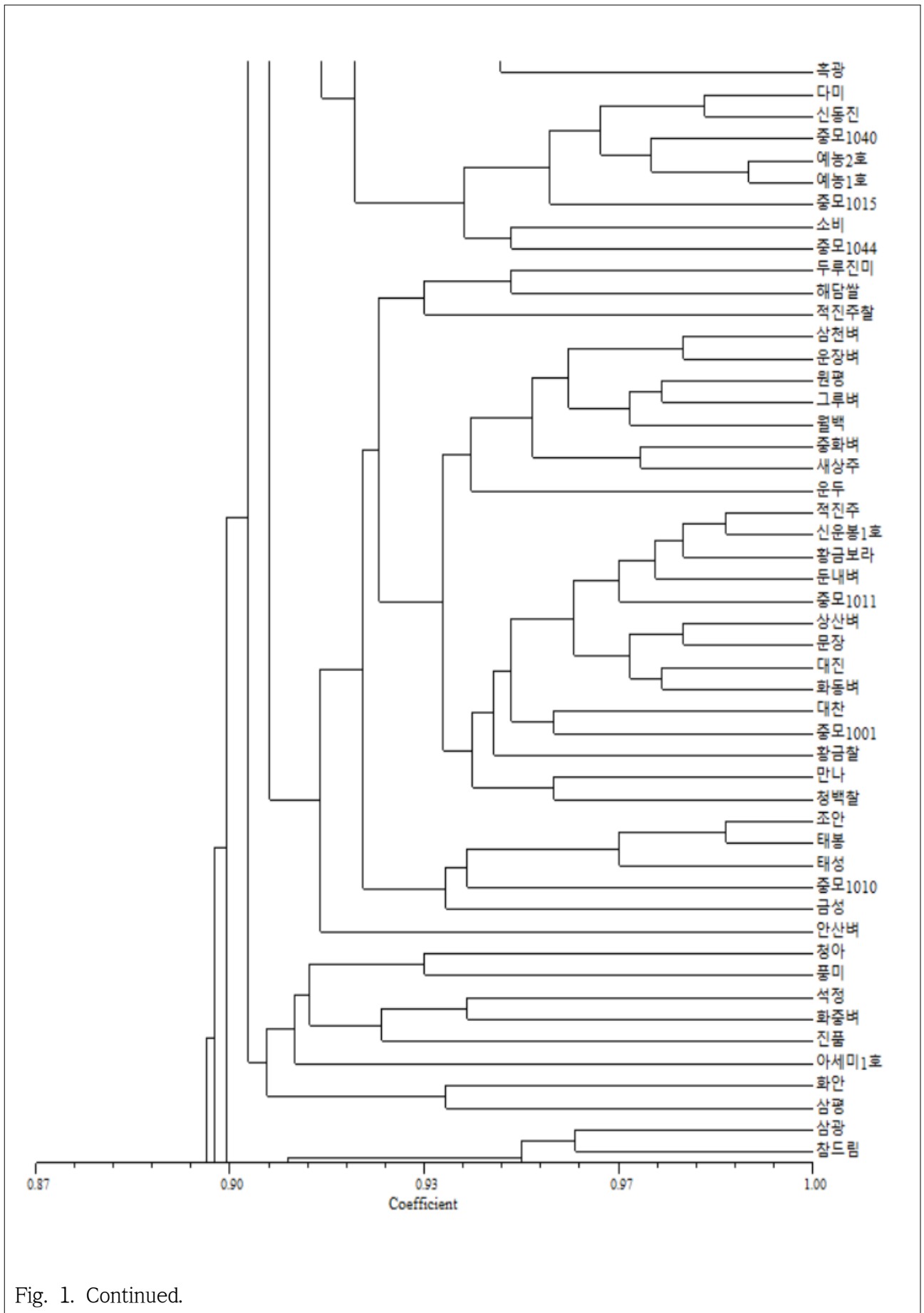


Fig. 1. Continued.

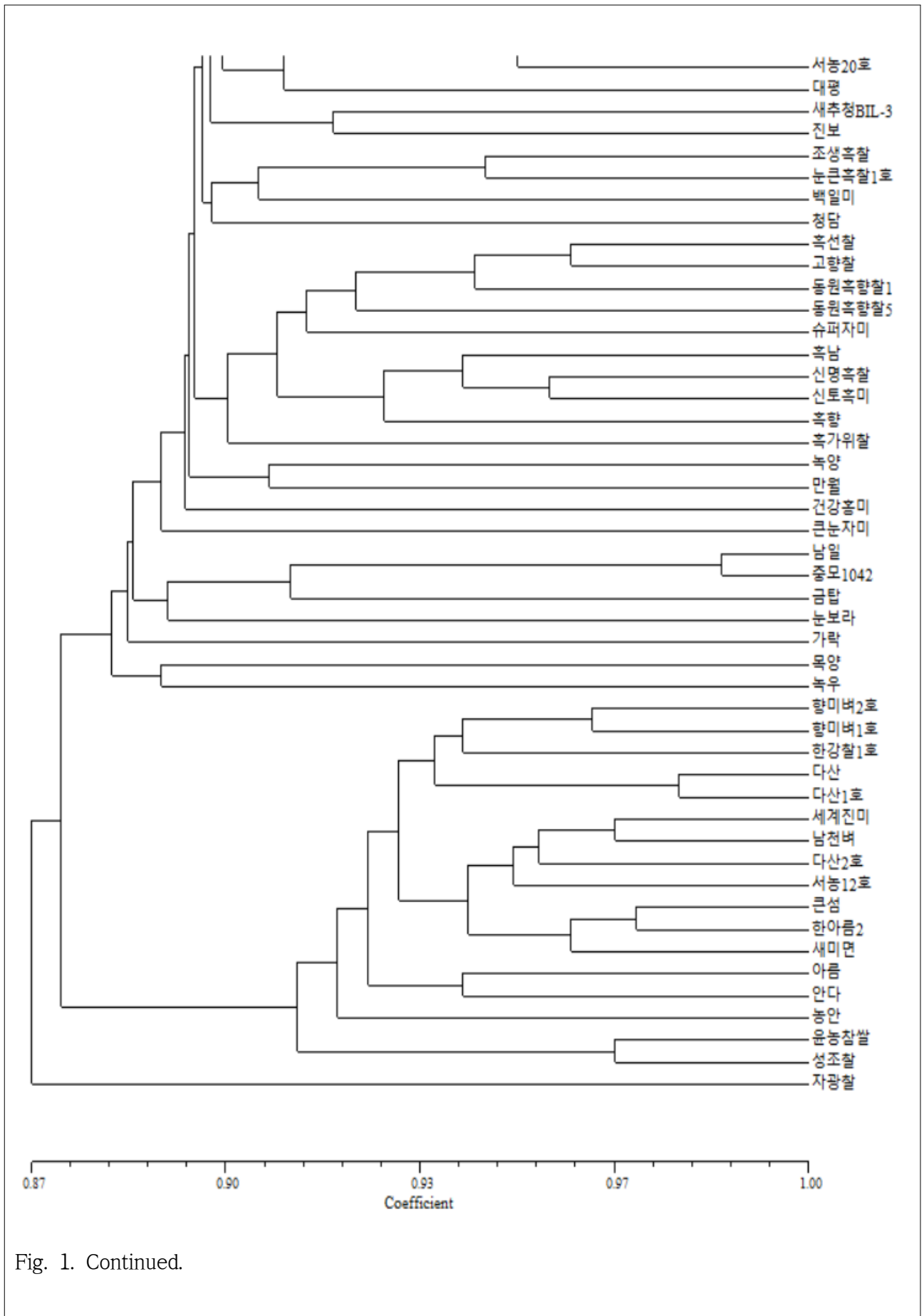


Fig. 1. Continued.

2. SSR 마커를 이용한 콩 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

콩[*Glycine max* (L.) Merrill]은 밀, 벼, 옥수수, 보리 다음으로 5번째로 중요한 작물이다. 식량용 콩에 대한 육종은 상당히 새롭게 변하고 있으나 유전적 구조와 식량용 콩에 대한 다양성은 매우 제한되어 있다. 우리나라의 경우 2013년 12월 통계에 의하면 국내 콩 재배면적은 80,031 ha이며 (<http://kostat.go.kr>, 통계청), 2012년도 0,842 ha에 비해 1.0% 감소한 것으로 보고되었다. 콩 품종보호출원 및 등록현황을 보면 2014년 8월 31일 기준 출원 실적은 12품종이고 등록 실적은 149품종으로 보고되었다(<http://www.seed.go.kr>). 지금까지 다양한 마커를 이용하여 콩 유전적 연관지도의 이해에 대한 많은 연구가 보고되었으며(Keim et al. 1990; Cregan et al. 1999), 콩 유전적 지도의 구조, 농업 형질의 수에 대한 양적 형질 유전자좌(QTL)에 근거하여 지도가 작성되었다(Hyten et al. 2004). 2007년 Mimura et al.은 일본 107개 품종, 중국 10품종, 미국 12품종을 포함한 130개 vegetable soybean에서 SSR마커를 이용하여 유전적 다양성을 조사하였다. 이들 수집종에 대해 18개의 마커를 적용한 결과 130개 수집종은 outlier였고, 나머지 수집종들은 9개의 그룹으로 묶였다고 보고하였다. 식량용 콩 품종의 대부분은 시장 이용성과 수요 때문에 일본과 한국에서 출고되고 있지만 한국 식량용 콩의 유전적 다양성은 지금까지 많은 보고가 되지 않았다. Shi et al. (2010)은 미국 식량콩의 유전적 배경이 일본과 한국의 식량콩과는 다르기 때문에 미국 품종에 대한 유전적 다양성에 대한 유전자 pool로서 한국이나 일본으로부터 온 식량콩 유전자원을 이용하는 것이 좋을 것이라고 보고하였다. 이처럼 점점 한국콩에 대한 유전적 중요성이 보고되고 있고, 국내 재래종을 교배 모부본으로 이용하여 육성된 품종이 국내에 많이 출원 등록되어 있으므로 microsatellite 마커를 이용한 국내 콩의 유전자 분석을 통해 품종관별에 대한 활용성을 검토하고 유전관계를 분석하여 종자분쟁 및 콩 품종 육성에 필요한 자료를 제시하고자 한다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 콩 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 향후 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 충북대학교로부터 콩 175품종의 종자를 분양받았고, 이들을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5 ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial soybean cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분	연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분
1	화성꽃콩	Hwasongputkong	소멸	83	대원		품종보호등록
2	흑청	Heugcheong	품종보호등록	84	진품콩2호	Jinpumkong2	품종보호등록
3	호반	Hoban	품종보호등록	85	검정콩2호	Geomjeongkong2	품종보호등록
4	청아	Cheonga	품종보호등록	86	진품콩2호	Jinpumkong2	품종보호등록
5	대왕	Daewang	품종보호등록	87	소명	Somyeongkong	품종보호등록
6	강일	Gangil	품종보호등록	88	소담	Sodamkong	품종보호등록

7	햇살	haessal	품	중	보	호	등	89	선	Seonheukkong	품	중	보	호	등	
8	만풍	Manpoong	품	중	보	호	등	90	팔도	Paldokong	품	중	보	호	등	
9	연풍	Yongpoong	품	중	보	호	등	91	송화	Songhankong	품	중	보	호	등	
10	아가1호	Aga 1ho	품	중	보	호	등	92	도레미	Doremikong	품	중	보	호	등	
11	아가2호	Aga 2ho	품	중	보	호	등	93	소호	Sohokong	품	중	보	호	등	
12	경상2호	Gyeongsang #2	품	중	보	호	등	94	진미		품	중	보	호	등	
13	개척1호	Gaechuk 1	품	중	보	호	등	95	서남	Sunam	품	중	보	호	등	
14	개척2호	Gaechuk 2	품	중	보	호	등	96	다기	Dagi	품	중	보	호	등	
15	경상3호	Gyeongsang 3ho	품	중	보	호	등	97	다오장	Hojang	품	중	보	호	등	
16	진농1호	Jinnong1	품	중	보	호	등	98	보석	Bosug	품	중	보	호	등	
17	진양	Jinyang	품	중	보	호	등	99	소강	Sokang	품	중	보	호	등	
18	진율	Jinyul	품	중	보	호	등	100	녹채	Nogchae	품	중	보	호	등	
19	검정콩3호		품	중	보	호	등	101	원황	wonhwang	품	중	보	호	등	
20	안평	Anpyeong	품	중	보	호	등	102	장기	Jangki	품	중	보	호	등	
21	신기	Shingi	품	중	보	호	등	103	풍원	Pungwon	품	중	보	호	등	
22	청두1호	Chungdulho	품	중	보	호	등	104	조남	Jonam	품	중	보	호	등	
23	대망	Daemang	품	중	보	호	등	105	갈채	Galchae	품	중	보	호	등	
24	청자3호	Cheongja	품	중	보	호	등	106	소황	Sohwang	품	중	보	호	등	
25	대망2호	Daemang2	품	중	보	호	등	107	영양	Youngyang	품	중	보	호	등	
26	미랑	Milang	품	중	보	호	등	108	소영	Soyoung	품	중	보	호	등	
27	나장콩	Dajangkong	품	중	보	호	등	109	풀무혹채	Pulmu-heukchae	품	중	보	호	등	
28	금강콩	Keumgangkong	품	중	보	호	등	110	풀무지기	Pulmujigi	품	중	보	호	등	
29	한남콩	Hannamkong	품	중	보	호	등	111	아가3호	Aga 3	품	중	보	호	등	
30	일품검정콩	Ilpumgeomjeongkong	품	중	보	호	등	112	아가4호	Aga 4	품	중	보	호	등	
31	검정울콩	Geomjeongolkong	품	중	보	호	등	113	아가8호	Aga8	품	중	보	호	등	
32	장미콩	Jangmikong	품	중	보	호	등	114	아가9호	Aga9	품	중	보	호	등	
33	두유콩	Duyoukong	품	중	보	호	등	115	아가10호	Aga10	품	중	보	호	등	
34	부광콩	Bukwangkong	품	중	보	호	등	116	중황13	Zhonghuang	품	중	보	호	등	
35	소백나물	Sobaegnamulkong	품	중	보	호	등	117	경상1호	Gyeongsang #1	품	중	보	호	등	
36	일미	Ilmikong	품	중	보	호	등	118	갈미		품	중	보	호	등	
37	새울	Saeolkong	품	중	보	호	등	119	조생서리	Josaengseori	품	중	보	호	등	
38	명주나물콩	Myeongjunamulkong	품	중	보	호	등	120	원율	Wonyul	품	중	보	호	등	
39	소원	Sowon	품	중	보	호	등	121	원현	Wonhyun	품	중	보	호	등	
40	대황		품	중	보	호	등	122	장단백목		품	중	보	호	등	
41	장원	Jangwon	품	중	보	호	등	123	충북백		품	중	보	호	등	
42	새별	Saebyeolkong	품	중	보	호	등	124	익산	Iksannamul	품	중	보	호	등	
43	청자	Cheongjakong	품	중	보	호	등	125	합안		품	중	보	호	등	
44	선늑	Seonnogkong	품	중	보	호	등	126	금강대립		품	중	보	호	등	
45	신록		품	중	보	호	등	127	금강소립IT0		품	중	보	호	등	
46	소록		품	중	보	호	등	128	부석	Buseoktae	품	중	보	호	등	
47	검정콩4호		품	중	보	호	등	129	육우3호IT02		품	중	보	호	등	
48	대풍	Daepung	품	중	보	호	등	130	3339		품	중	보	호	등	
49	다채	Dachae	품	중	보	호	등	131	광두		품	중	보	호	등	
50	다울	Daol	품	중	보	호	등	132	힐콩		품	중	보	호	등	
51	단미	Danmi	품	중	보	호	등	133	셀비		품	중	보	호	등	
52	다진	Dajin	품	중	보	호	등	134	광고		품	중	보	호	등	
53	청자2호	Cheongja2ho	품	중	보	호	등	135	붕의		품	중	보	호	등	
54	소진	Sojin	품	중	보	호	등	136	강립		품	중	보	호	등	
55	선유	Seonyu	품	중	보	호	등	137	동북대		품	중	보	호	등	
56	검정새울	Geomjeongsaeol	품	중	보	호	등	138	백천		품	중	보	호	등	
57	단미2호	Danmi 2	품	중	보	호	등	139	단엽콩		품	중	보	호	등	
58	일품검정2호	Ilpumgeomjeong 2	품	중	보	호	등	140	장엽콩		국가	품	중	보	호	등
59	흑미	Heugmi	품	중	보	호	등	141	황금콩		국가	품	중	보	호	등
60	소청	Socheong	품	중	보	호	등	142	장백콩		국가	품	중	보	호	등
61	녹원	Nokwon	품	중	보	호	등	143	남천콩		국가	품	중	보	호	등
62	만수	Mansu	품	중	보	호	등	144	덕유콩IT158		국가	품	중	보	호	등
63	남풍	Nampung	품	중	보	호	등	145	148		국가	품	중	보	호	등
64	사원		품	중	보	호	등	146	밀양콩		국가	품	중	보	호	등
65	대양	Daeyang	품	중	보	호	등	147	백운콩		국가	품	중	보	호	등
66	대흑	Dae-heug	품	중	보	호	등	148	방사콩	Saealkong	소	멸				
67	후성	Heugsung	품	중	보	호	등	149	새알콩		소	멸				
68	대하1호	Daeha 1	품	중	보	호	등	150	팔달콩		소	멸				
69	천상	Cheonsang	품	중	보	호	등	151	보광콩	Pokwangkong	소	멸				
70	검정5호	Geomjeong5	품	중	보	호	등	152	단경콩		소	멸				
71	원흑	Wonheug	품	중	보	호	등	153	은하콩		소	멸				
72	소청2호	Socheong2	품	중	보	호	등	154	무한콩	Muhankong	소	멸				
73	청엽1호	Cheongyeob 1	품	중	보	호	등	155	남해콩	Namhaekong	소	멸				
74	익산나물콩	Iksannamul	품	중	보	호	등	156	장경콩	Jangsukong	소	멸				
75	알찬콩	Alchankong	품	중	보	호	등	157	장수콩	Danweonkong	소	멸				
76	풍산나물콩	Pungsannamul	품	중	보	호	등	158	만리콩	Mallikong	소	멸				
77	신팔달콩2호	Shinpaldalkong2	품	중	보	호	등	159	신팔달콩	Taekwangkong	소	멸				
78	검정콩1호	Geomjeongkong1	품	중	보	호	등	160	태광콩	Samnamkong	소	멸				

79	단백콩	Danbaekong	소멸	161	화엄꽃콩		국가품종목록등재
80	광안콩	Kwangankong	소멸	162	소양콩		국가품종목록등재
81	푸른콩	Pureunkong	소멸	163	석광꽃콩		
82	당원콩			164	원광콩	Wonkwang	품종보호등록

Table 1. Continued.

연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분	연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분
165	호서	Hoseo	품종보호등록	171	새단백	Saedanbaek	품종보호등록
166	신화	Shinhwa		172	연풍콩	Yongpoong	품종보호등록
167	대하	Daeha 1	품종보호등록	173	장연콩	Jang Yon	재배심사
168	한울	Hanol	품종보호등록	174	연천9호		
169	소흑IT221872			175	만풍콩	Manpoong	품종보호등록
170	우람	Uram	품종보호등록	176	늘찬	Neulchan	품종보호등록

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

콩 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 국립종자원에서 사용 중인 마커 16개 (Kwon et al. 2013) 중 11개 마커를 이용하여 이 중 공시품종에서 다형성을 보이며 재현성이 있는 마커 4개(satt308, satt534, satt181, satt160)를 선발하였으며, 콩 품종식별에 적합한 신규마커를 추가적으로 선발하기 위하여 기존에 보고된(Cregan et al. 1999; Tasma and Warsun 2009; Wang et al. 2010; Tantasawat et al. 2011) SSR 마커들 중 6개를 선발하여 마커 선발 품종 screening 사용하였다(Table 2).

Table 2. The 16 SSR markers used for selection of SSR markers.

No	Marker name	Repeat motif	Reference	Forward Primer(5'→3')	Reverse Primer(5'→3')
1	Satt308	(ATT) ₂₁	Kwon et al. 2013	GCGTTAAGGTTGGCAGGGTGGAAAGT G	GCGCAGCTTTATACAAAAATCAACAA
2	Satt157	(ATT) ₃₁	Kwon et al. 2013	GGGCTCACTCTCGATAGTAGGTATAAA G	GGGATACAAAAGGATAATTGTCT T
3	Satt534	(ATT) ₂₅	Kwon et al. 2013	CTCCTCCTGCGCAACAACAATA	GGGGATCTAGGCCATGAC
4	Satt181	(ATT) ₁₈	Kwon et al. 2013	TGGCTAGCAGATTGACA	GGAGCATAGCTGTTAGGA
5	Satt160	(ATT) ₃₀	Tantasawat et al. 2011	TCCACACAGTTTTTCATATAATATA	CATCAAAAGTTTATAACGTGTAGAT
6	Satt307	(TTA) ₁₃	Wang et al. 2010	GCGCTGGCCTTTAGAAC	GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAAG
7	Sat-043	(AT) ₂₃	Tasma and Warsun 2009	GGGTGCGTCAATGAATATTAATTA AAAA	GCGAAAGCGGCAGAGAGAGAAAAG G T
8	Satt285	(TTA) ₁₉	Tasma and Warsun 2009	GCGACATATTGCATTA AAAAACATACT T	GCGACTAATTCTATTTTACACCAACAAC
9	Satt173	(TAT) ₁₈	Tantasawat et al. 2011	TGCGCCATTTATTCTTCA	AAGCGAAATCACCTCCTCT
10	Satt184	(ATT) ₁₃	Kwon et al. 2013	GCGCTATGTAGATTATCCAAATTACG C	GCCACTTACTGTTACTCAT
11	Satt216	(ATT) ₁₉	Kwon et al. 2013	TACCCTTAATCACCGGACAA	AGGGAACAAACACATTTAATCATC A
12	Satt614	(ATT) ₃₇	Kwon et al. 2013	CTCCCCTTTAACCTTTCTTTATTA G	GCGCGGTAGGAATTAATTGTAG ATAGGAT
13	Satt354	(ATT) ₁₄	Kwon et al. 2013	GCGAAAATGGACACCAAAAGTAGTT A	GCGATGCACATCAATTAGAATATACA A
14	Sat_151	(AT) ₁₃	Kwon et al. 2013	GCTGCATCAGATCACCCATCCTTC	CATGCCATGTTGTATGTATGT
15	Sat_255	(AT) ₃₂	Kwon et al. 2013	GCGGCATGTCATGGTATACGTAA CTTTAGA	GCGCAACTGAAGCAAGAAAAGA AACCT
16	Satt417	(ATT) ₁₈	Kwon et al. 2013	TCTTGCTAATTGCTTCATTTTCAT	AATTGCTTGGGATTTTTCATTT
17	Sat_391	(AT) ₃₇	Kwon et al. 2013	GCGTAGGCATCGGTCAATATTTT	GCGTTAGCGAGTGGATCAAGATCA

국내 유통보리 DNA profile DB구축에 활용할 목적으로 논문에 보고된 Table 2의 (Cregan et al. 1999; Tasma and Warsun 2009; Wang et al. 2010; Tantasawat et al. 2011) SSR 마커 중 다형성을 보이며 재현성이 있는 satt307, satt043, satt285, satt173을 콩 DB 구축용 마커로 최종 선발하였다(Table 2).

Table 3. The 8 SSR markers used for selection of soybean new SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Forward Primer(5'→3')	Reverse Primer(5'→3')
1	Satt308	(ATT) ₂₁	GCGTTAAGGTTGGCAGGGTGGAAGTG	GCGCAGCTTTATACAAAAATCAACAA
2	Satt534	(ATT) ₂₅	CTCCTCCTGCGCAACAACAATA	GGGGGATCTAGGCCATGAC
3	Satt181	(ATT) ₁₈	TGGCTAGCAGATTGACA	GGAGCATAGCTGTTAGGA
4	Satt160	(ATT) ₃₀	TCCCACACAGTTTTTCATATAATATA	CATCAAAAGTTTATAACGTGTAGAT
5	Satt307	(TTA) ₁₃	GCGCTGGCCTTTAGAAC	GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAAG
6	Sat-043	(AT) ₂₃	GCGGTCCGTCAATGAATATTTAAATTAATA	GCGAAAGCGGCAGAGAGAGAAAGGT
7	Satt285	(TTA) ₁₉	GCGACATATTGCATTAATAAACATACTT	GCGGACTAATTCTATTTTACACCAACAA
8	Satt173	(TAT) ₁₈	TGCGCCATTTATTCTTCA	AAGCGAAATCACCTCCTCT

PCR 반응은 콩 genomic DNA 40 ng, 1 μM의 형광 SSR primer, 2 μl dNTP mixture (2.5 mM), EX-Taq polymerase 1 units, 2.5 μl의 10× PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μl로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 60°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 5분간 수행하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 콩 175품종을 PCR 하였다. 4 μl의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μl에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μl씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μl는 Hi-Di formamide 9.2 μl와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μl를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3730xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 '1', 없으면 '0'으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

8개의 SSR 마커를 이용하여 175개 국내유통 콩 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석하였다. 그 결과, 총 121개의 allele가 관찰되었으며, allele 수는 9개(satt181)에서 21개(satt160)로 나타났고, 평균 allele 수는 15개였다(Table 4). 분석에 사용한 마커에 대한 유전적 다양성을 나타내는 PIC는 satt285 마커에서 0.57로 가장 낮았으며, satt043에서 0.92로 가장 높게 나타났다, 평균은 0.83이었다(Table 3). 높은 allelic 다양성과 PIC 값은 이전에 보고된 국내 콩 품종판별 논문 결과와 유사하다(Jang et al. 2009). Jang et al. (2009)은 콩 보급품종을 포함한 엘리트 26 품종에 대하여 15개의 SSR 마커를 사용하여 분석한 결과 총 201개의 대립인자가 확인되었고, 마커 당 평균 13.4개의 대립인자가 확인되었다고 보고하였다. 또한 PIC 값은 평균 0.87로서 유전적 다양성이 높았다고 하였는데 이는 본 연구결과와 유사하였다. 이러한 결과는 소비자의 기호도를 충족시키기 위해 용도별로 품종을 다양화하고 기능성 콩을 육종목표로 설정하면서 이전에 비해 다양한 교배친들이 이용되었기 때문으로 판단된다. 유전적 다양성의 측면에서 본다면 현재 우리나라 국내 육성 콩 품종 집단은 다양성이 상당히 높아 이를 이용하여 육종프로그램에 활용한다면 다양한 기능과 특성을 가진 콩 품종 육종에 도움이 될 것으로 추정된다. 또한 이들 국내 육성 콩 품종들이 미래에 중요한 유전자원으로 가치가 있을 것으로 생각된다.

Table 4. The 8 SSR markers used for selection of soybean new SSR markers.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
satt308	(ATT) ₂₁	60	128-175	16	0.88	VIC
satt534	(ATT) ₂₅	60	144-212	19	0.86	FAM
satt181	(ATT) ₁₈	60	160-224	9	0.78	PET
satt160	(ATT) ₃₀	60	170-269	21	0.85	VIC
satt307	(TTA) ₁₃	60	156-192	11	0.85	FAM
satt043	(AT) ₂₃	60	253-305	18	0.92	VIC
satt285	(TTA) ₁₉	60	201-257	9	0.57	FAM
satt173	(TAT) ₁₈	60	138-192	18	0.91	FAM
Total				121		
Mean				15	0.83	

공시품종의 dendrogram 작성결과, 약 0.2(78%)의 유전적 거리에서 크게 3개 그룹으로 분류되었다 (Fig. 1). 그룹 I에는 화성꽃콩, 검정올콩 등 국내육성 22 품종이 속하였으며, 그룹 II에는 흑청, 경상2호, 선늑 등 113품종이 포함되었다. 장 등(2009)은 태광콩, 장엽콩, 보광콩, 대원콩이 같은 그룹에 포함되었고 이들의 유전적 거리가 매우 가깝다고 보고하였는데, 이는 본 연구 결과와 동일하였다. 그룹III에는 아가1호, 검정콩3호, 아가10호 등 40품종이 속하였다. 본 연구에서 사용한 8개의 마커로 ‘부석’ 과 광두, ‘셀비’ 와 ‘단엽’ 품종을 구분하는 것은 불가능하였다. 이는 콩 품종의 육성 내역을 살펴볼 때 품종육성에 제한된 재래종자원을 활용하였기 때문에 나타난 결과라고 판단된다. 따라서 국내 유통 콩 품종을 보다 효율적으로 판별하기 위해서 앞으로 제2협동과제에서 수행한 성적을 참조하여 국내 콩 유통 품종의 형태적 특성 데이터를 수집하고 본 DB에 추가할 예정이며 신규 마커 선발 등을 지속적으로 수행함으로써 콩 품종별 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해 나갈 계획이다.

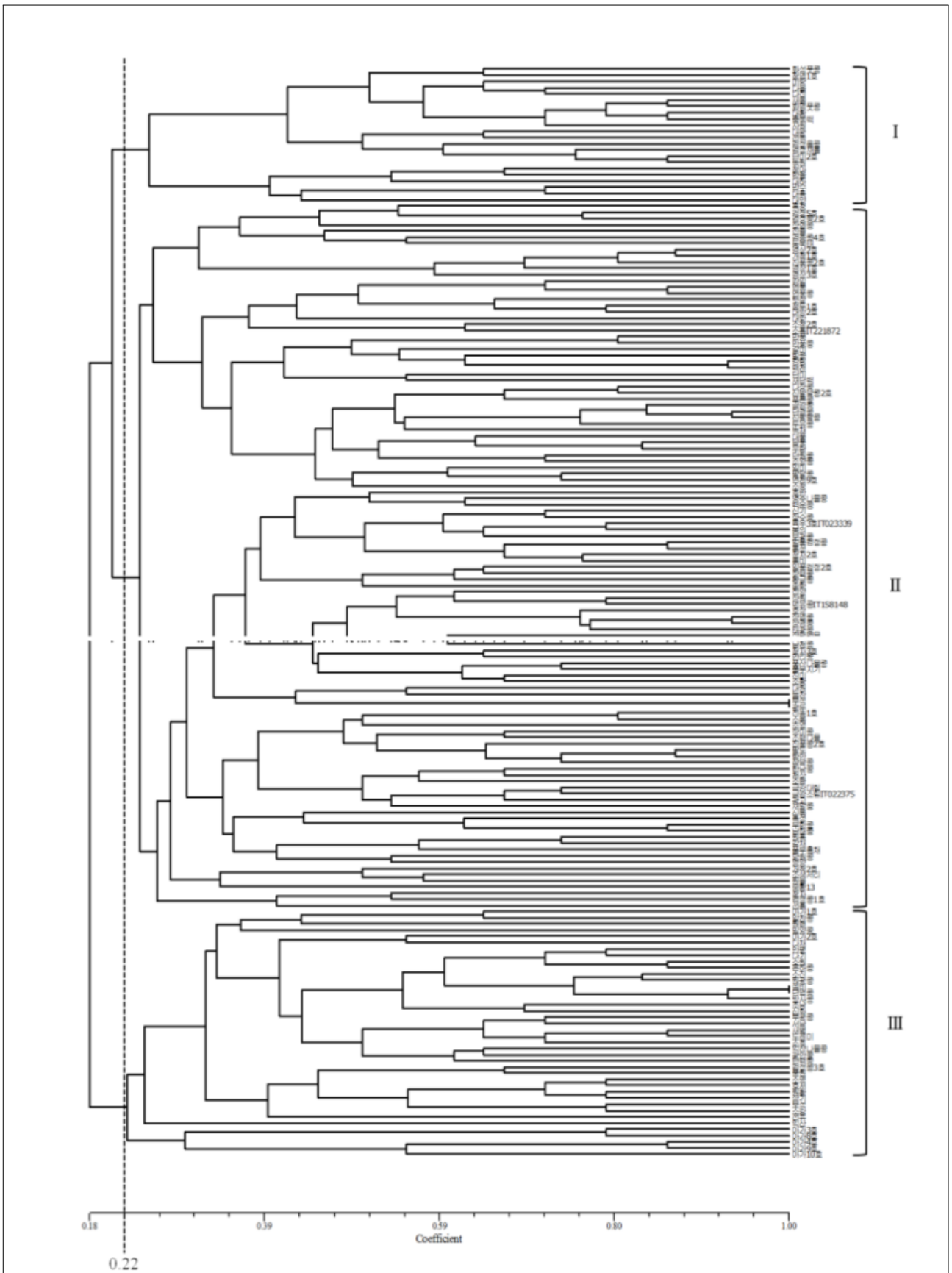


Fig. 1. Dendrogram of 175 soybean cultivars using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

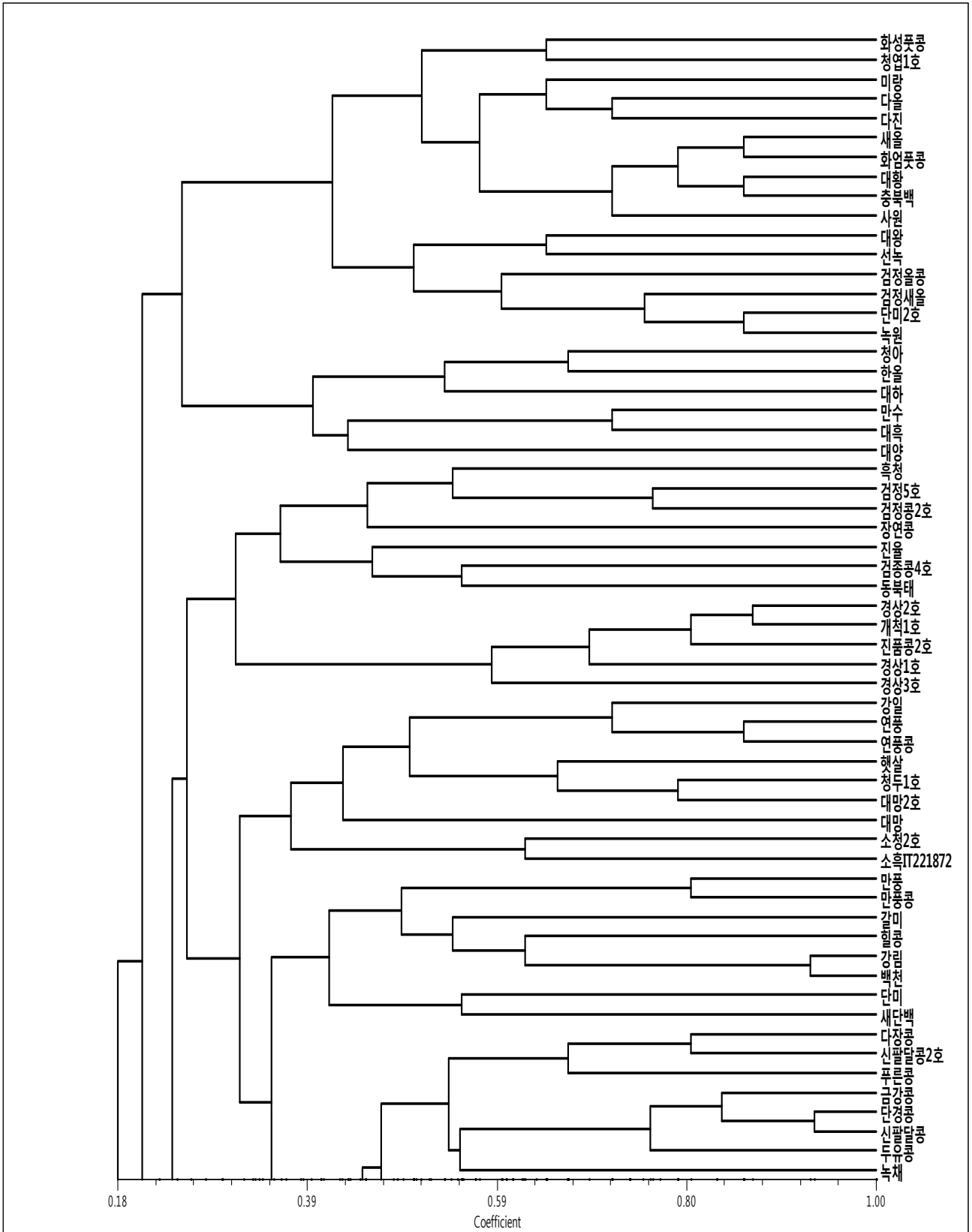


Fig. 1. Continued to expand.

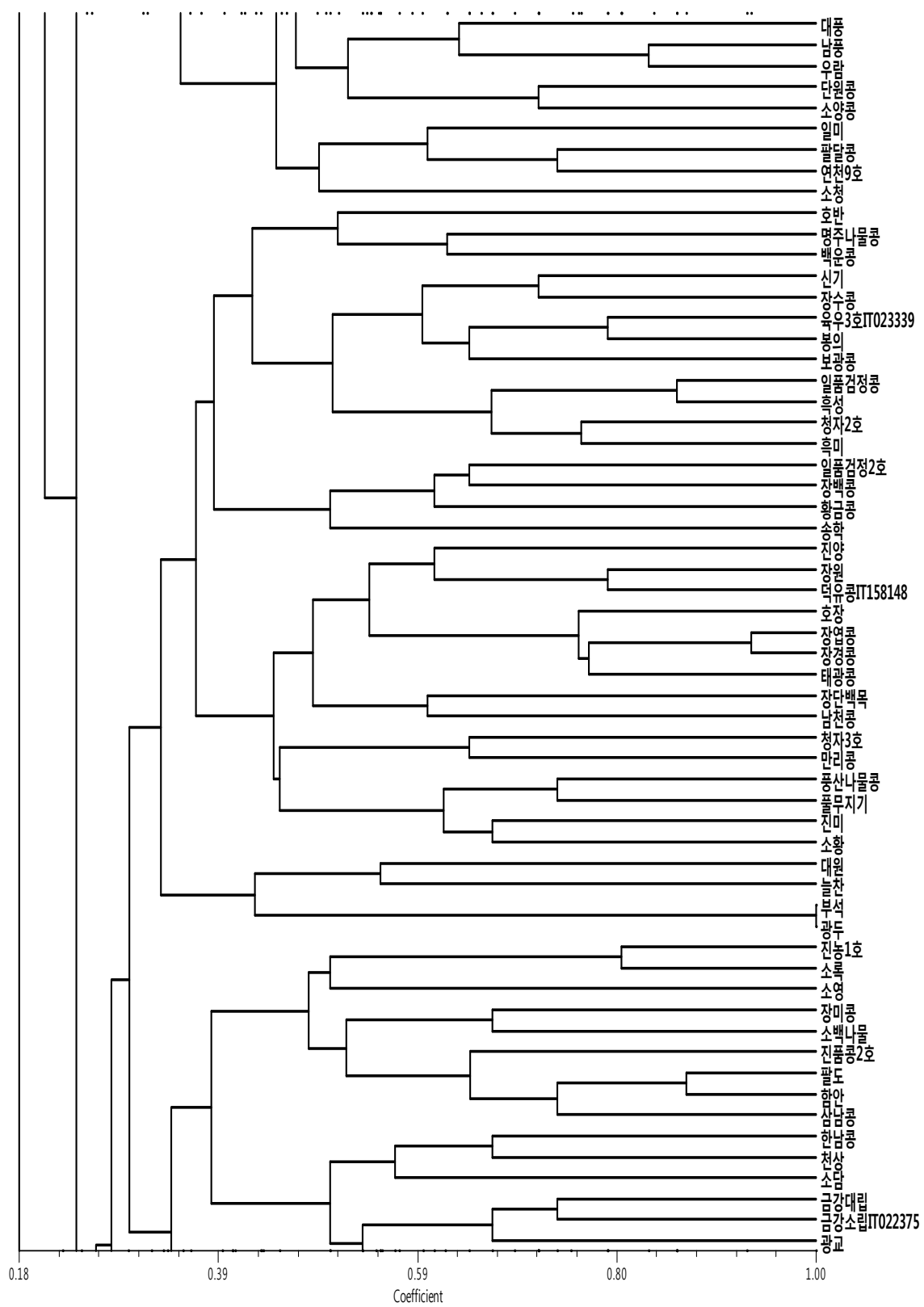


Fig. 1. Continued.

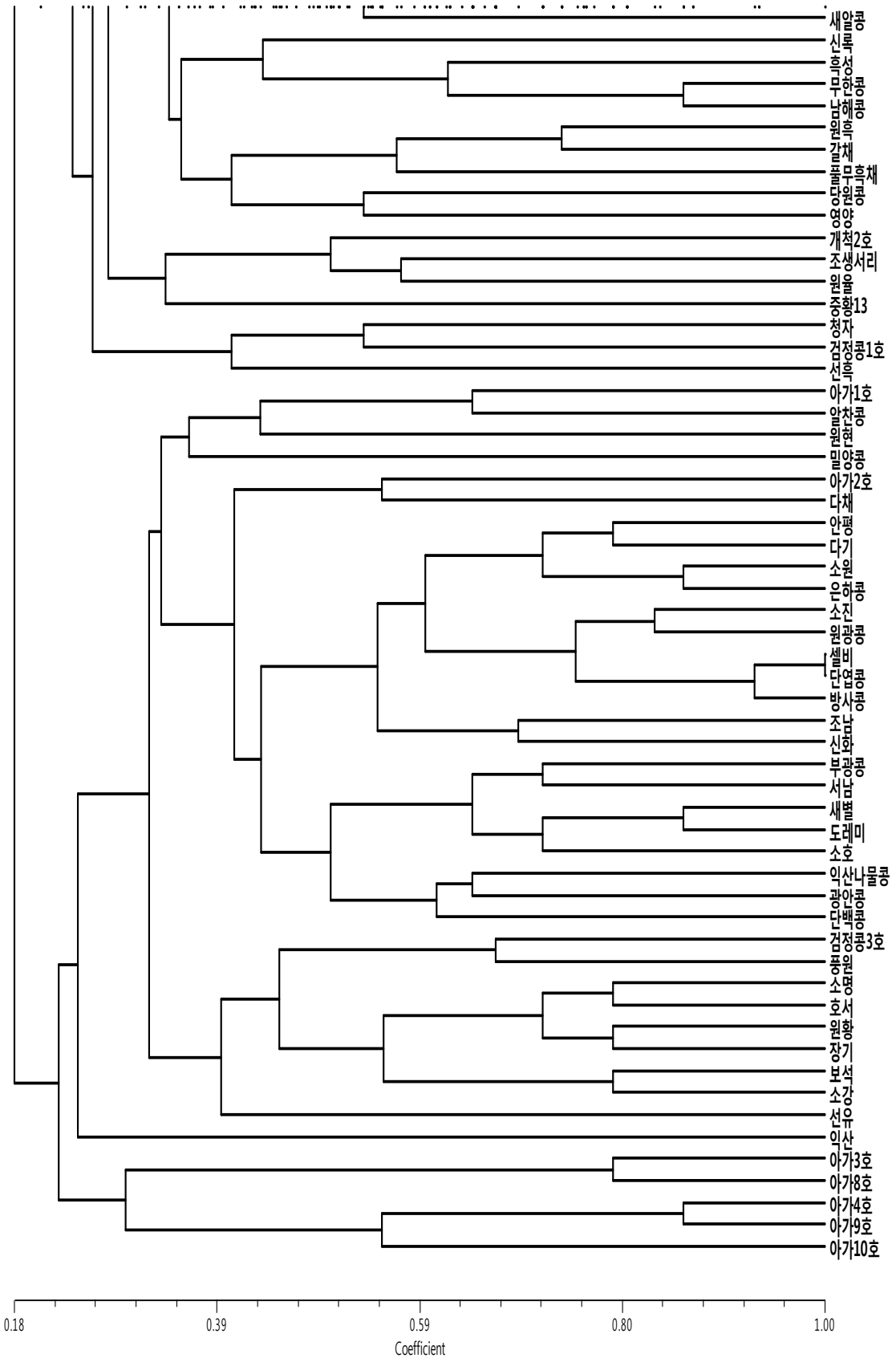


Fig. 1. Continued.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

콩[Glycine max (L.) Merrill]은 밀, 벼, 옥수수, 보리 다음으로 중요한 식량작물이다. 국내 콩 재배면적은 2014년 기준 74,652 ha이며 (<http://kostat.go.kr>, 통계청), 콩 품종보호출원 및 등록현황을 보면 2015년 8월 31일 기준 누적출원 건수는 187품종이고 등록 실적은 155품종으로 보고되었다(<http://www.seed.go.kr>). 본 연구에서는 콩의 국가표준 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 구축된 콩 DNA 데이터베이스에 국립종자원에서 재배심사 중인 품종을 추가적으로 수집하였고, 제2협동과제로부터 제공받은 분자표지와 1차 년도에 선발된 분자표지 중 DB 구축에 적합한 분자표지를 재선정하여 콩의 품종별 DNA Profile 데이터베이스 구축 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 콩 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 충북대학교로부터 콩 175품종의 종자를 분양받았고, 2차 년도에는 국립종자원 품종보호출원 품종 10품종을 수집하여 총 185품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial soybean cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분	연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분
1	화성꽃콩	Hwasongputkong	소멸	83	대원		품종보호출원
2	흑청	Heugcheong	품종보호출원	84	진품콩2호	Jinpumkong2	품종보호출원
3	호반	Hoban	품종보호출원	85	검정콩2호	Geomjeongkong2	품종보호출원
4	청아	Cheonga	품종보호출원	86	진품콩	Jinpumkong	품종보호출원
5	대왕	Daewang	품종보호출원	87	소명	Somyeongkong	품종보호출원
6	강일	Gangil	품종보호출원	88	소담	Sodamkong	품종보호출원
7	햇살	haessal	품종보호출원	89	선홍	Seonheukkong	품종보호출원
8	만풍	Manpoong	품종보호출원	90	팔도	Paldokong	품종보호출원
9	연풍	Yongpoong	품종보호출원	91	송학	Songhankong	품종보호출원
10	아가1호	Aga 1ho	품종보호출원	92	도레미	Doremikong	품종보호출원
11	아가2호	Aga 2ho	품종보호출원	93	소호	Sohokong	품종보호출원
12	경상2호	Gyeongsang #2	품종보호출원	94	진미		품종보호출원
13	개척1호	Gaechuk 1	품종보호출원	95	서남	Sunam	품종보호출원
14	개척2호	Gaechuk 2	품종보호출원	96	다기	Dagi	품종보호출원
15	경상3호	Gyeongsang 3ho	품종보호출원	97	호장	Hojang	품종보호출원
16	진농1호	Jinnong1	품종보호출원	98	보석	Bosug	품종보호출원
17	진양	Jinyang	품종보호출원	99	소강	Sokang	품종보호출원
18	진율	Jinyul	품종보호출원	100	녹채	Nogchae	품종보호출원
19	검정콩3호	Geomjeongkong3	품종보호출원	101	원황	wonhwang	품종보호출원
20	안평	Anpyeong	품종보호출원	102	장기	Jangki	품종보호출원
21	신기	Shingi	품종보호출원	103	풍원	Pungwon	품종보호출원
22	청두1호	Chungdulho	품종보호출원	104	조남	Jonam	품종보호출원
23	대망	Daemang	품종보호출원	105	갈채	Galchae	품종보호출원
24	청자3호	Cheongja	품종보호출원	106	소황	Sohwang	품종보호출원
25	대망2호	Daemang2	품종보호출원	107	영양	Youngyang	품종보호출원
26	미랑	Milang	품종보호출원	108	소영	Soyoung	품종보호출원
27	다장콩	Dajangkong	품종보호출원	109	풀무흑채	Pulmu-heukchae	품종보호출원
28	금강콩	Keumgangkong	품종보호출원	110	풀무지기	Pulmujigi	품종보호출원
29	한남콩	Hannamkong	품종보호출원	111	아가3호	Aga 3	품종보호출원
30	일품검정콩	Ilpumgeomjeongkong	품종보호출원	112	아가4호	Aga 4	품종보호출원

31	검정올콩	Geomjeongkong	품종보호등록	113	아가8호	Aga8	품종보호등록
32	장미콩	Jangmikong	품종보호등록	114	아가9호	Aga9	품종보호등록
33	두유콩	Duyoukong	소멸	115	아가10호	Aga10	품종보호등록
34	부광콩	Bukwangkong	소멸	116	중황13	Zhonghuang	품종보호등록
35	소백나물	Sobaegnamulkong	품종보호등록	117	경상1호	Gyeongsang #1	품종보호등록
36	일미	Ilmikong	품종보호등록	118	갈미		품종보호등록
37	새올	Saeolkong	품종보호등록	119	조생서리	Josaengseori	품종보호등록
38	명주나물콩	Myeongjunamulkong	품종보호등록	120	원울	Wonyul	품종보호등록
39	소원	Sowon	품종보호등록	121	원현	Wonhyun	품종보호등록
40	대황		품종보호등록	122	장단백		품종보호등록
41	장원	Jangwon	품종보호등록	123	충북백		
42	새별	Saebyeolkong	품종보호등록	124	익산	Iksannamul	품종보호등록
43	청자	Cheongjakong	품종보호등록	125	함안		
44	선녹	Seonnogkong	품종보호등록	126	금강대립		
45	신록		품종보호등록	127	금강소립IT0		
46	소록		품종보호등록	22375	부석	Buseoktae	
47	검정콩4호	Geomjeongkong4	품종보호등록	128	육우3호IT02		
48	대풍	Daepung	품종보호등록	129	3339		
49	다채	Dachae	품종보호등록	130	광두		
50	다올	Daol	품종보호등록	131	힐콩		
51	단미	Danmi	품종보호등록	132	셀비		
52	다진	Dajin	품종보호등록	133	광고		
53	청자2호	Cheongja2ho	품종보호등록	134	봉의		
54	소진	Sojin	품종보호등록	135	강립		
55	선유	Seonyu	품종보호등록	136	동북태		
56	검정새올	Geomjeongsaeol	품종보호등록	137	백천		
57	단미2호	Danmi 2	품종보호등록	138	단엽콩		국가품종목록등재
58	일품검정2호	Ilpumgeomjeong 2	품종보호등록	139	장엽콩		국가품종목록등재
59	흑미	Heugmi	품종보호등록	140	황금콩		
60	소청	Socheong	품종보호등록	141	장백콩		
61	녹원	Nokwon	품종보호등록	142	남천콩		
62	만수	Mansu	품종보호등록	143	덕유콩IT158		
63	남풍	Nampung	품종보호등록	144	148		
64	사원			145	밀양콩		
65	대양	Daeyang	품종보호등록	146	백운콩		
66	대흑	Dae-heug	품종보호등록	147	방사콩	Saealkong	소멸
67	흑성	Heugsung	품종보호등록	148	새알콩		
68	대하1호	Daeha 1	품종보호등록	149	팔달콩	Pokwangkong	소멸
69	천상	Cheonsang	품종보호등록	150	보광콩		
70	검정5호	Geomjeong5	품종보호등록	151	단경콩		
71	원흑	Wonheug	품종보호등록	152	은하콩	Muhankong	소멸
72	소청2호	Socheong2	품종보호등록	153	무한콩	Namhaekong	소멸
73	청엽1호	Cheongyeob 1	품종보호등록	154	남해콩		
74	익산나물콩	Iksannamul	품종보호등록	155	장경콩	Jangsukong	소멸
75	알찬콩	Alchankong	품종보호등록	156	장수콩	Danweonkong	소멸
76	풍산나물콩	Pungsannamul	품종보호등록	157	단원콩	Mallikong	소멸
77	신팔달콩2호	Shinpaldalkong2	소멸	158	만리콩		소멸
78	검정콩1호	Geomjeongkong1	소멸	159	신팔달콩	Taekwangkong	소멸
79	단백콩	Danbaekong	소멸	160	태광콩	Samnamkong	소멸
80	광안콩	Kwangankong	소멸	161	삼남콩		국가품종목록등재
81	푸른콩	Pureunkong	소멸	162	화엄꽃콩		국가품종목록등재
82	당원콩		소	163	석양꽃콩		
				164	원광콩	Wonkwang	품종보호등록

Table 1. Continued.

연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분	연번	품종명	품종영문명	출원 및 등록 구분
165	호서	Hoseo	품종보호등록	176	늘찬	Neulchan	품종보호등록
166	신화	Shinhwa		177	소청자	Socheongja	품종보호출원(2차 년도)
167	대하	Daeha 1	품종보호등록	178	대풍2호	Daepung2ho	품종보호출원(2차 년도)
168	한울	Hanol	품종보호등록	179	두루울	Duruol	품종보호출원(2차 년도)
169	소흑IT221872			180	대찬	Daechan	품종보호출원(2차 년도)
170	우람	Uram	품종보호등록	181	해원	Haewon	품종보호출원(2차 년도)
171	새단백	Saedanbaek	품종보호등록	182	미소	Miso	품종보호출원(2차 년도)
172	연풍콩	Yongpoong	품종보호등록	183	기찬	GICHAN	품종보호출원(2차 년도)
173	장연콩	Jang Yon	재배심사	184	화은	Hwaeun	품종보호출원(2차 년도)
174	연천9호			185	축두1	Chookdu 1	품종보호출원(2차 년도)
175	만풍콩	Manpoong	품종보호등록	186	축두2	Chookdu 2	품종보호출원(2차 년도)

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

콩 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 1차 년도에 마커 8개를 선발하였고, 2차 년도에는 1차 년도에 선발한 마커를 재확인하고, 추가로 제2협동과제로부터 SSR 마커 6개를 제공받아 콩시품종에서 다형성 및 재현성을 보이는 마커 선발을 위해 총 14개 마커를 이용하였다(Table 2).

Table 2. The 14 SSR markers used for selection of SSR markers.

No.	Marker name	Reference	No.	Marker name	Reference
1	Satt308	Kwon et al. 2012	8	Satt173	Kwon et al. 2012
2	Satt534	Kwon et al. 2012	9	Satt197	Chungbuk Univ.(제2협동과제)
3	Satt181	Kwon et al. 2012	10	Sat_076	Chungbuk Univ.(제2협동과제)
4	Satt160	Kwon et al. 2012	11	Satt179	Chungbuk Univ.(제2협동과제)
5	Satt307	Kwon et al. 2012	12	Sat_417	Chungbuk Univ.(제2협동과제)
6	Sat-043	Kwon et al. 2012	13	Satt434	Chungbuk Univ.(제2협동과제)
7	Satt285	Kwon et al. 2012	14	Sat_245	Chungbuk Univ.(제2협동과제)

PCR 반응은 콩 genomic DNA 40 ng, 1 μ M의 형광 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), EX-Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 \times PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 5분, denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 30초, annealing은 60 $^{\circ}$ C에서 30초, extension은 72 $^{\circ}$ C에서 45초, final-extension은 72 $^{\circ}$ C에서 5분간 수행하였다.

1차 년도에 개발한 8개 마커와 함께 충북대에서 제공받은 6개 마커를 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 콩 185품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l는 Hi-Di formamide 9.2 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3730xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 4.1프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다. 그 결과로 6개 마커 중 다형성 및 재현성이 확보된 2개의 마커를 추가로 선발하여 총 10개의 마커로 품종식별 데이터베이스를 구축하는 데 사용하였다(Table 3).

Table 3. The 10 SSR markers used for selection of soybean SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Forward Primer(5'→3')	Reverse Primer(5'→3')
1	Satt308	(ATT) ₂₁	GCGTTAAGGTTGGCAGGGTGAAGTG	GCGCAGCTTTATACAAAAATCAACAA
2	Satt534	(ATT) ₂₅	CTCCTCCTGCGCAACAACAATA	GGGGGATCTAGGCCATGAC
3	Satt181	(ATT) ₁₈	TGGCTAGCAGATTGACA	GGAGCATAGCTGTTAGGA
4	Satt160	(ATT) ₃₀	TCCCACACAGTTTTTCATATAATATA	CATCAAAAAGTTTATAACGTGTAGAT
5	Satt307	(TTA) ₁₃	GCGCTGGCCTTTAGAAC	GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAA
6	Sat-043	(AT) ₂₃	GCGGTCCGTCAATGAATATTTAAATTTAAA	GCGAAAGCGGCAGAGAGAGAAAGGT
7	Satt285	(TTA) ₁₉	GCGACATATTGCATTAATAAACAATACTT	GCGGACTAATTCTATTTTACACCAACAAC
8	Satt173	(TAT) ₁₈	TGCGCCATTTATTCTTCA	AAGCGAAATCACCTCTCT
9	Satt197	-	CACTGCTTTTTCCCCTCTCT	AAGATACCCCCAACATTATTTGTAA
10	Satt434	-	GCGTTCCGATATACTATATAATCCTAAT	GCGGGGTTAGTCTTTTTATTAACTTAA

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

10개의 SSR 마커를 이용하여 185개 국내유통 콩 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석하였다. 총 125개의 allele가 관찰되었으며, allele 수는 7개(satt285)에서 17개(sat-043)로 나타났고, 평균 allele 수는 12.5개였다(Table 4). 분석에 사용한 마커에 대한 유전적 다양성을 나타내는 PIC는 satt285 마커에서 0.5307로 가장 낮았으며, sat-043에서 0.9155로 가장 높게 나타났고, 평균은 0.8141이었다(Table 4).

Table 4. The 10 SSR markers used for selection of soybean new SSR markers.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
satt308	(ATT) ₂₁	60	131-175	12	0.8548	VIC
satt534	(ATT) ₂₅	60	147-212	14	0.8457	FAM
satt181	(ATT) ₁₈	60	160-224	10	0.8053	PET
satt160	(ATT) ₃₀	60	196-269	14	0.8275	VIC
satt307	(TTA) ₁₃	60	159-192	10	0.7859	FAM
sat-043	(AT) ₂₃	60	253-305	17	0.9155	VIC
satt285	(TTA) ₁₉	60	201-257	7	0.5307	FAM
satt173	(TAT) ₁₈	60	141-204	14	0.8891	FAM
Satt197 ^Z		50	125-202	13	0.8336	VIC
Satt434 ^Z		50	308-363	14	0.8530	VIC
Total				125		
Mean				12.5	0.8141	

^Z: 2협동과제 선발 마커

높은 allelic 다양성과 PIC 값은 이전에 보고된 국내 콩 품종판별 논문 결과와 유사하다(Jang et al. 2009). Jang et al. (2009)은 콩 보급품종을 포함한 엘리트 26 품종에 대하여 15개의 SSR 마커를 사용하여 분석한 결과 총 201개의 대립인자가 확인되었고, 마커 당 평균 13.4개의 대립인자가 확인되었다고 보고하였다. 또한 PIC 값은 평균 0.87로서 유전적 다양성이 높았다고 하였는데 이는 본 연구결과와 유사하였다. 이러한 결과는 소비자의 기호도를 충족시키기 위해 용도별로 품종을 다양화하고 기능성 콩을 육종목표로 설정하면서 이전에 비해 다양한 교배친들이 이용되었기 때문으로 판단된다. 유전적 다양성의 측면에서 본다면 현재

우리나라 국내 육성 콩 품종 집단은 다양성이 상당히 높아 이를 이용하여 육종프로그램에 활용한다면 다양한 기능과 특성을 가진 콩 품종 육종에 도움이 될 것으로 추정된다. 또한 이들 국내 육성 콩 품종들이 미래에 중요한 유전자원으로 가치가 있을 것으로 생각된다.

최종 선발된 10개 SSR 마커를 이용하여 콩 185품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 덴드로그램은 그림과 같다(Fig. 1). 14품종을 제외한 171품종이 본 연구에서 적용한 10개 SSR 마커의 유전자형에 따라 식별이 됨을 확인하였다. 식별되지 않은 14품종 중 (‘연풍’ 과 ‘연풍콩’), (‘만풍’, ‘만풍콩’)은 동일한 품종으로 확인되었으며, (‘새울’, ‘화엄꽃콩’), (‘금강콩’, ‘신팔달콩’), (‘두유’, ‘단경’), (‘팔도’, ‘함안’), (‘새별’, ‘도레미’) 10품종은 본 연구에서 사용한 분자표지로 식별되지 않았다. 이는 콩 품종의 육성 내역을 살펴볼 때 품종육성에 제한된 재래종자원을 활용하였기 때문에 나타난 결과라고 판단된다. 본 연구를 통해 최종 선발된 10개 마커는 교차분석을 위해 제2협동과제에 제공하였고, 향후 제2협동과제와 중복되는 품종에 대한 유전자형 분석 결과를 참조하여 분석기기에 따른 대립유전자 크기의 차이를 알아보고 2협동과제의 표현형 분석 결과를 참조하여 분자표지와 형태적 특성의 상관관계를 비교 분석해야 할 것으로 사료된다.

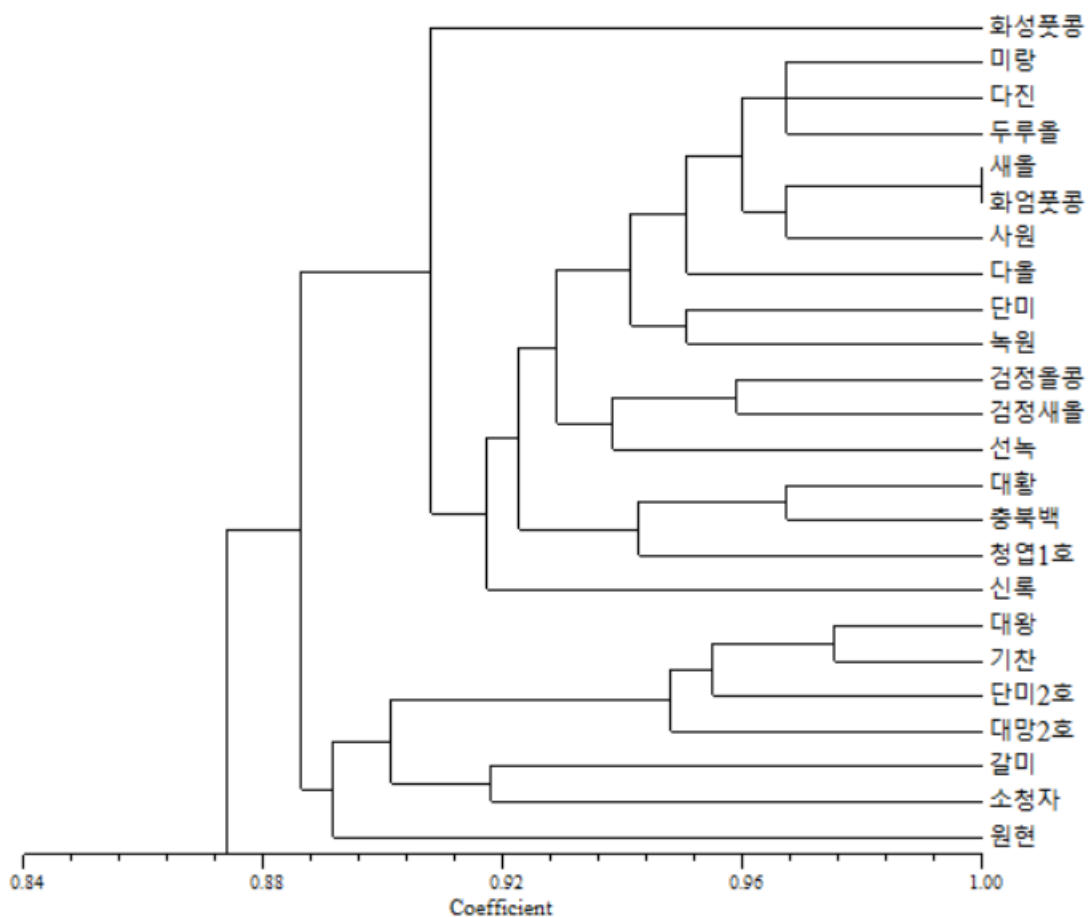


Fig. 1. Dendrogram of 185 soybean cultivars using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

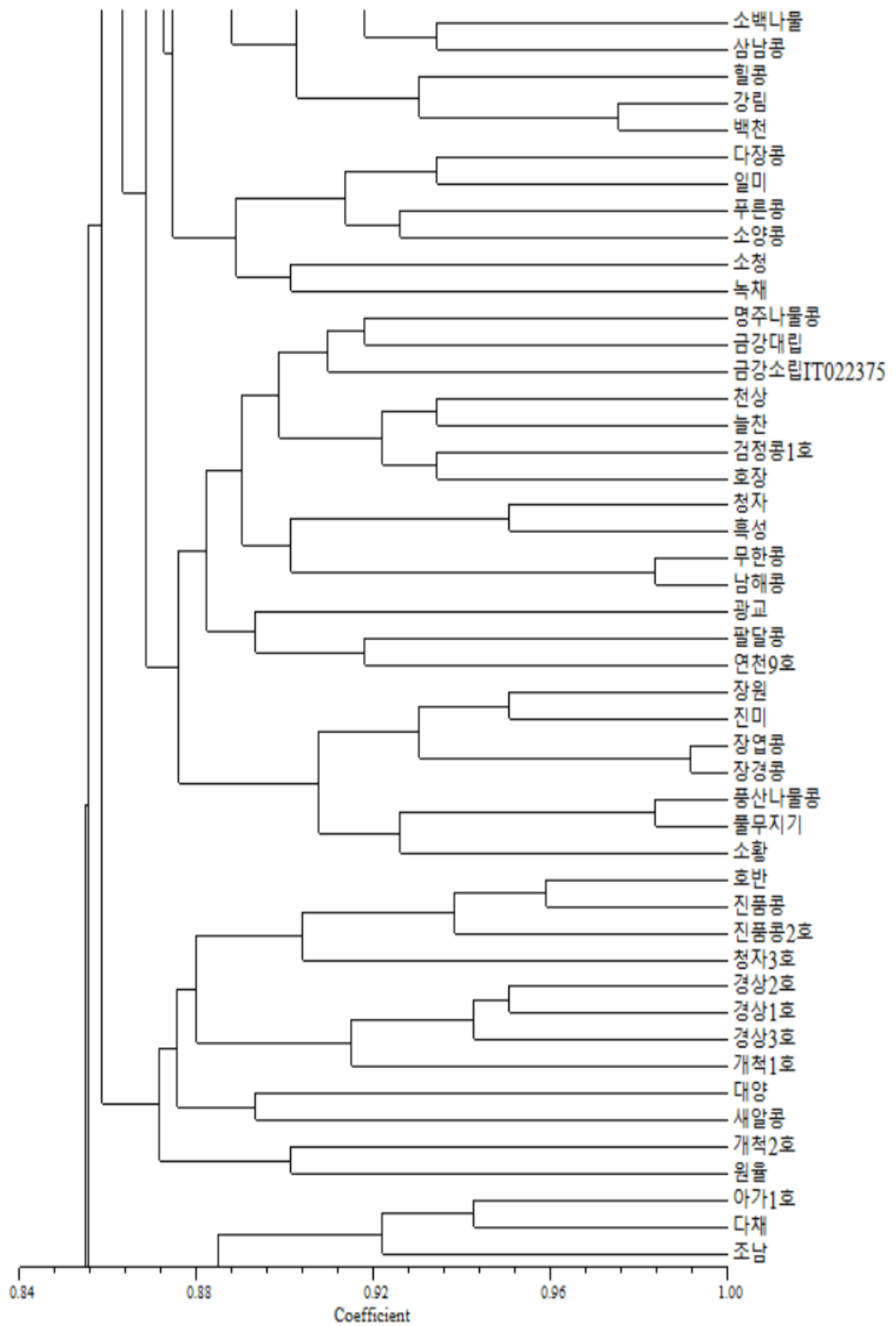


Fig. 1. Continued.

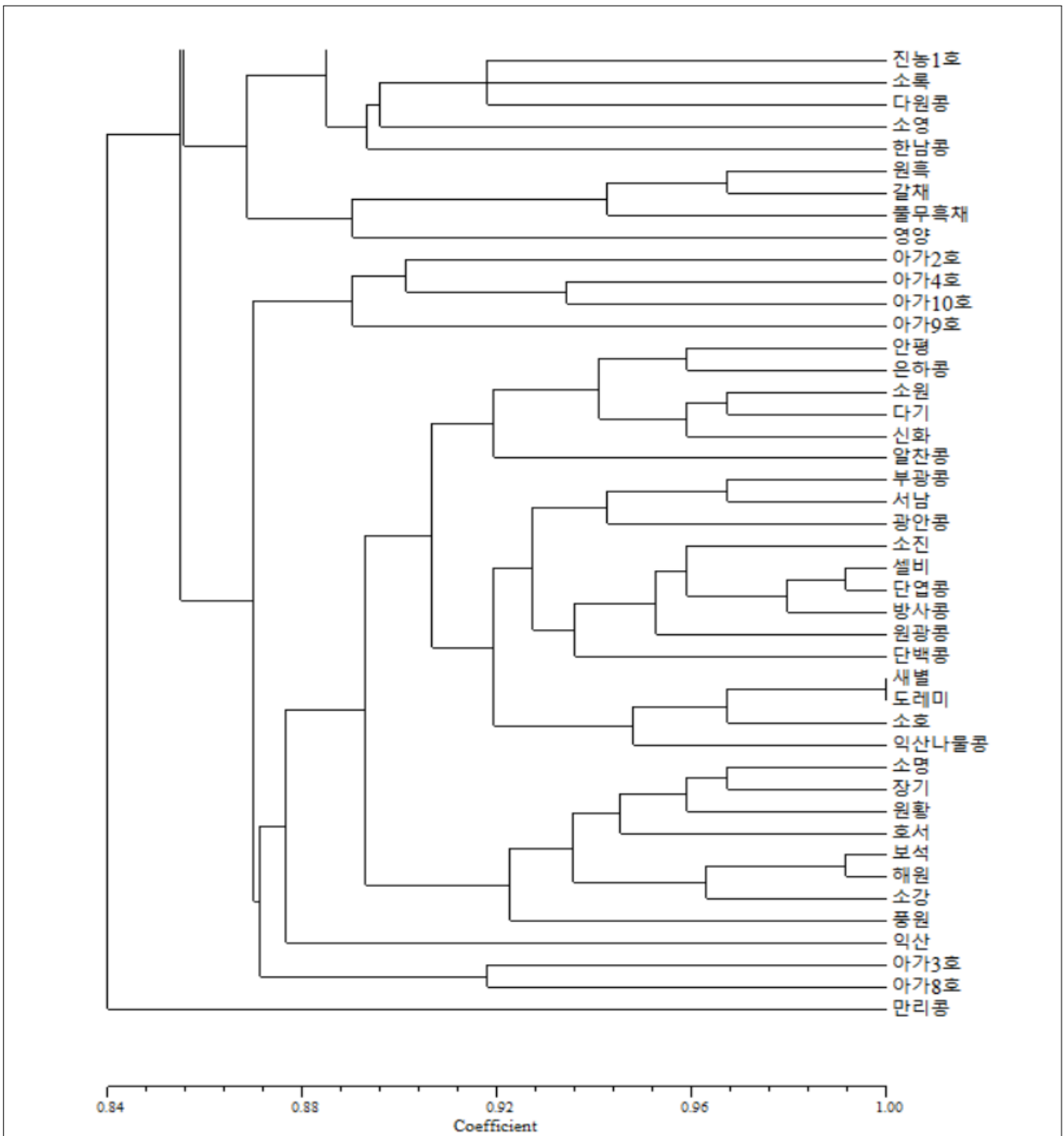


Fig. 1. Continued.

3. SSR 마커를 이용한 보리 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

보리(*Hordeum vulgare* L.)는 $2n=2x=14$ 이며, 세계 많은 지역 다양한 환경에서 적응성이 좋은 작물이다. 우리나라의 경우 2014년 10월 통계에 의하면 국내 보리 재배면적은 37,669 ha 이며 (<http://kostat.go.kr>, 통계청), 보리 품종보호출원 및 등록현황을 보면 2014년 10. 1일 기

준 출원 실적은 9품종이고 등록 실적은 94품종으로 보고되었다(<http://www.seed.go.kr>).

보리는 세계에서 밀, 벼, 옥수수 다음으로 4번째로 중요한 작물인데(Hubner et al. 2009), 맥주와 사료산업의 신속한 발달로 인해 보리에 대한 수요는 꾸준히 증가하고 있으나 장기적으로 재배되면서 몇몇 드문 유전자좌(loci)를 포함한 많은 유전자의 결손과 유전적 다양성의 붕괴를 가져왔다(Russell et al. 2004). 실제로 몇몇 형질이 좋은 유전자원들이 육종의 다음 세대를 위한 교배친으로 자주 이용되기 때문에(Graner et al. 1994) 유전적인 균일성을 가져왔으며 유전자원이 점차 사라지게 되었다. 효율적인 분자마커의 개발은 다양성 분석, 보리에 대한 유익한 alleles에 대한 정보를 알 수 있다는 점에서 중요하다. 재배자들은 특유의 색, 이삭밀도의 다양성에 따라 구분하여 재배하기도 하고 이러한 형태적인 다양성 외에 연구자들은 생화학적인 구조 (Demissie and Bjornstad, 1996)와 병 저항성(Negassa 1985)에서 다양성의 높은 수준을 확인하기도 한다. 높은 자식율에도 불구하고 재래종 보리를 유지한 재배자들은 재배포장과 집단내에서 발견한 유전적, 형태적, 표현형의 다양성으로 보리가 높은 다양성을 가지고 있다는 것을 발견하였다(Backes et al. 2009; Hadado et al. 2010). 보리에 대한 분자유전학적 연구가 그동안 많이 이루어 졌으며(Graner et al. 1994; Feng et al. 2006; Mikel and Kolb 2008), 최근에는 분자표지 정보 등을 데이터베이스화하여 이를 공개하고 있다 (<http://www.shigen.nig.ac.jp/barley/>) (http://germinate.scri.ac.uk/ssr/barley_s.html).

국내의 경우 국내 육성된 보리 품종군 분류에서 기존에 보고된 microsatellite marker를 이용하여 유연관계 분석을 수행한 바 있다(Kwon et al. 2011). 하지만 재래종 보리에 대한 유전적 다양성 연구는 거의 알려져 있지 않으며, 특히 한국에서 육성되어 국내 유통되고 있는 보리 품종의 다양성 분석에 대한 연구는 많이 이루어지지 않았다. 따라서 본 연구는 SSR 마커를 이용하여 국내에서 육성되어 재배중인 품종에 대한 유전적 다양성을 평가하여, 국내 육성 품종 판별에 대한 가능성을 검토하고, 향후 보리품종의 권리침해 분쟁 및 종자 분쟁의 해결 수단으로 이용하고자 수행되었다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 보리 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 향후 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 경북대학교로부터 보리 82품종의 종자를 분양받았고, 이들을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μL 당 5 ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial barley cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	종류	특성	출수기	출원 및 등록 구분
1	강호	Ganghossalbori	쌀보리	-	조생종	품종보호등록
2	긴	Kinssalbori	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
3	광활	Kwanghwalsalbori	쌀보리	여섯줄보리	중생종	품종보호등록
4	늘	Neulssalbori	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	소멸

5	내한	Naehanssalbori	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
6	남호	Namho	쌀보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
7	다송	Dasong	쌀보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
8	다풍		쌀보리	-	-	
9	동호	Donghossal	쌀보리	-	조숙성	품종보호등록
10	동한찰	Donghanchal	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
11	두원찰쌀	Duwonchapssalbori	쌀보리	2줄보리	조생종	품종보호등록
12	대호	Daehossalbori	쌀보리	-	조생종	품종보호등록
13	백동		쌀보리	-	중만생종	
14	송학	Songhagbori	쌀보리	여섯줄보리	조생종	소멸
15	새쌀보리	Saessalbori	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
16	새한찰쌀보리	Saehanchal	쌀보리	-	-	품종보호등록
17	새찰쌀보리	Saechalssalbori	쌀보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
18	새늘쌀보리	Saenulssalbori	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
19	울쌀보리	Olssalbori	쌀보리	-	-	품종보호등록
20	자수정찰쌀보리	Jasoojeongchal	쌀보리	-	-	품종보호등록
21	진미찰쌀보리	Jinmichapssalbori	쌀보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
22	진주찰쌀보리	Jinjuchal	쌀보리	-	-	품종보호등록
23	재강쌀보리	Jaegangssal	쌀보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
24	재안찰쌀보리	Jaechanchal	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
25	찰쌀보리	Chalssalbori	쌀보리	-	-	소멸
26	청호쌀보리	Cheonghossal	쌀보리	-	-	품종보호등록
27	춘추쌀보리	Chunchussalbori	쌀보리	-	-	품종보호등록
28	풍산찰쌀보리	Puangsanchal	쌀보리	2줄보리	중만생종	품종보호등록
29	흰쌀보리	Hinssalbori	쌀보리	여섯줄보리	4월13일	소멸
30	흰찰쌀보리	Hinchalssalbori	쌀보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
31	호반찰쌀보리	Hobanchal	쌀보리	-	-	품종보호등록
32	건강	Geungang	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
33	강보리		겉보리	-	-	
34	광안	Namho	겉보리	여섯줄보리	만생종	품종보호등록
35	낙영보리	Nagyeongbori	겉보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
36	다향	Dahyang	겉보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
37	대연	Daeyeon	겉보리	여섯줄보리	-	품종보호등록
38	대진	Daevinbori	겉보리	여섯줄보리	조생종	소멸
39	대백	Daebegbori	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
40	미락	Miragbori	겉보리	-	중만생종	품종보호등록
41	밀양겉보리	Milyangketbori	겉보리	-	조생종	소멸
42	팔도보리	Paldobori	겉보리	여섯줄보리	-	품종보호등록
43	상록보리	Sanglogbori	겉보리	여섯줄보리	-	품종보호등록
44	삼광찰보리	Samkwangchal	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
45	서둔찰보리	Seodunchalbori	겉보리	여섯줄보리	만생종	품종보호등록
46	새울보리	Saeolbori	겉보리	여섯줄보리	만생종	소멸
47	새강보리	Saekangbori	겉보리	여섯줄보리	만생종	소멸
48	새알보리	Saealbori	겉보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
49	알보리	Albori	겉보리	-	-	
50	알찬보리	Alchanbori	겉보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
51	오월보리	Owalbori	겉보리	-	-	
52	울보리	Olbori	겉보리	-	-	품종보호등록
53	영양보리	youngyang	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
54	찰보리	Chalbori	겉보리	여섯줄보리	만생종	소멸
55	큰알보리1호	Keunalborilho	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
56	큰알	Keunalbori	겉보리	여섯줄보리	중만생종	소멸
57	태평	Taepyeong	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
58	태강	Taegang	겉보리	여섯줄보리	중만생종	품종보호등록
59	탑골보리	Tapgolbori	겉보리	여섯줄보리	만생종	소멸
60	황금찰보리	Hwanggeumchal	겉보리	여섯줄보리	만생종	품종보호등록
61	혜미	Hyemi	겉보리	여섯줄보리	만생종	품종보호등록

62	혜당	Hyedang	겉보리	여섯줄보리	조생종	품종보호등록
63	광맥	Kwangmaeg	맥주보리	2줄보리	중만생종	재배심사
64	남향	Namhyangbori	맥주보리	2줄보리	조생종	품종보호등록
65	두산8호	Doosan#8	맥주보리	2줄보리	중만생종	소멸
66	두산29호	Doosan#29	맥주보리	2줄보리	조생종	소멸
67	다진	Dajin	맥주보리	2줄보리	중만생종	품종보호등록
68	다호	Daho	맥주보리	2줄보리	-	품종보호등록
69	단원	Danwonbori	맥주보리	2줄보리	-	품종보호등록
70	대아	Daea	맥주보리	2줄보리	중만생종	품종보호등록
71	대영	Daeyeong	맥주보리	2줄보리	조생종	품종보호등록
72	맥향		맥주보리	-	-	
73	사천6호	Sachon6ho	맥주보리	-	-	
74	상도		맥주보리	-	-	
75	신호	Sinhobori	맥주보리	2줄보리	-	품종보호등록
76	백호	Baegho	맥주보리	2줄보리	-	품종보호등록
77	오름	Oreum	맥주보리	2줄보리	-	품종보호등록
78	일진	Iljin	맥주보리	2줄보리	-	품종보호등록
79	진양	Jinyangbori	맥주보리	2줄보리	조생종	소멸
80	진광	Jinkwangbori	맥주보리	2줄보리	조생종	소멸
81	제주보리	Jejubori	맥주보리	2줄보리	중만생종	소멸
82	호품	Hopum	맥주보리	2줄보리	중만생종	품종보호등록

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

보리 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 국립종자원에서 사용 중인 마커 20개(Kwon et al. 2012)(Table 2) 중 다형성을 보이고 재현성이 있는 15개 마커를 선발하여 본 연구에 이용하였다(Table 3).

Table 2. The 20 SSR markers used for selection of barley SSR markers.

No	Marker name	Repeat motif	Reference	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	Bmac0134	(AC) ₂₈	Kwon et al. 2012	CCAAGTGGATCGATCTCG	CTTCGTTGCTTCTCTACCTT
2	Bmac0209	(AC) ₁₃	Kwon et al. 2012	CTAGCAACTTCCCAACCGAC	ATGCCGTGTGTGGACCAT
3	Bmac0273	(AC) ₂₀ (AG) ₂₀	Kwon et al. 2012	ACAAAGCTCGTGGTACGT	AGGGAGTATTTACCCTTG
4	Bmag0211	(CT) ₁₆	Kwon et al. 2012	ATTCATCGATCTTGTATTAGTCC	ACATCATGTGATCAAAGC
5	Bmag0323	(CT) ₂₄	Kwon et al. 2012	TTTGTGACATCTCAAGAACAC	TGACAAACAAATAATCACAGG
6	Bmag0337	(AG) ₂₂	Kwon et al. 2012	ACAAAGAGGGAGTAGTACGC	GACCCATGATATATGAAGATCA
7	EBmac0711		Kwon et al. 2012	CAAAGCAAAAATCATGAGA	CTAGGTGTGATGAGGGTTTC
8	HVM40	(GA) ₆ (GT) ₄ (GA) ₇	Kwon et al. 2012	CGATTCCTTTTCCAC	ATTCTCCGCCGTCCACTC
9	HVM67	(GA) ₁₁	Kwon et al. 2012	GTCGGGCTCCATTGCTCT	CCGGTACCCAGTGACGAC
10	EBmac0764		Kwon et al. 2012	AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
11	Bmac0018	(AC) ₁₁	Kwon et al. 2012	GTCCTTTACGCATGAACCGT	ACATACGCCAGACTCGTGTG
12	Bmag0009	(AG) ₁₃	Kwon et al. 2012	AAGTGAAGCAAGCAAACAAACA	ATCCTTCATATTTTGATTAGGCA
13	Bmag0382	(AG) ₇ AA(AG) ₇	Kwon et al. 2012	TGAAACCCATAGAGAGTGAGAA	TCAAAAGTTTCGTTCCAAATA
14	EBmac0415		Kwon et al. 2012	GAAACCCATCATAGCAGC	AAACAGCAGCAAGAGGAG
15	EBmac0603		Kwon et al. 2012	ACCGAAACTAAATGAACTACTCG	TGCAAAGTGTGCTATTAAGGG
16	EBmac0871		Kwon et al. 2012	TGCCTCTGTTGTGTTATTGT	CCCCAAGTGAACATTGAC
17	HVM74	(GA) ₁₃	Kwon et al. 2012	AGGAAGTCATTGCGTGAG	TGATCAAGAATGATAACATGG

18	Bmag0223	(AG) ₁₆	Kwon et al. 2012	TTAGTCACCCTCAACGGT	CCCCTAACTGCTGTGATG
19	Bmag0378	(AG) ₁₄	Kwon et al. 2012	CTTTTGTTCCTAGCATCTA	ATCCAACCTATAGTAGCAAAGC C
20	Bmag0136	(AG) ₆ (AG) ₁₀ (AG) ₆	Kwon et al. 2012	GTACGCTTTCAAACCTGG	GTAGGAGGAAGAATAAGGAG G

Table 3. The 15 SSR markers used for selection of barley new SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	Bmac0134	(AC) ₂₈	CCAAGTCTGATCTCG	CTTCGTTGCTTCTACCTT
2	Bmac0209	(AC) ₁₃	CTAGCAACTTCCAACCGAC	ATGCCTGTGTGGACCAT
3	Bmac0273	(AC) ₂₀ (AG) ₂₀	ACAAAGCTCGTGGTACGT	AGGGAGTATTTACCCCTTG
4	Bmag0211	(CT) ₁₆	ATTCATCGATCTTGTATTAGTCC	ACATCATGTCGATCAAAGC
5	Bmag0323	(CT) ₂₄	TTTGTGACATCTCAAGAACAC	TGACAAACAAATAATCACAGG
6	Bmag0337	(AG) ₂₂	ACAAAGAGGGAGTAGTACGC	GACCCATGATATATGAAGATCA
7	EBmac0711		CAAAAGCAAAAATCATGAGA	CTAGGTGTGATGAGGGTTTC
8	HVM40	(GA) ₆ (GT) ₄ (GA) ₇	CGATTCCCTTTTCCCAC	ATTCCTCGCCGTCCACTC
9	HVM67	(GA) ₁₁	GTCGGGCTCCATTGCTCT	CCGGTACCCAGTGACGAC
10	EBmac0764		AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
11	Bmac0018	(AC) ₁₁	GTCCTTTACGCATGAACCGT	ACATACGCCAGACTCGTGTG
12	Bmag0009	(AG) ₁₃	AAGTGAAGCAAGCAAACAACA	ATCCTTCCATATTTGATTAGGCA
13	HVM74	(GA) ₁₃	AGGAAGTCATTGCGTGAG	TGATCAAGAATGATAACATGG
14	Bmag0378	(AG) ₁₄	CTTTTGTTCCTAGCATCTA	ATCCAACCTATAGTAGCAAAGCC
15	Bmag0136	(AG) ₆ (AG) ₁₀ (AG) ₆	GTACGCTTTCAAACCTGG	GTAGGAGGAAGAATAAGGAGG

PCR 반응은 보리 genomic DNA 40 ng, 1 μM의 형광 SSR primer, 2 μl dNTP mixture (2.5 mM), EX-Taq polymerase 1 units, 2.5 μl의 10× PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μl로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 5분간 수행하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 보리 82품종을 PCR 하였다. 4 μl의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μl에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μl씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μl는 Hi-Di formamide 9.2 μl와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μl를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3730xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7 프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 peak이 있으면 '1', 없으면 '0'으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij} 는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방

법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

본 연구에서는 15개의 SSR 마커를 이용하여 82 유통보리 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석하였다. 총 128개의 대립유전자(allele)가 관찰되었으며, allele 수는 2개 (Bmag0136)에서 13개 (Bmac0134)로 나타났고, 평균 allele 수는 8.5개였다. 10개 이상의 allele를 가진 마커는 HVM40, HVM67, EBmac0764, HVM74, Bmac0273, Bmac0134이었다. 분석에 사용한 마커에 대한 유전적 다양성을 나타내는 PIC는 Bmag0136 마커에서 0.37로 가장 낮았으며, HVM74에서 0.82로 가장 높게 나타났고, 평균은 0.68이었다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 15 SSR markers selected for database construction of barley cultivars.

Marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
Bmac0134	(AC) ₂₈	55	129-159	13	0.7740	VIC
Bmac0209	(AC) ₁₃	55	173-195	7	0.6222	NED
Bmac0273	(AC) ₂₀ (AG) ₂₀	55	107-220	12	0.6939	FAM
Bmag0211	(CT) ₁₆	55	181-197	9	0.6931	PET
Bmag0323	(CT) ₂₄	55	148-164	9	0.7401	VIC
Bmag0337	(AG) ₂₂	55	125-145	9	0.7106	NED
EBmac0711		55	196-206	6	0.6927	FAM
HVM40	(GA) ₆ (GT) ₄ (GA) ₇	55	145-163	10	0.7345	PET
HVM67	(GA) ₁₁	55	105-117	10	0.7237	VIC
EBmac0764		55	125-149	10	0.6676	NED
Bmac0018	(AC) ₁₁	55	130-138	8	0.7469	FAM
Bmag0009	(AG) ₁₃	55	168-180	7	0.7961	PET
HVM74	(GA) ₁₃	55	184-234	10	0.8227	VIC
Bmag0378	(AG) ₁₄	55	133-149	6	0.4537	FAM
Bmag0136	(AG) ₆ (AG) ₁₀ (AG) ₆	55	201-203	2	0.3749	PET
Total				128		
Mean				8.5333	0.6831	

최종 선발된 15개 SSR 마커를 이용하여 보리 82품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 덴드로그램은 그림과 같다(Fig. 1). 11품종을 제외한 71품종이 본 연구에서 적용한 15개 SSR 마커의 유전자형에 따라 식별이 됨을 확인하였다. DICE 상관계수를 사용하여 분석하였을 때 유사도 지수 0.25를 기준으로 크게 2개의 그룹으로 나뉘었다. 그룹 I에는 ‘강호’ 등 72품종이 속하였고, 그룹 II에는 ‘긴’, ‘남호’, ‘새쌀보리’, ‘송학’, ‘흰찰쌀보리’, ‘광활’, ‘백동’, ‘자수정찰쌀보리’, ‘늘’, ‘새찰쌀보리’ 품종이 포함되었다. 그룹 II에 속한 품종들은 모두 쌀보리이며, 6줄 보리였다. 그룹 I은 유사도 지수 0.38을 기준으로 다시 3개의 subgroup으로 분리되는데, 그룹A에는 총 17개 품종이 포함되었으며 쌀보리 11품종, 걸보리 5품종, 맥주보리 1품종이 속하여 종류별로 혼재되어 있었다. 그룹B에는 총 34개 품종이 포함되었으며 쌀보리 8품종과 걸보리 26품종이 속하였다. 그룹C에는 쌀보리인 ‘두원찰쌀’과 ‘풍산찰쌀보리’ 품종이 속하였으며 맥주보리 19품종이 포함되었다.

현재 한국에서 재배되는 보리는 자란 뒤에 씨에서 껍질이 잘 떨어지지 않는 걸보리[皮麥], 잘 떨어지는 ‘쌀보리’ [裸麥], 맥주의 원료로 쓰이는 ‘맥주보리’로 나뉜다. ‘진광보리’와 ‘제주보리’는 본 연구에서 사용한 분자표지로 식별되지 않았다. ‘알보리’, ‘밀양걸보리’, ‘새알보리’ 간 식별되지 않았으며, ‘춘추쌀보리’, ‘강호쌀보리’, ‘울쌀보

리' 품종간은 본 실험에 사용하였던 15개의 SSR 마커만으로는 판별이 가능하지 않았다.

본 연구결과에서는 국내 유통되는 보리품종간 유전적 유사도가 매우 높게 나타났는데, 이는 보리 품종의 육성 내역을 살펴볼 때 품종육성에 제한된 유전자원을 활용하였기 때문에 나타난 결과라고 판단된다. 이들 품종의 육성내역을 살펴보면 '새알보리'는 '알보리'가 교배모본이며 '춘추쌀보리'와 '울쌀보리'의 경우 교배모본이 '오월보리'로 같으므로 유전적으로 매우 유사한 것으로 사료된다. 또한 '대호'와 '재강쌀보리'의 경우 교배모본이 '나가데하다까'로 같다. 따라서 이들 품종간을 구분할 수 있는 분자표지의 개발이 필요할 것으로 생각된다. 기존의 많은 연구들에서 알 수 있듯이 분자 지문 분석법(Molecular fingerprinting)은 작물 다양성을 확인하는데 효율적인 방법이다(Nandakumar et al., 2004). 하지만 유사도가 높은 품종간에는 다형성 검출 빈도가 낮아 식별에 어려움이 있다(Baneh et al. 2009).

앞으로 제3협동과제에서 수행한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 표현형과 유전자형의 상관관계를 분석해야 할 것으로 생각되며, 유통되는 보리 품종수 추가 및 신규 마커 개발 등을 통해 보리 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.

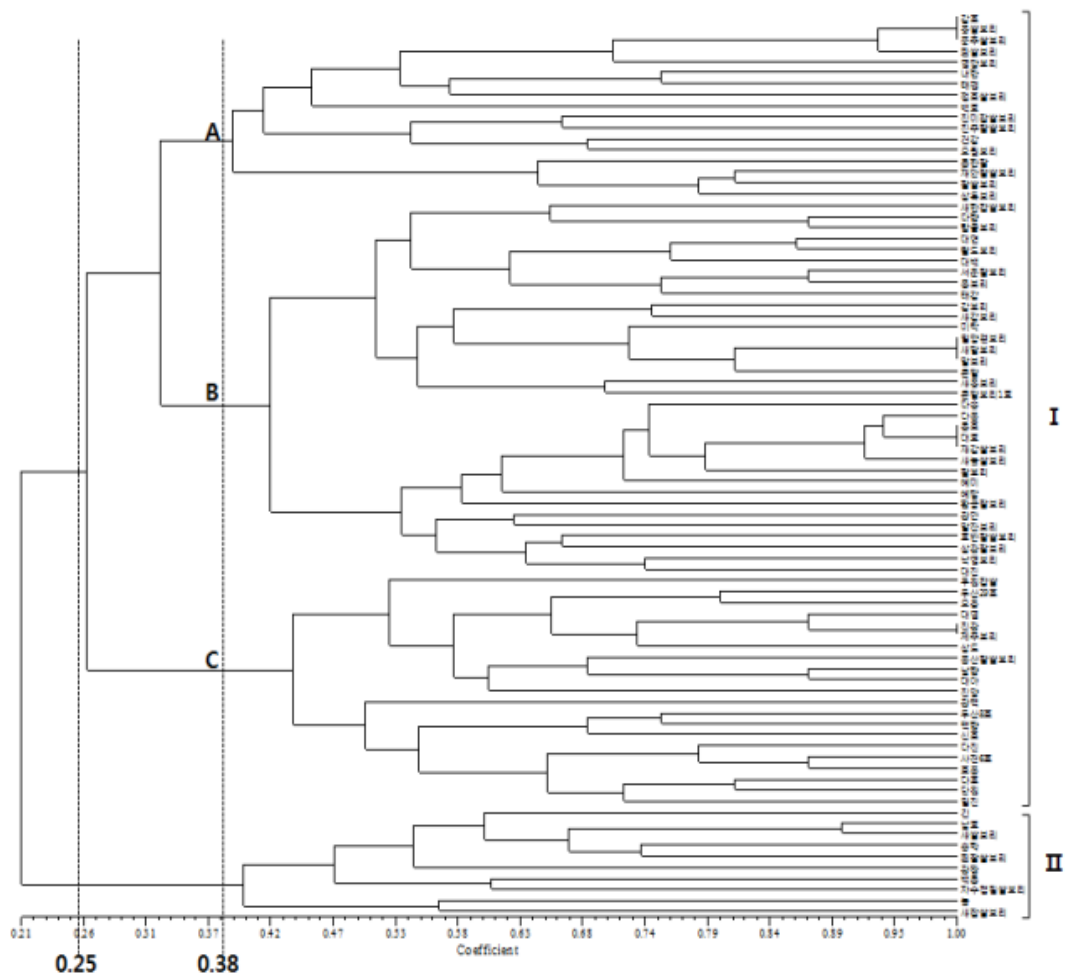


Fig. 1. Dendrogram of 82 barley cultivars using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

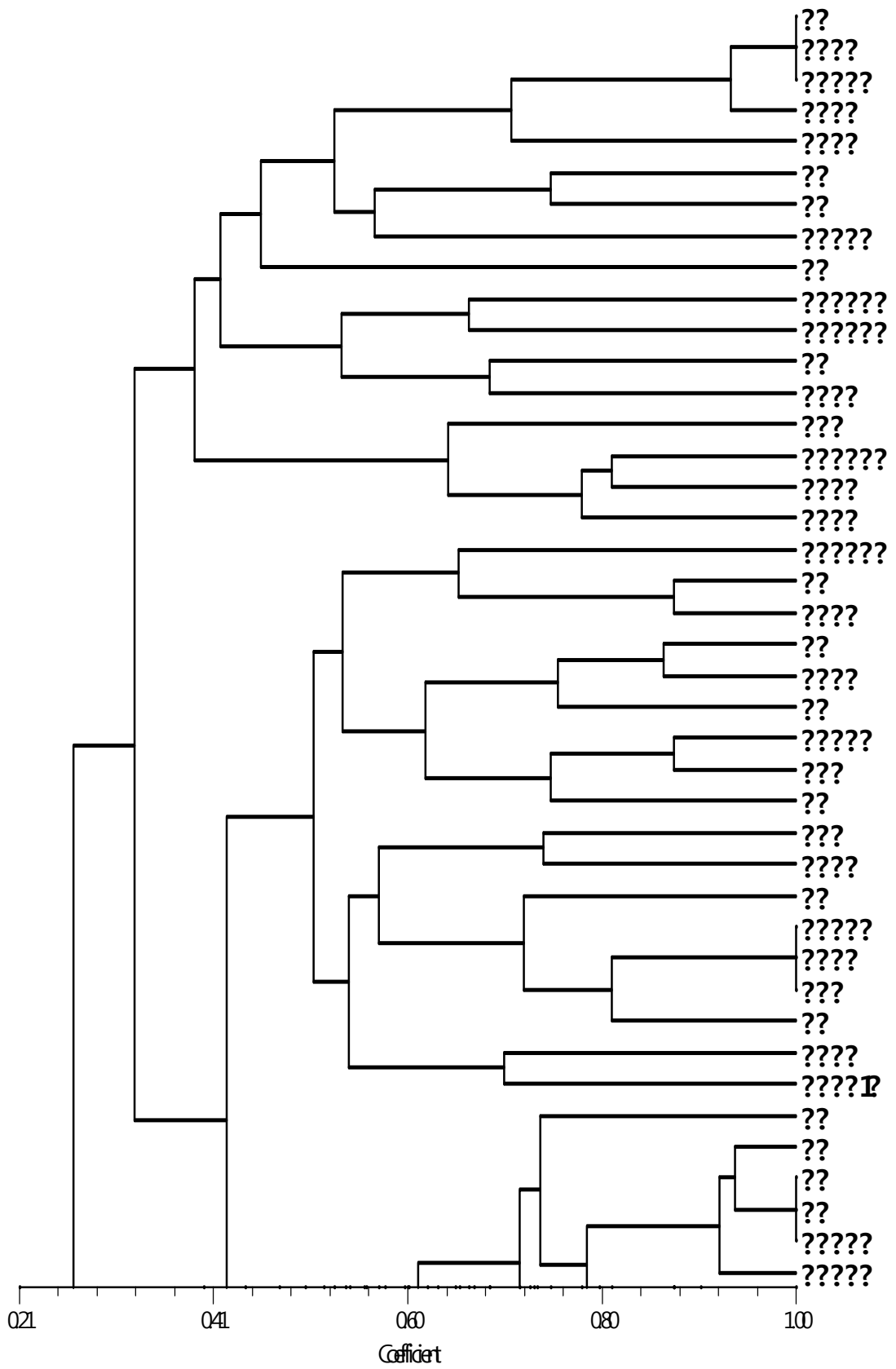


Fig. 1. Continued to expand (Fig.1)

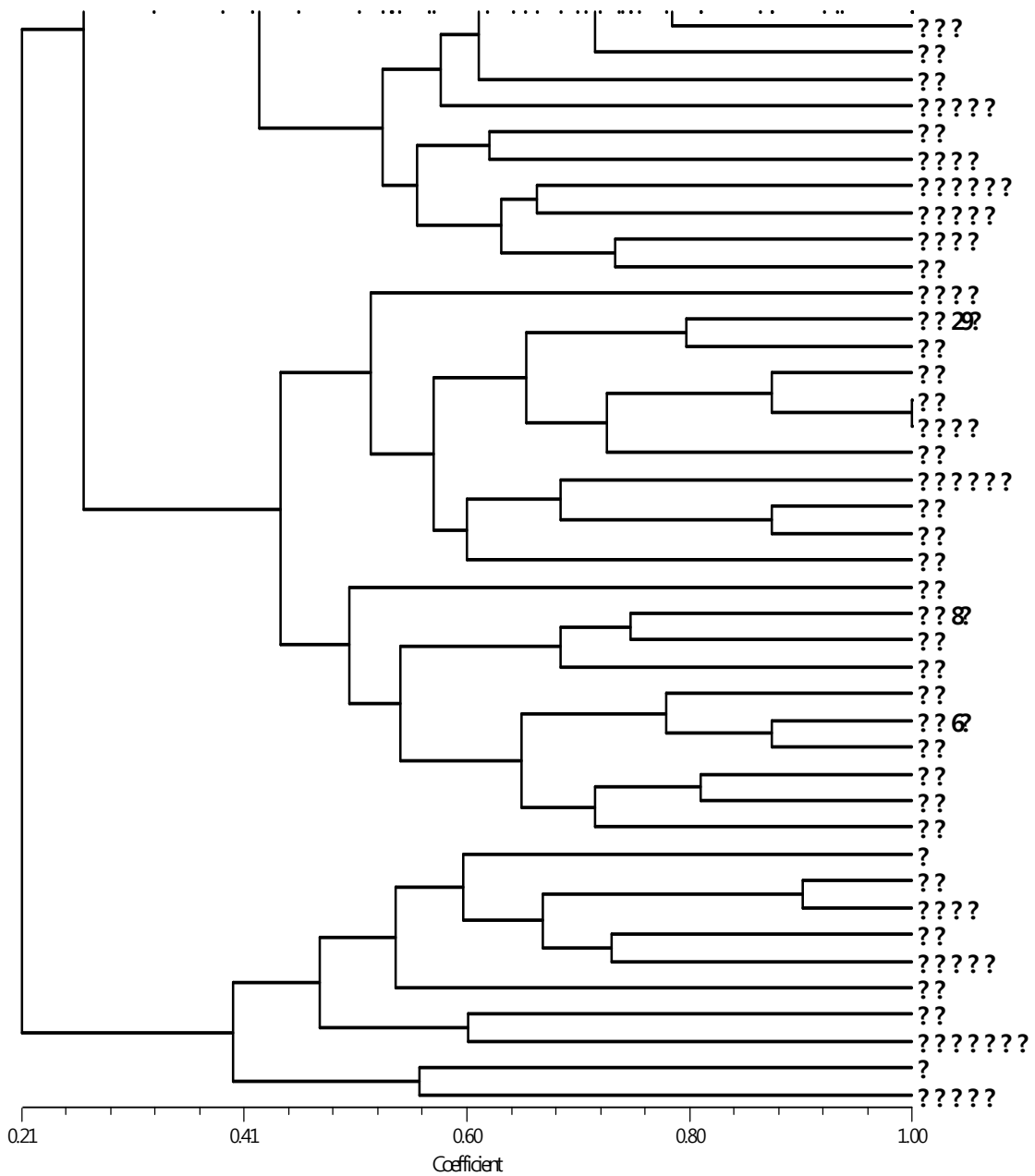


Fig. 1. Continued.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

보리(*Hordeum vulgare* L.)는 $2n=2x=14$ 이며, 세계 많은 지역 다양한 환경에서 적응성이 좋은 작물이다. 우리나라의 경우 2015년 8월 통계에 의하면 국내 보리 재배면적은 34,216 ha이며 (<http://kostat.go.kr>, 통계청), 보리 누적 품종보호출원 및 등록현황을 보면 2015년 8. 31일 기준 출원 실적은 129품종이고 등록 실적은 109품종이다(<http://www.seed.go.kr>).

보리는 세계에서 밀, 벼, 옥수수 다음으로 4번째로 중요한 작물인데(Hubner et al. 2009),

맥주와 사료산업의 신속한 발달로 인해 보리에 대한 수요는 꾸준히 증가하고 있으나 장기적으로 재배되면서 몇몇 드문 유전자좌(loci)를 포함한 많은 유전자의 결손과 유전적 다양성의 붕괴를 가져왔다(Russell et al. 2004). 실제로 몇몇 형질이 좋은 유전자원들이 육종의 다음 세대를 위한 교배친으로 자주 이용되기 때문에(Graner et al. 1994) 유전적인 균일성을 가져왔으며 유전자원이 점차 사라지게 되었다. 효율적인 분자마커의 개발은 다양성 분석, 보리에 대한 유익한 alleles에 대한 정보를 알 수 있다는 점에서 중요하다. 재배자들은 특유의 색, 이삭밀도의 다양성에 따라 구분하여 재배하기도 하고 이러한 형태적인 다양성 외에 연구자들은 생화학적인 구조 (Demissie and Bjornstad, 1996)와 병 저항성(Negassa 1985)에서 다양성의 높은 수준을 확인하기도 한다. 높은 자식율에도 불구하고 재래종 보리를 유지한 재배자들은 재배포장과 집단내에서 발견한 유전적, 형태적, 표현형의 다양성으로 보리가 높은 다양성을 가지고 있다는 것을 발견하였다(Backes et al. 2009; Hadado et al. 2010). 보리에 대한 분자유전학적 연구가 그동안 많이 이루어 졌으며(Graner et al. 1994; Feng et al. 2006; Mikel and Kolb 2008), 최근에는 분자표지 정보 등을 데이터베이스화하여 이를 공개하고 있다 (<http://www.shigen.nig.ac.jp/barley/>) (http://germinate.scri.ac.uk/ssr/barley_s.html).

국내의 경우 국내 육성된 보리 품종군 분류에서 기존에 보고된 microsatellite marker를 이용하여 유연관계 분석을 수행한 바 있다(Kwon et al. 2011). 하지만 재래종 보리에 대한 유전적 다양성 연구는 거의 알려져 있지 않으며 특히 한국에서 육성되어 국내 유통되고 있는 보리 품종의 다양성 분석에 대한 연구는 많이 이루어지지 않았다. 본 연구에서는 보리의 국가표준 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 구축된 보리 DNA 데이터베이스에 국립종자원에서 재배심사 중인 품종을 추가적으로 수집하였고, 제3협동과제로부터 제공받은 분자표지와 1차 년도에 선발된 분자표지 중 DB 구축에 적합한 분자표지를 재선정하여 보리의 품종별 DNA Profile 데이터베이스 구축 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

보리 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도 공시품종 82품종과 국립종자원 보관 중인 19품종의 종자를 수집하여 총 101품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial barley cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	종류	특성	출원 및 등록 구분	비고
1	강호	Ganghossalbori	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도 공시품종
2	긴	Kinssalbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도 공시품종
3	광활	Kwanghwalssalbori	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도 공시품종
4	늘	Neulssalbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도 공시품종
5	내한	Naehanssalbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도 공시품종
6	남호	Namho	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도 공시품종

7	다송	Dasong	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
8	다풍		쌀보리	-		1차년도	공시품종
9	동호	Donghossal	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
10	동한찰	Donghanchal	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
11	두원찰쌀	Duwonchapssalbori	쌀보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
12	대호	Daehossalbori	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
13	백동		쌀보리	-		1차년도	공시품종
14	송학	Songhagbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
15	새쌀보리	Saessalbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
16	새한찰쌀보리	Saehanchal	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
17	새찰쌀보리	Saechalssalbori	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
18	새늘쌀보리	Saenulssalbori	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
19	올쌀보리	Olssalbori	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
20	자수정찰쌀보리	Jasoojeongchal	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
21	진미찰쌀보리	Jinmichapssalbori	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
22	진주찰쌀보리	Jinjuchal	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
23	재강쌀보리	Jaegangssal	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
24	재안찰쌀보리	Jaechanchal	쌀보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
25	찰쌀보리	Chalssalbori	쌀보리	-	소멸	1차년도	공시품종
26	청호쌀보리	Cheonghossal	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
27	춘추쌀보리	Chunchussalbori	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
28	풍산찰쌀보리	Puangsanchal	쌀보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
29	흰쌀보리	Hinssalbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
30	흰찰쌀보리	Hinchalssalbori	쌀보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
31	호반찰쌀보리	Hobanchal	쌀보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
32	건강	Geungang	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
33	강보리		겉보리	-		1차년도	공시품종
34	광안	Namho	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
35	낙영보리	Nagyeongbori	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
36	다향	Dahyang	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
37	대연	Daeyeon	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
38	대진	Daejinbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
39	대백	Daebegbori	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
40	미락	Miragbori	겉보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
41	밀양겉보리	Milyangketbori	겉보리	-	소멸	1차년도	공시품종
42	팔도보리	Paldobori	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
43	상록보리	Sanglogbori	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
44	삼광찰보리	Samkwangchal	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
45	서둔찰보리	Seodunchalbori	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
46	새울보리	Saeolbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
47	새강보리	Saekangbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
48	새알보리	Saealbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
49	알보리	Albori	겉보리	-		1차년도	공시품종
50	알찬보리	Alchanbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
51	오월보리	Owalbori	겉보리	-		1차년도	공시품종
52	울보리	Olbori	겉보리	-	품종보호등록	1차년도	공시품종
53	영양보리	youngyang	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
54	찰보리	Chalbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
55	큰알보리1호	Keunalborilho	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
56	큰알	Keunalbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
57	태평	Taepyeong	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
58	태강	Taegang	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
59	탑골보리	Tapgolbori	겉보리	여섯줄보리	소멸	1차년도	공시품종
60	황금찰보리	Hwanggeumchal	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
61	혜미	Hyemi	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
62	혜당	Hyedang	겉보리	여섯줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
63	광맥	Kwangmaeg	맥주보리	2줄보리	재배심사	1차년도	공시품종

64	남향	Namhyangbori	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
65	두산8호	Doosan#8	맥주보리	2줄보리	소멸	1차년도	공시품종
66	두산29호	Doosan#29	맥주보리	2줄보리	소멸	1차년도	공시품종
67	다진	Dajin	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
68	다호	Daho	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
69	단원	Danwonbori	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
70	대아	Daea	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
71	대영	Daeyeong	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
72	맥향		맥주보리	-		1차년도	공시품종
73	사천6호	Sachon6ho	맥주보리	-		1차년도	공시품종
74	상도		맥주보리	-		1차년도	공시품종
75	신호	Sinhobori	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
76	백호	Baegho	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
77	오름	Oreum	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
78	일진	Iljin	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
79	진양	Jinyangbori	맥주보리	2줄보리	소멸	1차년도	공시품종
80	진광	Jinkwangbori	맥주보리	2줄보리	소멸	1차년도	공시품종
81	제주보리	Jejubori	맥주보리	2줄보리	소멸	1차년도	공시품종
82	호품	Hopum	맥주보리	2줄보리	품종보호등록	1차년도	공시품종
83	건천흑	Geoncheonheuk	-	6줄보리	품종보호등록	2차년도	공시품종
84	대백	Daebegbori	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
85	팔도	Paldokong	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
86	선우	Sunwoo	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
87	호진	Hojin	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
88	상원	Sang-Won	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
89	유연	Yuyeon	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
90	오름	Oreum	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
91	다혜	Dahye	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
92	다미	Dami	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
93	보안찰	Boanchal	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
94	조아찰	Joachal	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
95	조미	Jomi	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
96	혜양	Hyeyang	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
97	대안찰	Daeanchal	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
98	보석찰	Boseokchal	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
99	중모2001	Jungmo2001	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
100	너른들	Neoreundeul	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종
101	동아흑쌀	Donga heukssal	-	-	품종보호등록	2차년도	공시품종

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

보리 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 1차 년도에 기존에 국립종자원에서 사용 중인 마커 20개(Kwon et al. 2012) 중 다형성을 보이고 재현성이 있는 15개 마커를 선발하여 본 연구에 이용하였다. 2차 년도에는 1차 년도에 선발된 마커의 재검증을 위하여 종자원 보유 20개 마커 및 3협동과제로부터 제공받은 SSR 마커 46개 등 총 66개 마커를 선발에 이용하였다(Table 2).

Table 2. The 66 SSR markers used for selection of barley SSR markers.

No.	Marker name	Reference	No.	Marker name	Reference
1	Bmac0134	Kwon et al. 2012	34	P45	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
2	Bmac0209	Kwon et al. 2012	35	HVBKASI	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
3	Bmac0273	Kwon et al. 2012	36	HVDHN7	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)

4	Bmag0211	Kwon et al. 2012	37	P32	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
5	Bmag0323	Kwon et al. 2012	38	S29	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
6	Bmag0337	Kwon et al. 2012	39	GMS006	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
7	EBmac0711	Kwon et al. 2012	40	GMS027	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
8	HVM40	Kwon et al. 2012	41	P152	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
9	HVM67	Kwon et al. 2012	42	P121	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
10	EBmac0764	Kwon et al. 2012	43	P106	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
11	Bmac0018	Kwon et al. 2012	44	S19	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
12	Bmag0009	Kwon et al. 2012	45	P61	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
13	Bmag0382	Kwon et al. 2012	46	GMS021	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
14	EBmac0415	Kwon et al. 2012	47	GMS046	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
15	EBmac0603	Kwon et al. 2012	48	P53	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
16	EBmac0871	Kwon et al. 2012	49	P150	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
17	HVM74	Kwon et al. 2012	50	GMS032	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
18	Bmag0223	Kwon et al. 2012	51	HVCMA	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
19	Bmag0378	Kwon et al. 2012	52	HvES1A	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
20	Bmag0136	Kwon et al. 2012	53	GK240	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
21	Bmag0353	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	54	GK276	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
22	HVM49	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	55	GK337	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
23	HVMLOE	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	56	GK385	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
24	HVM09	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	57	GK451	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
25	Bmag0217	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	58	GK487	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
26	P181	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	59	GK489-1	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
27	P34	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	60	GK489-2	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
28	P184	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	61	GK517	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
29	P101	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	62	GK560	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
30	P30	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	63	GK621	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
31	P83	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	64	GK630	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
32	P90	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	65	GK727	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)
33	P9	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)	66	GK735	Gyeongbuk Univ.(제3협동과제)

PCR 반응은 보리 genomic DNA 40 ng, 1 μ M의 형광 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), EX-Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 \times PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 5분, denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 30초, annealing은 55 $^{\circ}$ C에서 30초, extension은 72 $^{\circ}$ C에서 45초, final-extension은 72 $^{\circ}$ C에서 5분간 수행하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 1년 차에 선발한 15개 마커와 함께 교차분석을 위해 제3협동과제로부터 제공된 5개의 마커를 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커로 선정한 후(Table 3.) 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 보리 101품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1-3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l는 Hi-Di formamide 9.2 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3730xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 4.1 프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 20 SSR markers used for selection of barley new SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	Bmac0134	(AC) ₂₈	CCAAGTCTGATCTCG	CTTCGTTGCTTCTCTACCTT
2	Bmac0209	(AC) ₁₃	CTAGCAACTTCCCAACCGAC	ATGCCTGTGTGTGGACCAT
3	Bmac0273	(AC) ₂₀ (AG) ₂₀	ACAAAGCTCGTGGTACGT	AGGGAGTATTTACCCCTTG
4	Bmag0211	(CT) ₁₆	ATTCATCGATCTTGTATTAGTCC	ACATCATGTTCGATCAAAGC
5	Bmag0323	(CT) ₂₄	TTTGTGACATCTCAAGAACAC	TGACAAAACAAATAATCACAGG
6	Bmag0337	(AG) ₂₂	ACAAAGAGGGAGTAGTACGC	GACCCATGATATATGAAGATCA
7	EBmac0711		CAAAAGCAAAAATCATGAGA	CTAGGTGTGATGAGGGTTTC
8	HVM40	(GA) ₆ (GT) ₄ (GA) ₇	CGATTCCCTTTTCCAC	ATTCTCCGCCGTCCACTC
9	HVM67	(GA) ₁₁	GTCGGGCTCCATTGCTCT	CCGGTACCCAGTGACGAC
10	EBmac0764		AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
11	Bmac0018	(AC) ₁₁	GTCCTTTACGCATGAACCGT	ACATACGCCAGACTCGTGTG
12	Bmag0009	(AG) ₁₃	AAGTGAAGCAAGCAAACAAACA	ATCCTTCCATATTTTGTATTAGGCA
13	HVM74	(GA) ₁₃	AGGAAGTCATTGCGTGAG	TGATCAAGAATGATAACATGG
14	Bmag0378	(AG) ₁₄	CTTTTGTTCGGTAGCATCTA	ATCCAATATAGTAGCAAAGCC
15	Bmag0136	(AG) ₈ (AG) ₁₀ (AG) ₆	GTACGCTTTCAAACCTGG	GTAGGAGGAAGAATAAGGAGG
16	Bmar0353		GTCGGGCTCCATTGCTCT	CCGGTACCCAGTGACGAC
17	P181		AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
18	GMS006		GTCCTTTACGCATGAACCGT	ACATACGCCAGACTCGTGTG
19	P121		AAGTGAAGCAAGCAAACAAACA	ATCCTTCCATATTTTGTATTAGGCA
20	P106		AGGAAGTCATTGCGTGAG	TGATCAAGAATGATAACATGG

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 peak이 있으면 '1', 없으면 '0' 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터 베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij} 는 마커 i 의 밴드들 중에서 j 번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

본 연구에서는 20개의 SSR 마커를 이용하여 101 유통보리 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석하였다. 총 116개의 대립유전자(allele)가 관찰되었으며, allele 수는 2개 (P106)에서 10개 (Bmac0134)로 나타났고, 평균 allele 수는 5.8개였다. 분석에 사용한 마커에 대한 유전적 다양성을 나타내는 PIC는 P106 마커에서 0.3623로 가장 낮았으며, HVM74에서 0.8072로 가장 높게 나타났고, 평균은 0.6534이었다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 20 SSR markers selected for database construction of barley cultivars.

Marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
Bmac0134	(AC) ₂₈	55	111-161	10	0.7097	VIC
Bmac0209	(AC) ₁₃	55	173-195	8	0.6780	NED
Bmac0273	(AC) ₂₀ (AG) ₂₀	55	118-220	5	0.6535	FAM
Bmag0211	(CT) ₁₆	55	181-197	9	0.7495	PET
Bmag0323	(CT) ₂₄	55	148-165	9	0.7461	VIC
Bmag0337	(AG) ₂₂	55	125-145	7	0.7037	NED
EBmac0711	-	55	196-206	6	0.7107	FAM
HVM40	(GA) ₆ (GT) ₄ (GA) ₇	55	145-161	5	0.7353	PET
HVM67	(GA) ₁₁	55	105-117	5	0.7354	VIC
EBmac0764	-	55	125-149	8	0.6589	NED
Bmac0018	(AC) ₁₁	55	130-138	5	0.7601	FAM
Bmag0009	(AG) ₁₃	55	168-180	6	0.8051	PET
HVM74	(GA) ₁₃	55	186-234	6	0.8072	VIC
Bmag0378	(AG) ₁₄	55	133-149	4	0.4828	FAM
Bmag0136	(AG) ₆ (AG) ₁₀ (AG) ₆	55	199-203	3	0.5566	PET
Bmar0353 ^z	-	55	91-128	9	0.6804	VIC
P181 ^z	-	55	217-227	2	0.4800	NED
GMS006 ^z	-	55	128-154	5	0.6235	FAM
P121 ^z	-	55	281-286	2	0.4283	PET
P106 ^z	-	55	200-206	2	0.3623	VIC
Total				116		
Mean				5.8	0.6534	

^z: 3협동과제 선발 마커

최종 선발된 20개 SSR 마커를 이용하여 보리 101품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 덴드로그램은 그림과 같다(Fig. 1). 12품종을 제외한 89품종이 본 연구에서 적용한 20개 SSR 마커의 유전자형에 따라 식별이 됨을 확인하였다. (‘강호쌀보리’, ‘울쌀보리’, ‘춘추쌀보리’), (‘동호’, ‘대호’, ‘재강쌀보리’), (‘새알보리’, ‘알보리’), (‘두산8호’, ‘오름’), (‘진광보리’, ‘제주보리’)는 본 연구에서 사용한 분자표지로 식별되지 않았다.

본 연구결과에서는 국내 유통되는 보리 품종간 유전적 유사도가 매우 높게 나타났는데, 이는 보리 품종의 육성 내역을 살펴볼 때 품종육성에 제한된 유전자원을 활용하였기 때문에 나타난 결과라고 판단된다. 이들 품종의 육성내역을 살펴보면 ‘새알보리’는 ‘알보리’가 교배모본이며 ‘춘추쌀보리’와 ‘울쌀보리’의 경우 교배모본이 ‘오월보리’로 같으므로 유전적으로 매우 유사한 것으로 사료된다. 또한 ‘대호’와 ‘재강쌀보리’의 경우 교배모본이 ‘나가데하다까’로 동일한 것으로 나타났다.

앞으로 제3협동과제에서 수행한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 표현형과 유전자형의 상관관계를 분석해야 할 것으로 생각되며, 신규 마커 개발 등을 검토하여 보리 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.

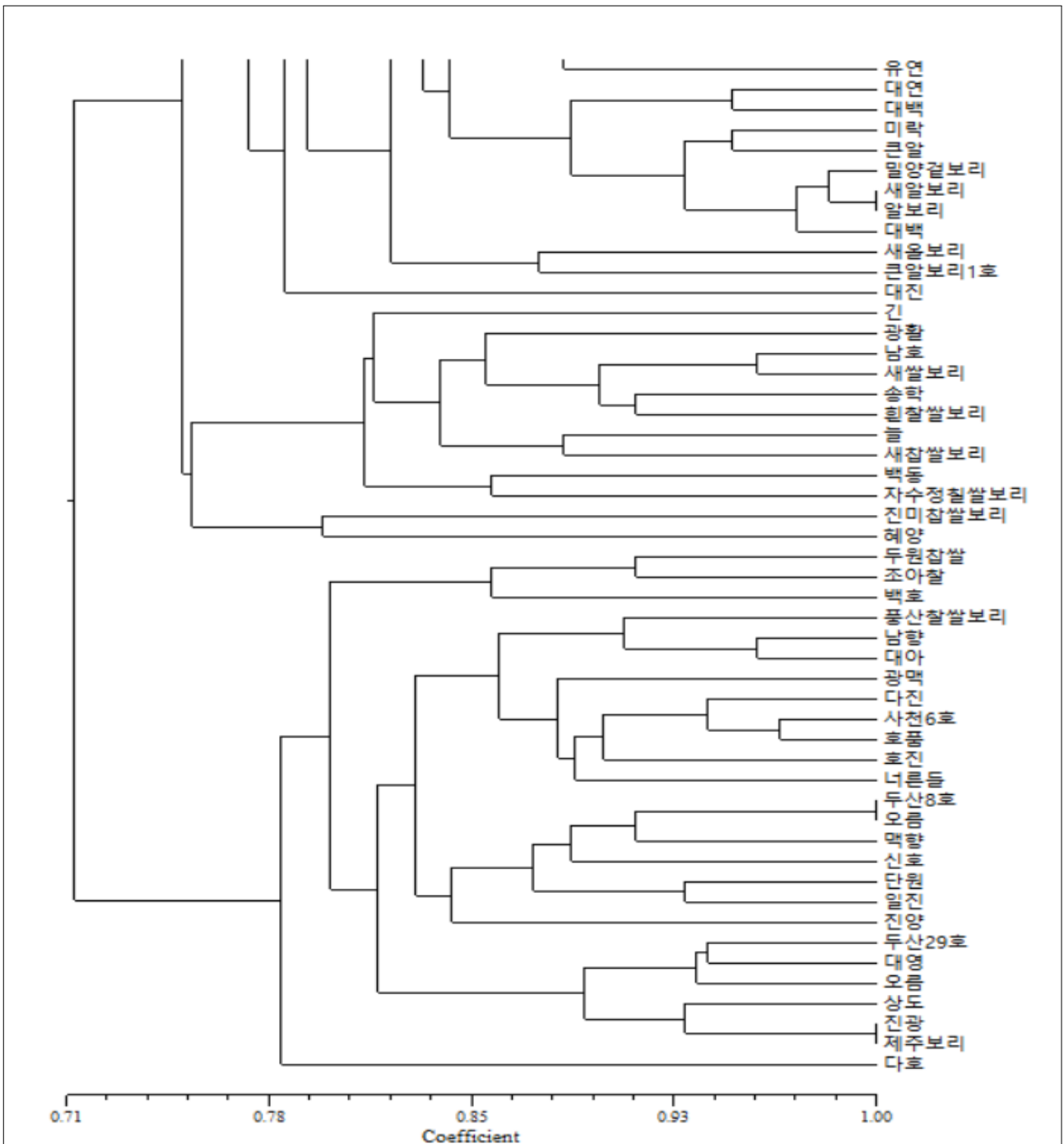


Fig. 1. Continued.

4. SSR 마커를 이용한 고추 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

고추(*Capsicum annuum*)는 2012년 재배면적이 50,454ha이고 생산량이 302,015톤에 달하며 (농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 163품종, 재배 심사중인 품종이 68품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 2,597품종으로 채소작물 중 가장

많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(http://seed.go.kr). 국내 고추 품종식별 연구는 Moon 등(2003), Kwon 등(2005), AFLP, SSR 마커를 이용하여 유통품종 66품종을 식별할 수 있는 방법을 개발한 이후, SNP 마커를 이용하여 고추 98품종에 대한 식별 연구를 수행한 바 있다 (Jung et al., 2010). Kwon 등(2005)에 의해 개발된 품종식별 체계는 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 데이터베이스 구축이 곤란하므로 이에 대한 개선이 필요한 것으로 사료되었고, SNP 마커를 이용한 품종식별 방법은 밴드의 유무에 따라 품종을 식별하기에 F1 품종을 정밀도 있게 구분하거나, 향후 순도검정에 활용하는데 어려움이 있을 것으로 판단되었다. 최근 Kwon 등(2013)은 24개의 SSR 마커를 이용하여 170개의 유통품종을 식별할 수 있는 DNA profile 데이터베이스를 구축한 바 있다. 본 연구에서는 국내에서 주로 유통되는 고추품종에 대한 표준화된 DB 구축을 위하여 기존에 사용된 종자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 게놈데이터베이스로부터 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선별하여 고추 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 고추 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 향후 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 경북농업기술원 영양고추시험장으로부터 100품종을 분양받았고, 이중 80품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 80품종 중 보호 등록된 품종 12개, 출원되어 재배심사중인 품종은 7개, 생산수입 판매 신고된 품종은 61개이다. 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial pepper varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	회사명	품종보호 출원, 등록 및 생산수입판매신고 구분
1	강한건	Ganghangeon	이서종묘	품종보호등록
2	강한대군	Kanghandaegun	케이원종묘	생산수입판매신고
3	건초조은	Geonchojoeun	케이원종묘	생산수입판매신고
4	국풍조생	Gukpoongjosaeng	피피에스	생산수입판매신고
5	나잘난	Najalnan	농우바이오	생산수입판매신고
6	남자의자격	Namjauijagyeok	신젠타종묘	품종보호출원
7	대권선언	Daekwonseoneon	동부팜한농	품종보호출원
8	독주역강	Dokjuyeokgang	아시아종묘	생산수입판매신고
9	맘모스	Mammoth	아시아종묘	생산수입판매신고
10	멋진사나이	Meotjinsanai	신젠타종묘	생산수입판매신고
11	무한질주	Muhanjilju	신젠타종묘	품종보호등록
12	백승	Baekseung	피피에스	생산수입판매신고
13	불탑	Bultap	동부팜한농	생산수입판매신고
14	세계일	Segyeil	사카타코리아	품종보호등록

15	슈퍼바이킹	Superviking	동부팜한농	생산수입판매신고
16	신마구따	Shinmagutta	아시아종묘	생산수입판매신고
17	신역강홍장군	Sinyeokganghongjanggun	코레곤종묘	생산수입판매신고
18	신초롱	Shinchorong	사카타코리아	품종보호등록
19	역강수문장	Yeokgangsumunjang	아시아종묘	생산수입판매신고
20	일당백골드	Ildangbaekgold	신젠타종묘	품종보호등록
21	점핑	Jumping	아시아종묘	생산수입판매신고
22	진짜사나이	Jinjjasanai	신젠타종묘	품종보호출원
23	쭉쭉빵빵	Jjukjukppangppang	동방종묘	생산수입판매신고
24	챔프왕	Champwang	아시아종묘	생산수입판매신고
25	천군만마	Cheongunmanma	삼성종묘	품종보호등록
26	천리안	Cheollian	사카타코리아	생산수입판매신고
27	천재일우	Cheonjaeilwoo	씨드랜드	생산수입판매신고
28	타네강	Tanekang	아시아종묘	품종보호출원
29	폭탄선언	Poktanseoneon	동부팜한농	생산수입판매신고
30	해비치	Haebichi	누넴종묘	생산수입판매신고
31	PR기가찬	PR Gigachan	코레곤종묘	생산수입판매신고
32	PR내고향	PR Naegohyang	씨드랜드	생산수입판매신고
33	PR다조은	PR Dajoeun	선진종묘	생산수입판매신고
34	PR동네잔치	PR Dongnejanchi	삼성종묘	생산수입판매신고
35	PR백년해로	PR Baengnyeonhaero	씨드랜드	생산수입판매신고
36	PR삼고초려	PR Samgochoryeo	삼성종묘	품종보호출원
37	PR새바람	PR Saebaram	씨드랜드	생산수입판매신고
38	PR선비촌	PR Seonbichon	선진종묘	생산수입판매신고
39	PR소득왕	PR Sodeukwang	씨드랜드	생산수입판매신고
40	PR스마트	PR Smart	농우바이오	품종보호등록
41	PR신명난	PR Sinmyeongnan	선진종묘	생산수입판매신고
42	PR씩슬이	PR Ssaksli	농우바이오	품종보호출원
43	PR열	PR Yeol	삼성종묘	품종보호출원
44	PR완결자	PR Wangyeolja	우정종묘	생산수입판매신고
45	PR우람찬	PR Woramchan	선진종묘	생산수입판매신고
46	PR장마당	PR Jangmadang	케이원종묘	생산수입판매신고
47	PR전설	PR Jeonseol	코레곤종묘	생산수입판매신고
48	PR진검승부	PR Jingeomseungbu	삼성종묘	생산수입판매신고
49	PR천기	PR Cheongi	세계종묘	생산수입판매신고
50	PR천년미소	PR Cheonnyeonmiso	선진종묘	생산수입판매신고
51	PR화권	PR Hwagwon	세계종묘	생산수입판매신고
52	본가네	Bongane	농우바이오	생산수입판매신고
53	서방님	Seobangnim	농원	생산수입판매신고
54	훈민정음	Hunminjeongeum	우정종묘	생산수입판매신고
55	적벽대전	Jeokbyeokdaejeon	누넴종묘	생산수입판매신고
56	파워스피드	Powerspeed	동부팜한농	품종보호등록
57	킹콩PR	Kingkong PR	동부팜한농	생산수입판매신고
58	PR선샤인	PR Sunshine	명산종묘	생산수입판매신고
59	PR신태풍	PR Sintaepung	명산종묘	생산수입판매신고
60	PR농가왕	PR Nonggawang	삼성종묘	생산수입판매신고
61	PR돈방석	PR Donbangseok	삼성종묘	품종보호등록
62	건초왕	Geonchowang	삼성종묘	품종보호등록
63	글래머	Glamor	삼성종묘	품종보호등록
64	PR건초왕	PR Geonchowang	삼성종묘	품종보호등록
65	PR두배로	PR Doobaero	선진종묘	생산수입판매신고
66	광택나	Gwangtaekna	아시아종묘	생산수입판매신고
67	팔광	Palkwang	이서종묘	생산수입판매신고

68	파죽지세	Pajukjise	이서종묘	생산수입판매신고
69	일월산천	Irwolsancheon	이서종묘	생산수입판매신고
70	PR한가득	PR Hangadeuk	제농씨앗	생산수입판매신고
71	PR누네풀네	PR Nunettine	제농씨앗	생산수입판매신고
72	PR홍타령	PR Hungtaryoeng	코레곤종묘	생산수입판매신고
73	PR열광	PR Yeolgwang	코레곤종묘	생산수입판매신고
74	불티나플러스	Bultinaplus	코레곤종묘	생산수입판매신고
75	PR수퍼홍장군	PR Superhongjanggun	코레곤종묘	생산수입판매신고
76	신동건	Sindonggeon	피피에스	생산수입판매신고
77	PR거물	PR Geomul	피피에스	생산수입판매신고
78	PR풍년가	PR Pungnyeonga	한국다끼이	생산수입판매신고
79	금마루	Geummaru	홍농씨앗	생산수입판매신고
80	독립선언	Dongnipseoneon	동부팜한농	생산수입판매신고

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

고추 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 19개(Kwon et al. 2005)와 24개(Kwon et al. 2013)(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 43 SSR markers used for selection of pepper SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Reference	No.	Marker name	Repeat motif	Reference
1	Hpms1-1	(CA) ₁₂ (TA) ₄	Kwon et al. 2005	23	CAMS-351	(tg) ₃ ...(ag) ₂₆	Kwon et al. 2013
2	Hpms1-5	(AT) ₁₁ (GT) ₁₇	Kwon et al. 2005	24	CAMS-855	(agt) _{14a} (gaa) ₉	Kwon et al. 2013
3	Hpms1-106	(AAAAAT) ₁₄	Kwon et al. 2005	25	GPMS-029	(GT) ₁₅ (GGT) ₇ (GTT) ₂	Kwon et al. 2013
4	Hpms1-111	(AAT) ₁₁	Kwon et al. 2005	26	GPMS-100	T ₅ (GT) ₁₂	Kwon et al. 2013
5	Hpms1-143	(AG) ₁₂	Kwon et al. 2005	27	GPMS-117	(TA) ₂₅ (GA) ₁₄	Kwon et al. 2013
6	Hpms1-148	(GA) ₁₄	Kwon et al. 2005	28	GPMS-159	(TAA) ₂₀	Kwon et al. 2013
7	Hpms2-21	(AT) ₁₁ (AC) ₉ (ATAC) ₁₀	Kwon et al. 2005	29	GPMS-161	(AAT) ₂₅	Kwon et al. 2013
8	HpmsE015	(GCA) ₈	Kwon et al. 2005	30	GPMS-194	(TA) ₁₇ (GA) ₁₂	Kwon et al. 2013
9	HpmsE038	(ATGTA) ₃	Kwon et al. 2005	31	GPMS-197	(GA) ₃ (TAT) ₁₆	Kwon et al. 2013
10	HpmsF015	(CA) ₂₁	Kwon et al. 2005	32	EPMS-305	(CTT) ₃ (CAT) ₉	Kwon et al. 2013
11	HpmsF018	(AAT) ₉	Kwon et al. 2005	33	EPMS-331	(CA) ₁₀	Kwon et al. 2013
12	HpmsF019	(TC) ₁₆	Kwon et al. 2005	34	EPMS-376	(CAA) ₆	Kwon et al. 2013
13	HpmsF037	(TTTC) ₆	Kwon et al. 2005	35	EPMS-386	(CA) ₁₅	Kwon et al. 2013
14	HpmsF042	(ATC) ₅	Kwon et al. 2005	36	EPMS-418	(CA) ₁₀	Kwon et al. 2013
15	HpmsF053	(CTT) ₁₂	Kwon et al. 2005	37	EPMS-426	(AT) ₁₅	Kwon et al. 2013
16	HpmsF061	(AT) ₁₀	Kwon et al. 2005	38	EPMS-441	(AG) ₁₁	Kwon et al. 2013
17	HpmsF062	(CTT) ₈	Kwon et al. 2005	39	EPMS-542	(TC) ₁₀	Kwon et al. 2013
18	CAN130829	T ₁₆	Kwon et al. 2005	40	EPMS-642	(AT) ₈	Kwon et al. 2013
19	AF244121	(TTG) ₃ MP(AT) ₃ MP(GT) ₃ MP	Kwon et al. 2005	41	EPMS-643	(CT) ₁₇	Kwon et al. 2013
20	CAMS-051	(gt) _{3a} (ta) ₄ (tg) ₁₁	Kwon et al. 2013	42	EPMS-709	(GAG) ₆	Kwon et al. 2013
21	CAMS-117	(tg) ₂₁ (ta) ₃	Kwon et al. 2013	43	EPMS-755	(A) ₁₂ ...(T) ₁₁	Kwon et al. 2013
22	CAMS-336	(tc) ₁₆	Kwon et al. 2013				

고추 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선발하기 위하여 Kasusa Marker Data Base (<http://marker.kazusa.or.jp>) 고추마커데이터베이스로부터 확보된 100개의 프라이머 (Table 3)를 이용하여 ‘강한대군’, ‘건초조은’, ‘독주역강’, ‘백승’, ‘신역강홍장군’, ‘PR기가찬’, ‘PR홍타령’, ‘PR신명난’ 8품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다. PCR 반응은 고추 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μM의 SSR primer, 2 μl dNTP mixture(2.5 mM), Taq

polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 고추 80품종을 PCR하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기 영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 100 SSR markers used for selection of pepper new SSR markers.

No.	Marker name	Marker type	Repeat motif	No.	Marker name	Marker type	Repeat motif
1	CaES5701	EST-SSR	AGC	51	CaES5451	EST-SSR	AGC
2	CaES5702	EST-SSR	AAC	52	CaES5452	EST-SSR	GGA
3	CaES5703	EST-SSR	ACT	53	CaES5453	EST-SSR	ATC
4	CaES5704	EST-SSR	AAG	54	CaES5454	EST-SSR	GGT
5	CaES5705	EST-SSR	ATC	55	CaES5455	EST-SSR	AGC
6	CaES5706	EST-SSR	ATC	56	CaES5456	EST-SSR	AAG
7	CaES5707	EST-SSR	ATC	57	CaES5457	EST-SSR	AAG
8	CaES5708	EST-SSR	GGA	58	CaES5458	EST-SSR	GGT
9	CaES5709	EST-SSR	AAG	59	CaES5459	EST-SSR	AGC
10	CaES5710	EST-SSR	AAT	60	CaES5460	EST-SSR	AAG
11	CaES5711	EST-SSR	AAC	61	CaES5461	EST-SSR	AAG
12	CaES5712	EST-SSR	ATC	62	CaES5462	EST-SSR	AAG
13	CaES5713	EST-SSR	ATC	63	CaES5463	EST-SSR	ACT
14	CaES5714	EST-SSR	GGA	64	CaES5464	EST-SSR	GGT
15	CaES5715	EST-SSR	GGT	65	CaES5465	EST-SSR	AAC
16	CaES5716	EST-SSR	AAG	66	CaES5466	EST-SSR	ATC
17	CaES5717	EST-SSR	ATC	67	CaES5467	EST-SSR	GGA
18	CaES5718	EST-SSR	AGC	68	CaES5468	EST-SSR	AAG
19	CaES5719	EST-SSR	ATC	69	CaES5469	EST-SSR	AAC
20	CaES5720	EST-SSR	AGC	70	CaES5470	EST-SSR	ATC
21	CaES5721	EST-SSR	AGC	71	CaES5471	EST-SSR	GGT
22	CaES5722	EST-SSR	AAC	72	CaES5472	EST-SSR	ATC
23	CaES5723	EST-SSR	ACT	73	CaES5473	EST-SSR	AGC
24	CaES5724	EST-SSR	ATC	74	CaES5474	EST-SSR	AAT
25	CaES5725	EST-SSR	GGA	75	CaES5475	EST-SSR	AGC
26	CaES5726	EST-SSR	GGA	76	CaES5476	EST-SSR	AAC
27	CaES5727	EST-SSR	AAG	77	CaES5477	EST-SSR	AAG
28	CaES5728	EST-SSR	GGA	78	CaES5478	EST-SSR	GGA
29	CaES5729	EST-SSR	AGC	79	CaES5479	EST-SSR	GGA
30	CaES5730	EST-SSR	AAC	80	CaES5480	EST-SSR	AAG
31	CaES5731	EST-SSR	AGC	81	CaES5481	EST-SSR	AGC

32	CaES5732	EST-SSR	ATC	82	CaES5482	EST-SSR	ACT
33	CaES5733	EST-SSR	ATC	83	CaES5483	EST-SSR	AAG
34	CaES5734	EST-SSR	ACT	84	CaES5484	EST-SSR	ATC
35	CaES5735	EST-SSR	AAG	85	CaES5485	EST-SSR	AGC
36	CaES5736	EST-SSR	AGC	86	CaES5486	EST-SSR	AAT
37	CaES5737	EST-SSR	GGT	87	CaES5487	EST-SSR	AGC
38	CaES5738	EST-SSR	AAG	88	CaES5488	EST-SSR	AAG
39	CaES5739	EST-SSR	GGC	89	CaES5489	EST-SSR	ATC
40	CaES5740	EST-SSR	AAT	90	CaES5490	EST-SSR	AAG
41	CaES5741	EST-SSR	AGC	91	CaES5491	EST-SSR	ATC
42	CaES5742	EST-SSR	AAC	92	CaES5492	EST-SSR	AAT
43	CaES5743	EST-SSR	ATC	93	CaES5493	EST-SSR	AAC
44	CaES5744	EST-SSR	AAG	94	CaES5494	EST-SSR	GGC
45	CaES5745	EST-SSR	GGA	95	CaES5495	EST-SSR	AAG
46	CaES5746	EST-SSR	GGT	96	CaES5496	EST-SSR	GGA
47	CaES5747	EST-SSR	GGC	97	CaES5497	EST-SSR	AAG
48	CaES5748	EST-SSR	AAG	98	CaES5498	EST-SSR	GGC
49	CaES5749	EST-SSR	AAG	99	CaES5499	EST-SSR	AAC
50	CaES5750	EST-SSR	GGA	100	CaES5500	EST-SSR	ACG

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기준에 종자원에서 사용 중인 마커 19개(Kwon et al. 2005)와 24개(Kwon et al. 2013)(Table 2)를 이용하여 80품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 43개 마커로부터 14개 마커(Hpms1-148, Hpms1-106, Hpms1-143, HpmsE038, HpmsF061, Hpms2-21, CAMS-051, HpmsF037, HpmsF019, HpmsF015, HpmsF053, EPMS-542, EPMS-426, EPMS-441)를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 또한 고추 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 Kasusa Marker Data Base(<http://marker.kazusa.or.jp>) 고추마커데이터베이스로부터 확보된 100개의 EST 유래 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘강한대군’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 EST-SSR 마커 12개(CaES5707, CaES5715, CaES5731, CaES5733, CaES5734, CaES5738, CaES5739, CaES5742, CaES5747, CaES5748, CaES5479, CaES5496)를 1차 선발하였고, 12개 마커중 반복 실험간 뚜렷한 재현성을 보이는 3개 마커 CaES5707, CaES5733, CaES5479를 DB 구축용 마커로 최종 선발하였다(Fig. 1).

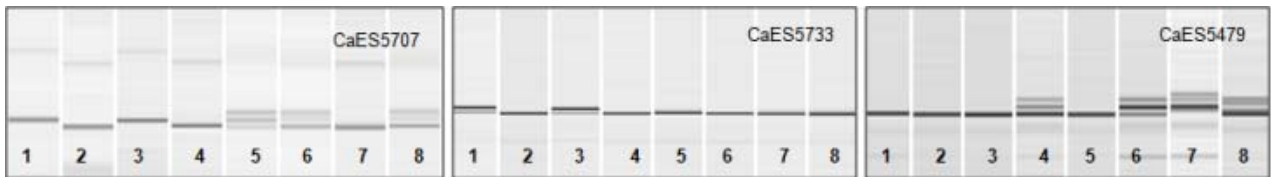


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, CaES5707, CaES5733, CaES5479. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: Kanghandaegun, 2: Geonchojoeun, 3: Dokjuyeokgang, 4: Baekseung, 5: Sinyeokganghongjanggung, 6: PR Gigachan, 7: PR Hungtaryoeng, 8: PR Sinmyeongnan.

따라서 기존 마커로부터 재선발된 14개 마커와 신규로 선발된 3개 마커 총 17개 마커를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 고추 시판품종 80품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 17 SSR markers selected for database construction of pepper varieties

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
Hpms1-148	(GA) ₁₄	55	184-196	4	0.610	VIC
Hpms1-106	(AAAAAT) ₁₄	55	156-163	2	0.421	NED
Hpms1-143	(AG) ₁₂	55	223-229	4	0.452	FAM
HpmsE038	(ATGTA) ₃	55	271-286	3	0.498	PET
HpmsF061	(AT) ₁₀	55	181-183	2	0.382	VIC
Hpms2-21	(AT) ₁₁ (AC) ₉ (ATAC) ₁₀	55	286-292	4	0.665	FAM
CAMS-051	(GT) ₃ A(TA) ₄ (TG) ₁₁	55	154-163	3	0.601	VIC
HpmsF037	(TTTC) ₆	55	179-183	2	0.468	NED
HpmsF019	(TC) ₁₆	55	182-188	3	0.502	FAM
HpmsF015	(GCA) ₈	55	238-250	5	0.735	NED
HpmsF053	(CTT) ₁₂	55	185-197	2	0.690	FAM
EPMS-542	(TC) ₁₀	55	170-180	3	0.495	NED
EPMS-426	(AT) ₁₅	55	111-119	4	0.662	FAM
EPMS-441	(AG) ₁₁	55	117-129	2	0.666	PET
CaES5707	ATC	55	146-159	2	0.500	VIC
CaES5733	ATC	55	243-252	3	0.402	PET
CaES5479	GGA	55	113-120	3	0.496	FAM
Total				51		
Mean				3	0.544	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~5개 였고, 총 51개의 대립유전자가 분석되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 3개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.382에서 0.735까지 나타났으며, 평균값은 0.544로 분석되었다. 이는 24개의 SSR 마커를 이용하여 170품종을 분석한 선행연구(Kwon et al. 2013)의 PIC값 0.673보다는 낮았다. 이유는 본 연구에 사용된 고추 품종의 유전적 다양성이 상대적으로 낮고, 기존의 마커로부터 마커를 선발 시에 다형성이 높아도 밴드 점수화가 어려운 마커를 선발하지 않았기 때문인 것으로 사료된다.

17개 SSR 마커를 이용하여 고추 80품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.47-1.00의 범위로 나타났으며, 19품종을 제외한 61품종이 17개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 유사도 지수의 범위에서도 확인할 수 있듯이 본 연구에서 수집된 공시품종의 유사도 지수는 Kwon 등(2013)이 공시한 170품종의 유사도 지수 0.14-0.92보다는 좁은 것으로 나타나 공시품종의 다양성 정도가 낮음을 재확인하였다. 분자표지로 식별되지 않은 품종을 살펴보면 그룹1(독주역강, PR새바람, PR선비촌, PR누네티네), 그룹2(신마구따, PR우람찬), 그룹3(PR신명난, 서방님, 훈민정음, 일월산천), 그룹4(폭탄선언, 파죽지세), 그룹5(PR내고향, PR다조은), 그룹6(백승, 슈퍼바이킹), 그룹7(역강수문장, PR전설, 불티나플러스)로 나타났다. 앞으로 제5협동과제에서 수행한 80품종에 대한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 표현형과 유전자형의 상관관계를 분석해야 할 것으로 생각되며, 유통되는 품종수 추가 및 신규 마커 개발 등을 통해 고추 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.

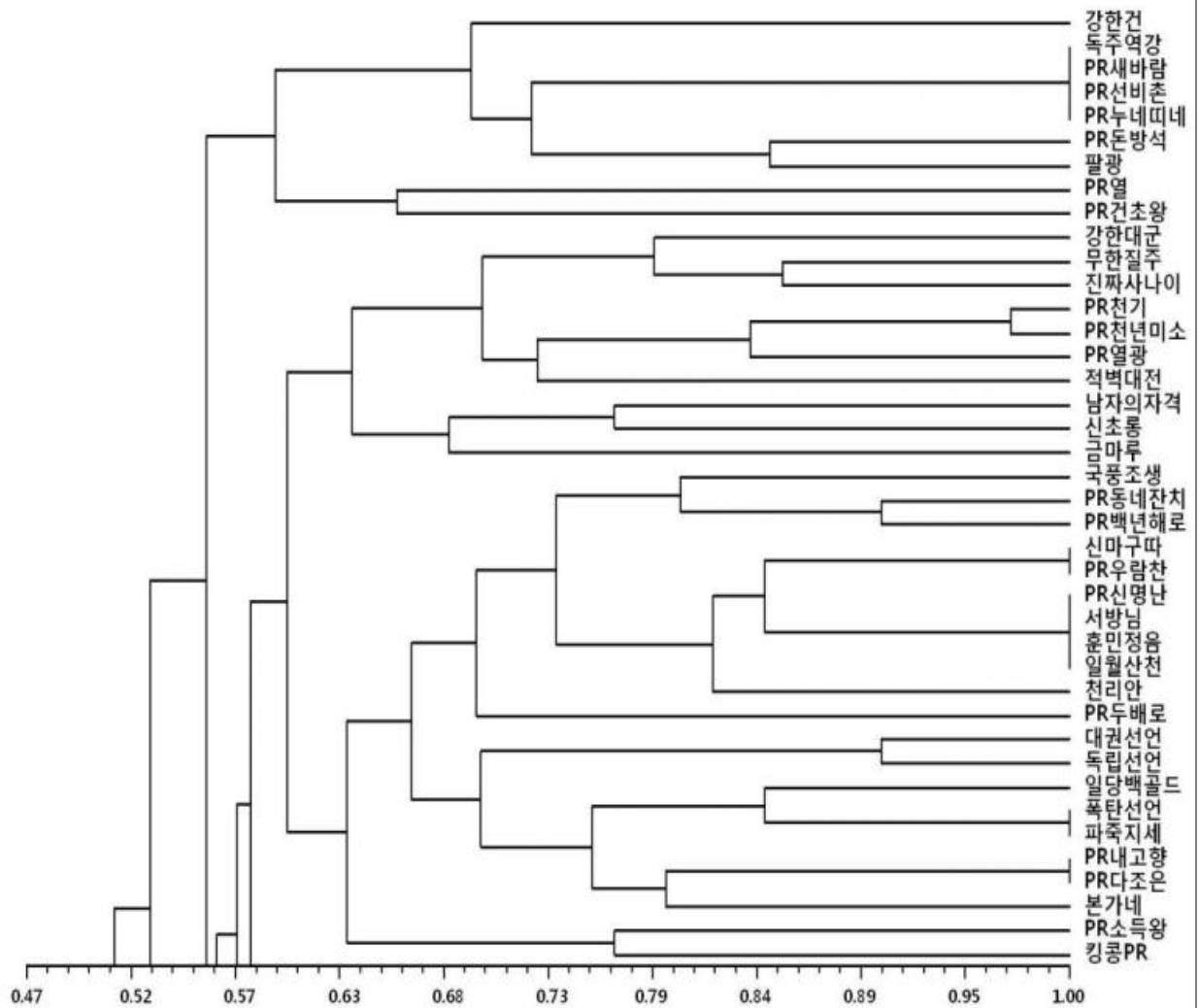


Fig. 2. Dendrogram of 80 pepper varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

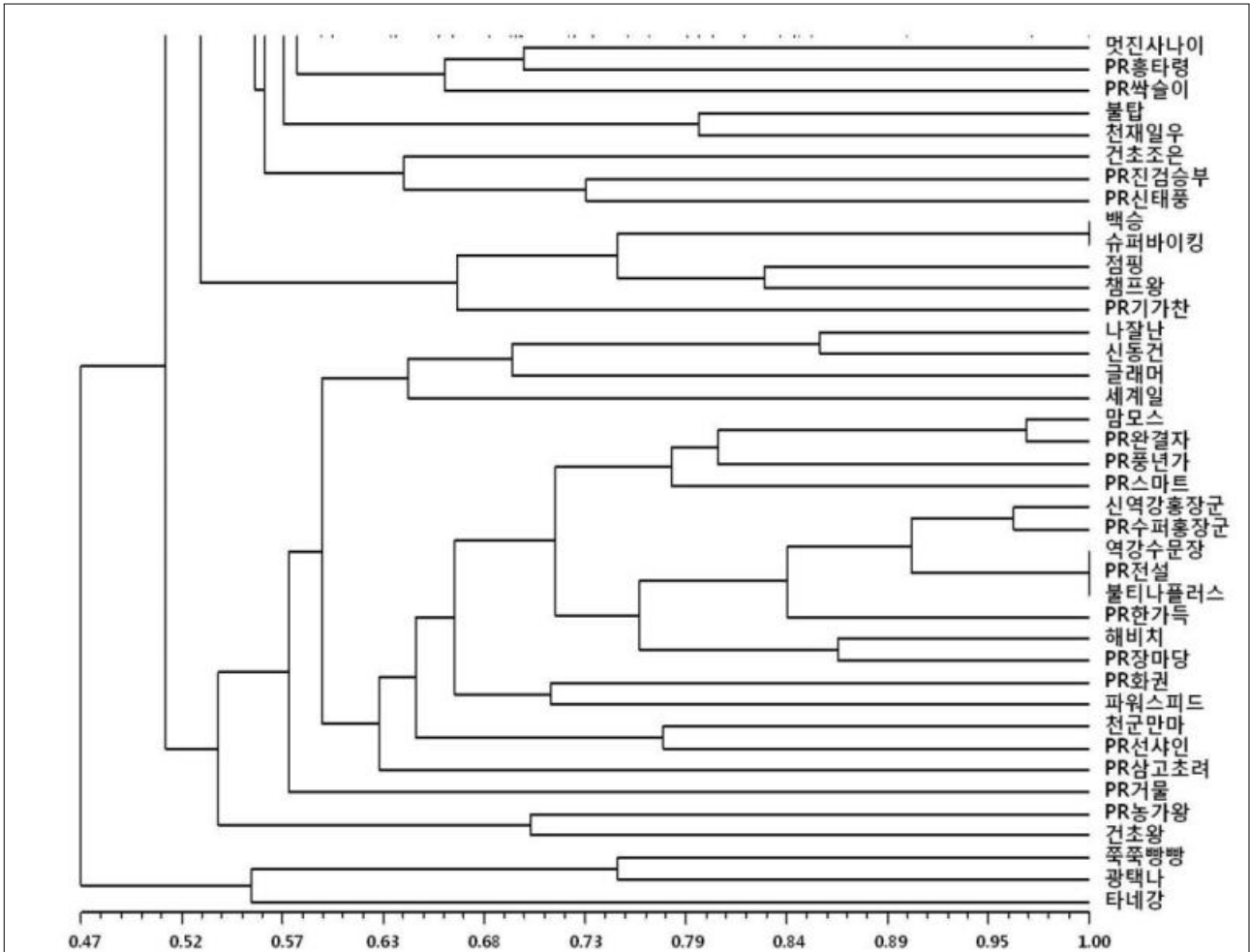


Fig. 2. continued.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

고추(*Capsicum annuum*)는 2015년 8. 27일 기준으로 재배면적이 34,514ha이고(통계청 <http://kostat.go.kr>) 생산량이 302,015톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2013), 2015년 8. 31일 현재 누적 출원건수는 377품종, 품종보호 등록된 품종은 239품종이며, 생산수입판매 신고된 품종이 2,804품종으로 채소작물 중 가장 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(국립종자원 <http://seed.go.kr>). 국내 고추 품종식별 연구는 Moon 등(2003), Kwon 등(2005), AFLP, SSR 마커를 이용하여 유통품종 66품종을 식별할 수 있는 방법을 개발한 이후, SNP 마커를 이용하여 고추 98품종에 대한 식별 연구를 수행한 바 있다(Jung et al., 2010). Kwon 등(2005)에 의해 개발된 품종식별 체계는 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 데이터베이스 구축이 곤란하므로 이에 대한 개선이 필요한 것으로 사료되었고, SNP 마커를 이용한 품종식별 방법은 밴드의 유무에 따라 품종을 식별하기에 F1 품종을 정밀도 있게 구분하거나, 향후 순도검정에 활용하는데 어려움이 있을 것으로 판단되었다. 최근 Kwon 등(2013)은 24개의 SSR 마커를 이용하여 170개의 유통품종을 식별할 수 있는 DNA profile 데이터베이스를 구축한 바 있다.

또한 본 연구 1차 년도 결과로 국내에서 주로 유통되는 고추품종에 대한 표준화된 DB 구축을 위하여 기존에 사용된 종자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 계놈데이터베이스로부터 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선별하여 고추 품종별 DNA profile 데이터베이스를 구축하였다. 2차 년도에는 데이터베이스를 보완하기 위하여 추가로 고추 품종을 수집하여 1차 년도에 선별한 마커로 분석한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 고추 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도 경북농업기술원 영양고추시험장으로부터 분양받아 분석한 80품종과 함께 2차 년도에 국립종자원에 출원되어 재배심사 중인 66개 품종을 포함하여 총 146개 품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였고 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μl 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial pepper varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	구분 (출원, 등록, 생판)	비고	연번	품종명	구분 (출원, 등록, 생판)	비고
1	강한건	품종보호등록	1차 년도	74	불티나플러스	생산수입판매신고	1차 년도
2	강한대군	생산수입판매신고	1차 년도	75	PR수퍼홍장군	생산수입판매신고	1차 년도
3	건초조은	생산수입판매신고	1차 년도	76	신동건	생산수입판매신고	1차 년도
4	국풍조생	생산수입판매신고	1차 년도	77	PR거물	생산수입판매신고	1차 년도
5	나잘난	생산수입판매신고	1차 년도	78	PR풍년가	생산수입판매신고	1차 년도
6	남자의자격	품종보호출원	1차 년도	79	금마루	생산수입판매신고	1차 년도
7	대권선언	품종보호출원	1차 년도	80	독립선언	생산수입판매신고	1차 년도
8	독주역강	생산수입판매신고	1차 년도	81	SP529	품종보호출원	2차 년도
9	맘모스	생산수입판매신고	1차 년도	82	수미향	품종보호출원	2차 년도
10	멋진사나이	생산수입판매신고	1차 년도	83	SS-1202	품종보호출원	2차 년도
11	무한질주	품종보호등록	1차 년도	84	파프토-Y	품종보호출원	2차 년도
12	백승	생산수입판매신고	1차 년도	85	세농1231	품종보호출원	2차 년도
13	불탑	생산수입판매신고	1차 년도	86	당조청양	품종보호출원	2차 년도
14	세계일	품종보호등록	1차 년도	87	고은빛	품종보호출원	2차 년도
15	슈퍼파이킹	생산수입판매신고	1차 년도	88	라운레드	품종보호출원	2차 년도
16	신마구따	생산수입판매신고	1차 년도	89	라운옐로	품종보호출원	2차 년도
17	신역강홍장군	생산수입판매신고	1차 년도	90	아다미레드	품종보호출원	2차 년도
18	신초롱	품종보호등록	1차 년도	91	AT홍초탄	품종보호출원	2차 년도
19	역강수문장	생산수입판매신고	1차 년도	92	AT신호탄	품종보호출원	2차 년도
20	일당백골드	품종보호등록	1차 년도	93	AT탄사형통	품종보호출원	2차 년도
21	점핑	생산수입판매신고	1차 년도	94	레드랑	품종보호출원	2차 년도
22	진짜사나이	품종보호출원	1차 년도	95	레드플러스	품종보호출원	2차 년도
23	쭉쭉빵빵	생산수입판매신고	1차 년도	96	무병지대	품종보호출원	2차 년도
24	챔프왕	생산수입판매신고	1차 년도	97	무탄지대	품종보호출원	2차 년도
25	천군만마	품종보호등록	1차 년도	98	피앤비HP1	품종보호출원	2차 년도
26	천리안	생산수입판매신고	1차 년도	99	피앤비HP2	품종보호출원	2차 년도

27	천재일우	생산수입판매신고	1차	년도	100	피엔비PR5	품종보호출원	2차	년도
28	타네강	품종보호출원	1차	년도	101	PR센스타	품종보호출원	2차	년도
29	폭탄선언	생산수입판매신고	1차	년도	102	사카타비타민	품종보호출원	2차	년도
30	해비치	생산수입판매신고	1차	년도	103	씩슬이W	품종보호출원	2차	년도
31	PR기가찬	생산수입판매신고	1차	년도	104	베로파W	품종보호출원	2차	년도
32	PR내고향	생산수입판매신고	1차	년도	105	마브1호	품종보호출원	2차	년도
33	PR다조은	생산수입판매신고	1차	년도	106	하나19호	품종보호출원	2차	년도
34	PR동네잔치	생산수입판매신고	1차	년도	107	하나4176호	품종보호출원	2차	년도
35	PR백년해로	생산수입판매신고	1차	년도	108	거대한탄생	품종보호출원	2차	년도
36	PR삼고초려	품종보호출원	1차	년도	109	색조은플러스	품종보호출원	2차	년도
37	PR새바람	생산수입판매신고	1차	년도	110	거룩한	품종보호출원	2차	년도
38	PR선비촌	생산수입판매신고	1차	년도	111	신록꽃	품종보호출원	2차	년도
39	PR소득왕	생산수입판매신고	1차	년도	112	비엔901	품종보호출원	2차	년도
40	PR스마트	품종보호등록	1차	년도	113	PR신청항	품종보호출원	2차	년도
41	PR신명난	생산수입판매신고	1차	년도	114	PR대군주	품종보호출원	2차	년도
42	PR씩슬이	품종보호출원	1차	년도	115	천하평정	품종보호출원	2차	년도
43	PR열	품종보호출원	1차	년도	116	셋별	품종보호출원	2차	년도
44	PR완결자	생산수입판매신고	1차	년도	117	점평	품종보호출원	2차	년도
45	PR우람찬	생산수입판매신고	1차	년도	118	특보	품종보호출원	2차	년도
46	PR장마당	생산수입판매신고	1차	년도	119	PR거탑	품종보호출원	2차	년도
47	PR전설	생산수입판매신고	1차	년도	120	큰사랑	품종보호출원	2차	년도
48	PR진검승부	생산수입판매신고	1차	년도	121	PR전국통일	품종보호출원	2차	년도
49	PR천기	생산수입판매신고	1차	년도	122	남초1	품종보호출원	2차	년도
50	PR천년미소	생산수입판매신고	1차	년도	123	자영초	품종보호출원	2차	년도
51	PR화권	생산수입판매신고	1차	년도	124	불립초	품종보호출원	2차	년도
52	본가네	생산수입판매신고	1차	년도	125	레드드립	품종보호출원	2차	년도
53	서방님	생산수입판매신고	1차	년도	126	NH-1조천초	품종보호출원	2차	년도
54	훈민정음	생산수입판매신고	1차	년도	127	SS-1201	품종보호출원	2차	년도
55	적벽대전	생산수입판매신고	1차	년도	128	파프토-R	품종보호출원	2차	년도
56	파워스피드	품종보호등록	1차	년도	129	세농6942	품종보호출원	2차	년도
57	킹콩PR	생산수입판매신고	1차	년도	130	대일에이스	품종보호출원	2차	년도
58	PR선샤인	생산수입판매신고	1차	년도	131	수숙커	품종보호출원	2차	년도
59	PR신태풍	생산수입판매신고	1차	년도	132	와길다	품종보호출원	2차	년도
60	PR농가왕	생산수입판매신고	1차	년도	133	에코870	품종보호출원	2차	년도
61	PR돈방석	품종보호등록	1차	년도	134	녹양	품종보호출원	2차	년도
62	건초왕	품종보호등록	1차	년도	135	매운장다리	품종보호출원	2차	년도
63	글래머	품종보호등록	1차	년도	136	녹삭이	품종보호출원	2차	년도
64	PR건초왕	품종보호등록	1차	년도	137	천리간2호	품종보호출원	2차	년도
65	PR두배로	생산수입판매신고	1차	년도	138	천리간1호	품종보호출원	2차	년도
66	광택나	생산수입판매신고	1차	년도	139	썬짱	품종보호출원	2차	년도
67	팔광	생산수입판매신고	1차	년도	140	PRK스타	품종보호출원	2차	년도
68	파죽지세	생산수입판매신고	1차	년도	141	PR행복한살림	품종보호출원	2차	년도
69	일월산천	생산수입판매신고	1차	년도	142	PEDF0902	품종보호출원	2차	년도
70	PR한가득	생산수입판매신고	1차	년도	143	PR홍옥	품종보호출원	2차	년도
71	PR누네티네	생산수입판매신고	1차	년도	144	불초롱	품종보호출원	2차	년도
72	PR홍타령	생산수입판매신고	1차	년도	145	YW글로리	품종보호출원	2차	년도
73	PR열광	생산수입판매신고	1차	년도	146	RD글로리	품종보호출원	2차	년도

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

2차 년도에는 1차 년도에 선발된 SSR 마커 17개(Table 2)를 DB 구축에 이용하였다.

Table 2. The 17 SSR markers used for selection of pepper SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Primer labelling
1	Hpms1-148	(GA) ₁₄	VIC
2	Hpms1-106	(AAAAAT) ₁₄	NED
3	Hpms1-143	(AG) ₁₂	FAM
4	HpmsE038	(ATGTA) ₃	PET
5	HpmsF061	(AT) ₁₀	VIC
6	Hpms2-21	(AT) ₁₁ (AC) ₉ (ATAC) ₁₀	FAM
7	CAMS-051	(GT) ₃ A(TA) ₄ (TG) ₁₁	VIC
8	HpmsF037	(TTTC) ₆	NED
9	HpmsF019	(TC) ₁₆	FAM
10	HpmsF015	(GCA) ₈	NED
11	HpmsF053	(CTT) ₁₂	FAM
12	EPMS-542	(TC) ₁₀	NED
13	EPMS-426	(AT) ₁₅	FAM
14	EPMS-441	(AG) ₁₁	PET
15	CaES5707	ATC	VIC
16	CaES5733	ATC	PET
17	CaES5479	GGA	FAM
Total			
Mean			

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

고추 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 1차 년도에 종자원에서 선발된 총 17개 마커(Table 2)를 이용하여 146개 공시품종에 대한 DNA 데이터베이스를 구축하여 다형성 정도를 조사한 결과는 아래 표와 같다(Table 3).

Table 3. Characteristics of 17 SSR markers selected for database construction of pepper varieties.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
Hpms1-148	(GA) ₁₄	55	184-196	4	0.625	VIC
Hpms1-106	(AAAAAT) ₁₄	55	156-163	2	0.444	NED
Hpms1-143	(AG) ₁₂	55	223-229	4	0.701	FAM
HpmsE038	(ATGTA) ₃	55	271-286	3	0.522	PET
HpmsF061	(AT) ₁₀	55	181-183	2	0.337	VIC
Hpms2-21	(AT) ₁₁ (AC) ₉ (ATAC) ₁₀	55	286-292	5	0.665	FAM
CAMS-051	(GT) ₃ A(TA) ₄ (TG) ₁₁	55	154-163	3	0.571	VIC
HpmsF037	(TTTC) ₆	55	179-183	2	0.440	NED
HpmsF019	(TC) ₁₆	55	182-188	6	0.538	FAM
HpmsF015	(GCA) ₈	55	238-250	8	0.817	NED
HpmsF053	(CTT) ₁₂	55	185-197	6	0.717	FAM
EPMS-542	(TC) ₁₀	55	170-180	4	0.533	NED
EPMS-426	(AT) ₁₅	55	111-119	5	0.715	FAM
EPMS-441	(AG) ₁₁	55	117-129	6	0.717	PET
CaES5707	ATC	55	146-159	2	0.496	VIC
CaES5733	ATC	55	243-252	2	0.432	PET
CaES5479	GGA	55	113-120	3	0.541	FAM
Total				67		
Mean				3.94	0.577	

분석된 대립유전자 수는 67개로 나타났고 대립유전자 개수의 분포는 2-8개로 나타났으며 유전자좌당 평균 대립유전자수는 3.94를 나타내었다. 다형성 지수는 HpmsF061마커에서 0.337로 가장 낮게 나타났고 HpmsF015마커에서 0.817로 가장 높게 나타났으며 평균 PIC 값은 0.577이었다. 고추 146품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 1). 공시품종의 유사도 지수는 0.59-1.00의 범위로 나타났으며, 27품종을 제외한 119품종이 17개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 유사도 지수의 범위에서도 확인 할 수 있듯이 본 연구에서 수집된 공시품종의 유사도 지수는 Kwon 등(2013)이 공시한 170품종의 유사도 지수 0.14-0.92보다는 좁은 것으로 나타나 공시품종의 다양성 정도가 낮음을 재확인하였다. 분자표지로 식별되지 않은 품종을 살펴보면 그룹1(독주역강, PR새바람, PR선비촌, PR누네띠네), 그룹2(신마구따, PR우람찬), 그룹3(PR신명난, 서방님, 훈민정음, 일월산천), 그룹4(폭탄선언, 파죽지세), 그룹5(PR내고향, PR다조은), 그룹6(백승, 슈퍼바이킹), 그룹7(역강수문장, PR전설, 불티나플러스), 그룹8(AT홍초탄, AT탄사형통), 그룹9(거대한 탄생, 거룩한), 그룹10(레드랑, 레드플러스)로 나타났다. 앞으로 제5협동과제에서 공시한 100품종에 대한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 표현형과 유전자형의 상관관계를 분석해야 할 것으로 생각되며, 신규 마커 추가 개발 등을 검토하여 고추 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.

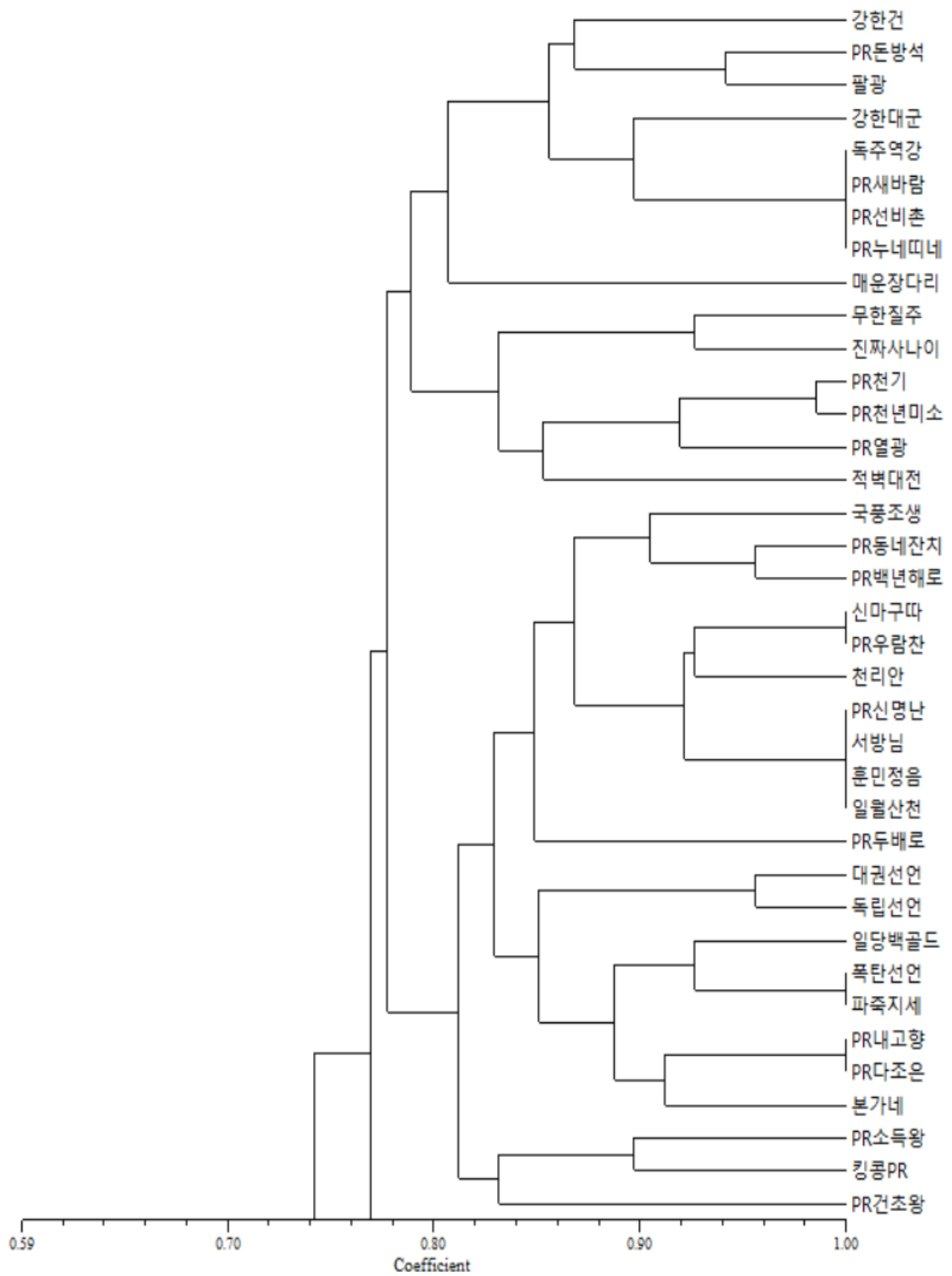


Fig. 1. Dendrogram of 146 pepper varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

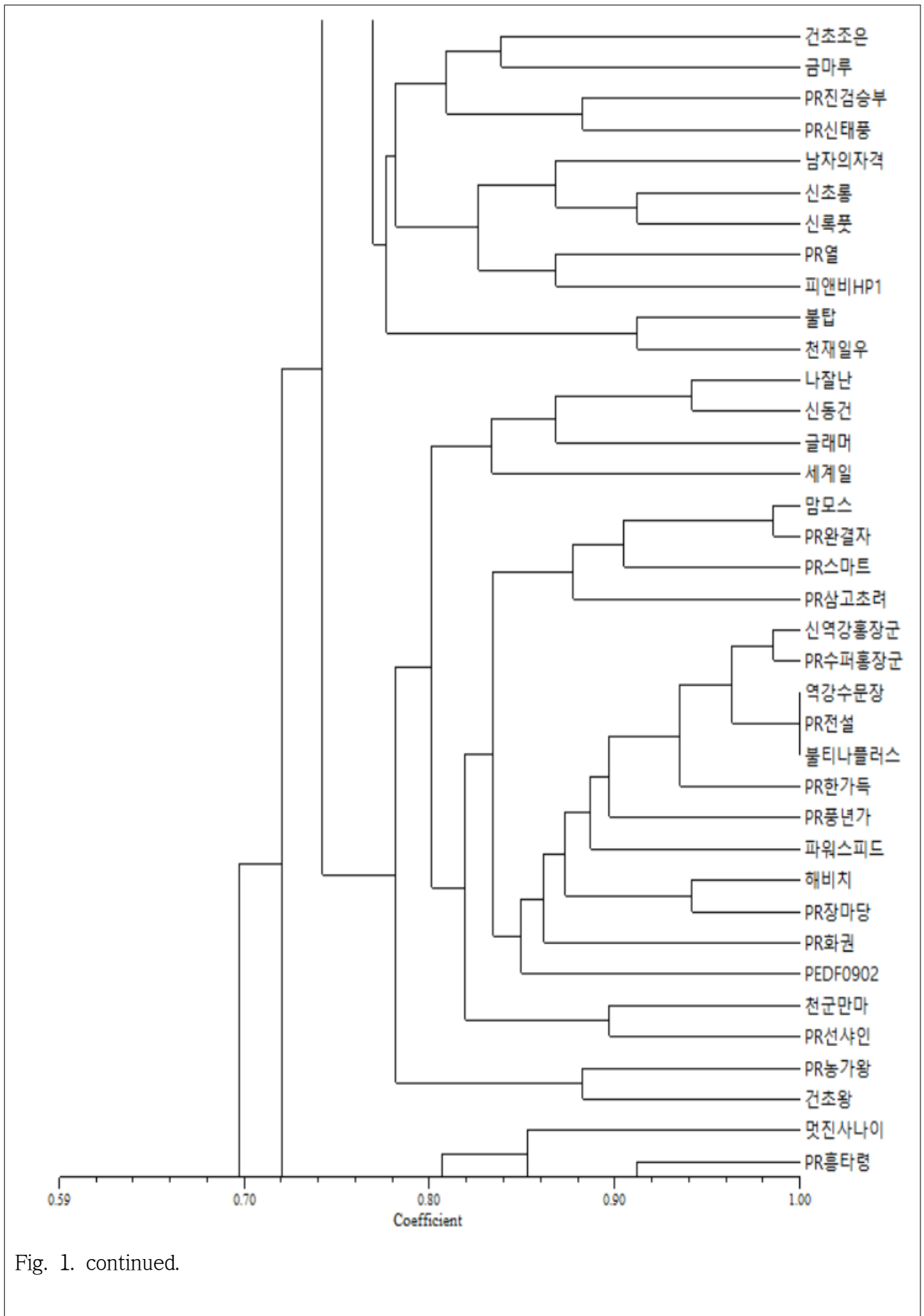


Fig. 1. continued.

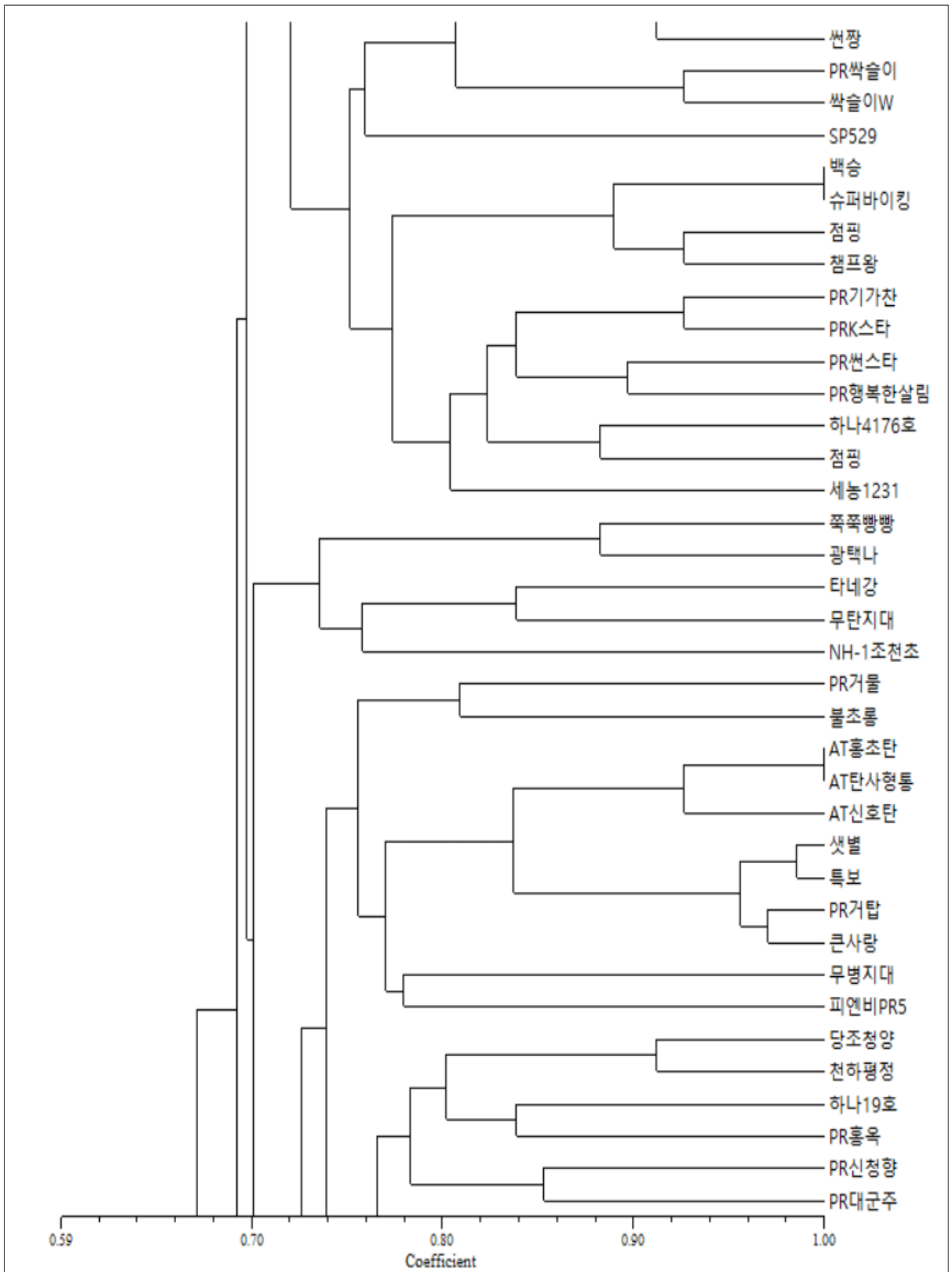


Fig. 1. continued.

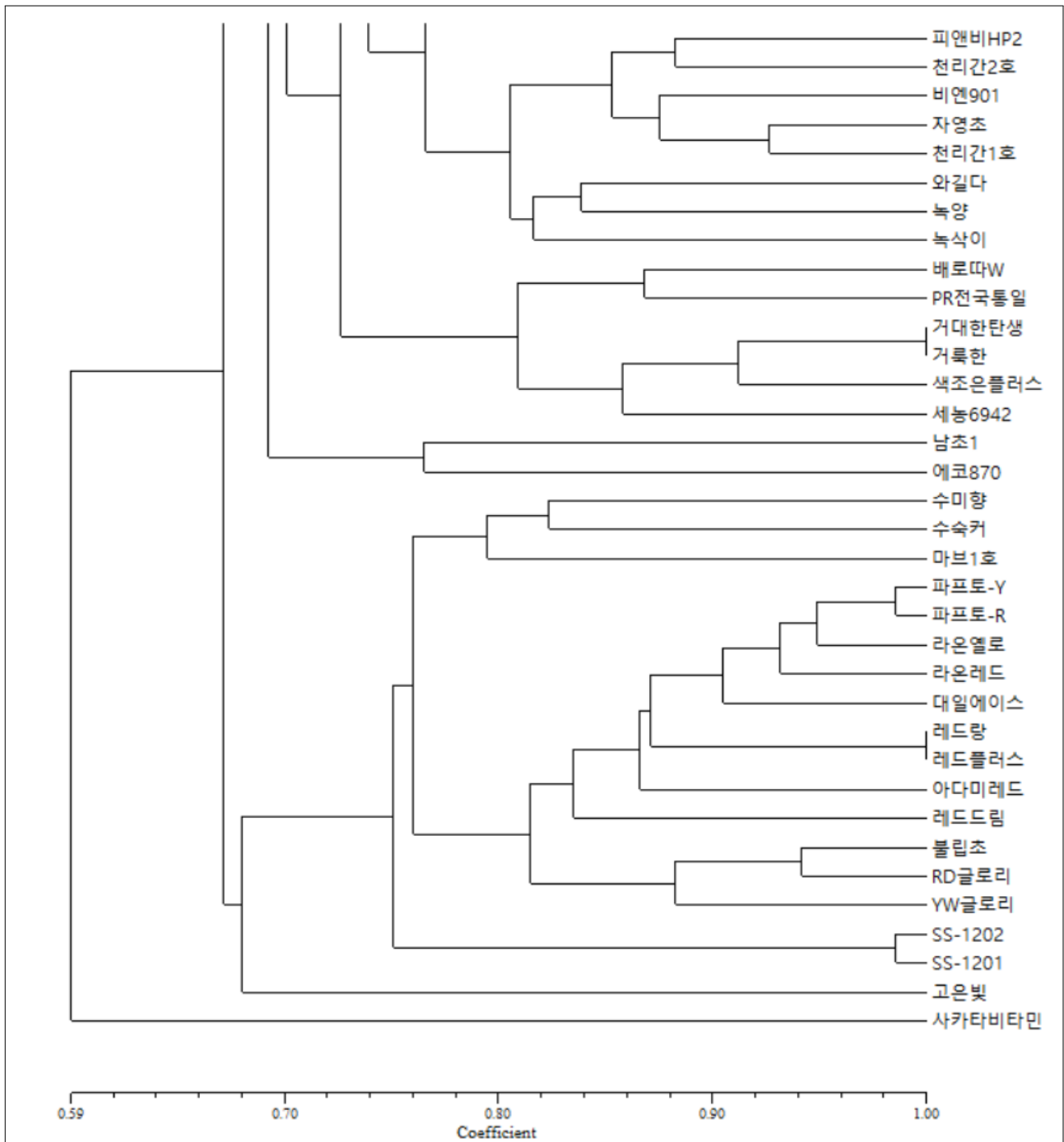


Fig. 1. continued.

5. SSR 마커를 이용한 토마토 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

토마토(*Solanum lycopersicum*)는 2012년 재배면적이 6,344ha이고 생산량이 432,779톤에 달하며 (농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 40품종, 재배심사 중인 품종이 17품종이고, 생산수입판매 신고 건수가 926건으로 채소작물 중 고추, 무, 배추 다음

으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(http://seed.go.kr). 국내 토마토 품종식별 연구는 Kwon 등(2006)이 18개 마커를 이용하여 28품종에 대한 품종식별 연구를 수행하였으나 PCR 증폭 산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 어려움이 있었다. 또한 Kwon 등(2009)이 33개 SSR 마커를 이용하여 유통품종 63품종을 대상으로 HAD-GT12™ Genetic Analyzer System(eGENE)를 이용하여 유연관계 분석을 수행한 바 있다. 하지만 eGENE 분석법도 대립유전자 크기를 정확히 산출하기가 어려워 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 보다 더 정밀한 기재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 토마토의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 제4협동과제로부터 분양받은 토마토 유통품종 및 시중에 유통되는 품종을 수집하여 기존에 사용된 종자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정함으로써 토마토 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

토마토 유통종자에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 4협동과제로부터 20품종, 국립종자원에서 수거한 유통종자 39품종의 종자를 수집하여 토마토 59품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μL 당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial tomato varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	영문명	회사명	출원, 등록 및 신고 구분
1	썬글로브	Sunglobe	농우바이오	생산수입판매신고
2	핑크탑	Pinktop	농우바이오	생산수입판매신고
3	서광토마토	Seguang	동부팜농	생산수입판매신고
4	포세이돈	Poseidon	동부팜농	생산수입판매신고
5	레드룩미니	Redcookmini	동원농산	생산수입판매신고
6	비너스	Venus	동원농산	생산수입판매신고
7	엘로우룩미니	Yellocookmini	동원농산	생산수입판매신고
8	오렌지스위트	Orangesweet	동원농산	생산수입판매신고
9	초코스위트	Chocosweet	동원농산	생산수입판매신고
10	핑크스위트	Pinksweet	동원농산	생산수입판매신고
11	골드슈가	Goldsugar	부농종묘	생산수입판매신고
12	쥬쥬킹	Jyujyuking	부농종묘	생산수입판매신고
13	하니골드	Hanigold	부농종묘	생산수입판매신고
14	로꾸산마루	Rokusanmaru	사카타코리아	생산수입판매신고
15	가야찰플러스	Gayachalplus	신젠타	생산수입판매신고
16	TP-7플러스	TP7plus	신젠타	생산수입판매신고
17	광복	Goangbok	아람종묘	생산수입판매신고
18	꼬마	Kkoma	아람종묘	생산수입판매신고
19	누리마루	Nurimaru	아시아종묘	생산수입판매신고
20	러브리256	Lovely256	아시아종묘	생산수입판매신고

21	슈가레드	Sugarred	아시아종묘	생산수입판매신고
22	슈가옐로우	Sugaryellow	아시아종묘	생산수입판매신고
23	신흑수	Shinheuksu	아시아종묘	생산수입판매신고
24	도태랑명품	Dotaerangmyeongpum	제일종묘	생산수입판매신고
25	미니자옥	Minijaok	제일종묘	생산수입판매신고
26	슈퍼산체리	Supersuncherry	제일종묘	생산수입판매신고
27	홍보석	Hongboseok	제일종묘	생산수입판매신고
28	제일흑진주	Jeilheukjinju	제일종묘	생산수입판매신고
29	블랙리치	Blackrich	진홍종묘	생산수입판매신고
30	스위티레드꼬마	Swwetyredggoma	진홍종묘	생산수입판매신고
31	슈퍼도태랑	Superdotaerang	코레곤	생산수입판매신고
32	텐텐	Tenten	코레곤	생산수입판매신고
33	베타티니	Betatniy	피피에스	생산수입판매신고
34	레드카라멜	Redcaramel	한결씨드애타	생산수입판매신고
35	오렌지카라멜	Orangecaramel	한결씨드애타	생산수입판매신고
36	도태랑마스터	Dotaerangmaster	한국다끼이	생산수입판매신고
37	홍광	Hongguang	현대종묘	생산수입판매신고
38	도태랑다이아	Dotaerangdia	한국다끼이	품종보호등록
39	요요캡틴	Yoyocaptain	고농종묘	생산수입판매신고
40	B블로킹	Bblocking	코레곤	생산수입판매신고
41	요요	Yoyo	고농종묘	생산수입판매신고
42	TY 엔돌핀	TY endorphin	부농종묘	생산수입판매신고
43	TY 티니	TY tinny	피피에스	생산수입판매신고
44	지코레드	Jicored	가나종묘	생산수입판매신고
45	TY 미라클	TY miracle	스카이종묘	품종보호등록
46	TY 스마트사마	TY smartsama	한국다끼이	생산수입판매신고
47	TY 센스큐	TY senseQ	농우바이오	생산수입판매신고
48	메디슨	Madison	신젠타코리아	생산수입판매신고
49	레드팡	Redpang	농우바이오	생산수입판매신고
50	루비볼	Rubyball	NH종묘	생산수입판매신고
51	미니마루	Minimaru	농우바이오	생산수입판매신고
55	티와이알토랑	TY altorang	농우바이오	생산수입판매신고
53	마스카라	Masecala	부농종묘	생산수입판매신고
54	TY 캔디	TY Candy	부농종묘	생산수입판매신고
55	프라임알렉산더	Primealexander	농우바이오	생산수입판매신고
56	미니찰	Minichal	농우바이오	생산수입판매신고
57	티아라	Tiara	농우바이오	생산수입판매신고
58	대프니스	Dafnis	신젠타	생산수입판매신고
59	란돌리노	Landolino	신젠타	생산수입판매신고

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

토마토 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 18개(Kwon et al. 2006), 16개 마커(Kwon et al. 2009), 6개 마커(unpublished data) 총 40개 마커 (Table 2)를 이용하여 59개 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 40 SSR markers used for selection of tomato SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Reference	No.	Marker name	Repeat motif	Reference
1	SSR 9	(ATA) ₁₀	Kwon et al. 2006	21	SSR 110	(AT) ₁₀	Kwon et al. 2009
2	SSR13	(AAG) ₆	Kwon et al. 2006	22	SSR 111	(TC) ₆ (TCTG) ₆	Kwon et al. 2009
3	SSR19	(AT) ₁₆	Kwon et al. 2006	23	SSR 113	(CCG) ₇	unpublished data
4	SSR20	(GAA) ₈	Kwon et al. 2006	24	SSR 115	(AT) ₁₆	Kwon et al. 2009
5	SSR22	(AT) ₁₁	Kwon et al. 2006	25	SSR 117	(TC) ₁₁	unpublished data
6	SSR26	(CGG) ₇	Kwon et al. 2006	26	SSR 119	(TA) ₂₁	unpublished data
7	SSR28	(CT) ₁₃	Kwon et al. 2006	27	SSR 214	(CTT) ₇	Kwon et al. 2009

8	SSR32	(TTC) ₇	Kwon et al. 2006	28	SSR 231	(TA) ₁₀	unpublished data
9	SSR47	(AT) ₁₄	Kwon et al. 2006	29	SSR 248	(TA) ₂₁	Kwon et al. 2009
10	SSR50	(TC) ₆ (CTTC) ₂	Kwon et al. 2006	30	SSR 253	(AT) ₃₉	Kwon et al. 2009
11	SSR63	(AT) ₃₉	Kwon et al. 2006	31	SSR 255	(AT) ₁₂ (TCT) ₁₀ (CT) ₁₈	Kwon et al. 2009
12	SSR65	(AG) ₅ (TG) ₇	Kwon et al. 2006	32	SSR 268	(TGTA) ₅ (TA) ₂₀	Kwon et al. 2009
13	SSR76	(CGG) ₇	Kwon et al. 2006	33	SSR 288	(TGA) ₇	Kwon et al. 2009
14	SSR86	(AG) ₁₀	Kwon et al. 2006	34	SSR 310	(TGA) ₉	Kwon et al. 2009
15	SSR92	(CT) ₁₁	Kwon et al. 2006	35	SSR 326	(AG) ₁₀	Kwon et al. 2009
16	SSR94	(AT) ₁₁	Kwon et al. 2006	36	SSR 331	(CGG) ₇	Kwon et al. 2009
17	LEE8	(TA) ₅	Kwon et al. 2006	37	SSR 341	(TC) ₁₁	Kwon et al. 2009
18	TOM166	(CA) ₁₁ (CT) ₈	Kwon et al. 2006	38	SSR 450	(AAT) ₇	Kwon et al. 2009
19	SSR 99	(AG) ₁₆ (AT) ₅	Kwon et al. 2006	39	SSR 602	(AAG) ₆	Kwon et al. 2009
20	SSR 104	(AT) ₁₁	unpublished data	40	TOSSR672	(AT) ₉	unpublished data

PCR 반응은 토마토 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 토마토 59품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기 영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 '1', 없으면 '0'으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

토마토 품종식별에 효과적인 마커를 선별하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 18개(Kwon et al. 2006), 16개 마커(Kwon et al. 2009), 6개 마커(unpublished data) 총 40개 마커(Table 2)를 이용하여 59개 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선별한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 40개 마커로부터 ‘SSR9’ 등 34개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였고 이를 이용하여 토마토 59품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 34 SSR markers selected for database construction of tomato varieties.

No.	SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	labelling
1	SSR09	(ATA) ₁₀	55	169-175	2	0.496	VIC
2	SSR13	(AAG) ₆	55	96-100	2	0.480	NED
3	SSR19	(AT) ₁₆	55	177-199	4	0.652	FAM
4	SSR20	(GAA) ₈	55	152-157	2	0.448	PET
5	SSR22	(AT) ₁₁	55	211-218	2	0.344	VIC
6	SSR26	(CGG) ₇	55	172-178	2	0.486	NED
7	SSR32	(TTC) ₇	55	175-186	4	0.521	PET
8	SSR47	(AT) ₁₄	55	174-202	6	0.612	VIC
9	SSR50	(TC) ₆ (CTTC) ₂	55	207-214	2	0.500	NED
10	SSR65	(AG) ₅ (TG) ₇	55	238-241	2	0.498	PET
11	SSR76	(CGG) ₇	55	196-199	2	0.342	VIC
12	SSR86	(AG) ₁₀	55	202-210	4	0.657	NED
13	SSR92	(CT) ₁₁	55	163-173	4	0.661	FAM
14	SSR94	(AT) ₁₁	55	188-192	2	0.419	PET
15	LEE8	(TA) ₅	55	182-196	3	0.612	NED
16	TOM166	(CA) ₁₁ (CT) ₈	55	202-211	3	0.482	NED
17	SSR99	(AG) ₁₆ (AT) ₅	55	175-180	3	0.508	FAM
18	SSR104	(AT) ₁₁	55	254-258	2	0.416	PET
19	SSR110	(AT) ₁₀	55	143-170	3	0.459	VIC
20	SSR111	(TC) ₆ (TCTG) ₆	55	182-191	3	0.630	NED
21	SSR115	(AT) ₁₆	55	195-216	5	0.548	PET
22	SSR117	(TC) ₁₁	55	241-245	2	0.499	VIC
23	SSR214	(CTT) ₇	55	222-225	2	0.494	FAM
24	SSR231	(TA) ₁₀	55	168-170	2	0.378	PET
25	SSR248	(TA) ₂₁	55	244-253	3	0.491	VIC
26	SSR255	(AT) ₁₂ (TCT) ₁₀ (CT) ₁₈	55	240-280	9	0.742	FAM
27	SSR288	(TGA) ₇	55	272-278	3	0.578	VIC
28	SSR310	(TGA) ₉	55	136-146	3	0.512	NED
29	SSR326	(AG) ₁₀	55	296-300	3	0.299	FAM
30	SSR331	(CGG) ₇	55	175-180	2	0.489	PET
31	SSR341	(TC) ₁₁	55	289-293	2	0.499	VIC
32	SSR450	(AAT) ₇	55	246-281	4	0.676	NED
33	SSR602	(AAG) ₆	55	288-297	4	0.562	FAM
34	TOSSR672	(AT) ₉	55	203-207	2	0.483	PET
Total					103		
Mean					3.0	0.514	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~9개 였고, 총 103개의 대립유전자가 분석

되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 3.0개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.299에서 0.742까지 나타났으며, 평균값은 0.514로 분석되었다.

34개 SSR 마커를 이용하여 토마토 59품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 1). 공시품종의 유사도 지수는 0.29-1.00의 범위로 나타났으며, 59품종 중 2품종(‘도태랑마스터’, ‘홍광’)을 제외한 57품종이 34개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 향후 제4협동과제와 중복되는 품종에 대한 표현형 결과를 참조하여 분자표지와 형태적 특성의 상관관계를 분석해야 할 것으로 사료된다. 앞으로 본 DB에 품종수를 추가하고, 품종식별을 위한 핵심마커를 선별함으로써 4협동과제와 교차분석을 통해 표준화된 토마토 데이터베이스를 구축할 예정이다.

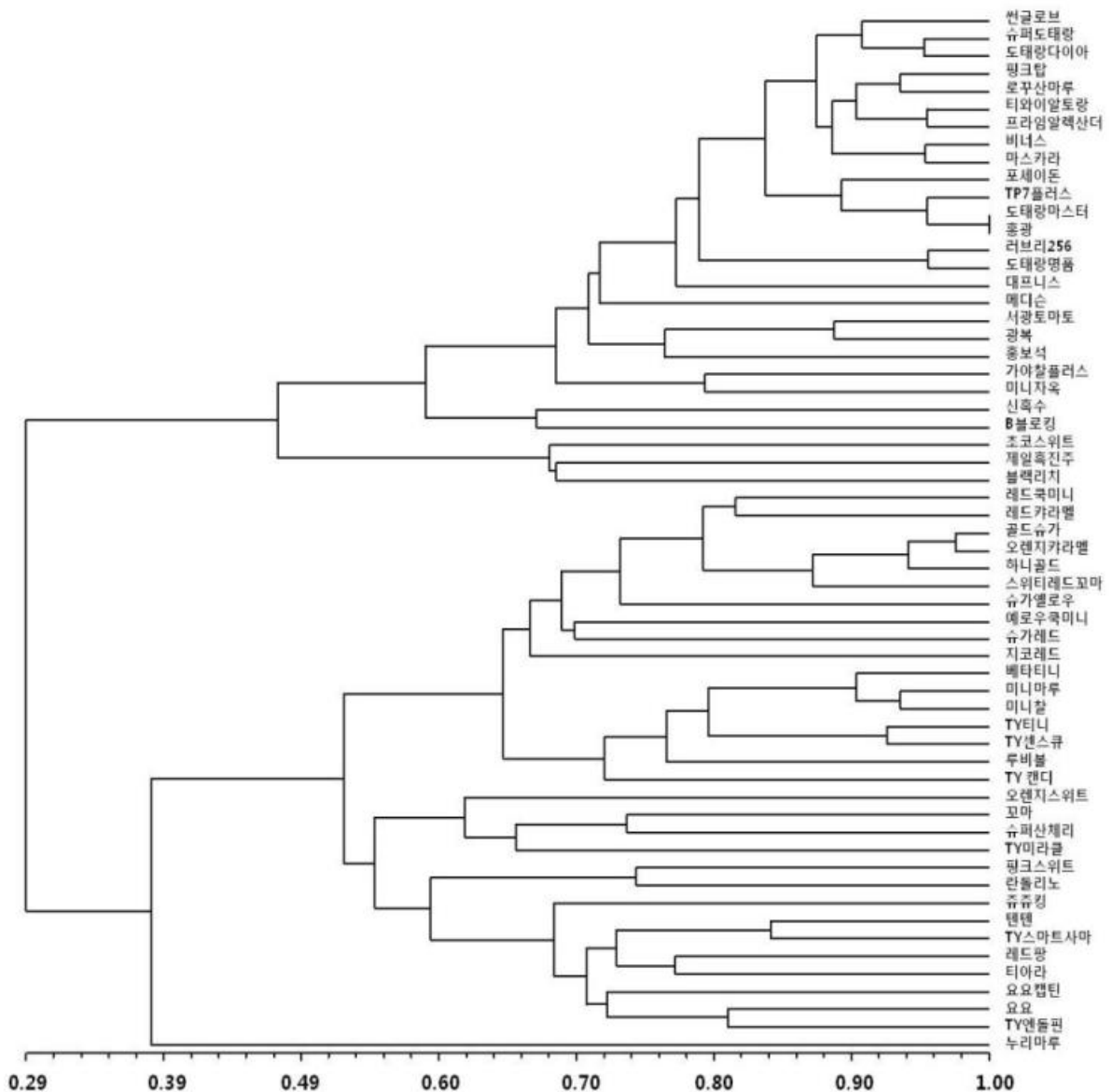


Fig. 1. Dendrogram of 59 tomato varieties and lines using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

토마토(*Solanum lycopersicum*)는 2013년 재배면적이 6,054ha이고 생산량이 388,624톤에 달하며 (농림축산식품 통계연보 2014), 2015년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 46품종, 재배심사 중인 품종이 20품종이고, 생산수입판매 신고 건수가 1,024건으로 채소작물 중 고추, 무 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://seed.go.kr>). 국내 토마토 품종식별 연구는 Kwon 등 (2006)이 18개 마커를 이용하여 28품종에 대한 품종식별 연구를 수행하였으나 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 어려움이 있었다. 또한 Kwon 등(2009)이 33개 SSR 마커를 이용하여 유통품종 63품종을 대상으로 HAD-GT12TM Genetic Analyzer System(eGENE)를 이용하여 유연관계 분석을 수행한 바 있다. 하지만 eGENE 분석법도 대립유전자 크기를 정확히 산출하기가 어려워 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 보다 더 정밀한 기저재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 토마토의 국가표준 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 구축된 토마토 DNA 데이터베이스에 제4협동과제로부터 추가 분양받은 토마토 품종과 국립종자원에서 재배심사 중인 품종을 추가적으로 수집하였고, 제4협동과제로부터 제공받은 분자표지와 2차 년도에 신규 선발한 분자표지 중 DB 구축에 적합한 분자표지를 선정하여 토마토 작물의 품종별 DNA Profile 데이터베이스 구축 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

토마토 유통종자에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도 공시품종 59품종에 4협동과제로부터 10품종, 국립종자원에서 재배심사 중인 5품종의 종자를 수집하여 토마토 74품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial tomato varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	영문명	회사명	출원, 등록 및 신고구분	비고
1	썬글로브	Sunglobe	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
2	핑크탑	Pinktop	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
3	서광토마토	Seguang	동부팜농	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
4	포세이돈	Poseidon	동부팜농	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
5	레드룩미니	Redcookmini	동원농산	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
6	비너스	Venus	동원농산	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
7	옐로우룩미니	Yellocookmini	동원농산	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
8	오렌지스위트	Orangesweet	동원농산	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
9	초코스위트	Chocosweet	동원농산	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종

10	핑크스위트	Pinksweet	동원농산	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
11	골드슈가	Goldsugar	부농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
12	쥬쥬킹	Jyujyuking	부농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
13	하니골드	Hanigold	부농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
14	로꾸산마루	Rokusanmaru	사카타코리아	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
15	가야찰플러스	Gayachalplus	신젠타	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
16	TP-7플러스	TP7plus	신젠타	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
17	광복토마토	Goangbok	아람종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
18	꼬마토마토	Kkoma	아람종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
19	누리마루	Nurimaru	아시아종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
20	러브리256	Lovely256	아시아종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
21	슈가레드	Sugarred	아시아종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
22	슈가옐로우	Sugaryellow	아시아종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
23	신흑수	Shinheuksu	아시아종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
24	도태랑명품	Dotaerangmyeongpum	제일종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
25	미니자옥	Minijaok	제일종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
26	슈퍼산체리	Supersuncherry	제일종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
27	홍보석	Hongboseok	제일종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
28	흑진주토마토	heukjinju	제일종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
29	블랙리치	Blackrich	진홍종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
30	스위티레드꼬마	Swwetyredggoma	진홍종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
31	슈퍼도태랑	Superdotaerang	코레곤	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
32	텐텐	Tenten	코레곤	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
33	베타티니	Betatniy	피피에스	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
34	레드카라멜	Redcaramel	한결씨드앤틱	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
35	오렌지카라멜	Orangecaramel	한결씨드앤틱	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
36	도태랑마스터	Dotaerangmaster	한국다끼이	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
37	홍광	Hongguang	현대종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
38	도태랑다이아	Dotaerangdia	한국다끼이	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
39	요요캡틴	Yoyocaptain	고농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
40	B블로킹	Bblocking	코레곤	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
41	요요	Yoyo	고농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
42	TY엔돌핀	TY endorphan	부농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
43	TY티니	TY tinny	피피에스	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
44	지코레드	Jicored	가나종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
45	TY미라클	TY miracle	스카이종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
46	TY스마트사마	TY smartsama	한국다끼이	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
47	TY센스큐	TY senseQ	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
48	메디슨	Madison	신젠타코리아	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
49	레드팡	Redpang	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
50	루비볼	Rubyball	NH종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종

51	미니마루	Minimaru	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
52	티와이알토랑	TY altorang	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
53	마스카라	Masecala	부농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
54	TY캔디	TY Candy	부농종묘	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
55	프라임알렉산더	Primealexander	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
56	미니찰	Minichal	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
57	티아라	Tiara	농우바이오	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
58	대프니스	Dafnis	신젠타	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
59	란돌리노	Landolino	신젠타	생산수입판매신고	1, 2차년도공시품종
60	13T510	13T510	농우바이오	-	2차년도공시품종
61	베타티니	Beta Tniy	피피에스	생산수입판매신고	2차년도공시품종
62	신청강	Shincheonggang	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
63	청강	Cheonggang	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
64	라피토	Rafito	동부팜한농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
65	스틱스티와이	Styx TY	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
66	박커스	Bacchus	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
67	에스브이0244TG	SV0244TG	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
68	유니콘	Unicorn	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
69	에스브이0339TG	SV0339TG	몬산토코리아	생산수입판매신고	2차년도공시품종
70	티와이마라톤	TYMarathon	스카이종묘	출원	2차년도공시품종
71	파워가드	Power Guard	농진청	출원	2차년도공시품종
72	비스트롱	B-Strong	농진청	출원	2차년도공시품종
73	지에스핑크	GS PINK	토마토생명과학연구소	출원	2차년도공시품종
74	알리1호	Alri lho	가나종묘	대조	2차년도공시품종

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

토마토 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 18개(Kwon et al. 2006), 16개 마커(Kwon et al. 2009), 6개 마커(Kwon et al. unpublished data) 총 40개 마커(Table 2)를 이용하여 59개 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커 34개를 1차 년도에 선발하였다. 2차 년도에는 1차 년도에 선발된 마커의 재검증을 위하여 종자원 보유 40개 마커 및 4협동과제로부터 제공받은 SSR 마커 16개, 토마토 신규마커 추가 개발을 위하여 Tomato 게놈 데이터베이스(<http://www.kazusa.or.jp/tomato/>)에서 탐색한 50개 마커 총 106개 마커를 이용하여 ‘썬글로브(농우바이오)’, ‘핑크탑(농우바이오)’, ‘서광 토마토(동부팜한농)’, ‘포세이돈(동부팜한농)’, ‘레드쿠키(동원농산)’, ‘비너스(동원농산)’, ‘엘로우쿠키(동원농산)’, ‘오렌지스위트(동원농산)’ 총 8개 품종을 대상으로 마커 선발을 실시하였다.

Table 2. The 106 SSR markers used for selection of tomato SSR markers.

No.	Marker name	Reference	No.	Marker name	Reference
1	SSR9	Kwon et al. 2006	54	TOM196	unpublished data(Sim et al. selection)
2	SSR13	Kwon et al. 2006	55	TOM210	unpublished data(Sim et al. selection)
3	SSR19	Kwon et al. 2006	56	U21085	unpublished data(Sim et al. selection)
4	SSR20	Kwon et al. 2006	57	TGS0001	Tomato DB
5	SSR22	Kwon et al. 2006	58	TGS0002	Tomato DB
6	SSR26	Kwon et al. 2006	59	TGS0003	Tomato DB
7	SSR28	Kwon et al. 2006	60	TGS0004	Tomato DB
8	SSR32	Kwon et al. 2006	61	TGS0005	Tomato DB
9	SSR47	Kwon et al. 2006	62	TGS0006	Tomato DB
10	SSR50	Kwon et al. 2006	63	TGS0007	Tomato DB
11	SSR63	Kwon et al. 2006	64	TGS0008	Tomato DB
12	SSR65	Kwon et al. 2006	65	TGS0009	Tomato DB
13	SSR76	Kwon et al. 2006	66	TGS0010	Tomato DB
14	SSR86	Kwon et al. 2006	67	TGS0011	Tomato DB
15	SSR92	Kwon et al. 2006	68	TGS0012	Tomato DB
16	SSR94	Kwon et al. 2006	69	TGS0013	Tomato DB
17	LEE8	Kwon et al. 2006	70	TGS0014	Tomato DB
18	TOM166	Kwon et al. 2006	71	TGS0015	Tomato DB
19	SSR99	Kwon et al. 2006	72	TGS0016	Tomato DB
20	SSR104	unpublished data(Kwon et al. selection)	73	TGS0017	Tomato DB
21	SSR110	Kwon et al. 2009	74	TGS0018	Tomato DB
22	SSR111	Kwon et al. 2009	75	TGS0019	Tomato DB
23	SSR113	unpublished data(Kwon et al. selection)	76	TGS0020	Tomato DB
24	SSR115	Kwon et al. 2009	77	TGS0021	Tomato DB
25	SSR117	unpublished data(Kwon et al. selection)	78	TGS0022	Tomato DB
26	SSR119	unpublished data(Kwon et al. selection)	79	TGS0023	Tomato DB
27	SSR214	Kwon et al. 2009	80	TGS0024	Tomato DB
28	SSR231	unpublished data(Kwon et al. selection)	81	TGS0025	Tomato DB
29	SSR248	Kwon et al. 2009	82	TGS0026	Tomato DB
30	SSR253	Kwon et al. 2009	83	TGS0027	Tomato DB
31	SSR255	Kwon et al. 2009	84	TGS0028	Tomato DB
32	SSR268	Kwon et al. 2009	85	TGS0029	Tomato DB
33	SSR 288	Kwon et al. 2009	86	TGS0030	Tomato DB
34	SSR310	Kwon et al. 2009	87	TGS0031	Tomato DB
35	SSR326	Kwon et al. 2009	88	TGS0032	Tomato DB
36	SSR331	Kwon et al. 2009	89	TGS0033	Tomato DB
37	SSR341	Kwon et al. 2009	90	TGS0034	Tomato DB
38	SSR450	Kwon et al. 2009	91	TGS0035	Tomato DB
39	SSR602	Kwon et al. 2009	92	TGS0036	Tomato DB
40	TOSSR672	unpublished data(Kwon et al. selection)	93	TGS0037	Tomato DB
41	SSR15	unpublished data(Sim et al. selection)	94	TGS0038	Tomato DB
42	SSR289	unpublished data(Sim et al. selection)	95	TGS0039	Tomato DB
43	TES27	unpublished data(Sim et al. selection)	96	TGS0040	Tomato DB
44	TES36	unpublished data(Sim et al. selection)	97	TGS0041	Tomato DB
45	TES716	unpublished data(Sim et al. selection)	98	TGS0042	Tomato DB
46	TES787	unpublished data(Sim et al. selection)	99	TGS0043	Tomato DB
47	TES876	unpublished data(Sim et al. selection)	100	TGS0044	Tomato DB
48	TES1288	unpublished data(Sim et al. selection)	101	TGS0045	Tomato DB
49	TES1889	unpublished data(Sim et al. selection)	102	TGS0046	Tomato DB
50	TES1971	unpublished data(Sim et al. selection)	103	TGS0047	Tomato DB
51	TGS1372	unpublished data(Sim et al. selection)	104	TGS0048	Tomato DB
52	TGS1988	unpublished data(Sim et al. selection)	105	TGS0049	Tomato DB
53	TOM144	unpublished data(Sim et al. selection)	106	TGS0050	Tomato DB

PCR 반응은 토마토 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 토마토 59품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 겔에서 전기 영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10ul와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25ul를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

토마토 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 18개(Kwon et al. 2006), 16개 마커(Kwon et al. 2009), 6개 마커(Kwon et al. unpublished data) 총 40개 마커, 4협동과제로부터 선발된 16개 마커(Sim et al. unpublished data) 및 토마토 게놈데이터베이스(<http://www.kazusa.or.jp/tomato/>)에 공개된 50개 마커 총 106개 마커(Table 3)를 이용하여 74개 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다. 토마토 게놈데이터베이스에 공개된 50개 마커로부터 TGS0014마커가 ‘썬글로브’ 등 8개 공시품종에서 다형성을 나타내었다.

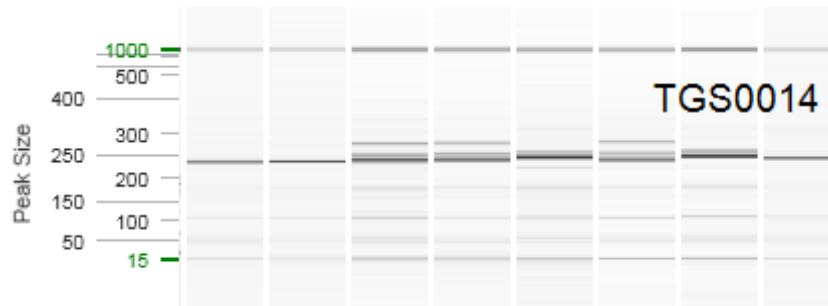


Fig. 1. Polymorphism of 1 SSR markers, TGS0014. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: Sunglobe, 2: Pinktop, 3: Seguang, 4: Poseidon, 5: Redcookmini, 6: Venus, 7: Yellocookmini, 8: Orangesweet.

대립유전자 분석의 용이성과 밴드 패턴, 결과의 반복성 및 재현성 등을 고려하여 106개 마커로부터 ‘SSR9’ 등 31개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소 마커로 선정하였고 이를 이용하여 토마토 74품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다 (Table 4).

Table 4. Characteristics of 31 SSR markers selected for database construction of tomato varieties.

No.	SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of alleles	PIC	Primer labeling
1	SSR9	(ATA)10	55	169-175	3	0.590	VIC
2	SSR13	(AAG)6	55	95-100	3	0.465	NED
3	SSR20	(GAA)8	55	150-156	2	0.457	PET
4	SSR22	(AT)11	55	210-218	2	0.409	VIC
5	SSR26	(CGG)7	55	172-178	2	0.496	NED
6	SSR32	(TTC)7	55	175-186	4	0.559	PET
7	SSR50	(TC)6(CTTC)2	55	206-213	2	0.499	NED
8	SSR65	(AG)5(TG)7	55	237-241	2	0.485	PET
9	SSR92	(CT)11	55	163-173	4	0.656	FAM
10	SSR94	(AT)11	55	188-192	2	0.395	PET
11	LEE8	(TA)5	55	143-170	3	0.453	VIC
12	SSR110	(AT)10	55	182-196	2	0.333	VIC
13	SSR111	(TC)6(TCTG)6	55	202-211	3	0.495	NED
14	SSR113	(CCG)7	55	177-179	2	0.500	FAM
15	SSR117	(TC)11	55	241-245	2	0.489	VIC
16	SSR214	(CTT)7	55	222-225	2	0.481	FAM

17	SSR231	(TA)10	55	169-171	2	0.400	PET
18	SSR255	(AT)12(TCT)10(CT)18	55	239-279	5	0.740	FAM
19	SSR288	(TGA)7	55	272-277	3	0.576	VIC
20	SSR310	(TGA)9	55	136-146	3	0.512	NED
21	SSR326	(AG)10	55	296-300	2	0.245	FAM
22	SSR331	(CGG)7	55	175-180	2	0.495	PET
23	SSR341	(TC)11	55	289-293	2	0.489	VIC
24	SSR450	(AAT)7	55	257-280	4	0.554	NED
25	TOSSR672	(AT)9	55	203-207	2	0.484	PET
26	TES36 ^z		55	143-152	3	0.585	VIC
27	TES876 ^z		55	293-301	3	0.648	NED
28	TES1288 ^z		55	247-256	3	0.506	FAM
29	TGS1372 ^z		55	268-275	3	0.546	NED
30	U21085 ^z		55	98-121	4	0.554	FAM
31	TGS0014 ^y		55	237-245	3	0.650	PET
Total					84	15.746	
Mean					2.7	0.508	

^z: 4협동과제 선발 마커

^y: 2차년도 신규 선발 마커

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~5개 였고, 총 84개의 대립유전자가 분석되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 2.7개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.245에서 0.740까지 나타났으며, 평균값은 0.508로 분석되었다. 31개 마커 중 5개 마커는 4협동과제로부터 제공받은 마커이며, 5개 마커는 종자원과 세종대에서 함께 선발된 마커이므로 향후 품종식별에 효율적으로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

31개 SSR 마커를 이용하여 토마토 74품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 1). 공시품종의 유사도 지수는 0.29-1.00의 범위로 나타났으며 74품종 중 13품종(‘슈퍼도태랑’, ‘도태랑다이아’), (‘비너스’, ‘마스카라’), (‘TP-7플러스’, ‘홍광’), (‘흑진주토마토’, ‘알리1호’), (‘골드슈가’, ‘하니골드’, ‘오렌지카라멜’), (‘베타티니’, ‘미니찰’)을 제외한 61품종이 31개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 1차년도 결과에 비해 공시품종이 구분되지 않은 원인은 자동염기서열분석기로 분석 시 복잡한 피크 양상을 보이는 마커와 재현성과 반복성이 낮은 마커는 선발에서 제외하였기 때문인 것으로 판단된다. 향후 제4협동과제와 중복되는 품종에 대한 유전자형 분석 결과를 참조하여 분석기기에 따른 대립유전자 크기의 차이를 알아보고 4협동과제의 표현형 분석 결과를 참조하여 분자표지와 형태적 특성의 상관관계를 비교 분석해야 할 것으로 사료된다.

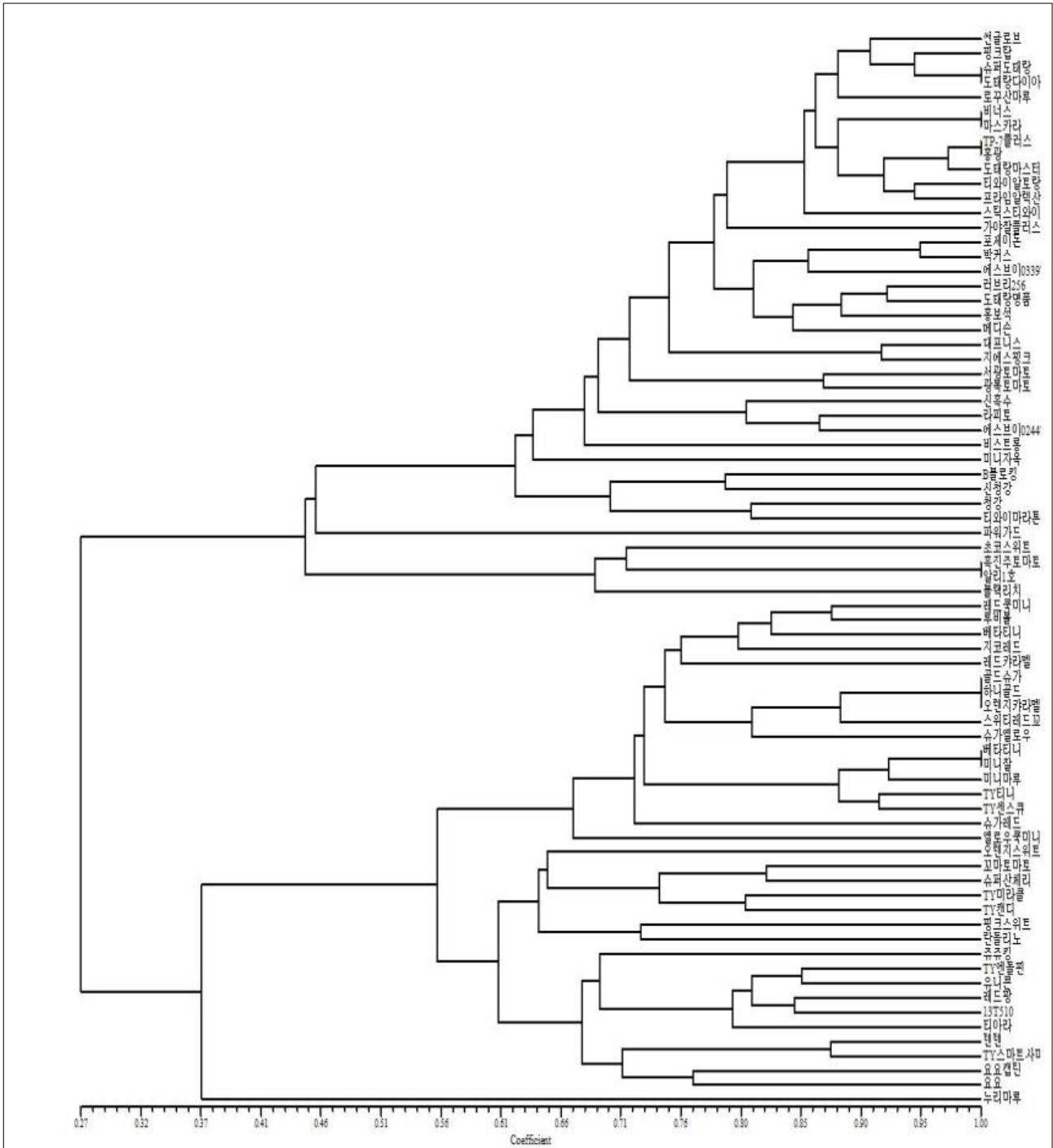


Fig. 2. Dendrogram of 74 tomato varieties and lines using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

6. SSR 마커를 이용한 무 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

무(*Raphanus sativus* L.)는 2012년 재배면적이 16,090ha이고 생산량이 844,732톤에 달하며 (농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 74품종, 재배심

사 중인 품종이 36품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 1,535품종으로 채소작물 중 고추 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(http://seed.go.kr). 국내 무 품종식별 연구는 Kwon 등(2003)이 AFLP 마커를 이용하여 유통품종 45품종을 식별할 수 있는 방법을 개발한 이후, SSR 마커를 이용하여 무 44 계통에 대한 식별 연구를 수행한 바 있다(Park et al., 2013). Kwon 등(2003)에 의해 개발된 품종식별 체계는 다형성 정도는 높으나 반복 재현성과 같은 문제점이 제기되어 UPOV에서도 AFLP 분석법의 활용을 권고하지 않고 있다. Park 등(2013)에 의해 개발된 품종식별 방법은 계놈내 특정 염기서열을 기반으로 한 SSR 분석법을 활용하였으나, PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 표준화된 데이터베이스 구축이 어려울 것으로 사료되었다. 최근 Kwon 등(2014)은 27개의 SSR 마커를 이용하여 78개의 유통품종을 식별할 수 있는 DNA profile 데이터베이스를 구축하였고 144품종을 대상으로 한 DB 구축 결과를 보고한바 있다(Bae et al., 2015). 본 연구에서는 무의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 최근에 품종보호 출원 및 등록된 품종, 생산수입판매신고품종을 수집하여 기존에 사용된 중자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 신규의 프라이머로 부터 무 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선별함으로써 무 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국립종자원에 품종보호 출원된 무 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 23품종의 중자를 출고하여 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 23품종 중 보호 등록된 품종은 8개, 출원되어 재배심사중인 품종은 15개이다. 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial radish varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	회사명	출원 및 등록 구분
1	파워흑광	Powerheukkwang	진홍종묘	품종보호출원
2	신소승	Sinsoseung	충원종묘	품종보호출원
3	신소고	Sinsogo	충원종묘	품종보호출원
4	대양1호	Daeyang No.1	세종대학교산학협력단	품종보호출원
5	누비라	Nubira	사카타코리아	품종보호출원
6	비엔삼팔일	BN381	코레곤	품종보호출원
7	스프링스타	Spring Star	코레곤	품종보호출원
8	와이알신칭장군	YR Sinchyongjanggun	코레곤	품종보호출원
9	진홍와이알명품	Jinhungyrmypoom	진홍종묘	품종보호출원
10	어깨동	Eokkaedong	신젠타	품종보호출원
11	동풍열	Dongpoongyeol	진홍종묘	품종보호출원
12	에이치씨-4	HC-4	충원종묘	품종보호출원
13	지알-26	GR-26	충원종묘	품종보호출원
14	새푸른봄	Saepureunbom	동부팜한농	품종보호출원
15	삼박자	Sambakja	동부팜한농	품종보호출원

16	소승	Soseung	충원종묘	품종보호등록
17	장군	Janggun	사카타코리아	품종보호등록
18	봄미인	Bommiin	코레곤	품종보호등록
19	YR흑기사열	YR Heukgisayeol	농우바이오	품종보호등록
20	장원	Jangwon	신젠타	품종보호등록
21	에이치알엔666	HRN666	현대종묘	품종보호등록
22	슈퍼길조	Supergiljo	농우바이오	품종보호등록
23	전무후무	Junmuhumu	코레곤	품종보호등록

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

무 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 27개(Kwon et al. 2012)(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 27 SSR markers used for selection of radish SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	No.	Marker name	Repeat motif
1	RS012	(GA) ₁₈	15	RS135	(CT) ₁₁
2	RS028	(GA) ₂₃	16	RS139	(CT) ₂₁
3	RS068	(CT) ₂₃	17	RS150	(GT) ₁₂
4	RS071	(GA) ₁₂ , (GA) ₁₀	18	RS163	(GT) ₁₅
5	RS086	(GA) ₁₉	19	RS177	(GT) ₁₂
6	RS107	(CT) ₁₅ , (CT) ₁₁	20	RS188	(CA) ₁₃
7	RS110	(GA) ₂₂	21	RS191	(CA) ₁₃
8	RS118	(CA) ₁₂	22	RS194	(CA) ₁₁
9	RS119	(GT) ₁₄	23	RS196	(GT) ₉
10	RS122	(GT) ₁₁	24	RS207	(GT) ₁₃
11	RS124	(CA) ₁₃	25	RS208	(CA) ₁₀
12	RS125	(GT) ₇	26	RS216	(CA) ₁₀
13	RS131	(CA) ₁₇ (GT) ₉	27	RS231	(CA) ₉
14	RS133	(CT) ₁₂ (GT) ₁₉			

무 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선발하기 위하여 22개(Park et al. 2013), 16개(Nakatsuji et al. 2011)의 프라이머(Table 3)를 이용하여, ‘한울대현봄무(동부팜한농)’, ‘평강김장(동부팜한농)’, ‘평강알타리무(동부팜한농)’, ‘산나리열무(동부팜한농)’, ‘슈퍼길조(농우바이오)’, ‘관동여름무(동부팜한농)’, ‘새각시열(코레곤)’, ‘봄미인(코레곤)’ 8품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다. PCR 반응은 무 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μM 의 SSR primer, 2 μl dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μl 의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μl로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C 에서 5분, denaturation은 94°C 에서 30초, annealing은 55°C 에서 30초, extension은 72°C 에서 45초, final-extension은 72°C 에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 무 23품종을 PCR 하

였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 38 SSR markers used for selection of radish new SSR markers.

No.	Marker name	Marker type	Repeat motif	No.	Marker name	Marker type	Repeat motif
1	RsSA012	Radish genomic SSR	(GA) ₂₃	20	cnu_m098	Chinese Cabbage genomic SSR	(AG) ₁₁
2	RsSA014	Radish genomic SSR	(GA) ₁₁	21	cnu_m220	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₁₄
3	RsSA020	Radish genomic SSR	(CT) ₁₇	22	cnu_m461	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₁₆
4	RsSA027	Radish genomic SSR	(GA) ₄₂	23	cnu_m176	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₂₂
5	RsSA033	Radish genomic SSR	(TC) ₂₆	24	cnu_m377	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₂₆
6	RsSA120	Radish genomic SSR	(GA) ₂₇	25	cnu_m040	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₂₇
7	RsSH001	Radish genomic SSR	(TC) ₆ (CA) ₇	26	cnu_m049	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₁₃
8	RsSH016	Radish genomic SSR	(CT) ₁₇ (GT) ₃ (CT) ₁₀	27	cnu_m207	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₁₆
9	RsSH048	Radish genomic SSR	(GT) ₁₁	28	cnu_m114	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₂₁
10	RsSH093	Radish genomic SSR	(GA) ₁₇	29	cnu_m471	Chinese Cabbage genomic SSR	(AT) ₂₄
11	RsSR025	Radish genomic SSR	(GA) ₂₀	30	cnu_m310	Chinese Cabbage genomic SSR	(ATA) ₁₄
12	RsSR040	Radish genomic SSR	(TC) ₁₄	31	cnu_m432	Chinese Cabbage genomic SSR	(CT) ₁₃
13	RsSR042	Radish genomic SSR	(AC) ₁₄	32	cnu_m139	Chinese Cabbage genomic SSR	(CT) ₁₇
14	RsHH016	Radish genomic SSR	(AG) ₂₄	33	cnu_m280	Chinese Cabbage genomic SSR	(CT) ₂₃
15	RsHH023	Radish genomic SSR	(TA) ₁₀ (TG) ₁₃	34	cnu_m415	Chinese Cabbage genomic SSR	(CT) ₂₈
16	RsHR026	Radish genomic SSR	(GA) ₁₃	35	cnu_m298	Chinese Cabbage genomic SSR	(CT) ₂₀
17	cnu_m598	Chinese Cabbage genomic SSR	(AG) ₁₂	36	cnu_m289	Chinese Cabbage genomic SSR	(CT) ₂₆
18	cnu_m316	Chinese Cabbage genomic SSR	(AG) ₁₅	37	cnu_m355	Chinese Cabbage genomic SSR	(TG) ₁₆
19	cnu_m568	Chinese Cabbage genomic SSR	(AG) ₃₅	38	cnu_m338	Chinese Cabbage genomic SSR	(TGC) ₇

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기존에 종자원에서 사용 중인 마커 27개(Kwon et al. 2014)(Table 2)를 이용하여 23품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 27개 마커로부터 16개 마커(Rs118, Rs119, Rs122, Rs124, Rs125, Rs131, Rs133, Rs135, Rs139, Rs150, Rs163, Rs177, Rs194, Rs196, Rs208, Rs231)를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 또한 무 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 22개(Park et al. 2013), 16개(Nakatsuji et al. 2011)의 프라이머 (Table 3)를 이용하여 ‘한올대현봄무’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 9개 (RsSA012, RsSA020, RsSA027, RsSA033, RsSH016, RsSH093, RsSR025, cnu_m280, cnu_m415)를 1차 선발하였고, 9개 마커중 반복 실험간 뚜렷한 재현성을 보이는 5개 마커 RsSA012, RsSA020, RsSA033, RsSH016, RsSR025를 DB 구축용 마커로 최종 선발하였다(Fig. 1).

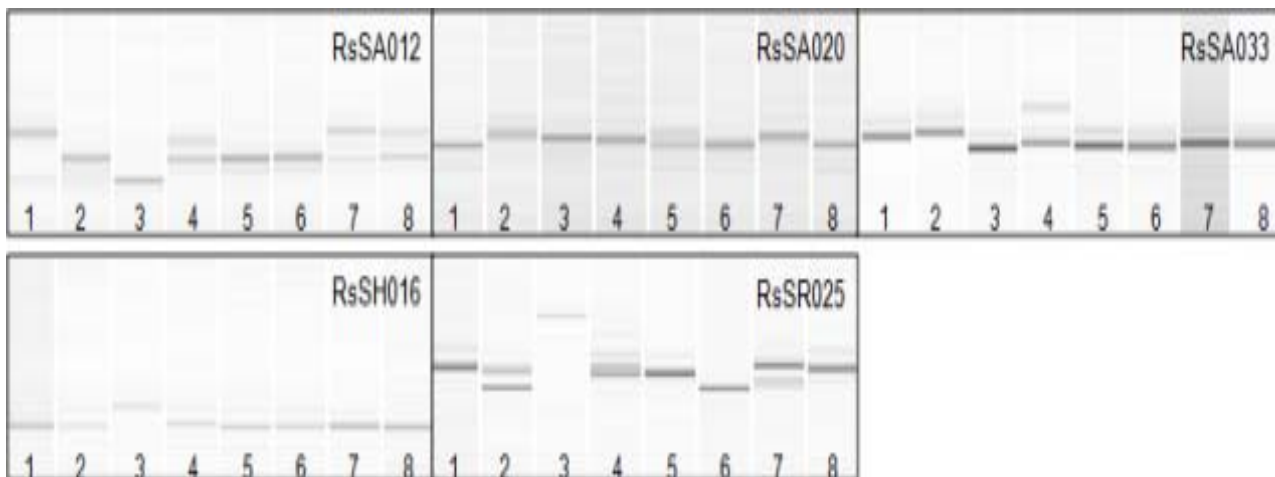


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, RsSA012, RsSA020, RsSA033, RsSH016, RsSR025. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: Hanoldaehyeongbommu, 2: Pyeonggangkingangmu, 3: Pyeonggangaltarimu, 4: Sannariyeolmu, 5: Supergiljo, 6: Guandongyeorummu, 7: Saegaksiyeol, 8: Bommiin.

따라서 기존 마커로부터 재선발된 16개 마커와 신규로 선발된 5개 마커 총 21개 마커를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 무 품종보호 출원 및 등록품종 23품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 21 SSR markers selected for database construction of radish varieties.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product (bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
RsSA012	(GA) ₂₃	55	153-227	4	0.685	VIC
RsSA020	(CT) ₁₇	55	200-225	5	0.740	NED
RsSA033	(TC) ₂₆	55	223-238	8	0.815	PET
RsSH016	(CT) ₁₇ (GT) ₃ (CT) ₁₀	55	129-161	4	0.670	VIC
RsSR025	(GA) ₂₀	55	198-253	8	0.816	FAM
RS118	(CA) ₁₂	55	148-167	4	0.676	FAM
RS119	(GT) ₁₄	55	182-193	4	0.699	VIC
RS122	(GT) ₁₁	55	270-275	2	0.500	NED
RS124	(CA) ₁₃	55	180-194	6	0.705	FAM
RS125	(GT) ₇	55	275-282	3	0.516	VIC
RS131	(CA) ₁₇ (GT) ₉	55	278-289	4	0.639	NED
RS133	(CT) ₁₂ (GT) ₁₉	55	281-297	4	0.601	PET
RS135	(CT) ₁₁	55	161-200	3	0.543	FAM
RS139	(CT) ₂₁	55	162-201	4	0.525	VIC
RS150	(GT) ₁₂	55	160-171	2	0.484	NED
RS163	(GT) ₁₅	55	286-304	4	0.612	PET
RS177	(GT) ₁₂	55	186-200	4	0.716	FAM
RS194	(CA) ₁₁	55	182-196	6	0.705	PET
RS196	(GT) ₉	55	156-195	8	0.857	FAM
RS208	(CA) ₁₀	55	198-212	3	0.611	PET
RS231	(CA) ₉	55	118-134	3	0.529	VIC
Total				93		
Mean				4.4	0.650	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~8개 였고, 총 93개의 대립유전자가 분석되었 으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 4.4개로 나타났 다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도 를 나타내주는 PIC 값은 0.484에서 0.857까지 나타났 으며, 평균값은 0.65로 분석되었 다. 이는 27개의 SSR 마커를 이용하여 78품종을 분석한 선행연구(Kwon et al. 2014)의 PIC값 0.731보 다는 낮았다. 이유는 본 연구에 사용된 무 품종의 유전적 다양성이 상대적으로 낮고, 기존의 마커로부터 마커를 선발 시에 다형성이 높아도 밴드 점수화가 어려운 마커를 선발하지 않았 기 때문인 것으로 사료된다.

21개 SSR 마커를 이용하여 무 23품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.30-1.00의 범위로 나타났 으며, 2품종을 제외한 21 품종이 21개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났 다. SSR 분자표지로 식별되지 않은 품 종은 ‘와이알신청장군’ 과 ‘전무후무’ 이었다. 두 품종의 육성내역을 살펴보면 두 품종 모 두 A친에 관동여름, B친에 계룡봄무가 교배 시에 활용된 것으로 나타났 다. 현재 두 품종에 대한 형태적 특성조사가 현재 진행 중이며 표현형 결과를 참조하여 품종식별 마커의 추가 선발 등이 이루어져야 할 것으로 사료된다. 앞으로 제4협동과제에서 수행중인 국내 주요 유통 무의 형태적 특성검정 품종을 수집하여 본 DB에 품종을 추가할 예정이며 신규 마커 선발 등을 지속적으로 수행함으로써 4협동과제와 교차분석을 통해 표준화된 무 데이터베이스를 구축할 예정이다.

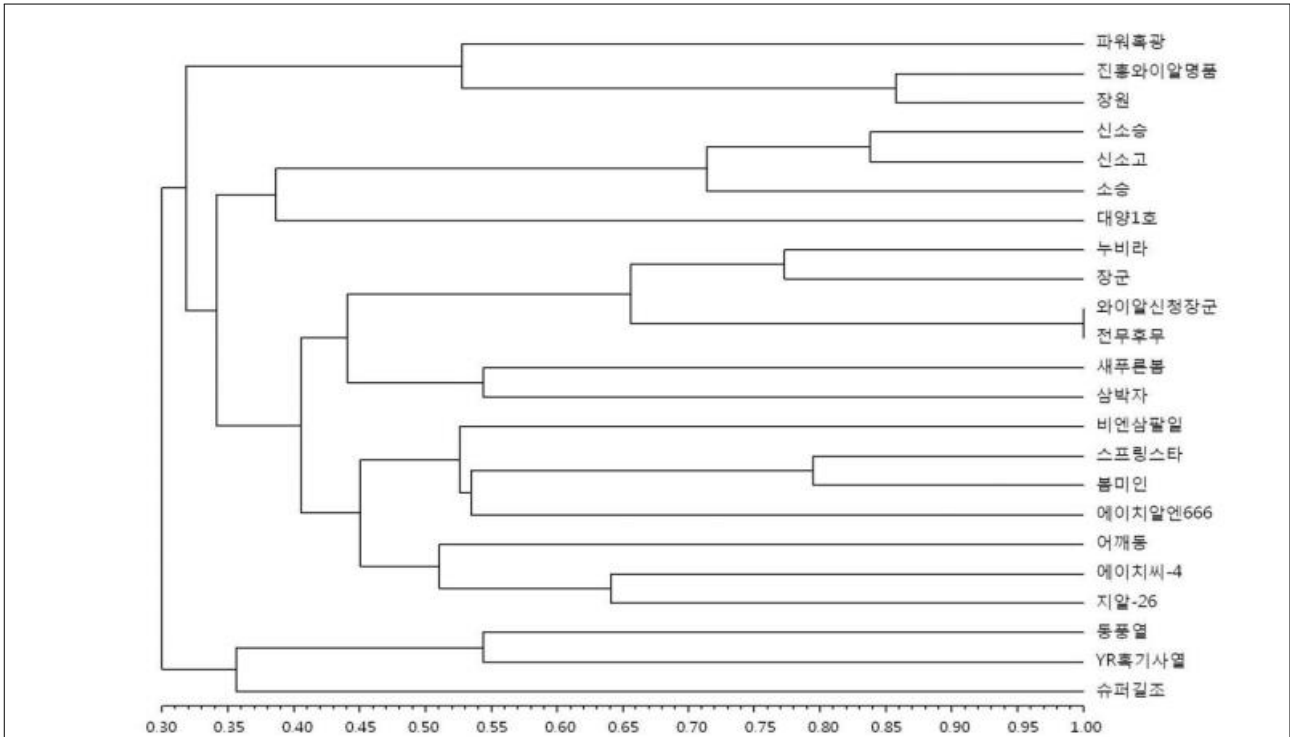


Fig. 2. Dendrogram of 23 radish varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

무(*Raphanus sativus* L.)는 2013년 재배면적이 23,264ha이고 생산량이 1,001,130톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2014), 2015년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 82품종, 재배 심사 중인 품종이 47품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 1,158품종으로 채소작물 중 고추 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://seed.go.kr>). 국내 무 품종식별 연구는 Kwon 등(2003)이 AFLP 마커를 이용하여 유통품종 45품종을 식별할 수 있는 방법을 개발한 이후, SSR 마커를 이용하여 무 44 계통에 대한 식별 연구를 수행한 바 있다(Park et al., 2013). Kwon 등(2003)에 의해 개발된 품종식별 체계는 다형성 정도는 높으나 반복 재현성과 같은 문제점이 제기되어 UPOV에서도 AFLP 분석법의 활용을 권고하지 않고 있다. Park 등(2013)에 의해 개발된 품종식별 방법은 계놈내 특정 염기서열을 기반으로 한 SSR 분석법을 활용하였으나 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 표준화된 데이터베이스 구축이 어려울 것으로 사료되었다. 최근 Kwon 등(2014)은 27개의 SSR 마커를 이용하여 78개의 유통품종을 식별할 수 있는 DNA profile 데이터베이스를 구축하였고 144품종을 대상으로 한 DB 구축 결과를 보고한바 있다(Bae et al., 2015). 본 연구에서는 무의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 2차년도에는 최근에 품종보호 출원 및 등록된 품종, 생산수입판매신고품종을 수집하고 4협동 과제로부터 선발된 분자표지를 제공받아 품종식별에 효율적인 마커를 선발함으로써 무 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국립종자원에 품종보호 출원된 무 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도 23품종과 2차 년도에 추가 수집된 167품종의 종자를 수집하여 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial radish varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

번호	품종명	영문 품종명	회사명	출원, 등록 및 신고 여부	비고
1	와이알세광열	YR Segwangyeol	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
2	아랑	Arang	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
3	애랑	Aerang	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
4	청경	Cheonggyeong	농업협동조합중앙회	생산수입판매신고	2차년도공시품종
5	신흥	Sinheung	농업협동조합중앙회	생산수입판매신고	2차년도공시품종
6	일반종	Ilbanjong	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
7	에이치디알151	HDR 151	현대종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
8	여름짱짱열	Yeoreumjjangjjangyeol	대림종묘사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
9	와이알최고열	YR Choegoyeol	대림종묘사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
10	대림맛조은열	DaelimMatjoeunyeol	대림종묘사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
11	참보라	Chambora	현대종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
12	서방님열	Seobangnimyeol	미래종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
13	강남청수	Gangnamcheongsu	대일바이오종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
14	대청수	Daecheongsu	대일바이오종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
15	삼복왕	Sambokwang	(주)담교인태서널	생산수입판매신고	2차년도공시품종
16	루비열	Rubyyeol	권농종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
17	선진열무	Sunjinyeolmu	선진종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
18	선진알타리	Sunjinaltari	선진종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
19	돌쇠열	Dolsoeiyel	그린하트바이오	생산수입판매신고	2차년도공시품종
20	제일보라	jeilbora	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
21	전통맛시래기	jeontongmatsiraegi	새한종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
22	해강알타리	Haegangaltari	현대종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
23	종갓집토종열	Jonggatjijtojongyeol	매일종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
24	순백옥	Sunbaekok	(주)다농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
25	감천	Gamcheon	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
26	관청플러스	Kwancheongplus	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
27	참사랑	Chamsarang	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
28	덴디	Dandy	희망채영농조합법인	생산수입판매신고	2차년도공시품종
29	초심알타리	Chosimaltari	희망채영농조합법인	생산수입판매신고	2차년도공시품종
30	참연한시래기	Chamyeonhansiraegi	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
31	케이에스일품김장	KS ilpumgimjang	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
32	삼계플러스열	Samgyeplusyeol	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
33	달고나	Dalgona	권농종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
34	청일춘	Cheongilchun	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
35	기대	Gidae	희망채영농조합법인	생산수입판매신고	2차년도공시품종
36	보라퀸	Boraqueen	희망채영농조합법인	생산수입판매신고	2차년도공시품종
37	동동	Dongdong	희망채영농조합법인	생산수입판매신고	2차년도공시품종
38	속청	Sokcheong	성우종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
39	대금	Daegeum	농원종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
40	맛궁	Matgung	농원종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
41	귀동	Gwidong	농원종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종

42	강자무적	Gangjamujeok	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
43	통일김장	Tongilgimjang	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
44	소원	Sowon	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
45	늘조은	Neuljoeon	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
46	부농청경플러스	Bunongcheonggyeong Plus	부농종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
47	썩트네아리찬	Ssaktuene Arichan	(주)신성미네랄	생산수입판매신고	2차년도공시품종
48	백담	Baekdam	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
49	은산	Eunsan	(주)씨드원	생산수입판매신고	2차년도공시품종
50	레드선	Red Sun	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
51	봄봄	Bombom	(주)씨드원	생산수입판매신고	2차년도공시품종
52	농우오사리	Nongwoosari	(주)농우바이오	생산수입판매신고	2차년도공시품종
53	명가초롱1호	Myeonggachorong Iho	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
54	제일맛동	Jeil matdong	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
55	청이슬	Cheongiseul	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
56	백천	Baekcheon	(주)제농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
57	홍반장	Hongbanjang	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
58	청수궁중무	Cheongsugungjung	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
59	참짱짱한열	Chamjjangjjanghanyeol	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
60	와이알하계	YRHagye	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
61	와이알최강플러스열	YR Choigangplusyeol	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
62	춘추장백조생	Chunchujangbaekjos aeng	(주)다농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
63	탐라맛동	Tamnamatdong	(주)다농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
64	청한다발	Cheonghandabal	(주)다농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
65	진황	Jinhwang	(주)제농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
66	싱싱월동	Singsingweoldong	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
67	아람초동	Aramchodong	아람원예종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
68	대주월동	Daejuwoldong	한농바이오산업(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
69	탑동	Topdong	신철타코리아(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
70	야무진	Yamujin	(주)제농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
71	우리봄	Uribom	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
72	케이에스남도맛	KS Namdomat	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
73	내동	Naedong	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
74	레드케이	Red K	케이씨아그로	생산수입판매신고	2차년도공시품종
75	제일빨간열	Jeil Ppalganyeol	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
76	제일소형보라	Jeil Sohyeongbora	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
77	태백산맥	Taebaeksanmaek	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
78	삼강알타리	Samgangaltari	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
79	청강한	Cheongganghan	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
80	스타일봄	style Bom	(주)농우바이오	생산수입판매신고	2차년도공시품종
81	늘생봄	Neulsaeng	(주)농우바이오	생산수입판매신고	2차년도공시품종
82	와이알무적	YR Mujeok	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
83	와이알광풍열	YR Gwangpungyeol	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
84	청피홍심	Cheongpihongsim	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
85	아카마루-하츠카	Akamaru-Hatsuga	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
86	도평	Topyung	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
87	다농호남열	Danonghonamyel	(주)다농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
88	적환20일	Jeog Hwan 20 IL	농업협동조합중앙회	생산수입판매신고	2차년도공시품종
89	슈퍼홍빛플러스	Super Hongbitplus	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
90	새론봄알타리	Saeronbom Altary	(주)다농	생산수입판매신고	2차년도공시품종
91	조춘	Gochun	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종

92	와이알강타	YR Kangta	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
93	엄지열	Eomjiyeol	농원종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
94	평평한열	Pyeongpyeonghanny eol	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
95	형제알타리	Hyeongjealtari	동오시드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
96	관동청명	G w a n d o n g cheongmyeong	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
97	관동맛동	G w a n g d o n g matdong	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
98	여름맛동	Yeoreum matdong	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
99	해돋이봄	Headodibom	현대종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
100	사계절열	Sagyejeolyeol	미래종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
101	엔에스2012	NS2012	네오씨드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
102	엔에스3070	NS3070	네오씨드	생산수입판매신고	2차년도공시품종
103	맛진열	Matjinyul	세계종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
104	진향열	Jinhyangyeol	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
105	에이알디1502	ARD1502	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
106	지에스미노화이트	GS Mino White	(주)코레콘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
107	트로피카나	Tropicana	(주)코레콘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
108	청북플러스	Cheongbok Plus	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도공시품종
109	권농레드킹	Kwonnong Redking	권농종묘	생산수입판매신고	2차년도공시품종
110	황등이	Hwangdungi	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
111	흰등이	Hindungi	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도공시품종
112	에이알제이2102	ARJ2102	뉴란바이오	생산수입판매신고	2차년도공시품종
113	동풍열	Dongpoongyeol	진흥종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
114	지알-26	GR-26	충원종묘	품종보호등록	2차년도공시품종
115	에이치씨-4	HC-4	충원종묘	품종보호등록	2차년도공시품종
116	새푸른봄부	홍농씨앗	품종보호등록	1, 2차년도공시품종	
117	삼박자무	Sambakja	홍농씨앗	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
118	어깨동	Eokkaedong	신젠타코리아	품종보호등록	2차년도공시품종
119	이엑스미노	Ex Mino	코레콘	품종보호등록	2차년도공시품종
120	현대미인	hyundaimiin	현대종묘(주)	품종보호등록	2차년도공시품종
121	조생맛동	Josaengmatdong	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
122	원교10035호	Wonkyo10035	농촌진흥청	품종보호등록	2차년도공시품종
123	올봄알타리	Olbom altari	농업협동조합중앙회	품종보호등록	2차년도공시품종
124	강동	Gangdong	농업협동조합중앙회	품종보호등록	2차년도공시품종
125	대복봄	Daebokbom	충원종묘	품종보호등록	2차년도공시품종
126	트로피아이보리	Tropic Ivory	바이오통	품종보호등록	2차년도공시품종
127	신세계	Shinsegye	사카타코리아(주)	품종보호등록	2차년도공시품종
128	전무후무	Junmuhumu	(주)코레콘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
129	봄미인	Bommiin	(주)코레콘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
130	와이알오래	YR Ore	(주)코레콘	품종보호등록	2차년도공시품종
131	금봉	Geumbong	권농종묘	품종보호등록	2차년도공시품종
132	소춘	Sochun	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
133	서광다발	Seogwangdabal	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
134	청대봄	Cheongdaebom	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
135	평정	Pyeongjeong	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
136	기찬	Gichan	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
137	여름달랑	Yeoreumdalrang	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
138	청치미	CHENGCHIMI	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
139	슈퍼길조	Supergiljo	(주)농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
140	삼복다발	Sambokdabal	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
141	대들보	Daedulbo	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종
142	만사형통	Mansahyeongtong	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도공시품종

143	멋진맛깔	Meotjinmatkkal	(주)농우바이오	품중보호등록	2차년도공시품종
144	초월	Chowol	피피에스	품중보호등록	2차년도공시품종
145	싱싱	Singsing	농협경제지주	품중보호등록	2차년도공시품종
146	강호골드	Ganghogoldeu	농협경제지주	품중보호등록	2차년도공시품종
147	탐스런	Tamsrun	몬산토코리아	품중보호등록	2차년도공시품종
148	청운플러스	Cheongwoonplus	몬산토코리아	품중보호등록	2차년도공시품종
149	장군	Janggun	사카타코리아(주)	품중보호등록	1, 2차년도공시품종
150	청해	Chunghae	사카타코리아(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
151	신기원	Shinkiwon	사카타코리아(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
152	흑단여름 II 열	Hukdanyeorum II yeol	사카타코리아(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
153	신만복열	Shinmanbokyeol	사카타코리아(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
154	만추대청	Manchudaecheong	삼성종묘주식회사	품중보호등록	2차년도공시품종
155	설중매	Seoljungmae	삼성종묘주식회사	품중보호등록	2차년도공시품종
156	태청	Taecheong	신젠타종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
157	장원	Jangwon	신젠타종묘(주)	품중보호등록	1, 2차년도공시품종
158	S50140	S50140	신젠타종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
159	R67	R67	신젠타종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
160	하우스마춤봄	Hauseumachumbom	신젠타코리아(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
161	가을일품	Gaeurilpum	중원종묘	품중보호등록	2차년도공시품종
162	설란일품	Seollanilpum	중원종묘	품중보호등록	2차년도공시품종
163	소고	Sogo	중원종묘	품중보호등록	2차년도공시품종
164	소승	Soseung	중원종묘	품중보호등록	1, 2차년도공시품종
165	흑광열	Heukkwangyeol	진흥종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
166	송광	Song Gwang	진흥종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
167	탐나고원	Tamnagowon	진흥종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
168	설원청자	Seolwon Cheongja	진흥종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
169	진광	Jingwang	현대종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
170	하중	Hajung	현대종묘(주)	품중보호등록	2차년도공시품종
171	에이치알엔666	HRN666	현대종묘(주)	품중보호등록	1, 2차년도공시품종
172	파워흑광	powerheukkwang	진흥종묘	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
173	신소승	Sinsoseung	충원종묘	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
174	신소고	Sinsogo	충원종묘	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
175	대양1호	DAEYANG No.1	세종대학교	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
176	누비라	Nubira	사카타코리아	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
177	비엔삼팔일	BN381	코레곤	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
178	스프링스타	Spring Star	코레곤	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
179	와이알신청장군	YR Sinchyongjanggun	코레곤	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
180	진흥와이알명품	Jinhungrymyungpoom	진흥종묘	품중보호출원	1, 2차년도공시품종
181	YR 흑기사열	YR Heukgisayeol	농우바이오	품중보호등록	1, 2차년도공시품종
182	YR 오래	YR Ore	코레곤	품중보호등록	2차년도공시품종
183	아이피미노	IP Mino	코레곤	품중보호등록	2차년도공시품종
184	상감	Sanggam	동부팜한농	품중보호등록	2차년도공시품종
185	3030에이	3030A	세종대학교	-	2차년도공시품종
186	청춘하	cheong chun ha	대일바이오종묘(주)	품중보호출원	2차년도공시품종
187	롤	Roll	장고은,배의봉	품중보호출원	2차년도공시품종
188	항근채	Hwanggeunchae	정영일	품중보호출원	2차년도공시품종
189	청아무	CHEONGA	세계	생산수입판매신고	2차년도공시품종
190	생그린	Saenggreen	농협종묘	품중보호등록	2차년도공시품종

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 재선발

1차 년도에 최종적으로 선발된 21개 마커와 4협동과제에서 선발되어 교차분석을 위해 제공된 29개 마커 총 50개 마커(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 재선발하였다. 그리고 1차년도 연구에서 선발되지 않는 마커의 효용성을 재확인

하기 위하여 기존에 보유한 27개 SSR 마커(Kwon et al. 2012)중 활용 가능성이 있는 마커를 재선발하였다.

Table 2. The 50 SSR markers used for selection of radish SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Reference	No.	Marker name	Repeat motif	Reference
1	RsSA012	(GA)23	KSVS selection	26	RSS1421	AG(mis2)	Sejong university selection
2	RsSA020	(CT)17	KSVS selection	27	RSS1674	AG	Sejong university selection
3	RsSA033	(TC)26	KSVS selection	28	RSS2505	AT(mis1)	Sejong university selection
4	RsSH016	(CT)17(GT)3(CT)10	KSVS selection	29	RSS2868	AAC	Sejong university selection
5	RsSR025	(GA)20	KSVS selection	30	RSS3091	AAG(mis2)	Sejong university selection
6	RS118	(CA)12	KSVS selection	31	RSS3362	ATC(mis2)	Sejong university selection
7	RS119	(GT)14	KSVS selection	32	RsSR042	(AC)14	Sejong university selection
8	RS122	(GT)11	KSVS selection	33	BRMS-005	GA	Sejong university selection
9	RS124	(CA)13	KSVS selection	34	Ra2-E11	CT	Sejong university selection
10	RS125	(GT)7	KSVS selection	35	RsISSR25	GCT	Sejong university selection
11	RS131	(CA)17(GT)9	KSVS selection	36	RsISSR72B	CT	Sejong university selection
12	RS133	(CT)12(GT)19	KSVS selection	37	RsISSR502	CA	Sejong university selection
13	RS135	(CT)11	KSVS selection	38	RsISSR2473	ACA	Sejong university selection
14	RS139	(CT)21	KSVS selection	39	RsISSR4293	CGT	Sejong university selection
15	RS150	(GT)12	KSVS selection	40	BN26A	GA	Sejong university selection
16	RS163	(GT)15	KSVS selection	41	RSS2138	AAAT(mis1)	Sejong university selection
17	RS177	(GT)12	KSVS selection	42	RSS0361	AG(mis1)	Sejong university selection
18	RS194	(CA)11	KSVS selection	43	RSS0727	AAG(mis2)	Sejong university selection
19	RS196	(GT)9	KSVS selection	44	RSS1127	AG	Sejong university selection
20	RS208	(CA)10	KSVS selection	45	RSS1870	ACG(mis2)	Sejong university selection
21	RS231	(CA)9	KSVS selection	46	BN35d	GA	Sejong university selection
22	RSS0033	AG	Sejong university selection	47	RsISSR239	TC	Sejong university selection
23	RSS0198	AG(mis1)	Sejong university	48	RsISSR3694	CT	Sejong university

24	RSS0692	AATC(mis2)	selection Sejong university	49	Rs1SSR7348	AG	selection Sejong university
25	RSS1018	AAG(mis2)	selection Sejong university	50	RSS0225	ATC(mis1)	selection Sejong university

4협동과제로부터 제공된 무 품종식별 마커의 다형성과 재현성 검정을 위하여 ‘와이알신 청장군(코레곤)’, ‘전무후무(코레곤)’, ‘파워흑광(진홍종묘)’, ‘누비라(사카타코리아)’, ‘진홍와이알명품(진홍종묘)’, ‘어깨동(신젠타)’, ‘YR 흑기사열(농우바이오)’, ‘슈퍼길조(농우바이오)’ 총 8품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다. PCR 반응은 무 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 무 202품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

제4협동과제로부터 제공된 마커 29개 마커(Table 2)를 이용하여 ‘와이알신청장군’ 등 8 품종에서 다형성을 나타내는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 29개 마커로부터 16개 마커(BN26A, RSS0225, RSS1127, RSS1870, RSS3362, BRMS-005, Rs1SSR3694, Rs1SSR7348, Ra2-E11, Rs1SSR25, Rs1SSR72B, Rs1SSR502, BN35d, Rs1SSR239, Rs1SSR2473, Rs1SSR4293)를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 마커로 선정하였다.

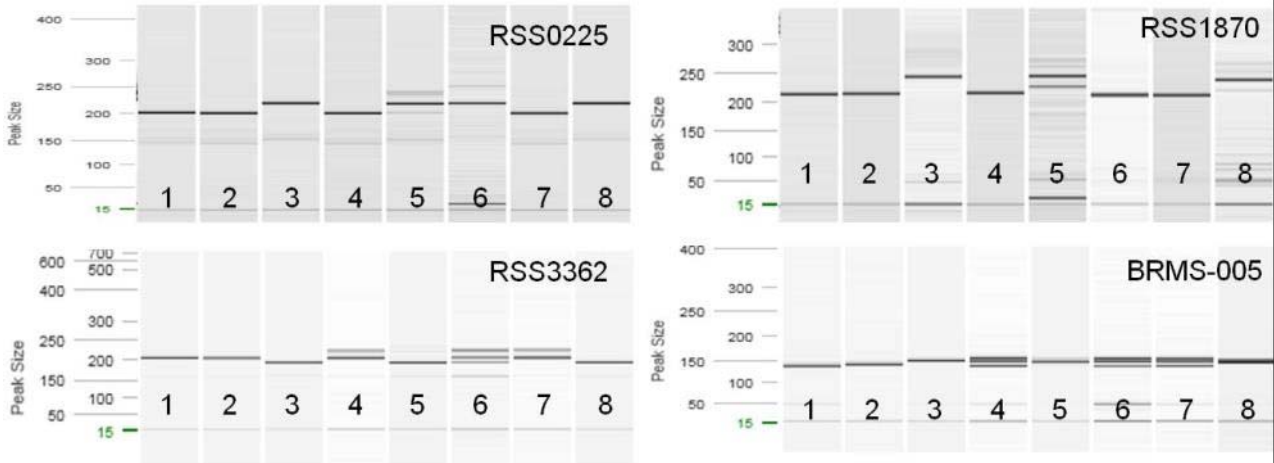


Fig. 1. Polymorphism of 4 SSR markers, RSS0225, RSS1870, RSS3362, BRMS-005. The PCR products were analyzed using a QIAXcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: YR Sinchyongjanggun , 2: Junmuhumu, 3: powerheukkwang, 4: Nubira, 5: Jinhungyrmypoom, 6: Eokkaedong, 7: YR Heukgisayeol, 8: Supergiljo.

따라서 1차 년도에 선발된 마커 21개(Table 2)와 1차 년도에 선발되지 않았던 마커 중 6개 마커(RS188, RS191, RS216, BRMS096-2, BRMS196, BRMS287), 4협동과제로부터 제공된 마커 중 다형성을 나타내는 16개 마커 총 43개를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 자동염기서열분석기를 이용하여 분석시 시료간 다형성, 피크 분석 용이성, PCR 증폭산물의 적정성(100~500bp) 등을 고려하여 29개 마커를 무 국가표준 DB 구축에 활용할 마커로 최종 선발하였다. 29개 마커를 이용하여 2차 년도에 수집된 공시품종 190품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 29 SSR markers selected for database construction of radish varieties.

No.	SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product (bp)	Number of allele	PIC	Prime labelling
1	RsSA020	(CT)17	55	192-225	8	0.797	NED
2	RsSH016	(CT)17(GT)3(CT)10	55	129-165	7	0.738	VIC
3	RsSR025	(GA)20	55	213-254	10	0.772	FAM

4	RS118	(CA)12	55	148-167	4	0.647	FAM
5	RS119	(GT)14	55	170-196	8	0.747	VIC
6	RS122	(GT)11	55	269-275	3	0.503	NED
7	RSS0225	(ATC)(mis1)	55	208-230	5	0.690	PET
8	RS124	(CA)13	55	180-209	10	0.798	FAM
9	RS125	(GT)7	55	270-283	6	0.564	VIC
10	RS131	(CA)17(GT)9	55	278-320	10	0.717	NED
11	RS135	(CT)11	55	161-200	3	0.571	FAM
12	RS139	(CT)21	55	163-204	10	0.648	VIC
13	RS150	(GT)12	55	150-171	3	0.660	NED
14	RS177	(GT)12	55	186-204	7	0.653	FAM
15	RS188	(CA)13	55	125-141	7	0.739	VIC
16	RS191	(CA)13	55	272-290	7	0.782	NED
17	RS194	(CA)11	55	182-211	9	0.795	PET
18	RS208	(CA)10	55	198-212	3	0.629	PET
19	RS216	(CA)10	55	124-141	9	0.814	FAM
20	RS231	(CA)9	55	118-134	2	0.493	VIC
21	BRMS096-2	-	55	124-126	2	0.500	PET
22	RSS1870	ACG(mis2)	55	213-242	7	0.719	FAM
23	BRMS196		55	294-309	3	0.523	VIC
24	BRMS287		55	196-212	7	0.658	NED
25	RSS3362	ATC(mis2)	55	180-206	5	0.666	VIC
26	BRMS-005	GA	55	132-161	8	0.695	NED
27	Rs1SSR72B		55	107-120	6	0.532	FAM
28	BN35d		55	220-251	5	0.587	VIC
29	Rs1SSR2473		55	145-154	3	0.579	FAM
Total					177	19.215	
Mean					6.1	0.663	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~10개 였고, 총 177개의 대립유전자가 분석 되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 6.1개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.493에서 0.814까지 나타났으며, 평균값은 0.663으로 분석되었다. 이는 27개의 SSR 마커를 이용하여 78품종을 분석한 선행연구(Kwon et al. 2014)의 PIC값 0.731보다는 낮았다. 이유는 본 연구에 사용된 무 품종의 유전적 다양성이 상대적으로 낮고, 기존의 마커로부터 마커를 선발 시에 다형성이 높아도 밴드 점수화가 어려운 마커를 선발하지 않았기 때문인 것으로 사료된다.

29개 SSR 마커를 이용하여 무 190품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.19-1.00의 범위로 나타났으며, 20품종을 제외한 170품종이 29개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. SSR 분자표지로 식별되지 않은 품종은 (그룹1: ‘와이알세광열’, ‘와이알최고열’, ‘돌쇠열’, ‘와이알하계’), (그룹2: ‘청경’, ‘대금’, ‘봄봄’, ‘토평’), (그룹3: ‘맛궁’, ‘탐라맛동’, ‘야무진’), (그룹4: ‘강자무적’, ‘싱싱월동’), (그룹5: ‘귀동’, ‘농우오사리’, ‘청한다발’), (그룹6: ‘다농호남열’, ‘엄지열’), (그룹7: ‘새론봄알타리’, ‘조춘’) 으로 총 7개 그룹 20품종으로 나타났다. 1차 년도에 21개 마커로 분석 시 ‘와이알신청장군’ 과 ‘전무후무’ 는 유사

도 100%로 나타났으나 2차 년도에 분자표지를 추가하고 DB의 정밀도를 제고한 결과 두 품종은 분자표지로 구분이 되어 유사도 88%를 나타내었다. 최종 DB에 포함된 29개 분자표지로 구분되지 않은 품종에 대해서는 형태적 특성검정을 통해 품종간 유사성 여부를 판단해야 할 것으로 사료된다. 그리고 제4협동과제와 중복되는 품종에 대한 유전자형 분석 결과를 참조하여 분석기기에 따른 대립유전자 크기의 차이를 알아보고 4협동과제의 표현형 분석 결과를 참조하여 분자표지와 형태적 특성의 상관관계를 비교 분석해야 할 것으로 사료된다.

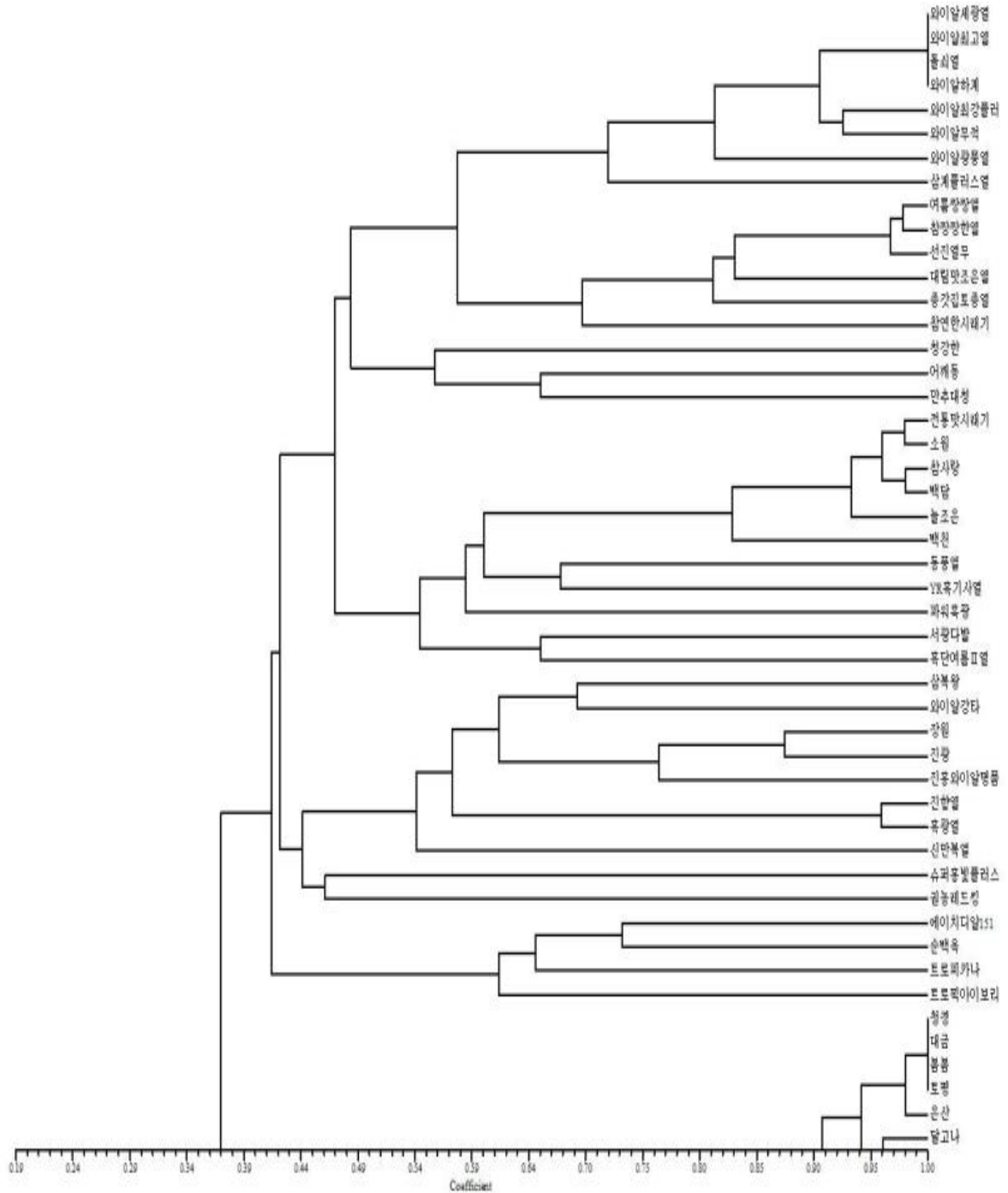


Fig. 2. Dendrogram of 190 radish varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

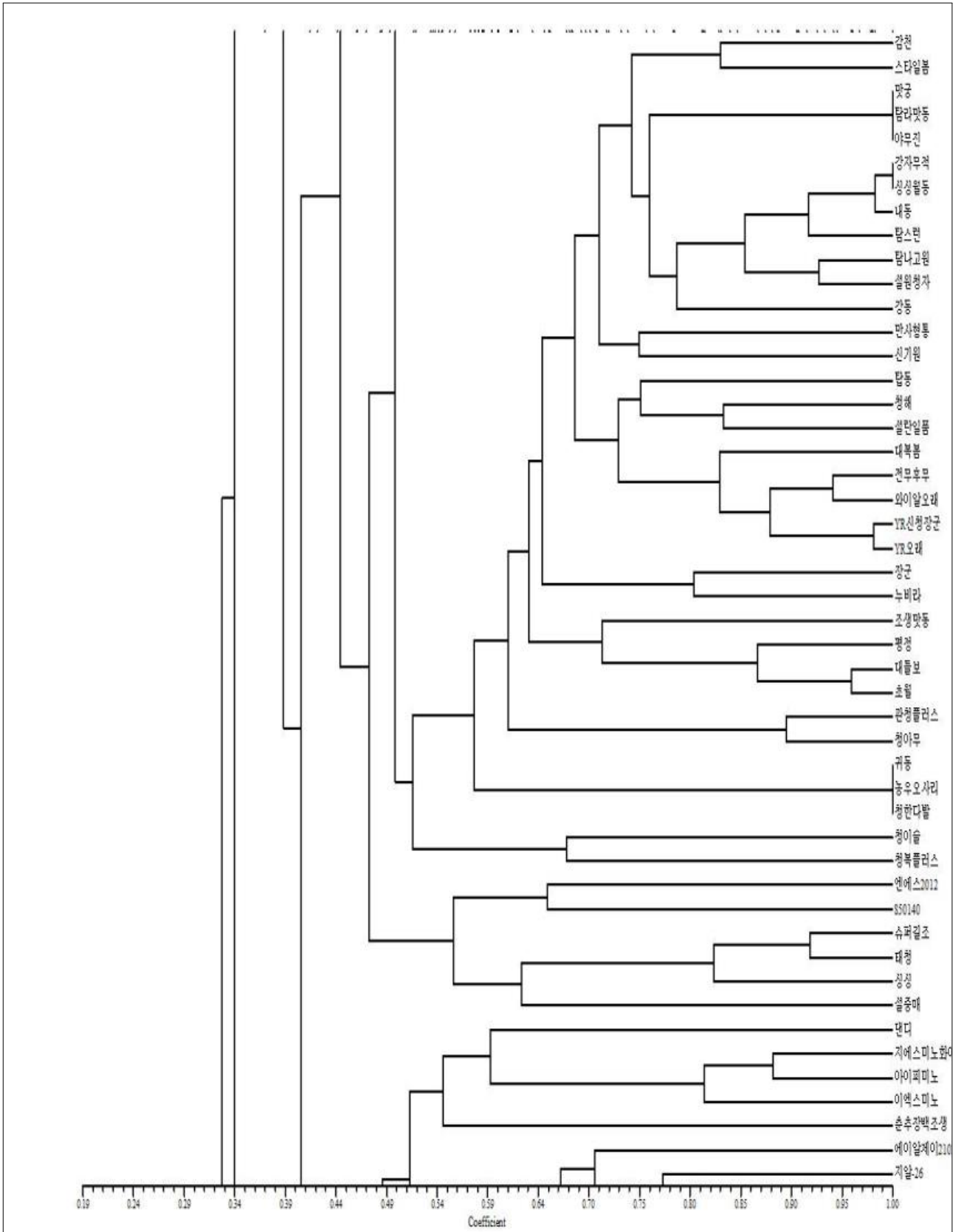


Fig. 2. Continued.

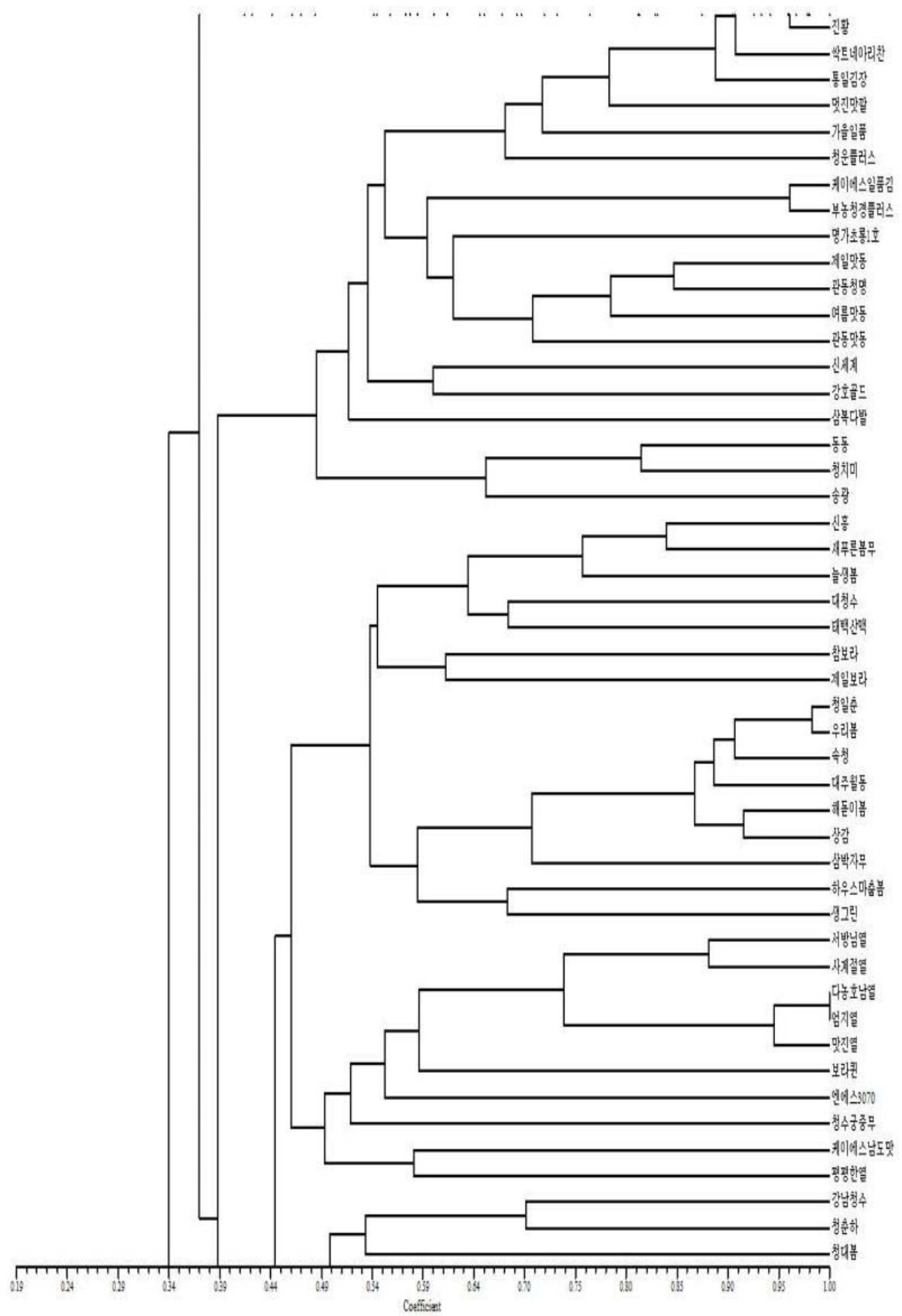


Fig. 2. Continued.

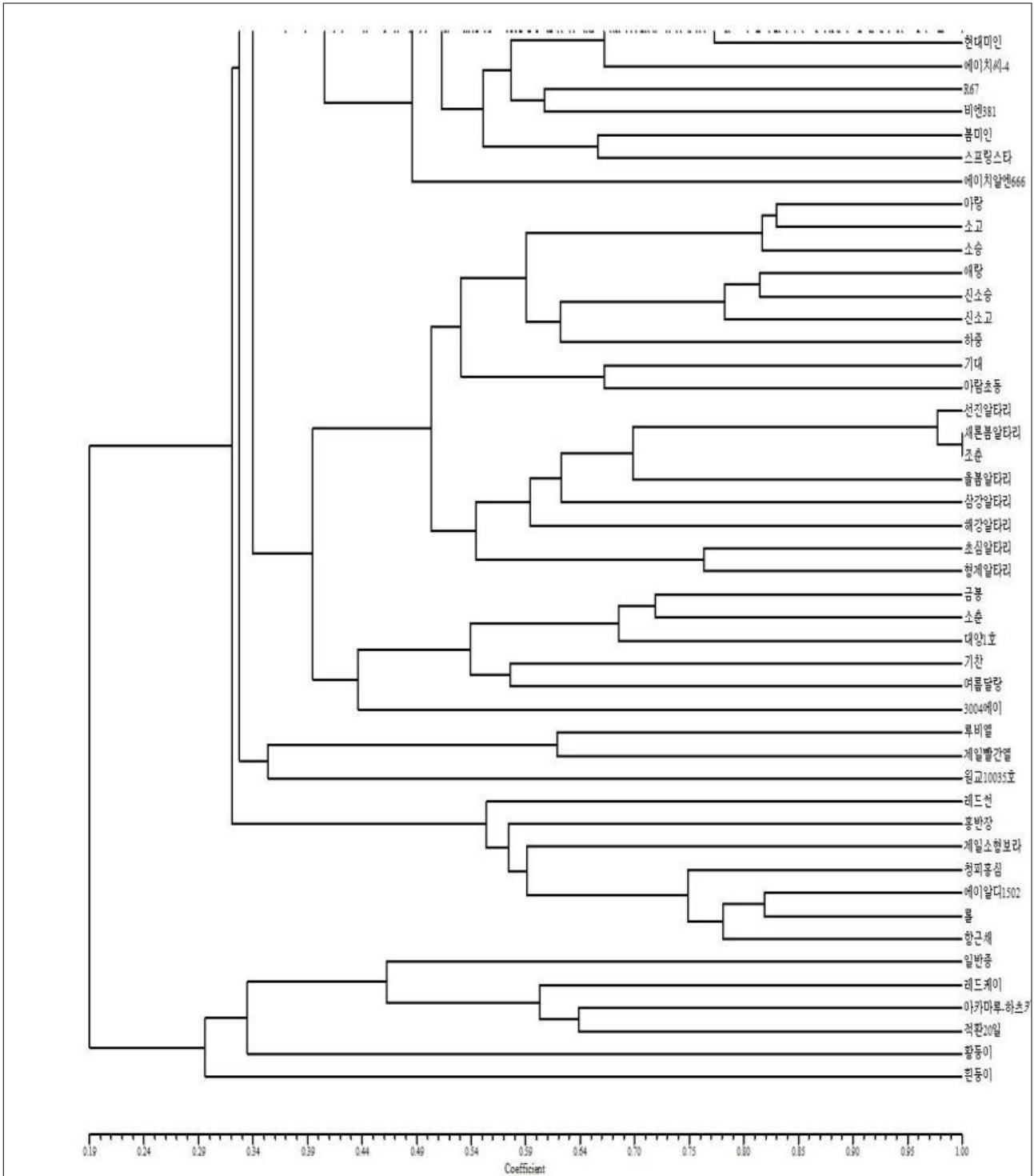


Fig. 2. Continued.

7. SSR 마커를 이용한 배추 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

배추(*Brassica campestris* ssp. *pekinensis*)는 2012년 재배면적이 25,576ha이고 생산량이 1,816,021톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 9월 현재까지 품종보호 등록된

품종이 99품종, 재배심사 중인 품종이 39품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 1,192품종으로 채소작물 중 고추, 무 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(http://seed.go.kr). 국내 배추 품종식별 연구는 Kwon 등(2003)이 AFLP 마커를 이용하여 유통품종 59품종을 대상으로 품종식별 연구를 수행한 바 있으나 AFLP 분석법은 다형성 정도는 높으나 반복 재현성과 같은 문제점이 제기되고 많은 품종을 데이터베이스화하기가 어려운 점이 있다. 이후 Kwon 등(2009)은 17개 SSR 마커를 활용하여 65품종을 식별할 수 있는 방법을 개발하였으나 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 정밀한 기자재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 배추의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 품종보호 출원 및 등록된 품종을 대상으로 기존에 사용된 종자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 신규의 프라이머로부터 배추 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발하여 배추 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국립종자원에 품종보호 출원 및 등록된 배추 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 82품종의 종자를 수집하여 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial chinese cabbage varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	영문명	회사명	출원 및 등록 구분
1	이서월동장수	Iseowoldongjangsu	이서	품종보호등록
2	CR강산	CR Gangsan	농업협동조합중앙회	품종보호등록
3	참설	Chamseol	농업협동조합중앙회	품종보호등록
4	눈나라	Nunnara	농업협동조합중앙회	품종보호등록
5	아라리	Arari	농업협동조합중앙회	품종보호등록
6	CR맛	CR mat	농우바이오	품종보호등록
7	여름맛엇갈이	yeoreummateutgali	농우바이오	품종보호등록
8	쌈이랑	Ssamirang	농우바이오	품종보호등록
9	대통	Daetong	농우바이오	품종보호등록
10	우리	Uri	농우바이오	품종보호등록
11	추월	Chuwol	농우바이오	품종보호등록
12	월동천하	Woldongcheonha	농우바이오	품종보호등록
13	수호	Suho	농우바이오	품종보호등록
14	잎쌈홍	Ipssamhong	아시아종묘	품종보호등록
15	만수무강	Mansumugang	아시아종묘	품종보호등록
16	춘쌈황51	Chunssamhwang 51	아시아종묘	품종보호등록
17	씨알만수무강엇갈이	CR Mansumugangeotgali	아시아종묘	품종보호등록
18	원교20034호	Wonkyo20034ho	농촌진흥청	품종보호등록
19	원교20036호	Wonkyo20036ho	농촌진흥청	품종보호등록
20	원교20035호	Wonkyo20035ho	농촌진흥청	품종보호등록
21	황금숙음	Hwanggeomsokkeom	동부팜한농	품종보호등록

22	씨알알찬	CR Alchan	동부팜한농	품중보호등록
23	불암플러스	Bulamplus	몬산토코리아	품중보호등록
24	진청	Jincheong	몬산토코리아	품중보호등록
25	통큰맛짱	Tonggeunmatjjang	동부팜한농	품중보호등록
26	에이치와와	H-wawa	바이오통	품중보호등록
27	신록엿갈이	Sinroktgari	사카타코리아	품중보호등록
28	CR명품	Crmyeongpum	사카타코리아	품중보호등록
29	겨울노랑	Gyeoulnorang	사카타코리아	품중보호등록
30	노랑쌈	Norangssam	사카타코리아	품중보호등록
31	영웅맛자랑	Yeongungmatjarang	사카타코리아	품중보호등록
32	노랑맛하장	Norangmathajang	사카타코리아	품중보호등록
33	추광	Chukwang	사카타코리아	품중보호등록
34	CR새신록엿갈이	CR Saesinroktgari	사카타코리아	품중보호등록
35	상장군	Sangjanggun	사카타코리아	품중보호등록
36	추풍	Chupung	사카타코리아	품중보호등록
37	남도장군	Namdojanggun	사카타코리아	품중보호등록
38	휘파람골드	Hwiparamgold	사카타코리아	품중보호등록
39	월동장군	Woldongjanggun	사카타코리아	품중보호등록
40	새른쌈	Saeronssam	삼성종묘주식회사	품중보호등록
41	손바닥	Sonbadak	삼성종묘주식회사	품중보호등록
42	씨알황금	CR Whanggun	신젠타종묘	품중보호등록
43	씨알진심	Crjinsim	신젠타종묘	품중보호등록
44	황금알	Hwanggeumal	신젠타종묘	품중보호등록
45	씨알농심	CR Nongsim	신젠타종묘	품중보호등록
46	철야	Seolya	우리종묘	품중보호등록
47	청옥	Cheongok	우리종묘	품중보호등록
48	케이756	K756	우리종묘	품중보호등록
49	케이758	K758	우리종묘	품중보호등록
50	암탁	Amtak	제일종묘농산	품중보호등록
51	CR월동청청	CR Woldongchungchung	진홍종묘	품중보호등록
52	청호엿갈이	Cheonghoeotgari	진홍종묘	품중보호등록
53	청광엿갈이	Cheonggwangeotgari	진홍종묘	품중보호등록
54	CR자랑	CR Jarang	진홍종묘	품중보호등록
55	CR진품엿갈이	CR Jinpumeotgari	진홍종묘	품중보호등록
56	골드맛채	Goldmatchae	진홍종묘	품중보호등록
57	씨알하왕	CR Hawang	진홍종묘	품중보호등록
58	씨알신세계	CR Sinsegye	진홍종묘	품중보호등록
59	CR정품	CR Jeongpum	진홍종묘	품중보호등록
60	사강	Sagang	한국종묘	품중보호등록
61	와와쌈	Wawassam	한국종묘	품중보호등록
62	대상겨울	Daesanggyeoul	현대종묘	품중보호등록
63	케이티엑스	KTX	현대종묘	품중보호등록
64	위풍당당	Wipungdangdang	현대종묘	품중보호등록
65	소소황	Sosohwang	코레곤	품중보호출원
66	황금춘하	Hwanggeumchunha	농업협동조합중앙회	품중보호출원
67	씨알노랑쌈	CR Norangssam	사카타코리아	품중보호출원
68	청쌈	Cheongsaem	동부팜한농	품중보호출원
69	춘대장	Chundaejang	배추와육종	품중보호출원
70	새벽이슬	Saebyeokiseul	농우바이오	품중보호출원
71	춘하광	Chunhagwang	배추와육종	품중보호출원
72	천하장군	Cheonhajanggun	사카타코리아	품중보호출원
73	탐이나쌈	Taminassam	사카타코리아	품중보호출원
74	씨알강춘	CR Gangchun	농협	품중보호출원
75	씨알강토	CR Gangto	농협	품중보호출원
76	땀땀엿갈이	Ttanttaneotgari	농우바이오	품중보호출원
77	청신호	Cheongsinho	농우바이오	품중보호출원
78	범상	Beomsang	현대종묘	품중보호출원

79	꼬맹이쌈	kkomaengissam	코레곤	생산수입판매신고
80	파워춘광	Powerchungwang	사카타코리아	품종보호등록
81	청황쌈	Chunghwangssam	캐로톱씨드	품종보호등록
82	소담와와	Sodamwawa	캐로톱씨드	품종보호등록

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

배추 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 17개(Kwon et al. 2008)와 13개 마커(unpublished data)(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 30 SSR markers used for selection of chinese cabbage SSR markers.

No.	Marker name	Repeat motif	Reference	No.	Marker name	Repeat motif	Reference
1	KS20851	GAACCAA	unpublished data	16	BRMS-27	GA	Kwon et al. 2008
2	KS30270b	AG/CT	Kwon et al. 2008	17	BRMS-43	ATGT	Kwon et al. 2008
3	KS20860	AACAAG	unpublished data	18	BRMS-50	AATTCTTC	Kwon et al. 2008
4	KS10621	AT	Kwon et al. 2008	19	BRMS-56	GA	Kwon et al. 2008
5	KS10870	ACATG	unpublished data	20	BRMS-34	GA	Kwon et al. 2008
6	KS10970	AT	Kwon et al. 2008	21	BRMS-42-2	(GA) ₄ (CT) ₂₆	unpublished data
7	KS51115	AT	Kwon et al. 2008	22	KS20700	AG	unpublished data
8	KS20640	AG	Kwon et al. 2008	23	KS30270	AT	unpublished data
9	KS30200	AAG	Kwon et al. 2008	24	KS50300	AT	unpublished data
10	KS40400	AT	Kwon et al. 2008	25	KS50090	AT	unpublished data
11	KS30930	AG	Kwon et al. 2008	26	KS10280	AGAT	unpublished data
12	KS40270	AG	Kwon et al. 2008	27	KS50470	AT	unpublished data
13	KS30260	AT	Kwon et al. 2008	28	KS50490	AT	unpublished data
14	KS31001	AT	Kwon et al. 2008	29	KS11390	TC	unpublished data
15	KS10440	TTC	Kwon et al. 2008	30	KS30880	AG	unpublished data

배추 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선발하기 위하여 50개 프라이머 (Brassica database)를 이용하여 ‘소소황’, ‘황금춘하’, ‘씨알노랑쌈’, ‘청쌈’, ‘춘대장’, ‘새벽이슬’, ‘춘하광’, ‘천하장군’ 8품종을 대상으로 품종간 다형성을 보여주는 마커를 선발하였다. PCR 반응은 배추 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 배추 82품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied

Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 50 SSR markers used for selection of chinese cabbage new SSR markers.

No.	Marker name	Forward sequence (5'-3')	Reverse sequence (5'-3')	Chromosome
1	KBRH139B23-1	ATTCATGGTTGGTTCACCG	ATTTCCAAAACACACACGCA	1
2	BrID10297	GACACCTTGGTTTTGACAT	TGTTTCATTCCGTCACATAG	1
3	BrID10305	CCTGAGTTCTTTGCTTTTGT	CGAACCGGTAATAATTTCT	1
4	BrID10771	AAGAGGAGCTACAGGTTTCG	ATAGTTCATCCTAGGCCACC	1
5	BrID10435	GACGTGCTCAGAATGTGATA	AAAAGAAATGTCGACTCGTG	1
6	BrID101141	CTACTGGTGCTAGTGGTGGT	GCAGATCATTGCATTACGA	1
7	BrID10873	CCACGTGATATTTGAGGGTA	CCTGTGTCATTCAAACAGA	1
8	BrID101235	CGACGATAAGAACAAATTCC	TAACACGGTGTGCATCAA	1
9	ENA28(R1)	GGAGTCCGAGCGTTATGAAT	CTTCATCGACCCACCTTGTT	1
10	Ra2G09	ACAGCAAGGATGTGTTGACG	GATGAGCCTCTGGTTCAAGC	1
11	BrFLC2(R2)	GCGCCAATTATAAATTTGATTTTC	TCCTCCTGAACCTGGTCTTG	2
12	BrID10417	AACTTCGTCTATCCACATC	TGAAAGTTTTCCACACACTG	2
13	BrID10207	TGCTGCATAGCCTTCTTC	TGAGAGACTTCGGGATAAGA	2
14	BC48(R2)	CTGGTGATGGAGACGCTATTA	ACTGTCCAAAACCGCCTCTC	2
15	8C0022	TACTGAGCTTATTGCGGTGAA	TATAAGGAAGAAGCCAAACTAAA	2
16	BrID10709	TGAGGAAGAAACAAGTAGCTG	ATGATGTGCTCGTGTGTTAT	2
17	BrID101169	AAACCCTAGCGATTACAGTG	TTCCGATCTGCTATTTTCTC	2
18	BrID90021	ATTTCCAACCTTCTTGTCG	GAAAGACAGCCAAAGATCGG	2
19	BrID10595	TACCCTCAAGTAAAATCTGA	GCGGAGAAAATACATTGAAGC	2
20	BrID10845	CAAAGCAACAAGGGAATATC	GATGTGTAACCAAAGAGTGTC	2
21	BrID90131	GGAGGCCTCTTAGGCTTGTT	ATGAAAGGTGGTGAAGCCAA	3
22	BrID90305	GCAAATGTCAAGCAAACCAG	TTTTATCTCCAAATCCACAAGAAA	3
23	BrID101051	CCGTCTTCACTTGTATTTT	GCGAGAGAGAGAAAGAGATG	3
24	B126.3(R3)	GGAAGATTCAAAGTCGAGTG	GTTGGGTTGTTGTATCATC	3
25	BrID90029	TGTTTCATTGTTAGATAATGTTTTGAA	TGGTCAACATAGATTTGCACG	3
26	8C0392	CACGACACGAAACCCTAAACT	CATCCGCTGAGAAGTGTGCG	3
27	BrID90428	GGACTCCAAGTATTGTATCTGCAT	AGTTTTACGATACGAGATTGTGC	3
28	Ra2E11	GGAGCCAGGAGAGAAGAAGG	CCCAAACTTCCAAGAAAAGC	3
29	8C0440	GGAGGTGGAGGTCAGTG	GGCTTCCATTTCATATCTTTCTCC	3
30	BrID10523	TATCACAGCCCTTTCATCTC	CTAATGCTGCTACTTATGCG	3
31	BrID10883	GCTGACGTGTAGCGTTTT	CATATGGCGTTTCTGAAAGT	4
32	8C0389	TCTCGCCATGGCTGATAAG	TCGGGGCGTTGATTCTCGTCTCT	4
33	BrID90295	CACAAAGCTCACTTCTTAGGCA	TATAGCCTTGCAGTGGAGTT	4
34	BrID90219	GGGAACTAGGTCGCTTGTG	CATATTGGGGAAGCATGAGG	4
35	BrID90209	CGCTTAAACGGATTAGAGAACC	TCGTCGACAATGAATTTGAGA	4
36	BrID10689	TTGGGTCCATTGGTAGATA	TGGTAAATGCAGAATGTGAG	4
37	BrID101249	TTGCATAGCACATGTAGGAG	GAACGTCTACTTATGGAGAACA	4
38	BrID90059	TTCATGCTTACCGACACTGG	TGGGACACCTTGTGTTCTTG	4
39	BrID10987	TGGCTTCAGGTAACAAAGTT	AATATGTATGTGGTGGGAGC	4
40	BrID90277	TGAAACAAAATGAAAAATTCACGA	CAGGAACGCATTAACGTGATTA	4
41	BrID101243	CCGGTCAGTCAGTGTACTTT	TTAGCACTGGAGGAGTTCAT	5
42	8C0610	TTTTGATGGGAGGAGGAACT	TGGGGGAGGATAAGGATAAGCATA	5
43	ENA10(R5)	ATCGTCTCCTCTCATCTCAA	ATTACATCCTCCACCTTCTTC	5
44	BrID90357	TGGCAGAAACAACCAAGAG	TGTGGATAGCAAAGGCTGAG	5
45	BrID10593	AAGACATCCACAGCTTCTTA	CGGTATGATTGGTTTTCATGT	5
46	BC105(R5)	CGTCCGTAGCGCTATTTTTCAGA	ACGTTGTCGATCGCCAGTTC	5
47	BrID10583	CGGTTTCATTACCTAGACCA	CTGCGGCACATACAATA	5
48	BrID10749	ACATCTTTGCCGTTTGATAG	TGCCAGATTAAGACATGACA	5
49	BrID90253	CTTACAGGATGAAGCTCGGC	GGTCCCAATGGAATCATCAA	5
50	BrID10123	AGCTAAAGAGAAAGGGAAGG	AGAAAAGAAATTGAGAGGGG	5

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기존에 종자원에서 사용 중인 17개(Kwon et al. 2009)와 13개 마커(unpublished data)(Table 2)를 이용하여 82품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 30개 마커로부터 KS20851 등 23개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 또한 배추 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 50개(Brassica Database)(<http://brassicadb.org/brad/>)의 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘소소황’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 16개(KBRH139B23-1, BrID101235, ENA28(R1), Ra2G09, BC48(R2), 8C0022, BrID90131, BrID90305, BrID101051, BrID90428, 8C0440, BrID90209, BrID90059, BrID90357, BrID90253, BrID10123)를 1차 선발하였고, 16개 마커 중 반복 실험간 뚜렷한 재현성을 보이는 11개 마커 KBRH139B23-1, Ra2G09, BC48(R2), 8C0022, BrID90305, BrID101051, 8C0440, BrID90209, BrID90059, BrID90357, BrID10123를 DB 구축용 마커로 최종 선발하였다(Fig. 1).

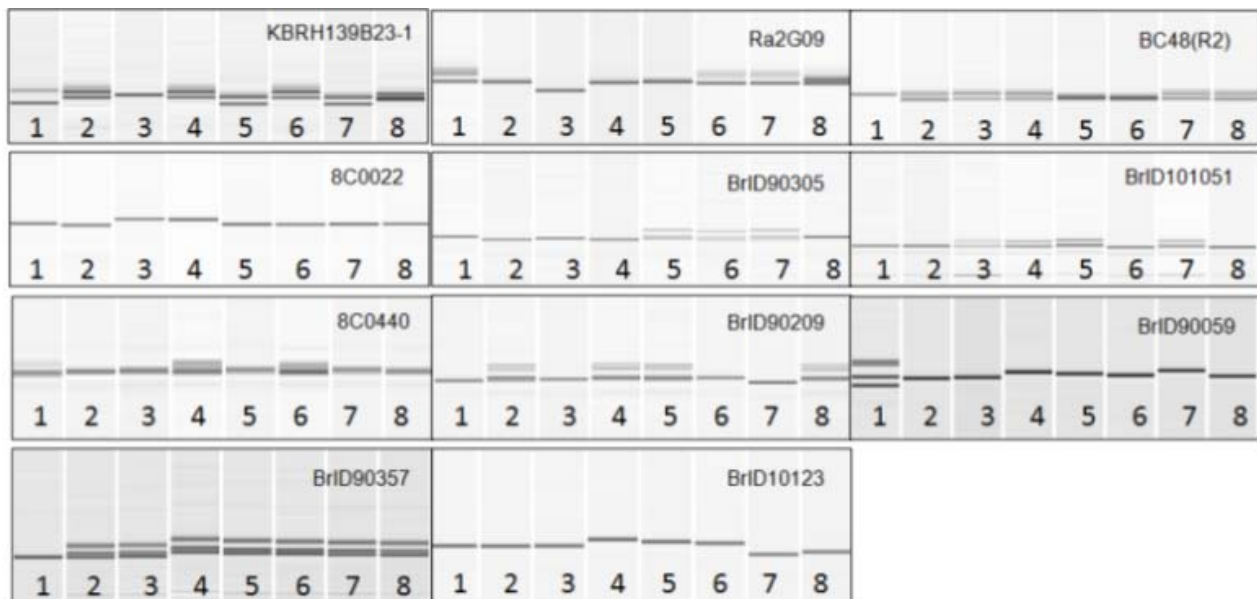


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, KBRH139B23-1, Ra2G09, BC48(R2), 8C0022, BrID90305, BrID101051, 8C0440, BrID90209, BrID90059, BrID90357, BrID10123. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN).

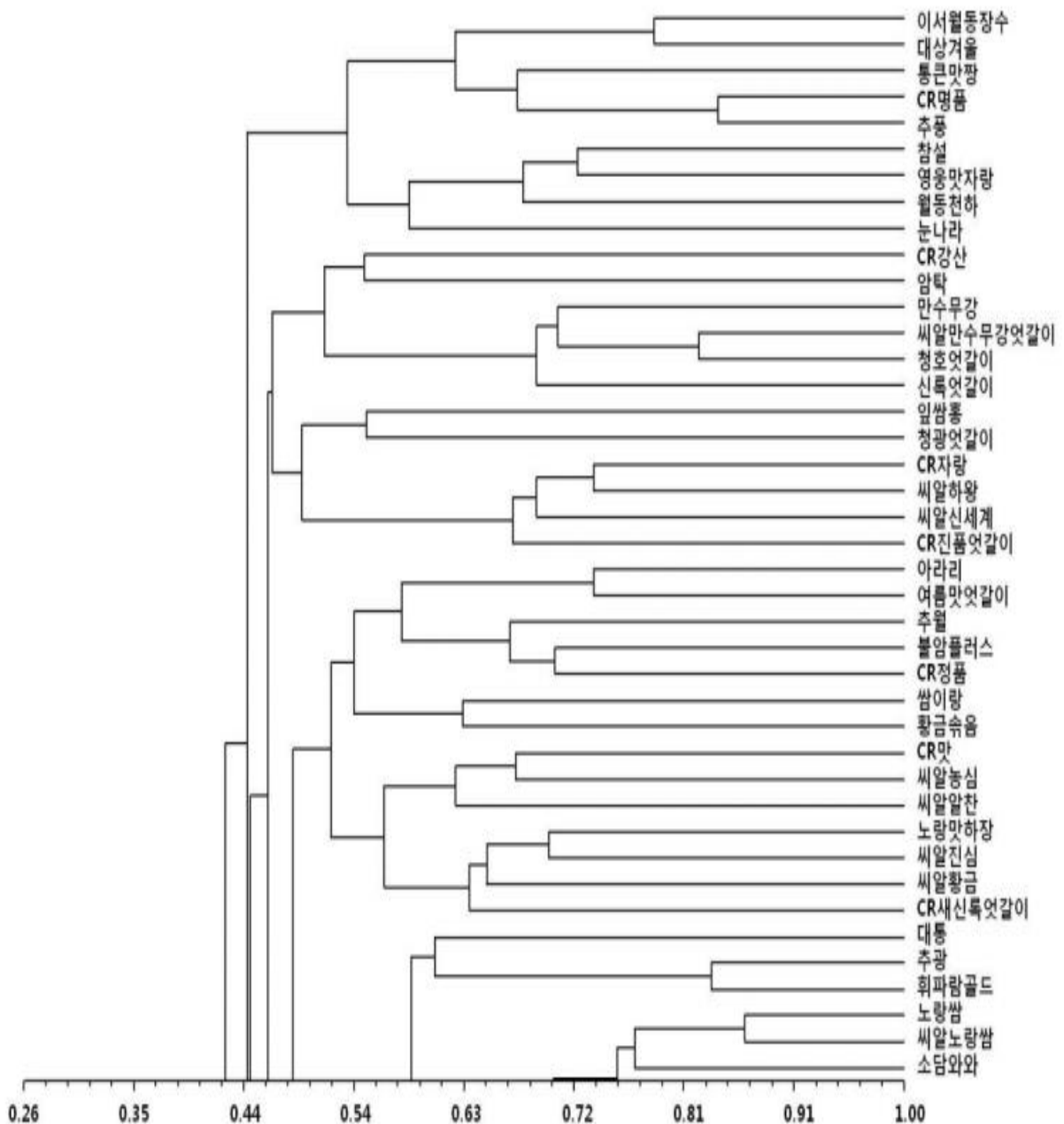
따라서 기존 마커로부터 재선발된 23개 마커와 신규로 선발된 11개 마커 총 34개 마커를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 배추 품종보호 출원 및 등록품종 82품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 34 SSR markers selected for database construction of chinese cabbage varieties.

SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
KS20851	GAACCAA	55	232-299	5	0.506	FAM
KS30270b	AG/CT	55	301-310	3	0.516	VIC
KS20860	AACAAG	55	301-363	4	0.444	NED
KS10870	ACATG	55	269-291	3	0.525	FAM
KS10970	AT	55	335-350	7	0.727	VIC
KS51115	AT	55	327-365	11	0.700	NED
KS20640	AG	55	279-297	4	0.703	PET
KS30200	AAG	55	286-299	3	0.615	FAM
KS30930	AG	55	305-311	3	0.652	VIC
KS40270	AG	55	198-218	5	0.684	NED
KS30260	AT	55	269-286	5	0.709	FAM
KS31001	AT	55	184-198	7	0.722	VIC
KS10440	TTC	55	252-267	2	0.495	NED
BRMS27	GA	55	218-227	4	0.447	PET
BRMS43	ATGT	55	295-319	6	0.607	VIC
BRMS56	GA	55	209-221	6	0.697	PET
BRMS34	GA	55	121-144	4	0.656	FAM
BRMS42-2	(GA)4,(CT)26	55	211-228	4	0.667	VIC
KS30270	AT	55	307-311	2	0.464	FAM
KS50300	AT	55	291-302	3	0.457	VIC
KS50090	AT	55	272-276	2	0.395	NED
KS10280	AGAT	55	322-358	4	0.093	PET
KS50490	AT	55	325-330	2	0.313	PET
KBRH139B23-1	-	55	85-106	4	0.720	VIC
Ra2G09	-	55	226-257	7	0.628	PET
BC48(R2)	-	55	192-205	3	0.631	VIC
8C0022	-	55	167-177	2	0.405	NED
BrID90305	-	55	194-201	2	0.474	PET
BrID101051	-	55	131-135	2	0.500	VIC
8C0440	-	55	159-162	2	0.436	FAM
BrID90209	-	55	192-199	2	0.360	PET
BrID90050	-	55	186-199	2	0.225	VIC
BrID90357	-	55	192-203	4	0.542	NED
BrID10123	-	55	164-168	2	0.164	PET
Total				131		
Mean				3.9	0.526	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~11개 였고, 총 131개의 대립유전자가 분석 되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 3.9개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.093에서 0.727까지 나타났으며, 평균값은 0.526로 분석되었다.

34개 SSR 마커를 이용하여 배추 82품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림 과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.26-1.00의 범위로 나타났으며, 2품종을 제외한 80품종이 34개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. SSR 분자표지로 식별되지 않은 품종은 ‘에이치와와’와 ‘사강’ 이였다. 제1세부과제에서 현재 두 품종에 대한 형태적 특성조사가 현재 진행 중이며 표현형 결과를 참조하여 품종식별 마커의 추가 선발 등이 이루어져야 할 것으로 사료된다. 앞으로 본 DB에 품종수를 추가하고, 품종식별을 위한 핵심마커를 선발함으로써 배추 품종별 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.



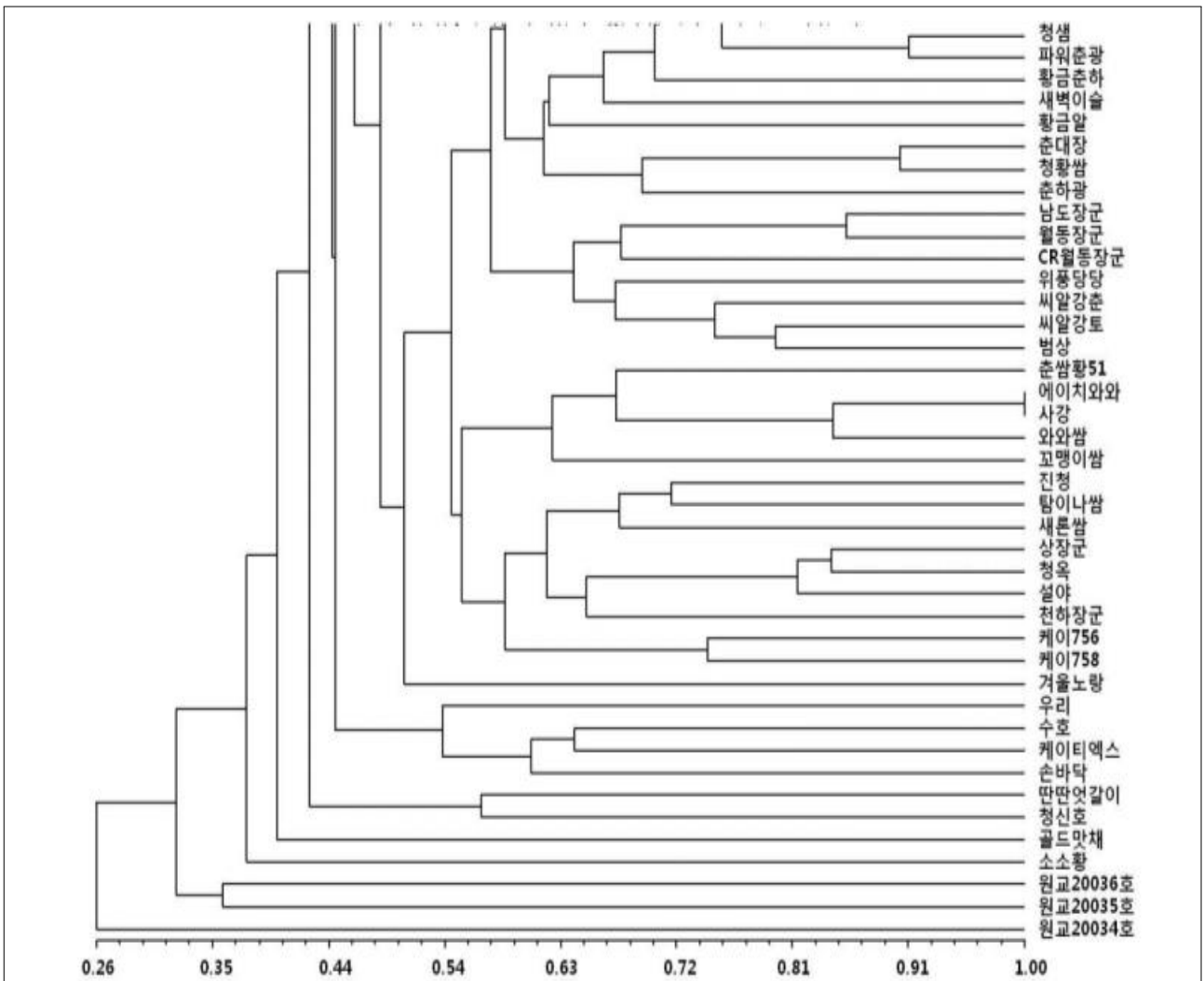


Fig. 2. Dendrogram of 82 Chinese cabbage varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

배추(*Brassica campestris* ssp. *pekinensis*)는 2013년 재배면적이 28,301ha이고 생산량이 2,120,393톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2014), 2015년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 105품종, 재배심사 중인 품종이 37품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 933품종으로 채소작물 중 고추, 무, 토마토 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다 (<http://seed.go.kr>). 국내 배추 품종식별 연구는 Kwon 등(2003)이 AFLP 마커를 이용하여 유통 품종 59품종을 대상으로 품종식별 연구를 수행한 바 있으나 AFLP 분석법은 다형성 정도는 높으나 반복 재현성과 같은 문제점이 제기되고 많은 품종을 데이터베이스화하기가 어려운 점이 있다. 이후 Kwon 등(2009)은 17개 SSR 마커를 활용하여 65품종을 식별할 수 있는 방법을 개발하였으나 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 정

밀한 기자재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 배추의 국가표준 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 구축된 배추 DNA 데이터베이스에 2차 년도에 수집한 품종을 추가하였고, 2차 년도에 신규 선발한 분자표지 중 DB 구축에 적합한 분자표지를 선정하여 데이터베이스 구축을 추진하였다. 배추 유전자 분석의 경우 제2세부 과제에서만 수행하기 때문에 국가 표준 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 구축된 DB 품종과 마커에 대해서 2차 년도에 다시 재검정하여 배추 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축·보완에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

1차 년도에는 국립종자원에 품종보호 출원 및 등록된 배추 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 82품종의 종자를 수집하여 유전자 분석 재료로 활용하였고, 2차 년도에는 1차 년도 공시품종에 최근에 생산수입판매신고된 92품종을 추가하여 총 174품종을 공시품종으로 선정하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial chinese cabbage varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

번호	품종명	영문명	회사명	출원 등록 및 신고 구분	비고
1	에이치엔춘삼월	HN Chunsamwol	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
2	스타탄생	Startansaeng	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
3	겨울장군봄동	Gyeouljanggunbomdong	진홍종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
4	씨알노랑겨울봄동	CR Noranggyeoulbomdong	진홍종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
5	디와이비엔112	DYBN112	동영종묘	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
6	대춘	Daechun	주식회사 피피에스	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
7	에이치디황옥엇갈이	HD Hwangokeotgari	한국대농종묘	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
8	참진한	Chamjinhan	진홍종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
9	에이치디1202	HD 1202	현대종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
10	베타후레쉬	Vetafresh	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
11	봄의제전	Bomuijejeon	대림종묘사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
12	가을제전	Gaeuljejeon	대림종묘사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
13	신춘강	Sinchungang	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
14	춘강압탁	Chungangamtak	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
15	소황금	Sohwanggeum	농업협동조합중앙회	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
16	옛골고리	Yetgolgori	한결씨드엔텍	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
17	산골봄	Sangolbom	신젠타코리아(주)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
18	수퍼씨알대장군	Super CR Daejanggun	배추와육종	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
19	씨알열풍엇갈이	CR Yeolpungeotgari	권농종묘	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
20	선진엇갈이	Sunjineotgari	선진종묘	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
21	청풍김장	Cheongpunggimjang	동부팜한농(주)	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
22	씨알메이퀸	CR Mayqueen	배추와육종	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
23	금태자	Geumtaeja	바이오통	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
24	기운센	Giunsen	주식회사 피피에스	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
25	씨알황성골드	CR Hwangseonggold	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종
26	씨알조생무적	CR Josaengmujeok	동부팜한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도 추가품종

27	여름제전	Yeoreumjejeon	대림종묘사	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
28	케이에스춘하골드	KS Chunhagold	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
29	씨알춘하골드	CR Chunhagold	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
30	씨알카로틴	CR Carotene	권농종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
31	춘동희망	Chundonghuimang	희망채영농조합법인	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
32	썩트네아리찬	Ssakteune Arichan	(주)신성미네랄	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
33	씨알속노란청방	CR Soknorancheongbang	동오시드	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
34	씨알잘되는	CR Jaldoeneun	동오시드	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
35	권농빨강2호	Kwonongppalgang 2 ho	권농종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
36	대농청정	Daenongcheongjeong	동부팍한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
37	신진엇같이	Shinjineotgari	한국종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
38	흑광엇같이	Heukgwangeotgari	대농종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
39	씨알금자랑	CR Geumjarang	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
40	겨울대박	Gyeouldaebak	(주)부농바이오	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
41	겨울장군	Gyeouljanggun	사카타코리아(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
42	월동대장	Woldongdaejang	(주)농우바이오	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
43	월동신화	Woldongsinhwa	(주)농우바이오	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
44	씨알동오엇같이	CR Dongoheotgari	동오시드	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
45	통큰맛짱플러스	Tongkeunmatjjang Plus	동부팍한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
46	월동청강	Woldongcheonggang	(주) 이서	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
47	월동마루	Woldongmaru	신젠타코리아(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
48	만생월동	Mansaegwoldong	신젠타코리아(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
49	통큰김장	Tongkeungimjang	신젠타코리아(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
50	씨알남도진미	CR Namdo Jinmi	우리종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
51	남동풍	Namdongpung	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
52	씨알 황금꿀	CR Hwanggeumkkul	(주)씨드윈	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
53	참속노랑	Chamsolnorang	(주)씨드윈	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
54	전천후엇같이	Jeoncheonhuotgali	동부팍한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
55	엄니봄동	Eomni Bomdong	(주)청농원에	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
56	안심봄	Ansimbom	배추와육종	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
57	춘강세	Chungangse	배추와육종	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
58	케이에스잎쌈채	KS Ipsamchae	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
59	씨알가을알파	CR Gaul Alpha	아시아종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
60	황금추석	Hwanggeumchuseok	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
61	신세계	Sinsegye	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
62	씨알청단엇같이	CR Cheongdaneotgari	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
63	뿌리	Ppuri	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
64	서울	Seoul	KS종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
65	신세계엇같이	Shinsegyeetgari	삼성종묘주식회사	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
66	진화	Jinhua	동영종묘	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
67	참멋진엇같이	Chammeetjineotgari	동오시드	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
68	제일약	Jeilyak	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
69	진흥잎쌈	Jinhungipssam	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
70	강성	Gangseong	동부팍한농 주식회사	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
71	수재	Sujae	현대종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
72	적쌈홍	Jukssamhong	진흥종묘(주)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
73	영롱춘	Yungrongchoon	신농씨앗	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
74	양천	Angchun	신농씨앗	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
75	청산봄	Chungsan Bom	신농씨앗	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
76	창대가을	ChangDae Gaeul	신농씨앗	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
77	CR압탁	CR Amtak	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종
78	돈다밭압탁엇같이	Dondabalamtakertgali	제일종묘농산(유)	생산수입판매신고	2차년도	추가품종

79	CR강토	CR Gangto	농업협동조합중앙회	품종보호등록	2차년도 추가품종
80	CR강춘	CR Gangchun	농업협동조합중앙회	품종보호등록	2차년도 추가품종
81	범상	Beomsang	현대종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
82	청신호	Cheongsinho	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
83	청야	Cheongya	우리종묘	품종보호등록	2차년도 추가품종
84	원교20036호	Wonkyo20036ho	농촌진흥청	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
85	에이치엔겨울나기	HN Gyounagi	(주)동부팜한농	품종보호등록	2차년도 추가품종
86	가을전설	Gaeuljeonseol	농우바이오(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
87	기세등등	Gisedeungdeung	농우바이오(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
88	강심장	Gangsimjang	농우바이오(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
89	청남	cheongnam	우리종묘(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
90	설화월동	Seolhwawoldong	한국종묘(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
91	한설노랑	Hanseol Norang	한국종묘(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
92	씨알황옥엇갈이	CR Hwangok Bunching	한국종묘(주)	품종보호등록	2차년도 추가품종
93	파워춘광	Power Chungwang	사카타코리아(주)	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
94	케이925	K925	우리종묘	품종보호등록	2차년도 추가품종
95	이서월동장수	Iseowoldongjangsu	(주)이서	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
96	케이파워	K Power	(주)농우바이오	품종보호등록	2차년도 추가품종
97	상감	Sanggam	충원종묘	품종보호등록	2차년도 추가품종
98	CR강산	CR Gangsan	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
99	참설	Chamseol	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
100	눈나라	Nunnara	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
101	아라리	Arari	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
102	CR맛	CR mat	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
103	여름맛엇갈이	yeoreummateutgali	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
104	쌈이랑	Ssamirang	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
105	대통	Daetong	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
106	우리	Uri	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
107	추월	Chuwol	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
108	월동천하	Woldongcheonha	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
109	수호	Suho	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
110	잎쌈홍	Ipssamhong	아시아종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
111	만수무강	Mansumugang	아시아종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
112	춘쌈황51	Chunssamhwang 51	아시아종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
113	씨알만수무강엇갈이	CR Mansumugangeotgali	아시아종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
114	원교20034호	Wonkyo20034ho	농촌진흥청	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
115	원교20035호	Wonkyo20035ho	농촌진흥청	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
116	황금슈음	Hwanggeomsokkeom	동부팜한농	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
117	씨알알찬	CR Alchan	동부팜한농	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
118	불암플러스	Bulamplus	몬산토코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
119	진청	Jincheong	몬산토코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
120	통큰맛짱	Tonggeunmatjjang	동부팜한농	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
121	에이치와와	H-wawa	바이오통	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
122	신록엇갈이	Sinrokutgari	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
123	CR명품	Crmyeongpum	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
124	겨울노랑	Gyeoulnorang	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
125	노랑쌈	Norangssam	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
126	영웅맛자랑	Yeongungmatjarang	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
127	노랑맛하장	Norangmathajang	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
128	추광	Chukwang	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
129	CR새신록엇갈이	CR Saesinrokutgari	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
130	상장군	Sangjanggun	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종

131	추풍	Chupung	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
132	남도장군	Namdojanggun	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
133	휘파담골드	Hwiparamgold	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
134	월동장군	Woldongjanggun	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
135	새론쌈	Saeronssam	삼성종묘주식회사	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
136	손바닥	Sonbadak	삼성종묘주식회사	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
137	씨알황금	CR Whanggum	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
138	씨알진심	Crjinsim	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
139	황금알	Hwanggeumal	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
140	씨알농심	CR Nongsim	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
141	설야	Seolya	우리종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
142	청옥	Cheongok	우리종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
143	케이756	K756	우리종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
144	케이758	K758	우리종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
145	암탁	Amtak	제일종묘농산	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
146	CR월동청청	CR Woldongchungchung	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
147	청호엇갈이	Cheonghoeotgari	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
148	청광엇갈이	Cheonggwangeotgari	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
149	CR자랑	CR Jarang	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
150	CR진품엇갈이	CR Jinpumeotgari	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
151	골드맛채	Goldmatchae	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
152	씨알하왕	CR Hawang	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
153	씨알신세계	CR Sinsegye	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
154	CR정품	CR Jeongpum	진홍종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
155	사강	Sagang	한국종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
156	와와쌈	Wawassam	한국종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
157	대상겨울	Daesanggyeoul	현대종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
158	케이티엑스	KTX	현대종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
159	위풍당당	Wipungdangdang	현대종묘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
160	소소황	Sosohwang	코레콘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
161	황금춘하	Hwanggeumchunha	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
162	씨알노랑쌈	CR Norangssam	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
163	청쌈	Cheongsaem	동부팜한농	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
164	춘대장	Chundaejang	배추와육종	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
165	새벽이슬	Saebyeokiseul	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
166	춘하광	Chunhagwang	배추와육종	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
167	천하장군	Cheonhajanggun	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
168	탐이나쌈	Taminassam	사카타코리아	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
169	씨알강춘	CR Gangchun	농협	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
170	씨알강토	CR Gangto	농협	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
171	판판엇갈이	Ttanttaneotgari	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
172	꼬맹이쌈	kkomaengissam	코레콘	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
173	청황쌈	Chunghwangssam	캐로뜯씨드	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종
174	소담와와	Sodamwawa	캐로뜯씨드	품종보호등록	1, 2차년도 공시품종

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

배추 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 2차 년도에는 1차 년도에 선발된 마커의 재검증을 위하여 1차 년도 34개 마커(Table 2)와 배추 신규마커 추가 개발을 위하여 배추 계통 데이터베이스(<http://brassicadb.org/brad/>)에서 탐색한 50개 마커(Table 3) 총 84개 마커를 이용하였다.

Table 2. The 34 SSR markers selected of chinese cabbage.

No.	Marker name	Repeat motif	Reference	No.	Marker name	Repeat motif	Reference
1	KS20851	GAACCAA	unpublished data	18	BRMS42-2	(GA) ₄ (CT) ₂₆	unpublished data
2	KS30270b	AG/CT	Kwon et al. 2008	19	KS30270	AT	unpublished data
3	KS20860	AACAAG	unpublished data	20	KS50300	AT	unpublished data
4	KS10870	ACATG	unpublished data	21	KS50090	AT	unpublished data
5	KS10970	AT	Kwon et al. 2008	22	KS10280	AGAT	unpublished data
6	KS51115	AT	Kwon et al. 2008	23	KS50490	AT	unpublished data
7	KS20640	AG	Kwon et al. 2008	24	KBRH139B23-1	-	unpublished data
8	KS30200	AAG	Kwon et al. 2008	25	Ra2G09	-	unpublished data
9	KS30930	AG	Kwon et al. 2008	26	BC48(R2)	-	unpublished data
10	KS40270	AG	Kwon et al. 2008	27	8C0022	-	unpublished data
11	KS30260	AT	Kwon et al. 2008	28	BrID90305	-	unpublished data
12	KS31001	AT	Kwon et al. 2008	29	BrID101051	-	unpublished data
13	KS10440	TTC	Kwon et al. 2008	30	8C0440	-	unpublished data
14	BRMS27	GA	Kwon et al. 2008	31	BrID90209	-	unpublished data
15	BRMS43	ATGT	Kwon et al. 2008	32	BrID90050	-	unpublished data
16	BRMS56	GA	Kwon et al. 2008	33	BrID90357	-	unpublished data
17	BRMS34	GA	Kwon et al. 2008	34	BrID10123	-	unpublished data

배추 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선별하기 위하여 50개 프라이머 (Brassica database)를 이용하여 ‘소소황’, ‘황금춘하’, ‘씨알노랑쌈’, ‘청쌈’, ‘춘대장’, ‘새벽이슬’, ‘춘하광’, ‘천하장군’, ‘에이치와와’, ‘사강’ 10품종을 대상으로 품종간 다형성을 보여주는 마커를 선별하였다. PCR 반응은 배추 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μM 의 SSR primer, 2 μl dNTP mixture (2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μl의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가 하여 총 반응액을 25 μl로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선별하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 배추 174품종을 PCR 하였다. 4 μl의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220μl에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μl씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μl은 Hi-Di formamide 10ul와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25ul를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 50 SSR markers used for selection of chinese cabbage new SSR markers.

No.	Marker name	Forward sequence	Reverse sequence	Chromosome
1	BrID90105	GAAATACTACACATTTTCCAAAACAAA	TCGATAGGTAGGGTGCATTTTC	6
2	BrID10995	CATGTTTCTCATTTCCATCC	AAGCTTCGAATATGAGGTGA	6
3	8C0092	GACGTATCTGTTAGCGAGGGTTTT	CTGCCGATGTCGTTGATTAGTGAA	6

4	BrID101163	CAACTCATCATGTGGTTCCAC	GGCTGGACAAGTAAGATACAA	6
5	BrID101089	GATGGAACCATTGTGAATGT	CCCGTCTATTTTGTGATACG	6
6	BrID10993	TACCTTGTCTCGTGCTTTCT	GTAAACCAAACAAAAGACCG	6
7	BrID10849	AAAGATCTGTGGAATCATGG	GGCAAACATGGGTTGATA	6
8	BrID90311	TTGCCTAATGTATAGGTGTCCATC	TCGCGCTCTTGAATTGATTA	6
9	BrID90005	GCCATATGTCTGCAAAAGAAA	TCTAATCCATTGCCACAAA	6
10	BrID10251	TGGTTTGGTCAGGTTTATTC	GTCTCACATGGTTGCTAACTT	6
11	BrID101229	AAACACCTTAGTGCTTGGC	GCTGAGAGAATGTGTTGTGT	7
12	ENA6(R7)	CTCGTCTTCTTACCTACAAC	CTGACATCTTTCTCACCCAC	7
13	BrID10283	CGGTTAGGTCGTAACCTCGTA	CTCTTCATACGCAAGTCTTT	7
14	BrID10485	GTACACACATGGCTGACAAG	AAGCATCTCTTTTACAGAAG	7
15	Ra2A01	TTCAAAGGATAAGGGCATCG	TCTTCTTCTTTTGTGCTTCCG	7
16	BrID10101	GAGTTCAAACCATACATAGCAG	GCTCATCAACGCATTAATCT	7
17	KBRH143H15	TCTGCATCAAAATGCTAAAATGA	TGATCTTTTAGAAAACAAAGATCGAG	7
18	BrID10349	ACTTGCGATCATGAGTTCTT	GATGCCTTAAGAGAAGCAAA	7
19	8C0108	GAATATTTCGTACACAGAGGAG	CCACACCAAGGGGCGTAGA	7
20	BrID101185	ATAAGGGGACCCTGTAAAAA	TTCTGTCAACTAACATCCCA	7
21	BrID101045	CGTTGCATGATCAGTGTATT	CGCTCGATCTGTTCTTAGAT	8
22	8C0651	GACGACATCACAAGCGAAACA	CGACACGGAAAGGATTGAGATT	8
23	Ra2E12(R8)	TGTCAGTGTGTCCACTTCGC	AAGAGAAACCCAATAAAGTAGAAC	8
24	BrID10783	CTAGAGGCTGATGGATAATTG	GCACAACAACACGATCATT	8
25	BrID10309	AAGCAGGGTTTGGTTAACT	ATACATCCATTGTGAGGAG	8
26	BrID10315	CCAGGGAGATCTGTTTGTTA	AGTTTCCAGCACAAACAGAGA	8
27	BrID10267	AATCTGTTCTTTCTGGGAGA	CAAGAACTTTCAAGACGTGG	8
28	BrID10933	GAGATCAGACCCTCAACAAG	GGCAACGATTCTGATTATCT	8
29	BrID101199	ATGATGGAGATGGACATTTG	TGTATCGGCAGAAGAATCTC	8
30	BrID10427	TTTGTCTCTTCTTCCTTCG	CGACAAGATAAGGGAATCTG	8
31	BrID10743	GTGTGAAATGTTTCCTATCG	AATGATGACTGTTTCCTAGGTC	9
32	8C1046-1	TAGATCGGACGGAGGAAGGAAGA	TTGGGCTGGAGGTAGACGAAGAG	9
33	BrID10187	GCCATAAGTTAGGCAAAAAG	CACGTGATTTGGTAAATTCC	9
34	ENA27(R9)	AAAGGACAAAGAGGAAGGGC	TTGAAATCAAATGAGAGTGACG	9
35	8C0923	TCATTTTCAACGACTCTCCACTCT	AGGGGGTTTGATTCTCTGA	9
36	BrID101227	CTGCTAGTGATTTTATGCC	GTTGGTGAAACATAATTTCG	9
37	8C0090	GGTGCTGCCAAGGAGGAAATC	AAGGCTTGTAGGCACCACCAC	9
38	BrID10665	ACAAATCCAGTTTGTCTCAC	GCATGAATCGTGTGCATATT	9
39	KBRH143K20	CAAATGTCTCAAGACACATAAACCA	CTAAAGCAGCAATTGGGTGTT	9
40	BrID10829	TTCATGGAGAGACAACACA	TCCTTTTCGTTTGGTACAAC	9
41	ENA18(R10)	TTAAAATGAAACCCACCCGA	TGTTGGGCAACATCCATTTA	10
42	BrID90147	CGTCCCTCTTAAAGTTGCGT	AAGCCGACGTTTACAAGATAATTT	10
43	BrID10575	TTTTCTCTCTTAGCATCTCC	GTTTTTATCCGCAGACACAT	10
44	BrID10225	ACTCCATAACCCAAATCTC	GAATGGTTCGACTGTGACTT	10
45	BrID10233	TGCTTCTTGTGATGATTGTC	ACCGTGTGTTGTGCCACTA	10
46	ENA2(R10)	GATGGTGATGGTGATAGGTC	GAAGAGAAGGAGTCAGAGATG	10
47	BrID10217	AAGTGTATGGGTGAAATTGG	AGCCTCTACGAACATTGTGT	10
48	BrID10477	GGGGTTCAACCTATTCTTTT	CGGGATTACAGTAACAATGC	10
49	BrID101247	CTCATTTTGGAGACTTCTACAG	GACACACACACTCACACAAA	10
50	BrID10833	CTGCCAATTCACCATTTTAC	TCTGAGAGCCATGAATTACC	10

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 '1', 없으면 '0' 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터 베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij} 는 마커 i 의 밴드들 중에서 j 번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

배추 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 50개(Brassica Database)(<http://brassicadb.org/brad/>)의 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘소소황’ 등 10품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 2개(BrID90005, BrID101045)를 선발하였다.

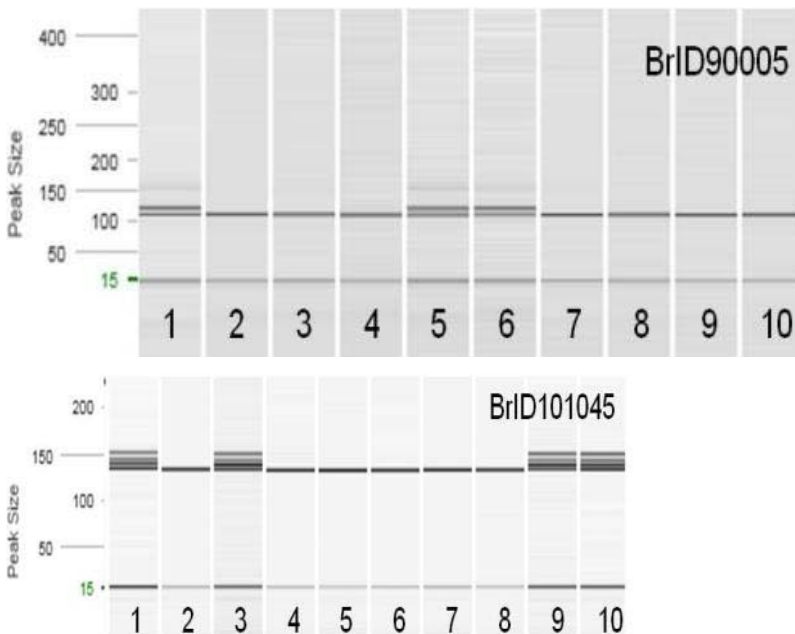


Fig. 1. Polymorphism of 2 SSR markers, BrID90005, BrID101045. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: Sosohwang, 2: Hwanggeumchunha, 3: CR Norangssam, 4: Cheongsaem, 5: Chundaejang, 6: Saebyeokiseul, 7: Chunhagwang, 8: Cheonhajanggun, 9: H-wawa, 10: Sagang.

따라서 2차 년도에 신규 선발된 2개 마커와 1차 년도에 최종적으로 선발된 34개 마커를 대상으로 DB구축에 적합한 마커를 선정하기 위하여 36개 마커의 반복성과 재현성을 검정하였다. 36개 마커로부터 174품종을 분석하여 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 다형성이 있고 재현성이 높은 마커를 선발한 결과, KS20851 등 23개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 마커로 선정하였다. 형광 표시된 23개 마커를 이용하여 배추 174품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 23 SSR markers selected for database construction of chinese cabbage varieties.

No.	SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product (bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
1	KS20851	GAACCAA	55	232-299	5	0.507	FAM
2	KS30270b	AG/CT	55	301-304	2	0.465	VIC
3	KS20860	AACAAG	55	302-375	5	0.363	NED
4	KS10870	ACATG	55	265-291	4	0.542	FAM
5	KS30200	AAG	55	286-299	3	0.623	FAM
6	KS30930	AG	55	305-311	3	0.645	VIC
7	KS40270	AG	55	197-218	4	0.683	NED
8	KS30260	AT	55	270-287	5	0.709	FAM
9	KS10440	TTC	55	253-268	2	0.498	NED
10	BRMS43	ATGT	55	296-319	4	0.601	VIC
11	BRMS56	GA	55	211-221	4	0.635	PET
12	BRMS34	GA	55	121-144	5	0.685	FAM
13	BRMS42-2	(GA)4,(CT)26	55	212-231	5	0.683	VIC
14	KS30270	AT	55	307-312	2	0.468	FAM
15	Ra2G09	-	55	227-257	7	0.630	PET
16	BC48(R2)	-	55	192-205	3	0.626	VIC
17	8C0022	-	55	167-177	4	0.514	NED
18	BrID90305	-	55	194-201	2	0.462	PET
19	BrID101051	-	55	131-135	2	0.500	VIC
20	8C0400	-	55	159-162	2	0.484	FAM
21	BrID90209	-	55	192-199	2	0.372	PET
22	BrID90059	-	55	186-199	2	0.337	VIC
23	BrID10123	-	55	164-168	2	0.147	PET
Total					79	12.179	
Mean					3.4	0.530	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~7개 였고, 총 79개의 대립유전자가 분석되었 으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 3.4개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도 를 나타내주는 PIC 값은 0.147에서 0.709까지 나타났으며, 평균값은 0.530으로 분석되었다.

23개 SSR 마커를 이용하여 배추 174품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그 림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.31-1.00의 범위로 나타났으며, 23품종을 제외 한 151품종이 23개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. SSR 분자표지로 식별되지 않은 품종은 총 9그룹 23품종 (‘에이치엔춘삼월’ , ‘신춘강’ , ‘영룡춘’ , ‘케이파워’), (‘케이에스춘하골’ , ‘청산봄’), (‘싹트네아리찬’ , ‘통큰김장’), (‘신세계’ , ‘씨알청단 엇갈이’), (‘씨알황성골드’ , ‘씨알잘되는’ , ‘대농청정’ , ‘통큰맛짱플러스’), (‘월동청 강’ , ‘만생월동’), (‘선진엇갈이’ , ‘참멋진엇갈이’), (‘흑광엇갈이’ , ‘씨알동오엇갈 이’), (‘씨알황금꽃’ , ‘참속노랑’) 으로 나타났다. 향후 제1세부과제의 협조를 받아 유사 도 100%인 품종에 대한 형태적 특성조사를 통해 품종간 유사성, 동일성 여부를 확인해야 할 것으로 사료된다.

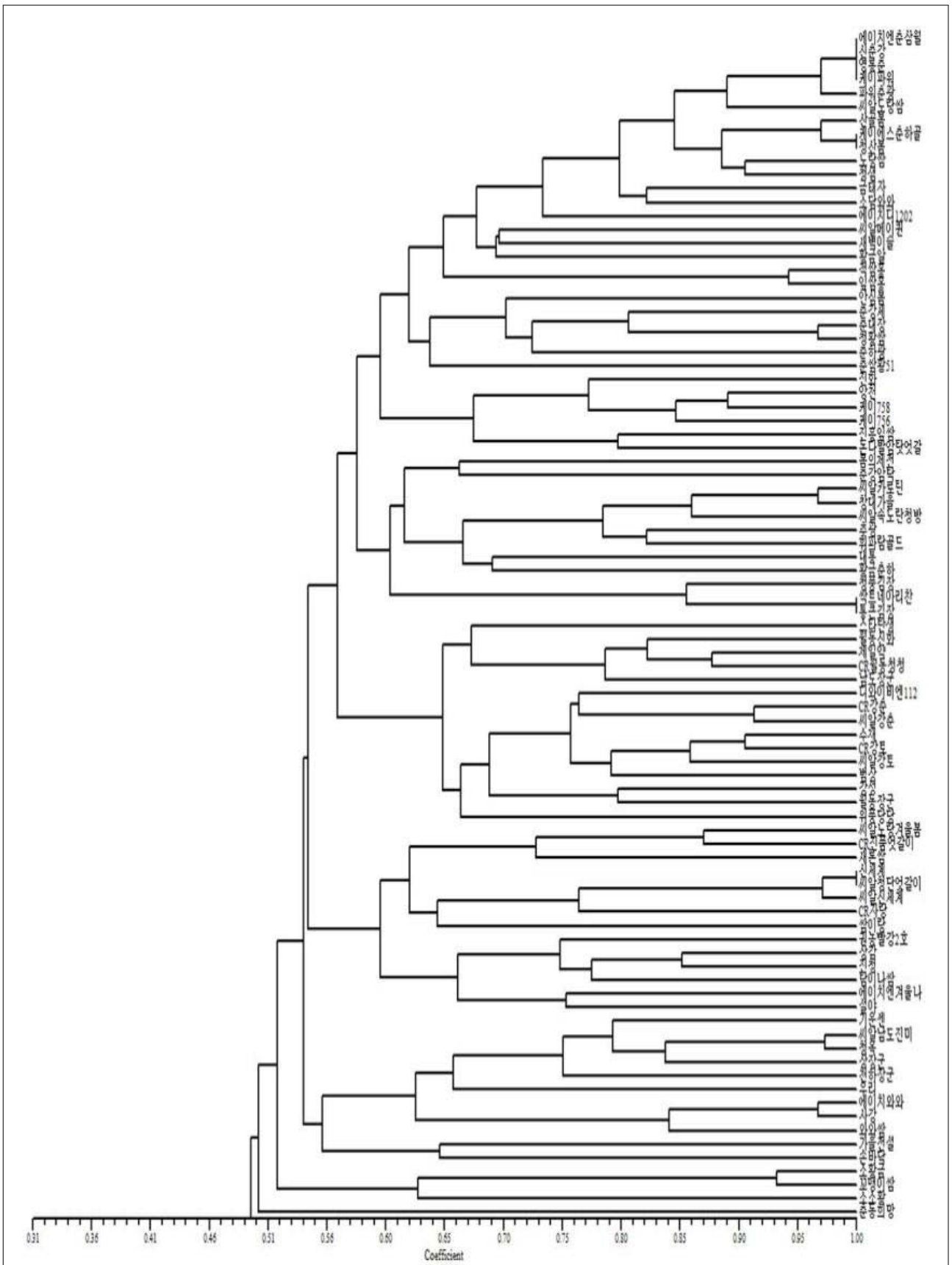


Fig. 2. Dendrogram of 174 chinese cabbage varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard' s coefficient of similarity.

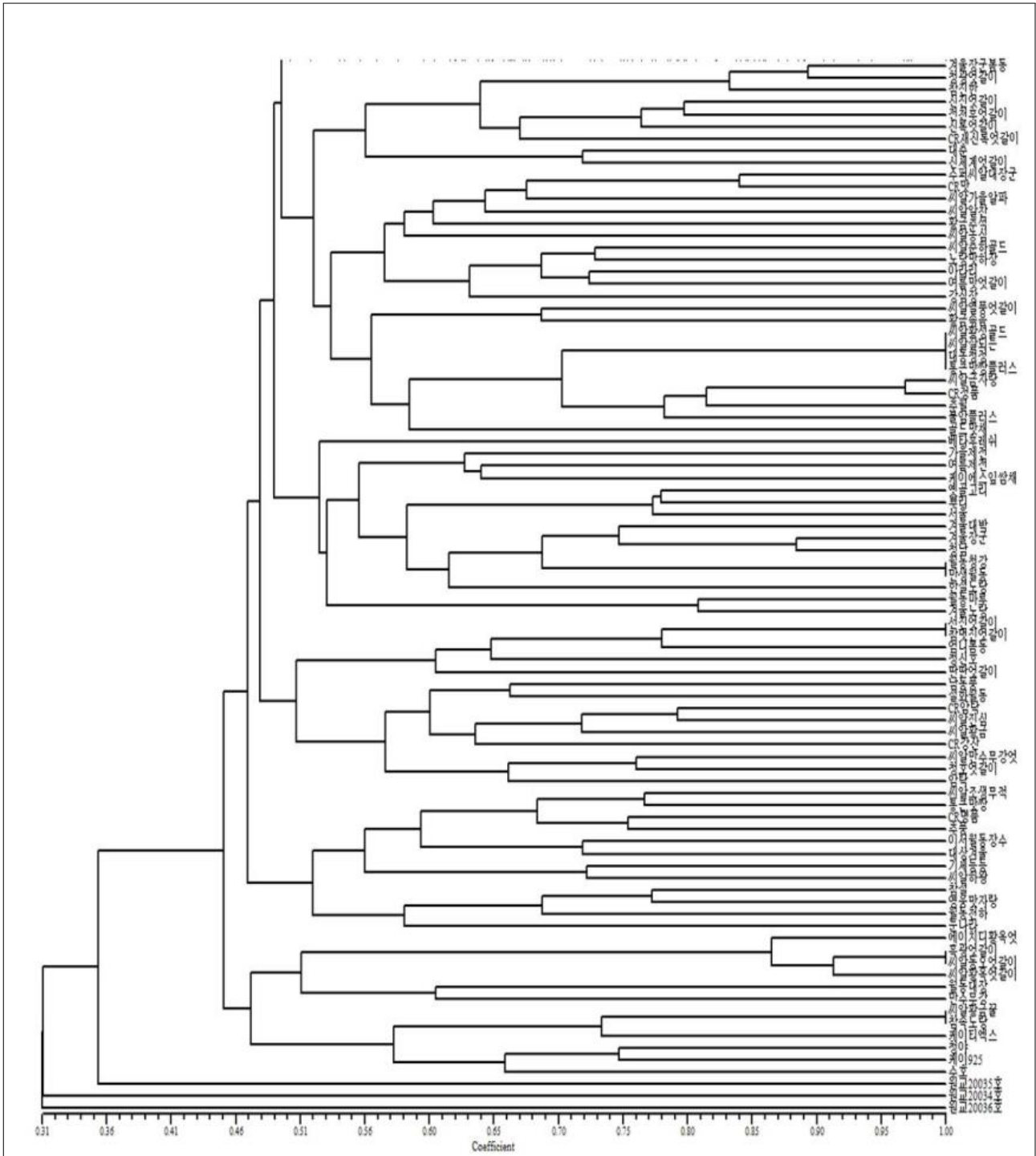


Fig. 2. Continued.

8. SSR 마커를 이용한 수박 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

수박(*Citrullus lanatus*)는 2012년 재배면적이 14,885ha이고 생산량이 642,945톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 49품종, 재배심사 중인 품종이 29품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 637품종으로 채소작물 중 고추, 무,

배추, 토마토, 상추 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(http://seed.go.kr). 국내 수박 품종식별 연구는 Kwon 등(2006)이 ISSR 마커를 이용하여 18품종에 대한 유연관계 분석 이후, Kwon 등(2010)이 SSR 마커를 이용하여 유통품종 49품종을 대상으로 품종식별 연구를 수행한 바 있으나 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 어려움이 있었다. 따라서 수박의 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 정밀한 기자재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 수박의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 제6협동과제로부터 분양받은 수박 유통품종 및 계통을 대상으로 기존에 사용된 종자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 신규의 프라이머로부터 수박 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발함으로써 수박 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

수박 유통종자에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 6협동과제로부터 40품종의 종자를 수집하여 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial watermelon varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종 영문명	회사명	비고
1	스피드꿀	Speedggul	농우바이오	품종보호등록
2	환상꿀	Hwansangkkul	농우바이오	품종보호등록
3	우리꿀	Wooriggul	농우바이오	생관수입판매신고
4	희망꿀	Huimangkkul	농우바이오	품종보호등록
5	메가스피드꿀	Megaspeedkkul	농우바이오	생관수입판매신고
6	슈퍼꿀	Superkkul	농업협동조합중앙회	생관수입판매신고
7	드레곤	Dregon	농업협동조합중앙회	생관수입판매신고
8	흑보	Heukbo	농업협동조합중앙회	품종보호등록
9	새로나꿀	Saeronakkul	농업협동조합중앙회	품종보호출원
10	골드맛	Goldmat	농업협동조합중앙회	품종보호등록
11	킹라이코	Kingraiko	농업협동조합중앙회	품종보호등록
12	삼복꿀	Sambokggul	동부팜한농	생관수입판매신고
13	당당한	Dangdanghan	동부팜한농	품종보호등록
14	대박꿀	Daebakggul	동부팜한농	생관수입판매신고
15	정통꿀	Jeongtongkkul	동부팜한농	생관수입판매신고
16	에이스꿀	Aceggul	몬산토코리아	품종보호등록
17	세미꿀	Semiggul	사카타코리아	생관수입판매신고
18	흑미	Heukmi	삼성종묘	품종보호등록
19	씨제로	Czero	신젠타종묘	품종보호등록
20	달고나꿀	Dalgonakkul	신젠타종묘	품종보호등록
21	명가왕꿀명가왕수박	Myeonggawang	서울종묘	생관수입판매신고
22	새이지뢰왕	Saejirewang	농업협동조합중앙회	계통
23	마니다라	Manidara	신젠타종묘	품종보호등록
24	포미나	Pomina	농업협동조합중앙회	계통

25	제황꿀	Jehwangkkul	코레곤	생판수입판매신고
26	피코후레쉬1호	Picofresh1ho	농업협동조합중앙회	계통
27	피코후레쉬2호	Picofresh2ho	농업협동조합중앙회	계통
28	리코스위트1호	Ricosweet1ho	파트너종묘	품종보호등록
29	리코스위트2호	Ricosweet2ho	파트너종묘	품종보호출원
30	챔피온	Champion	농업협동조합중앙회	계통
31	양원	Yangwon	농업협동조합중앙회	계통
32	정품쌍성	Jeongpumssangsung	농업협동조합중앙회	계통
33	미관	Miguan	농업협동조합중앙회	계통
34	황피정흔1호	Hwangpigeonghon1ho	농업협동조합중앙회	계통
35	학농	Haknong	농업협동조합중앙회	계통
36	흑관	Heukgwang	농업협동조합중앙회	계통
37	미국흑장군	Mikukheukganggun	농업협동조합중앙회	계통
38	흑정괴	Heukjunggoe	농업협동조합중앙회	계통
39	일본타이가부시	Ilbontaikabusi	농업협동조합중앙회	계통
40	일본블랙부시	Ilbonblackbusi	농업협동조합중앙회	계통

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

수박 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 21개(Kwon et al. 2010), 10개 마커(unpublished data), 9개 마커(Kwon, 2013) 총 40개 마커(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 40 SSR markers used for selection of watermelon SSR markers.

No.	SSR marker	Repeat motif	Reference	No.	SSR marker	Repeat motif	Reference
1	SAT	-	Kwon et al. 2010	21	MCPI-47	(AAAT) ₅	Kwon et al. 2010
2	EST00680	(TG) ₅ (TTCC) ₅	Kwon et al. 2010	22	WS005-0618	(CT) ₃₇	unpublished data
3	CMBR139	(CT) ₂ T(TC)(GA) ₂ AC T) ₂ N ₄ T ₅ CT ₅ G(CT)T ₄ N ₈ (CT) ₂ T(TC) ₂ C(CT) ₁₄	Kwon et al. 2010	23	WS009	(GA) ₂₄	unpublished data
4	C.I. 1-20	(CT) ₁₈	Kwon et al. 2010	24	WS014-0618	(GA) ₂₆	unpublished data
5	TJ10	(CTT) ₅ (CT) ₃	Kwon et al. 2010	25	WS030-0122	(CT) ₁₄	unpublished data
6	MCPI-03	(TG) ₈	Kwon et al. 2010	26	WS032-0122	(CT) ₁₄	unpublished data
7	MCPI-04	(AC) ₃₆	Kwon et al. 2010	27	WS037-0122	(CT) ₂₃	unpublished data
8	MCPI-05	(TA) ₉ N ₃₆ (GT) ₈	Kwon et al. 2010	28	WS044-0331	(CT) ₁₂	unpublished data
9	MCPI-07	(AAG) ₉	Kwon et al. 2010	29	WS062-0205	(CT) ₂₃	unpublished data
10	MCPI-10	(AAAT) ₈	Kwon et al. 2010	30	OM48	(AG) ₁₂	unpublished data
11	MCPI-12	(AAG) ₇ N ₆₉ (AT) ₂₆	Kwon et al. 2010	31	WMU29	(GCA) ₁₁	unpublished data
12	MCPI-13	(AG) ₂₅	Kwon et al. 2010	32	WMU56	(TA) ₁₂	Kwon 2013
13	MCPI-14	(AAT) ₁₅	Kwon et al. 2010	33	WMU71	(CA) ₁₁	Kwon 2013
14	MCPI-16	(AG) ₁₁ (AAG) ₅	Kwon et al. 2010	34	WMU580	(AAG) ₁₂	Kwon 2013
15	MCPI-28	(AAG) ₉	Kwon et al. 2010	35	WMU1211	(CT) ₁₇	Kwon 2013
16	MCPI-30	(AAG) ₁₀	Kwon et al. 2010	36	WMU1322	(AT) ₁₉	Kwon 2013
17	MCPI-31	(AAG) ₆ A ₂₂	Kwon et al. 2010	37	WMU400	(CT) ₁₉ CCTCTTTTT GTGGATCCTCCTT CCAGTTTTT(CT) ₈	Kwon 2013
18	MCPI-32	(AAG) ₅ A(ATC) ₈	Kwon et al. 2010	38	WMU4136	(AGA) ₈	Kwon 2013
19	MCPI-33	(AG) ₈ N ₁₇₃ (TA) ₈	Kwon et al. 2010	39	WMU4488	(GCA) ₁₁	Kwon 2013
20	MCPI-39	(TA) ₈ N ₂₇ (AAG) ₅	Kwon et al. 2010	40	WMU4643	(TA) ₁₀	Kwon 2013

수박 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선발하기 위하여 95개 프라이머(Cucurbit Genomics Database)(<http://www.icugi.org>)를 이용하여 ‘단꿀’ (신젠타종묘), ‘달고나’ (서울종묘), ‘마니다라’ (신젠타종묘), ‘참맛꿀’ (신젠타코리아), ‘명가꿀’ (신젠타코리아), ‘스

피드꿀’ (농우바이오), ‘우리꿀’ (농우바이오), ‘희망꿀’ (농우바이오) 8품종을 대상으로 품종간 다형성을 보여주는 마커를 선발하였다. PCR 반응은 수박 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 수박 40품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기 영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10ul와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25ul를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 95 SSR markers used for selection of watermelon new SSR markers.

No.	Marker name	Marker type	Repeat motif
1	WMU05008	EST-SSR	(CTT) ₈ ctctcttctcaatggctgctggcgtttgaattttggaaagtggaagctccaatctctcactctctgtaagac ctctgttttt(TTC) ₁₀
2	WMU05339	EST-SSR	(CTTTT) ₇ C(CT) ₁₀
3	WMU05821	EST-SSR	(GAA) ₆ gagagaagaagaagaagctgctgttaggtccaccaactggtagttagggattaatcttcttaaccaaac acttccttacggacc(AAG) ₁₀
4	WMU06649	EST-SSR	(AAG) ₆ aggaaga(AGG) ₅
5	WMU07304	EST-SSR	(ATC) ₇ aaagcaataacaacaataataatagtaataatgatccacaatatccaagacagaaaatttgatg(AAC) ₅
6	WMU07900	EST-SSR	(AC) ₆ (GC) ₇
7	WMU07949	EST-SSR	(GAT) ₅ (AAT) ₆
8	WMU08822	EST-SSR	(TA) ₈ (AT) ₆
9	WMU09698	EST-SSR	(GA) ₉ cagcgaacgagcagcaagatgatagtaaagaag(AGA) ₅
10	WMU09724	EST-SSR	(CTC) ₅ caccaacaagaacagctgatctacctctgttttc(CT) ₁₁
11	WMU09977	EST-SSR	(TAT) ₇ ttttaattc(TA) ₈
12	WMU10668	EST-SSR	(AG) ₆ accagaaacctctcttctcaatcaat(TC) ₈
13	WMU12055	EST-SSR	(TCA) ₈ tcttcttcta(CTT) ₁₄
14	WMU12109	EST-SSR	(AGA) ₈ ga(AG) ₆
15	WMU12892	EST-SSR	(GAA) ₅ gctccgttggtgggaatggcgaagaggaagtgt(GAA) ₅
16	WMU13149	EST-SSR	(TTTC) ₅ ttttattttttcc(CT) ₆
17	WMU13662	EST-SSR	(TCT) ₉ tcactctcaaagcaattaatcgccgtt(TTC) ₇
18	WMU13728	EST-SSR	(AAG) ₅ aaaagaagaagaagaagaaaagaaaaagaaaaaagaagaaagc(AAGA) ₅
19	WMU14432	EST-SSR	(GAA) ₅ aagacacagt(AG) ₂₁
20	WMU14736	EST-SSR	(TTC) ₁₃ ttt(TTC) ₆
21	WMU14970	EST-SSR	(AAG) ₆ aggaaga(AGG) ₅
22	WMU15126	EST-SSR	(CTT) ₇ ca(TC) ₆
23	WMU15231	EST-SSR	(TAC) ₅ aaatcatcatcaattggagaatat(TAA) ₆ tagcatgaaaatctggaggagacacaagggattaaca atttgtcaagaatttcttggaaattcaaccaatgatgatcaattctggaattctagtact(ACA) ₅
24	WMU15876	EST-SSR	(TTC) ₉ tcctc(TGA) ₇
25	WMU17506	EST-SSR	(GAA) ₅ ggagaagg(AGGAGA) ₅

26	WMU18026	EST-SSR	(TTC) ₁₁ a(TC) ₆
27	WMU19294	EST-SSR	(AG) ₆ (TG) ₇
28	WMU19556	EST-SSR	(AG) ₆ atgaggaagaagg(AGA) ₇
29	WMU20544	EST-SSR	(CT) ₉ atacacatatacatatataatagccctaattgtcgcacgttcaatgaattagggtgcctgtgatttcgtagcctcgcctttctccgctg(TC) ₈
30	WMU20552	EST-SSR	(TTC) ₁₁ ca(TC) ₆
31	WMU22015	EST-SSR	(ATG) ₇ gaaaggcagtttgagtagtatttattgcaaagactttcctttaagaaaaaaaaaatagtttaagttgtagatggtc(ATG) ₅
32	WMU22368	EST-SSR	(GAC) ₅ (GAA) ₉
33	WMU22392	EST-SSR	(CTCTT) ₅ ccatggc(CT) ₆
34	WMU23176	EST-SSR	(AAG) ₈ a(AAG) ₁₂ (AGA) ₉
35	WMU23388	EST-SSR	(GCT) ₇ (TCT) ₆
36	WMU23951	EST-SSR	(TC) ₈ attgtaagccataatataattcctttcttctctcta(CT) ₇
37	WMU24407	EST-SSR	(TTC) ₁₀ a(TC) ₆
38	WMU24431	EST-SSR	(TC) ₆ tgggtgattttctcgcagctttacgtctccatcacggctctctgtttccatttcgtgttat(TC) ₈
39	WMU25571	EST-SSR	(TTC) ₁₁ a(TC) ₇
40	WMU25576	EST-SSR	(AG) ₇ at(GAA) ₇
41	WMU25581	EST-SSR	(AG) ₆ at(GAA) ₁₁
42	WMU25644	EST-SSR	(TTC) ₈ t(TTC) ₅ a(TC) ₆
43	WMU25645	EST-SSR	(TTC) ₁₀ a(TC) ₆
44	WMU25654	EST-SSR	(CTT) ₁₀ ca(TC) ₇
45	WMU25708	EST-SSR	(TTC) ₇ tttcttctct(TTC) ₆
46	WMU25971	EST-SSR	(TCT) ₆ tca(TC) ₆
47	WMU26213	EST-SSR	(AG) ₆ at(GAA) ₈
48	WMU26343	EST-SSR	(AG) ₆ at(GAA) ₁₁
49	WMU79666	EST-SSR	(AT) ₈ gcatttctgtattataattatatttttagtgg(CTTTTT) ₅ ctctgagatgttaactgatgataaagct(TC) ₁₁
50	WMU79234	EST-SSR	(CAG) ₅ caacaacaacagcatcctcagctgcaacaaca(CAG) ₅ caacaacagcatcctcagctgcaacaacaacaacagcagcagcaactttctcaata(CAG) ₅ caactttctcaata(CAG) ₇
51	WMU79128	EST-SSR	(AAT) ₆ a(AG) ₆
52	WMU78555	EST-SSR	(CT) ₆ (AT) ₇
53	WMU75571	EST-SSR	(GA) ₇ tatgaagtttggtttatgtctatcacacagttgtagttatgtctttaaggaatcatggataattatgtagagattgcatcagaa(AT) ₆
54	WMU72742	EST-SSR	(AG) ₆ at(GAA) ₆
55	WMU72655	EST-SSR	(TAC) ₅ aatcatcatcaattggagaatat(TAA) ₆
56	WMU70261	EST-SSR	(TCA) ₈ (TCT) ₁₉
57	WMU70014	EST-SSR	(AG) ₆ c(GA) ₇
58	WMU69949	EST-SSR	(GAA) ₈ (GAG) ₈
59	WMU69937	EST-SSR	(GA) ₇ tatgaagtttggttatgtctatcacacagttgtagttatgtctttaaggatcatggataaattatgtagagaattgcatcagaa(AT) ₆
60	WMU69768	EST-SSR	(AGA) ₅ aaaacagagtgggttgagaaaacagagtattcgagaaaagagagtattgagcagaggttggtgaaagggttctactgttgatccttc(GCG) ₅
61	WMU68559	EST-SSR	(AG) ₆ (TG) ₇
62	WMU68216	EST-SSR	(TC) ₇ caacaacaactctcactagaaaaagagagatttacaagaacagaaaaagggtttcc(GTT) ₅ (CTT) ₅
63	WMU67545	EST-SSR	(AG) ₇ aaaggagaaaaatgggagttctctatcaaggatcggagtctcttcaaatgggttgcccctcgacggcagcgcgcaagctgcctcatcggag(GAA) ₆
64	WMU65584	EST-SSR	(TCT) ₅ c(CTT) ₅
65	WMU65209	EST-SSR	(AG) ₆ at(GAA) ₆
66	WMU63640	EST-SSR	(TCA) ₈ (TCT) ₁₂ tcc(TCT) ₆
67	WMU62763	EST-SSR	(CCA) ₆ cctttccaccaccacaaggaagaagaagggcaaaaggagaagaagaatgatagtaagaag(AGA) ₅
68	WMU62083	EST-SSR	(CTT) ₇ (TCT) ₈
69	WMU61783	EST-SSR	(AGA) ₅ tgcagtggaataactagtagtttggacaaaagatgtggtcgaaaaatgaaaaccc(AGA) ₇
70	WMU60787	EST-SSR	(GA) ₆ a(AG) ₆
71	WMU60590	EST-SSR	(AAACG) ₅ aa(AAG) ₅
72	WMU58856	EST-SSR	(ATC) ₇ agaggagaagaaga(AG) ₆
73	WMU54029	EST-SSR	(AAG) ₅ aacaacaacaataaccagtagactccatccatttcaccattccaaaaactagggtttctcaccttcaagcgaatcagcctaacaanaat(CAG) ₅
74	WMU53198	EST-SSR	(TTC) ₆ ttactta(CTT) ₆
75	WMU50097	EST-SSR	(GAT) ₇ gaagaagaatgattaggagtactaggaggaggagatatgttgggtattgatgatggttaattgggttaaaattt(GA) ₆

76	WMU47960	EST-SSR	(GA) ₆ ggttttctgg(TC) ₆
77	WMU47636	EST-SSR	(AGA) ₈ atctttgtgtaatc(AGA) ₉
78	WMU47539	EST-SSR	(AG) ₁₈ gcatacatatataat(AC) ₆
79	WMU44331	EST-SSR	(AG) ₈ gaaaaactggaaggagagatccacaaaaagaag(GA) ₁₉
80	WMU44201	EST-SSR	(TCG) ₅ gaagacttggtgggggatcttttgggaagggaatcgtctttacagaaaacggaattggagaagagaa gaagagcaaccatagc(AAG) ₅
81	WMU43475	EST-SSR	(CTCGCC) ₅ cacgcccacgtccacgccctctatatccatatacaattcttcccattctatttctcaattcccatttc ttccttttcggattttctcatctccat(CTTCTC)5ctccttctc(CTT) ₅
82	WMU42398	EST-SSR	(GCA) ₆ (ACA) ₇
83	WMU41928	EST-SSR	(TTTTA) ₅ ttttttaagatttgggaaactttagt(TA) ₆ tgtatgtatgtatgtgtctc(TA) ₁₂
84	WMU41455	EST-SSR	(CT) ₆ taatcgctcgattcaaggttttcttattcagatgg(CTT) ₅
85	WMU41304	EST-SSR	(CAC) ₆ catggagaagagaaggagctggcaacgaaggtgtg(AGC) ₇
86	WMU40529	EST-SSR	(TC) ₆ cggcagatattcgagaacgacggcctggtgggtgtgaagaagtaagaccaggttg(GA) ₂₀
87	WMU39650	EST-SSR	(AGA) ₅ aaggagagaaggaaaaggagaagaaggacaaaggaggagaagaaaatgatagtaaagaag(AGA) 5aagaagagaaggaaaagaagaagaaggcaaggagaagaagaatgatagtaaagaag(AGA) ₅
88	WMU39627	EST-SSR	AAAG ₅ (AAG) ₅ *
89	WMU39616	EST-SSR	(TCT) ₁₀ ctttct(TTC) ₆
90	WMU39572	EST-SSR	(TG) ₆ tatatataatgatgct(CT) ₁₅
91	WMU39382	EST-SSR	(GAA) ₉ ggaatccattttctccctctctctctgcacgtaatttctgtcaaatata(AT) ₇
92	WMU39285	EST-SSR	(TCT) ₅ tca(TC) ₆
93	WMU39268	EST-SSR	(TTC) ₁₀ tcca(TC) ₆
94	WMU39245	EST-SSR	(CTT) ₉ ca(TC) ₆
95	WMU39197	EST-SSR	TC ₁₇ (CCTA) ₆ *ct(ACGTA) ₈ agaac(GA) ₁₀ a(AG) ₁₀

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기존에 종자원에서 사용 중인 마커 21개(Kwon et al. 2010), 10개 마커(unpublished data), 9개 마커(Kwon, 2013) 총 40개 마커(Table 2)를 이용하여 40품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 40개 마커로부터 ‘WM13’ 등 31개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 또한 수박 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 95개(Cucurbit Genomics Database)(<http://www.icugi.org>)의 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘단꿀’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 14개(WMU05339, WMU05821, WMU23388, WMU25581, WMU25971, WMU79234, WMU79128, WMU72742, WMU68216, WMU65209, WMU41304, WMU39627, WMU39268, WMU39245)를 1차 선발하였고, 14개 마커 중 반복 실험간 뚜렷한 재

현성을 보이는 11개 마커 WMU05339, WMU25581, WMU25971, WMU79234, WMU79128, WMU72742, WMU68216, WMU65209, WMU41304, WMU39245, WMU39268을 DB 구축용 마커로 최종 선발하였다(Fig. 1).

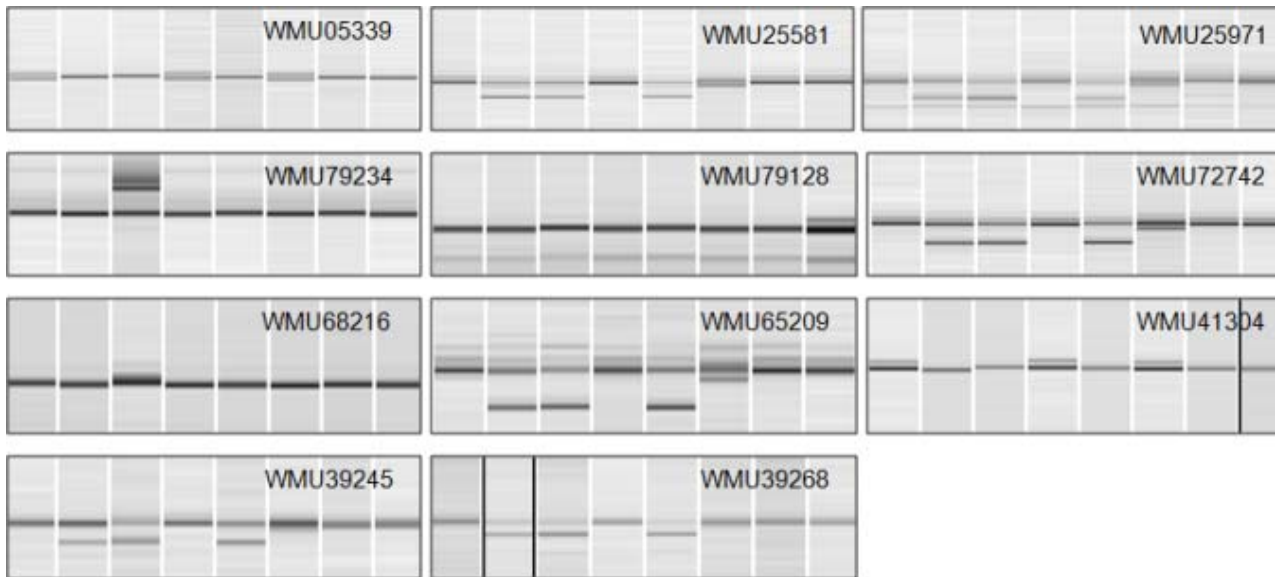


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, WMU05339, WMU25581, WMU25971, WMU79234, WMU79128, WMU72742, WMU68216, WMU65209, WMU41304, WMU39245, WMU39268. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: Dankkul, 2: Dalgona, 3: Manidara, 4: Chammatkkul, 5: Myeonggakkul, 6: Speedggul, 7: Wooriggul, 8: Huimangkkul.

따라서 기존 마커로부터 재선발된 31개 마커와 신규로 선발된 11개 마커 총 43개 마커를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 수박 40품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 42 SSR markers selected for database construction of watermelon varieties.

SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
WM13	(TG) ₅ (TTCC) ₅	55	233-247	2	0.310	VIC
WM40	(CT) ₂ T(TC)(GA) ₂ A(CT)T ₂ N ₄ T ₅ CT ₅ G(C) T) ₄ N ₈ (CT) ₂ T(TC) ₂ C(CT) ₁₄	55	215-217	2	0.436	NED
WM139	(CT) ₁₈	55	169-175	3	0.493	PET
WM392	(CTT) ₅ (CT) ₃	55	109-116	2	0.496	FAM
WM701	(TG) ₈	50	215-220	2	0.325	VIC
WM702	(AC) ₃₆	50	228-235	2	0.476	NED
WM703	(TA) ₉ N ₃₆ (GT) ₈	50	191-213	3	0.326	PET
WM704	(AAG) ₉	55	236-255	3	0.661	FAM
WM706	(AAAT) ₈	55	290-294	2	0.198	VIC
WM709	(AG) ₂₅	50	212-218	2	0.444	PET

WM710	(AAT) ₁₅	50	226-245	3	0.515	FAM
WM712	(AG) ₁₁ (AAG) ₅	50	246-264	3	0.372	VIC
WM722	(AAG) ₉	50	283-294	4	0.549	NED
WM724	(AAG) ₁₀	50	266-276	2	0.479	PET
WM726	(AAG) ₅ A(ATC) ₈	50	267-270	2	0.497	VIC
WM727	(AG) ₈ N ₁₇₃ (TA) ₈	50	273-277	3	0.531	NED
WM730	(TA) ₈ N ₂₇ (AAG) ₅	50	289-293	2	0.310	PET
WS009	(GA) ₂₄	50	135-159	3	0.580	NED
WS030	(CT) ₁₄	50	199-206	3	0.397	FAM
WS032	(CT) ₁₄	50	206-212	3	0.584	VIC
WS037	(CT) ₂₃	50	165-179	4	0.491	NED
WS044	(CT) ₁₂	55	116-122	2	0.449	PET
WS062	(CT) ₂₃	55	245-259	4	0.515	FAM
OM48	(AG) ₁₂	55	126-146	2	0.380	VIC
WMU029	(GCA) ₁₁	55	150-156	2	0.486	NED
WMU071	(CA) ₁₁	55	161-166	2	0.408	FAM
WMU0580	(AAG) ₁₂	55	182-187	2	0.393	VIC
WMU1211	(CT) ₁₇	55	254-262	3	0.483	NED
WMU400	(CT) ₁₉ CCTTCTTTTTGTGGATCTCTC CTTCCAGTTTTTC(CT) ₈	55	204-212	2	0.488	FAM
WMU4136	(AGA) ₈	55	141-157	2	0.496	VIC
WMU4488	(GCA) ₁₁	55	151-157	2	0.486	NED
WMU05339	(CTTTT) ₇ c(CT) ₁₀	55	208-217	2	0.492	VIC
WMU25581	(AG) ₆ at(GAA) ₁₁	55	156-193	3	0.552	PET
WMU25971	(TCT) ₆ tca(TC) ₆	55	136-178	4	0.565	VIC
WMU79234	(CAG) ₅ caacaacaacagcatcctcagctgcaa caacaa(CAG) ₅ caacaacagcatcctcagctg caacaacaacaacagcagcagcaactttcfaa ata(CAG) ₅ caacttttcaata(CAG) ₇	55	266-294	2	0.254	NED
WMU79128	(AAT) ₆ a(AG) ₆	55	210-212	2	0.165	FAM
WMU72742	(AG) ₆ at(GAA) ₆	55	133-172	3	0.556	PET
WMU68216	(TC) ₇ caacaacaactcctacagaaaaagag agatttacaagaacag	55	183-185	2	0.091	VIC
WMU65209	(AG) ₆ at(GAA) ₆	55	100-138	3	0.552	NED
WMU41304	(CAC) ₆ catggagaagagaagggagctggcaa cgaagggttg(AGC) ₇	55	251-267	3	0.472	FAM
WMU39268	(TTC) ₁₀ tcca(TC) ₆	55	259-296	3	0.552	VIC
WMU39245	(CTT) ₉ ca(TC) ₆	55	262-299	3	0.552	NED
Total				108		
Mean				2.6	0.449	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~4개 였고, 총 108개의 대립유전자가 분석 되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 2.6개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.091에서 0.661까지 나타났으며, 평균값은 0.449로 분석되었다.

42개 SSR 마커를 이용하여 수박 40품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림 과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.49-0.98의 범위로 나타났으며, 40품종이 42개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 앞으로 본 DB에 품종수를 추가하고, 품종식별 을 위한 핵심마커를 선발함으로써 6협동과제와 교차분석을 통해 표준화된 수박 데이터베이 스를 구축할 예정이다.

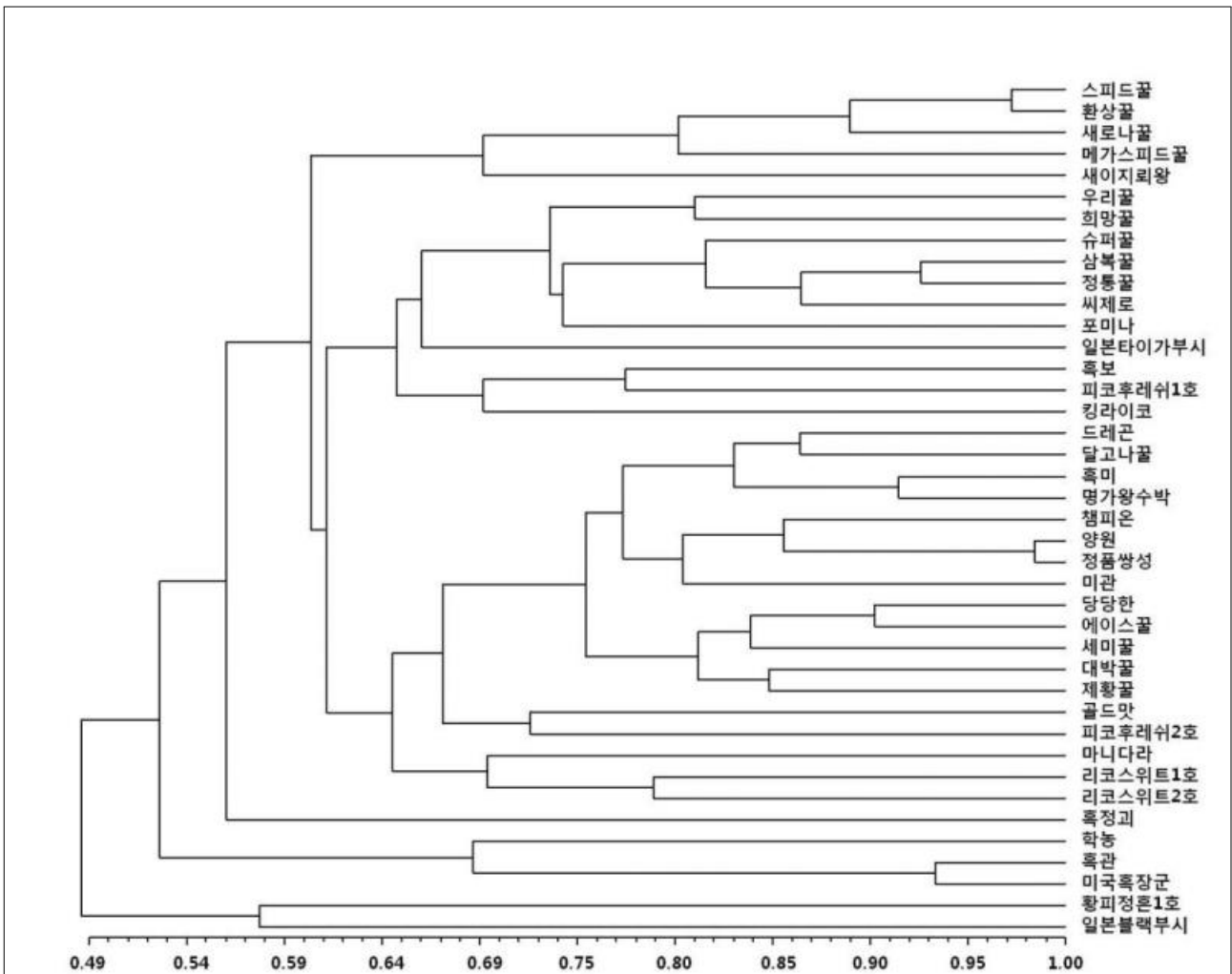


Fig. 2. Dendrogram of 40 watermelon varieties and lines using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

수박(*Citrullus lanatus*)는 2013년 재배면적이 14,885ha이고 생산량이 672,914톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2014), 2015년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 55품종, 재배심사 중인 품종이 27품종이고, 생산수입판매 신고된 품종이 673품종으로 채소작물 중 고추, 무, 토마토, 배추, 상추 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://seed.go.kr>). 국내 수박 품종식별 연구는 Kwon 등(2006)이 ISSR 마커를 이용하여 18품종에 대한 유연관계 분석 이후, Kwon 등(2010)이 SSR 마커를 이용하여 유통품종 49품종을 대상으로 품종식별 연구를 수행한 바 있으나 PCR 증폭산물을 polyacrylamide gel를 이용한 전기영동에 의해 분석하였기에 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 어려움이 있었다. 따라서 수박의 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 정밀한 기자재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 수박의 국가표준 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 구축된 수박 DNA 데이터베이스에 제6협동과제로부터 추가 분양받은 수박 품종과 6협동과제의 2차 년도 신규 품종을 추가적으로 수집하였고, 제6협동과제로

부터 제공받은 분자표지와 2차 년도에 신규 선발한 분자표지 중 DB 구축에 적합한 분자표지를 선정하여 수박 작물의 품종별 DNA Profile 데이터베이스 구축 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

수박 유통종자에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도 공시품종 40품종에 6협동과제로부터 35품종의 종자를 수집하여 수박 75품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial watermelon varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연 번	품종명	품종 영문명	회사명	출원, 등록 및 신고 구분	비고
1	스피드꿀	Speedggul	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
2	환상꿀	Hwansangkkul	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
3	우리꿀	Wooriggul	농우바이오	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
4	희망꿀	Huimangkkul	농우바이오	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
5	메가스피드꿀	Megaspeedkkul	농우바이오	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
6	슈퍼꿀	Superkkul	농업협동조합중앙회	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
7	드레곤	Dregon	농업협동조합중앙회	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
8	흑보	Heukbo	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
9	새로나꿀	Saeronakkul	농업협동조합중앙회	품종보호출원	1, 2차년도공시품종
10	골드맛	Goldmat	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
11	킹라이코	Kingraiko	농업협동조합중앙회	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
12	삼복꿀	Sambokggul	동부팜한농	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
13	당당한	Dangdanghan	동부팜한농	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
14	대박꿀	Daebakggul	동부팜한농	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
15	정통꿀	Jeongtongkkul	동부팜한농	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
16	에이스꿀	Aceggul	문산토코리아	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
17	세미꿀	Semiggul	사카타코리아	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
18	흑미	Heukmi	삼성종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
19	씨제로	Czero	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
20	달고나꿀	Dalgonakkul	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
21	명가왕꿀	Myeonggawang	서울종묘	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
22	새이지뢰왕	Saejirewang	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
23	마니다라	Manidara	신젠타종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
24	포미나	Pomina	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
25	제황꿀	Jehwangkkul	코레곤	생관수입판매신고	1, 2차년도공시품종
26	리코후레쉬1호	Picofresh1ho	파트너종묘	품종보호출원	1, 2차년도공시품종
27	리코후레쉬2호	Picofresh2ho	파트너종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
28	리코스위트1호	Ricosweet1ho	파트너종묘	품종보호등록	1, 2차년도공시품종
29	리코스위트2호	Ricosweet2ho	파트너종묘	품종보호출원	1, 2차년도공시품종

30	챔피온	Champion	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
31	양원	Yangwon	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
32	정품쌍성	Jeongpumssangsung	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
33	미관	Miguan	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
34	황피정흔1호	Hwangpigeonghon1ho	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
35	학농	Haknong	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
36	흑관	Heukgwang	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
37	미국흑장군	Mikukheukganggun	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
38	흑정괴	Heukjunggoe	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
39	일본타이가부시	Ilbontaikabusi	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
40	일본블랙부시	Ilbonblackbusi	농업협동조합중앙회	계통	1, 2차년도공시품종
41	활기찬꿀	Hwalgichankkul	현대종묘	품종보호등록	2차년도공시품종
42	넘버원꿀	Neombeowonkkul	아시아종묘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
43	대황	Daehwang	코레콘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
44	백마강	Bekmagang	코레콘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
45	태양꿀	Taeyangkkul	농우	생관수입판매신고	2차년도공시품종
46	만나	Manna	코레콘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
47	참조아복	Chamjoabok	제일종묘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
48	고향꿀	Kohyangkkul	동부한농	생관수입판매신고	2차년도공시품종
49	온세상	Onsesang	홍농	생관수입판매신고	2차년도공시품종
50	노다지꿀	Nodajikkul	진홍	생관수입판매신고	2차년도공시품종
51	복중꿀	Bokjungkkul	KS종묘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
52	로얄제리	Royaljerry	명산	생관수입판매신고	2차년도공시품종
53	불이	Buly	동원농산	생관수입판매신고	2차년도공시품종
54	정통꿀	Jeongtongkkul	홍농	생관수입판매신고	2차년도공시품종
55	조은꿀	Joeun	홍농	생관수입판매신고	2차년도공시품종
56	현대꿀	Hyundaekkul	현대	생관수입판매신고	2차년도공시품종
57	제왕꿀	Jewangkkul	코레콘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
58	설강102	Seolgang102	아시아	생관수입판매신고	2차년도공시품종
59	지존꿀	Jijonkkul	동부하이텍	생관수입판매신고	2차년도공시품종
60	환희꿀	Hwanhuikkul	동부한농	생관수입판매신고	2차년도공시품종
61	서태자	Seotaeja	아시아	생관수입판매신고	2차년도공시품종
62	칠복꿀	Chilbokkkul	제일종묘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
63	감수꿀	Gamsukkul	현대종묘	생관수입판매신고	2차년도공시품종
64	부라보꿀	Bravokkul	농우바이오	생관수입판매신고	2차년도공시품종
65	원더풀꿀	Wonderfulkkul	농우바이오	생관수입판매신고	2차년도공시품종
66	슈퍼골드	Supergold	아시아	생관수입판매신고	2차년도공시품종
67	흑미플러스	Heukmiplus	삼성	생관수입판매신고	2차년도공시품종
68	조생흑미	Josaengheukmi	삼성	생관수입판매신고	2차년도공시품종
69	ss꿀플러스	SSKkulplus	삼성	생관수입판매신고	2차년도공시품종
70	스피드플러스꿀	speedpluskkul	농우	생관수입판매신고	2차년도공시품종
71	금보수박	Geumbo	농우	생관수입판매신고	2차년도공시품종
72	씨제로	C-zero	신젠타	생관수입판매신고	2차년도공시품종
73	명가꿀	Myeonggakkul	신젠타	생관수입판매신고	2차년도공시품종
74	흑미	Heukmi	삼성	생관수입판매신고	2차년도공시품종

75	신세계	Sinsegye	삼성	생판수입판매신고	2차년도공시품종
76	이편한	Ipyeonhan	삼성	생판수입판매신고	2차년도공시품종
77	리틀엔젤	Littleangel	삼성	생판수입판매신고	2차년도공시품종

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

수박 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 2차 년도에는 1차 년도에 선발된 마커의 재검증을 위하여 1차 년도 선발 마커 42개 및 6협동과제로부터 제공받은 SSR 마커 14개, 총 56개 마커를 이용하였다(Table 2).

Table 2. The 56 SSR markers used for selection of watermelon SSR markers.

No.	SSR marker	Repeat motif	No.	SSR marker	Repeat motif
1	WM13	(TG)5(TTCC)5	29	WMU400	(CT)19CCTTCTTTTTGTGGATCTCCTTCCAGTTTTTC(CT)8
2	WM40	(CT)2T(TC)(GA)2A(CT)T2N4T5CT5G(CT)T4N8(CT)2T(TC)2C(CT)14	30	WMU4136	(AGA)8
3	WM139	(CT)18	31	WMU4488	(GCA)11
4	WM392	(CTT)5(CT)3	32	WMU05339	(CTTTT)7c(CT)10
5	WM701	(TG)8	33	WMU25581	(AG)6at(GAA)11
6	WM702	(AC)36	34	WMU25971	(TCT)6tca(TC)6 (CAG)5caacaacaacagcatcctcagctgcaacaaca(CAG)5caacaacagcatcctcagtgcaacaacaacaacagcagcagcaacttctaaata(CAG)5caactttctcaata(CAG)7
7	WM703	(TA)9N36(GT)8	35	WMU79234	(AAT)6a(AG)6
8	WM704	(AAG)9	36	WMU79128	(AG)6at(GAA)6
9	WM706	(AAAT)8	37	WMU72742	(TC)7caacaacaacttctacagaaaaag
10	WM709	(AG)25	38	WMU68216	gagatttacaagaacag
11	WM710	(AAT)15	39	WMU65209	(AG)6at(GAA)6
12	WM712	(AG)11(AAG)5	40	WMU41304	(CAC)6catggagaagagaaggagctggcacgaaggtgttg(AGC)7
13	WM722	(AAG)9	41	WMU39268	(TTC)10tcca(TC)6
14	WM724	(AAG)10	42	WMU39245	(CTT)9ca(TC)6
15	WM726	(AAG)5A(ATC)8	43	NHWM001	
16	WM727	(AG)8N173(TA)8	44	NHWM004	
17	WM730	(TA)8N27(AAG)5	45	NHWM007	
18	WS009	(GA)24	46	NHWM009	
19	WS030	(CT)14	47	NHWM014	
20	WS032	(CT)14	48	NHWM015	
21	WS037	(CT)23	49	NHWM016	
22	WS044	(CT)12	50	NHWM017	
23	WS062	(CT)23	51	NHWM020	
24	OM48	(AG)12	52	NHWM021	
25	WMU029	(GCA)11	53	NHWM024	
26	WMU071	(CA)11	54	NHWM025	
27	WMU0580	(AAG)12	55	NHWM027	
28	WMU1211	(CT)17	56	NHWM032	

PCR 반응은 수박 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000,

BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 수박 40품종을 PCR하였다. 4 µl의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기 영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220µl에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 µl씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 µl은 Hi-Di formamide 10ul와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25ul를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

1차 년도 선발 마커 42개와 6협동과제로부터 제공받은 14개 마커 56개를 이용하여 75품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 ‘WM13’ 등 39개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 총 39개 마커를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 수박 75품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 3).

39개 마커 중 5개 마커는 6협동과제로부터 제공받은 마커이며, 5개 마커는 종자원과 농협종묘에서 함께 선발된 마커이므로 향후 품종식별에 효율적으로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

Table 3. Characteristics of 39 SSR markers selected for database construction of watermelon varieties.

No.	SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labeling
1	WM13	(TG)5(TTCC)5	55	233-247	2	0.223	VIC
2	WM40	(CT)2T(TC)(GA)2A(CT)T2N4T5CT 5G(CT)T4N8(CT)2T(TC)2C(CT)14	55	215-217	2	0.473	NED
3	WM392	(CTT)5(CT)3	55	109-116	2	0.499	FAM
4	WM701	(TG)8	55	215-219	2	0.323	VIC
5	WM702	(AC)36	55	220-234	3	0.491	NED
6	WM703	(TA)9N36(GT)8	55	191-213	3	0.261	PET
7	WM704	(AAG)9	55	236-255	3	0.661	FAM
8	WM709	(AG)25	55	212-218	2	0.464	PET
9	WM710	(AAT)15	55	226-245	3	0.503	FAM
10	WM712	(AG)11(AAG)5	55	246-264	3	0.261	VIC
11	WM722	(AAG)9	55	283-294	4	0.503	NED
12	WM726	(AAG)5A(ATC)8	55	268-270	2	0.499	VIC
13	WM727	(AG)8N173(TA)8	55	273-277	3	0.443	NED
14	WM730	(TA)8N27(AAG)5	55	290-294	2	0.290	PET
15	WS009	(GA)24	55	135-159	3	0.526	NED
16	WS030	(CT)14	55	200-206	3	0.354	FAM
17	WS032	(CT)14	55	206-213	3	0.550	VIC
18	WS044	(CT)12	55	116-122	2	0.399	PET
19	WS062	(CT)23	55	246-259	4	0.514	FAM
20	OM48	(AG)12	55	126-146	2	0.333	VIC
21	WMU029	(GCA)11	55	150-156	2	0.481	NED
22	WMU071	(CA)11	55	161-166	2	0.426	FAM
23	WMU0580	(AAG)12	55	182-187	2	0.362	VIC
24	WMU1211	(CT)17	55	255-263	3	0.463	NED
25	WMU400	(CT)19CCTTCTTTTTGTGGATCT CTCCTTCCAGTTTTTC(CT)8	55	204-213	2	0.464	FAM
26	WMU4136	(AGA)8	55	141-157	2	0.494	VIC
27	WMU05339	(CTTTT)7c(CT)10	55	208-217	2	0.496	VIC
28	NHWM024	- (CAG)5caacaacaacagcatcctcagctg caacaaca(CAG)5caaca	55	190-202	2	0.252	FAM
29	WMU79234	acagcatcctcagctgcaacaacaaca gcagcagcaactttctcaa ta(CAG)5caactttctcaaata(CAG)7	55	266-294	2	0.134	NED
30	WMU79128	(AAT)6a(AG)6	55	211-213	2	0.153	FAM
31	WMU72742	(AG)6at(GAA)6 (TC)7caacaacaacttctacagaaaa	55	133-172	3	0.529	PET
32	WMU68216	gagagatttacaagaacag	55	183-185	2	0.049	VIC
33	WMU65209	(AG)6at(GAA)6 (CAC)6catggagaagagaagggagctgg	55	100-138	3	0.526	NED
34	WMU41304	caacgaaggtgttg(AGC)7	55	265-267	2	0.438	FAM
35	WMU39268	(TTC)10tcca(TC)6	55	259-296	3	0.529	VIC
36	NHWM001	-	55	183-211	2	0.482	VIC
37	NHWM004	-	55	142-170	2	0.497	NED
38	NHWM007	-	55	221-243	2	0.475	FAM
39	NHWM009	-	55	223-236	2	0.440	PET
	Total				95	16.26	
	Mean				2.4	0.417	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~4개 였고, 총 95개의 대립유전자가 분석되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 2.4개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.051에서 0.661까지 나타났으며, 평균값은 0.417로 분석되었다.

39개 SSR 마커를 이용하여 수박 75품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.53-1.00의 범위로 나타났으며, 75품종 중 56품종은 39개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났고, 19품종은 구분되지 않은 것으로 나타났다. 1차 년도 결과에 비해 공시품종이 구분되지 않은 원인은 자동염기서열분석기로 분석시 복잡한 피크 양상을 보이는 마커와 재현성과 반복성이 낮은 마커는 선발에서 제외하였기 때문인 것으로 판단된다. 향후 제6협동과제와 중복되는 품종에 대한 유전자형 분석 결과를 참조하여 분석기기에 따른 대립유전자 크기의 차이를 알아보고 6협동과제의 표현형 분석 결과를 참조하여 분자표지와 형태적 특성의 상관관계를 비교 분석해야 할 것으로 사료된다.

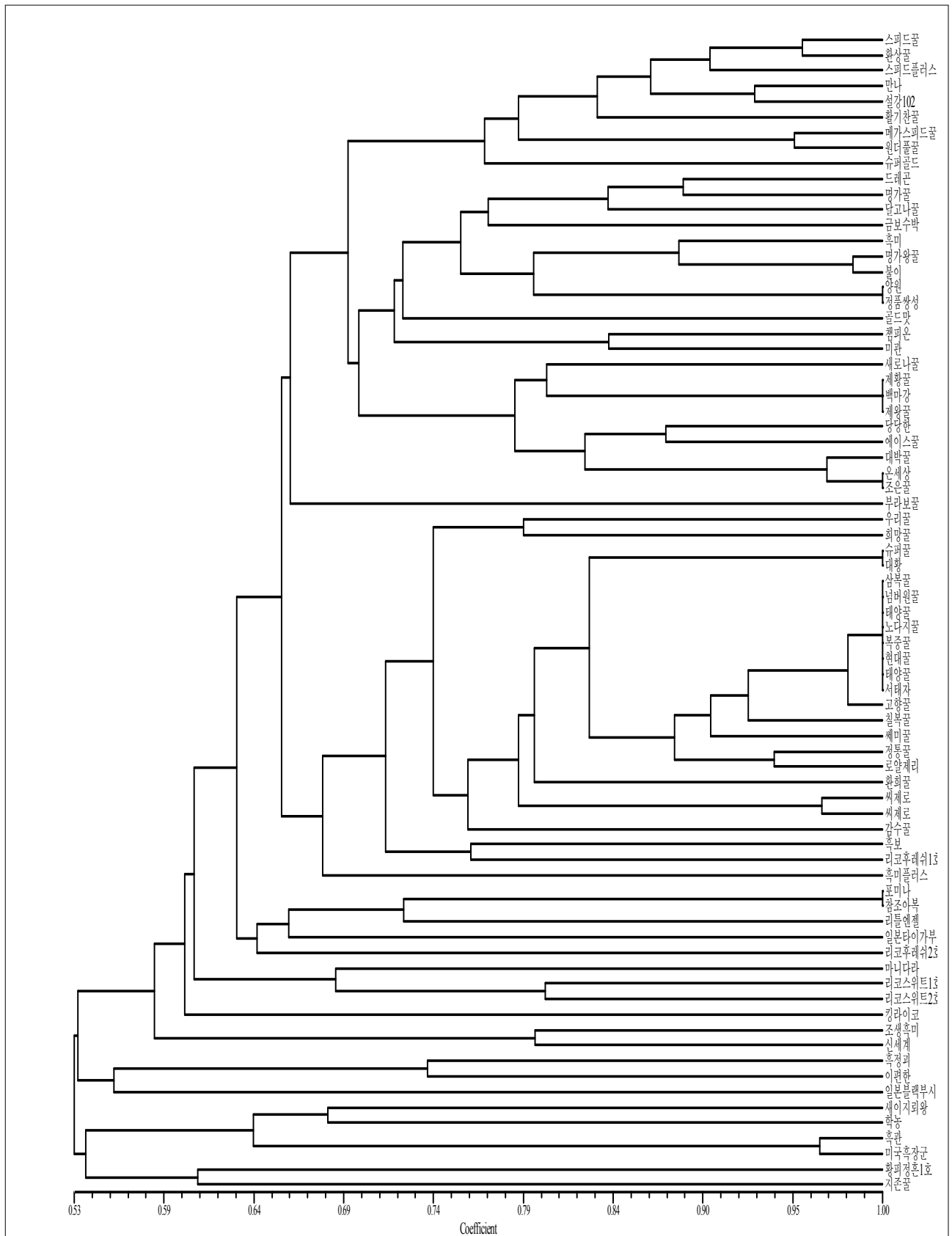


Fig. 2. Dendrogram of 75 watermelon varieties and lines using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

9. SSR 마커를 이용한 상추 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

상추(*Lactuca sativa* L.)는 2012년 재배면적이 4,252ha이고 생산량이 111,950톤에 달하며 (농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 63품종, 재배심사 중인 품종이 13품종이고, 생산수입판매 신고 건수가 809건으로 채소작물 중 5번째로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://seed.go.kr>). 국내 상추 품종식별 연구는 Yang 등 (2007)이 RAPD, Inter-SSR, AFLP 마커를 이용하여 상추 품종 및 유전자원에 대한 유연관계 분석을 한 바 있고 Hong 등(2013)이 SSR 마커를 이용하여 상추 유통품종 및 유전자원에 대한 품종식별 연구를 수행한 바 있다. 본 연구에서는 상추의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 국내 유통품종 및 품종보호 출원·등록품종을 대상으로 기존에 사용된 종자원의 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 신규의 프라이머로부터 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발하여 상추 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

상추 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 65품종의 종자를 수집하여 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 65품종 중 보호 등록된 품종은 18개, 출원되어 재배심사중인 품종은 12개, 생산수입 판매신고된 품종은 35개 이다. 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial lettuce varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종	영문 품종명	회사명	품종보호 출원, 등록 및 생산수입판매신고 구분
1	그랜드래피드TBR	GrandrapidTBR	아시아종묘	생산수입판매신고
2	여름청치마	Yereumcheongchima	제일종묘농산	생산수입판매신고
3	제일생채	Jeilsangchae	제일종묘농산	생산수입판매신고
4	홍일점	Hongiljeom	제일종묘농산	생산수입판매신고
5	오향적치마	Ohyangjeokchima	농우바이오	생산수입판매신고
6	파워선적측면	Powersunjeokchukmyeon	세미니스코리아	생산수입판매신고
7	레드선적측면	Redsunjeokchukmyeon	세미니스코리아	생산수입판매신고
8	블랙선자치마	Blacksunjachima	세미니스코리아	생산수입판매신고
9	아시아여름적치마	Asiayeoreumjeokchima	아시아종묘	생산수입판매신고
10	청풍치마	Cheongpungchima	권농종묘	생산수입판매신고
11	떡치마	Meokchimasangchu	현대종묘	생산수입판매신고
12	뚝섬적측면	Ttuksumjeokchukmyeon	현대종묘	생산수입판매신고
13	흑쌈치마	Heukssamchima	아시아종묘	생산수입판매신고
14	청하청치마	Cheonghacheongchima	아시아종묘	생산수입판매신고
15	포차비적측면	Pochabijeokchukmyeon	제일종묘농산	생산수입판매신고
16	제일청측면	Jeilcheongchukmyeon	제일종묘농산	생산수입판매신고

17	적치마	Jeokchima	제일종묘농산	생산수입판매신고
18	사카타먹치마	Sakatameokchima	사카다코리아	생산수입판매신고
19	청치마	Cheongchima	성우종묘	생산수입판매신고
20	개량담배	Garyangdambaesangchu	제일종묘농산	생산수입판매신고
21	시저스레드	Sijeoseured	동원농산	생산수입판매신고
22	시저스그린	Sijeoseugreen	동원농산	생산수입판매신고
23	토담적치마	Todamjeokchima	ks종묘	생산수입판매신고
24	새빛적측면	Saebicjeokchukmyeon	ks종묘	생산수입판매신고
25	한빛청치마	Hanbiccheongchima	ks종묘	생산수입판매신고
26	선홍적측면	Sunhongjeokchukmyeon	아시아종묘	생산수입판매신고
27	무적여름적치마	Mujeokyeoreumjeokchima	미래종묘	생산수입판매신고
28	아시아오래따적치마	Asiaoraettajeokchima	아시아종묘	생산수입판매신고
29	무적여름흑치마	Mujeokyeoreumheukchima	미래종묘	생산수입판매신고
30	강하청	Ganghacheong	아람종묘	생산수입판매신고
31	강하적	Ganghajeok	아람종묘	생산수입판매신고
32	선조흑치마	Sunjoheukchima	아람종묘	생산수입판매신고
33	홍풍치마	Hongpungchima	권농종묘	생산수입판매신고
34	혜선만추대	Hyeseonmanchudae	농촌진흥청	품종보호출원
35	나이스로메인	Niceromaine	농우바이오	품종보호출원
36	선풍골드	Seonpunggold	권농종묘	품종보호출원
37	스타로메인	Starromaine	농우바이오	품종보호출원
38	흑풍먹치마	Heukpungmeokchima	농우바이오	품종보호출원
39	썬레드버터	Sunredbutter	농진청	품종보호출원
40	베스트청쌈	Bestcheongssam	권농종묘	품종보호출원
41	스노우그린	Snowgreen	경기도 농업기술원	품종보호출원
42	풍부흑측면	Pungbuheukchungmyeon	농우바이오	품종보호출원
43	참진한적측면	Chamjinhanjeokchungmyeon	농우바이오	품종보호출원
44	진강적측면	Jingangjeokchungmyeon	농우바이오	품종보호출원
45	썬레드버터	Sunnyredbutter	농촌진흥청	품종보호출원
46	강풍적치마	Gangpungjeokchima	권농종묘	품종보호등록
47	넘버원	Numberone	권농종묘	품종보호등록
48	모스트청쌈	Moseutcheongssam	권농종묘	품종보호등록
49	삼성그린	Samsunggreen	삼성종묘	품종보호등록
50	아이스레드	Icered	권농종묘	품종보호등록
51	에보니블랙	Eboniblack	권농종묘	품종보호등록
52	에스에스33	Eses33	삼성종묘	품종보호등록
53	적단	Jeokdan	농촌진흥청	품종보호등록
54	하이그린	Higreen	삼성종묘	품종보호등록
55	골드그린	Goldgreen	권농종묘	품종보호등록
56	탑그린	Topgreen	권농종묘	품종보호등록
57	탑레드	Topred	권농종묘	품종보호등록
58	선풍포참적측면	Sunpungpochabjeokchukmyeon	권농종묘	생산수입판매신고
59	갈레라	Garela	누넴스 비브이	품종보호등록
60	치리벨	Chirivel	누넴스 비브이	품종보호등록
61	선풍3호	Sunpung3ho	권농종묘	품종보호등록
62	자바흑치마	Javaheukchima	권농종묘	품종보호등록
63	레드윈	Redwon	권농종묘	품종보호등록
64	에이스	Ace	권농종묘	품종보호등록
65	여름생채	Yereumsangchae	제일종묘	생산수입판매신고

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

상추 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 Hong 등이 선발한 마커 30개(Hong, 2013), 26개(Hong et al. 2013)(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 56 SSR markers used for selection of lettuce SSR markers.

No.	SSR marker	Repeat motif	No.	SSR marker	Repeat motif
1	Le21	(CATGAT) ₆	29	Le56	(TCT) ₁₂ ···(CCAAA) ₄ (TCT) ₁₃ ···(CCAAA)
2	Le22	(TTC) ₁₇	30	Le57	(AAC) ₃ (AAC) ₂
3	Le23	(GTTTT) ₅	31	KSL-1	(CAA) ₁₀
4	Le27	(TCACCA) ₁₉	32	KSL-37	(AGA) ₁₅
5	Le33	(GAA) ₁₄ ·(CTG) ₅ (GAA) ₇ ···(CTG) ₂	33	KSL-51	(ATG) ₁₀
6	Le35	(TGTTA) ₁₆	34	KSL-271	(ATG) ₁₂
7	Le39	(ATATG) ₅ (ATATG) ₄	35	KSL-316	(AAT) ₁₁
8	Le40	(AATG) ₆ (AATG) ₅	36	KSL-317	(ATG) ₁₁
9	Le58	(CCA) ₄ (CCA) ₅	37	KSL-357	(TGA) ₁₄
10	Le59	(CCCCTT) ₂ (CCCCTT) ₁	38	KSL-87	(CT) ₁₇
11	Le62	(CGGA) ₁ (AGGA) ₃ AAG(A) ₁₁ (GAAA GA) ₁ (CGGA) ₂ (AGGA) ₃ AAG(A) ₁₁ (GAAAGA) ₂	39	KSL-173	(CT) ₁₄
12	Le63	(T) ₁₄ (T) ₁₀	40	KSL-245	(AG) ₁₆
13	Le65	(AAG) ₉ (AAG) ₁₂	41	KSLC-4	(GGT) ₅
14	Le68	(T) ₁₂ (T) ₁₉	42	KSLC-30	(CA) ₆
15	Le71	(TAA) ₈	43	KSLC-322	(TTATA) ₄
16	Le72	(CAT) ₅ (CAT) ₅ GGAGGGAAT	44	KSL-7	(TCT) ₁₂
17	Le74	(TA) ₃ (TA) ₄	45	KSL-26	(TC) ₁₆
18	Le75	(TGA) ₁₅ ···(ATG) ₉	46	KSL-32	(CT) ₁₄
19	Le76	(TTA) ₁₄	47	KSL-43	(ATC) ₉ (TTC) ₈
20	Le77	(GAA) ₁₄ ···(CTG) ₅	48	KSL-44	(TCACCA) ₄ tcat(CATCAC) ₃ catcg(CCATCA) ₅
21	Le79	(TCT) ₁₂ (TCT) ₁₃	49	KSL-75	(TC) ₆ tt(TC) ₆
22	Le80	(TTC) ₁₃	50	KSL-83	(AG) ₆ tgtgt(GA) ₇ aa(GT) ₆
23	Le81	(AACA) ₆	51	KSL-92	(CT) ₂₀
24	Le41	(TA) ₈ (TA) ₄	52	KSL-97	(CT) ₁₁
25	Le42	(ATC) ₁₃ (ATC) ₆	53	KSL-115	(CT) ₁₁
26	Le46	(GAA) ₁₁ (GAA) ₆	54	KSL-119	(TC) ₁₆
27	Le48	(A) ₁₅ (A) ₉	55	KSL-123	(ATC) ₁₃
28	Le52	(T) ₄ (T) ₆	56	KSL-137	(TGA) ₉ caatgatgaaaaagatgatgcagaggaggc agatgatgatgctggagatgaagatttctcaggagaag aagggggagag(GAT) ₆ gaagaagaccctagtgaag atcctaaggcaaatgtaatcaagacgac(GAT) ₇ ga cgacgac(GAT) ₆

상추 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선별하기 위하여 Hong(2013)에 의해 개발된 156개 SSR 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘그랜드래피드TBR’, ‘여름청치마’, ‘홍풍치마’, ‘화홍적측면’, ‘제일생채’, ‘흑쌈치마’, ‘시저스레드’, ‘선조흑치마’ 8품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다. PCR 반응은 상추 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μM 의 SSR primer, 2 μl dNTP mixture (2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μl 의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μl 로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C 에서 5분, denaturation은 94°C 에서 30초, annealing은 55°C 에서 30초, extension은 72°C 에서 45초, final-extension은 72°C 에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선별하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 상추 65품종을 PCR

하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 156 SSR markers used for selection of lettuce new SSR markers.

No.	SSR marker	Repeat motif	No.	SSR marker	Repeat motif
1	LSSA01	(AG) ₁₄	79	KSL-522	(TC) ₂₀
2	LSSA03a	(AG) ₁₇	80	KSL-523	(CA) ₈
3	LSSA04	(AAAT) ₄	81	KSL-525	(TC) ₄₂
4	LSSA05	(TC) ₁₄	82	KSL-526	(GTGTTCTTG) ₃
5	LSSA06-1	(TC) ₁₈	83	KSL-527	(TC*) ₂₀
6	LSSA07	(GA) ₉	84	KSL-529	(CT) ₉
7	LSSA08	(TTTTAT) ₃	85	KSL-530	(TC) ₈
8	LSSA09	(CCA) ₅	86	KSL-531	(TC) ₁₀
9	LSSA11	(GT) ₇	87	KSL-532	(GT) ₁₀
10	LSSA12	(TCT) ₁₀	88	KSL-533	(GA) ₉
11	LSSA13-1	(CT) ₂₀	89	KSL-534	(GT) ₉
12	LSSA14	(GT) ₁₁	90	KSL-535	(AGAGT) ₃
13	LSSA15	(GA) ₁₄	91	KSL-537	(ACACG) ₃
14	LSSA16	(GAGT) ₄	92	KSL-538	(CA) ₁₂
15	LSSA17	(AG) ₁₈	93	KSL-542	(AC) ₈
16	LSSA18	(AC) ₁₁	94	KSL-544	(CT) ₇
17	LSSA21-1	(CA) ₁₂	95	KSL-545	(TATGA) ₃
18	LSSA22	(AG) ₂₁	96	KSL-546	(GT) ₁₁
19	LSSA23	(TC*) ₂₂	97	KSL-547	(CT) ₂₀
20	LSSA26	(TC) ₁₉	98	KSL-548	(AGA) ₅ acaagtcctcaagtgagagaggatgatggatggtgtgtacataataagcat aaccaactaagcccagtgagtgga(TTGAT) ₄
21	LSSA27-1	(TC) ₉	99	KSL-549	(AG) ₁₄
22	LSSA28-1	(GT) ₈	100	KSL-551	(GA) ₁₇
23	LSSA30	(TG) ₁₂	101	KSL-552	(GAT) ₅ at(TGA) ₆
24	LSSA32-1	(GA) ₁₀	102	KSL-553	(GA) ₁₄
25	LSSA33	(AC) ₈	103	KSL-556	(ATG) ₁₁
26	LSSA35F-1	(AC) ₇	104	KSL-557	(AG) ₁₅
27	LSSA40	(GA) ₂₈	105	KSL-558	(GA) ₁₃
28	LSSA43	(AGA) ₈	106	KSL-560	(GGT) ₅ ggaggagggggtattagggtcatctcaactgtacctagaagctggaata(ATG)
29	LSSB02-1	(TC*) ₃₇	107	KSL-561	(AAG) ₁₀
30	LSSB03	(TTC) ₈	108	KSL-562	(GT) ₆ (GA) ₂₆
31	LSSB04	(CA) ₇	109	KSL-563	(AG) ₁₀ a(AG) ₁₁
32	LSSB05	(GT) ₇	110	KSL-564	(GA) ₂₂
33	LSSB06	(AT) ₂₂	111	KSL-565	(GGT) ₇ gatttgaacataatgatgctta(GGT) ₅
34	LSSB07	(TG) ₁₂	112	KSL-566	(GGT) ₆ ggagatttgaagggccgtggtggacgtgga(GAG) ₅ ggc(GTG) ₈
35	LSSB08	(TC*) ₁₅	113	KSL-567	(TGG) ₇ gtttgtgggaaaatcaaaaaactggaactggtgtggtgctgctgag(GAT)
36	LSSB09	(GT) ₇	114	KSL-568	(CAC) ₁₁
37	LSSB10	(TG) ₂₃	115	KSL-570	(GA) ₁₂
38	LSSB11	(CTACTC) ₃	116	KSL-572	(AGA) ₅ acaagtcctcaagtgagagaggatgatggatggtgtgtacataataagcat aaccaactaagcccagtgagtgga(TTGAT) ₄
39	LSSB12	(TC) ₂₀	117	KSL-576	(TGA) ₆ tcaagaagaggaggag(GAA) ₆
40	LSSB14	(CA) ₁₄	118	KSL-577	(GA) ₁₇
41	LSSB16-1	(GA*) ₂₂	119	KSL-578	(AG) ₁₂
42	LSSB17-1	(TTTTCA) ₄	120	KSL-580	(CTC) ₇ ttcttc(CT) ₆

43	LSSB18	(GA) ₁₈	121	KSL-581	(CT) ₁₅
44	LSSB19	(TG) ₈	122	KSL-582	(CT) ₁₃ (CA) ₇
45	LSSB20	(TC) ₁₇	123	KSL-585	(GA) ₁₂
46	LSSB21	(TC*) ₂₁	124	KSL-586	(AG) ₁₉ (GA) ₃₉
47	LSSB22-1	(TG) ₈	125	KSL-588	(GA) ₁₂
48	LSSB22-2	(GA) ₁₃	126	KSL-589	(CT) ₁₃
49	LSSB23	(ATT) ₂₇	127	KSL-590	(TC) ₁₂
50	LSSB25-1	(AC) ₁₀	128	KSL-591	(CT) ₁₄ tatcactctctcatctctctg(TC) ₆
51	LSSB26	(GT) ₉	129	KSL-593	(AAT) ₁₁
52	LSSB27	(CTT) ₁₂	130	KSL-594	(TC) ₁₄
53	LSSB28	(CT*) ₁₉	131	KSL-595	(TC) ₁₅
54	LSSB29	(GT) ₁₁	132	KSL-597	(AC) ₆ aagaacacaaacgcacacagttggaaaacgagatctgtctctctt(TC) ₇
55	LSSB30	(ACAAC) ₃	133	KSL-598	(TC) ₁₈
56	LSSB31	(GTT*) ₁₅	134	KSL-599	(GAT) ₅ gcagatgag(GAT) ₅ gttgggatgcagcctccatcttcatcaagtaaacga aaagagacggggacgatga(TGG) ₅ (TGA) ₅
57	LSSB32	(AG*) ₂₅	135	KSL-600	(AT) ₆ agtgtgttatatta(AT) ₆
58	LSSB33	(GA*) ₄₂	136	KSL-601	(ATA) ₆ ttaggaatagcttgtgatgag(AAGTCA) ₄
59	LSSB34	(TTC) ₁₅	137	KSL-602	(ACT) ₅ attagta(GAT) ₆
60	LSSB36	(GT) ₈	138	KSL-603	(CAC) ₆ cc(ATA) ₆
61	KSL-500	(CT) ₇	139	KSL-604	(ATG) ₁₀
62	KSL-501	(GA*) ₂₄	140	KSL-605	(ATG) ₁₀
63	KSL-502	(GT) ₈	141	KSL-606	(ATA) ₆ atgattcaaattgtgtggtttttgtaaga(AAG) ₉ a(AAG) ₅
64	KSL-504	(GT) ₇	142	KSL-607	(ACT) ₁₀
65	KSL-508	(AG) ₂₃	143	KSL-608	(GA) ₁₇
66	KSL-509	(AC) ₇	144	KSL-611	(TTC) ₁₁ (TC) ₁₃ *
67	KSL-510	(GAA) ₅	145	KSL-613	(GA) ₁₁ aagagagtgaccatcgt(AGA) ₈
68	KSL-511	(CT) ₁₈	146	KSL-614	(AG) ₁₈
69	KSL-512	(TTGACT) ₃	147	KSL-616	(ATG) ₁₁
70	KSL-513	(TC) ₁₄	148	KSL-617	(TA) ₆ atatacatattattagatagatagat(AG) ₇
71	KSL-514	(TG) ₉	149	KSL-618	(AGA) ₆ tgatgatgatgcaggattatgtcttcgggtagggaaagtagccggataaag agcctgtggaaaaaaagaggttttcatatacaaaagatgatgatgat(GAG) ₅
72	KSL-515	(TC) ₁₂	150	KSL-621	(AG) ₁₂ g(GA) ₅₆
73	KSL-516	(AG) ₂₁	151	KSL-622	(TGA) ₆ cgatgatcatcataat(TGA) ₆
74	KSL-517	(TG) ₇	152	KSL-623	(AGA) ₅ acaagtctcaagtgagagaggatggatggatggtgtgtacataataagcat aaccaactaagcccagtgagtgtga(TTGAT) ₄
75	KSL-518	(TC*) ₂₈	153	KSL-626	(GA) ₁₈
76	KSL-519	(AG) ₁₉	154	KSL-627	(ATA) ₁₂
77	KSL-520	(GT) ₁₁	155	KSL-629	(CT) ₁₄
78	KSL-521	(CT) ₂₀	156	KSL-634	(CGA) ₅ a(CAC) ₅

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기존에 종자원에서 사용 중인 마커 30개(unpublished data), 26개(Hong et al. 2013)(Table 2)를 이용하여 65품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 56개 마커로부터 28개 마커(Le21, Le23, Le27, Le33, Le35, Le39, Le58, Le59, Le62, Le65, Le75, Le77, Le81, KSL-37, KSL-271, KSL-316, KSL-317, KSL-357, KSLC-30, KSL-32, KSL-43, KSL-75, KSL-92, KSL-97, KSL-115, KSL-119, KSL-123, KSL-137)를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 또한 상추 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 Hong(2013)이 개발한 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘그랜드래피드TBR’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 19개(LSSA03a, KSL-510, KSL-514, KSL-516, KSL-518, KSL-520, KSL-523, KSL-525, KSL-538, KSL-572, KSL-581, KSL-591, KSL-593, KSL-602, KSL-603, KSL-604, KSL-607, KSL-613, KSL-617)를 1차 선발하였고, 19개 마커중 반복 실험간 뚜렷한 재현성을 보이는 11개 마커 KSL-510, KSL-514, KSL-518, KSL-520, KSL-523, KSL-525, KSL-581, KSL-591, KSL-593, KSL-603, KSL-604를 DB 구축용 마커로 최종 선발하였다(Fig. 1).

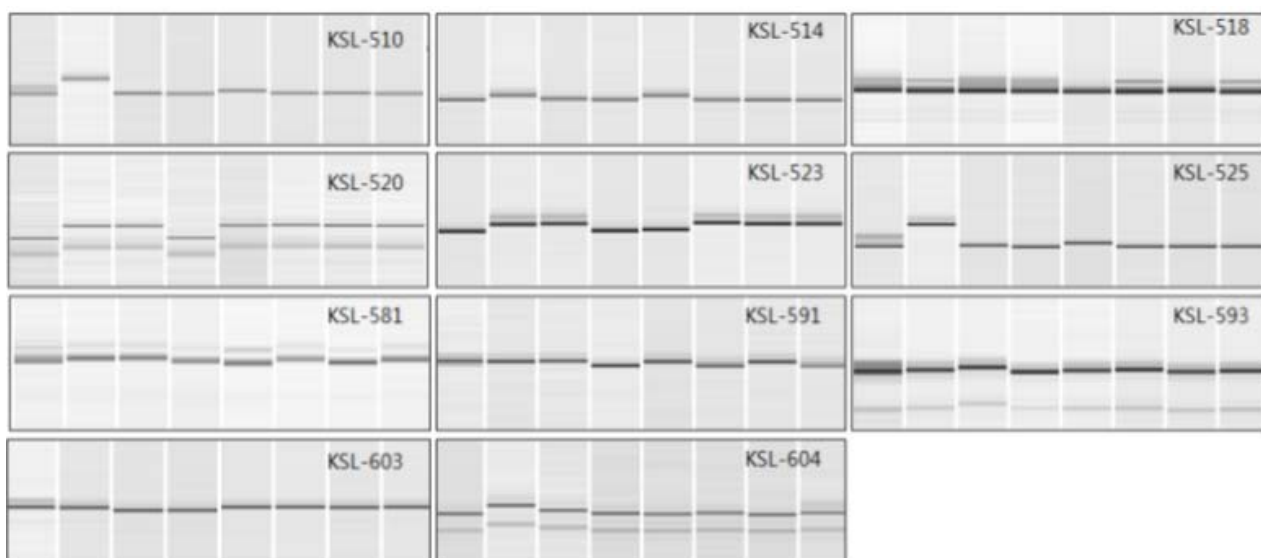


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, KSL-510, KSL-514, KSL-518, KSL-520, KSL-523, KSL-525, KSL-581, KSL-591, KSL-593, KSL-603, KSL-604. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: GrandrapidTBR , 2: Yereumcheongchima, 3: Hongpungchima, 4: hongjeokchukmyeon, 5: Jeilsangchae, 6: Heukssamchima, 7: Sijeoseured, 8: Sunjoheukchima.

따라서 신규로 선발된 11개 마커의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 기존의 마커로부터 재 선발된 28개 마커와 합쳐서 총 39개 마커를 이용하여 65개 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 상추 유통품종 65품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 39 SSR markers selected for database construction of lettuce varieties.

Marker name	Repeat motif	AT (°C)	PCR product size(bp)	Number of alleles	PIC value	Labelling
Le21	(CATGAT) ₆	55	176-198	4	0.567	VIC
Le23	(GTTTT) ₅	55	114-119	2	0.430	FAM
Le27	(TCACCA) ₁₉	55	184-202	3	0.498	PET
Le33	(GAA) ₁₄ ·(CTG) ₅ ·(GAA) ₇ ·(CTG) ₂	55	265-276	4	0.439	VIC
Le35	(TGTTA) ₁₆	55	254-269	3	0.541	NED
Le39	(ATATG) ₅ ·(ATATG) ₄	55	163-168	2	0.281	FAM
Le58	(CCA) ₄ ·(CCA) ₅	55	189-192	2	0.351	VIC
Le59	(CCCCTT) ₂ ·(CCCCTT) ₁	55	229-235	2	0.379	NED
Le62	(CGGA) ₁ (AGGA) ₃ AAG(A) ₁₁ (GAAAGA) ₁ (CGGA) ₂ ·(AGGA) ₃ AAG(A) ₁₁ (GAAAGA) ₂	55	189-193	3	0.489	FAM
Le65	(AAG) ₉ ·(AAG) ₁₂	55	220-226	3	0.314	VIC
Le75	(TGA) ₁₅ ·(ATG) ₉	55	224-239	2	0.472	NED
Le77	(GAA) ₁₄ ·(CTG) ₅	55	266-278	4	0.439	PET
Le81	(AACA) ₆	55	203-207	2	0.397	FAM
KSL-37	(AGA) ₁₅	55	137-158	6	0.708	VIC
KSL-271	(ATG) ₁₂	55	238-250	3	0.477	PET
KSL-316	(AAT) ₁₁	55	272-281	2	0.500	VIC
KSL-317	(ATG) ₁₁	55	248-251	2	0.493	NED
KSL-357	(TGA) ₁₄	55	250-283	3	0.486	VIC
KSLC-30	(CA) ₆	55	162-164	2	0.451	FAM
KSL-32	(CT) ₁₄	55	210-221	5	0.662	VIC
KSL-43	(ATC) ₉ (TTC) ₈	55	269-272	2	0.460	NED
KSL-75	(TC) ₆ tt(TC) ₆	55	205-207	2	0.500	VIC
KSL-92	(CT) ₂₀	55	188-196	5	0.771	VIC
KSL-97	(CT) ₁₁	55	223-232	3	0.597	NED
KSL-115	(CT) ₁₁	55	210-212	2	0.437	PET
KSL-119	(TC) ₁₆	55	271-279	5	0.703	VIC
KSL-123	(ATC) ₁₃	55	336-354	3	0.451	NED
KSL-137	(TGA) ₉ caatgatgaaaaagatgatgcagaggaggcagatgatgatgctggagatgaagattctcaggagaagaagggggagag(GAT) ₆ gaagaagaccctagtgaagatcctaaggcaaatggtaatcaagacgac(GAT) ₇ gacgacgac(GAT) ₆	55	281-298	4	0.602	FAM
KSL-510	(ATG) ₅ gtatgatgatgtgatgaaatgtgtgtggttaagaagtgatgaagaaatttggatccttggatcctgt(TGAA) ₆	55	212-259	3	0.484	VIC
KSL-514	(CAT) ₁₁	55	128-138	2	0.397	NED
KSL-518	(TCT) ₅ tt(TTG) ₆	55	252-258	7	0.709	PET
KSL-520	(GAA) ₁₁	55	165-191	3	0.461	VIC
KSL-523	(ATC) ₁₃	55	337-354	3	0.480	NED
KSL-525	(ATG) ₅ gtatgatgatgtgatgaaatgtgtgtggttaagaagtgatgaagaaatttggatccttggatcctgt(TGAA) ₆	55	212-258	3	0.484	FAM
KSL-581	(CT) ₁₅	55	257-270	6	0.799	NED
KSL-591	(CT) ₁₄ tatcactctctcatctctctg(TC) ₆	55	257-280	6	0.770	FAM
KSL-593	(AAT) ₁₁	55	333-342	3	0.571	PET
KSL-603	(CAC) ₆ cc(ATA) ₆	55	217-223	2	0.490	NED
KSL-604	(ATG) ₁₀	55	194-206	4	0.623	FAM
Total				127		
Mean				3.26	0.517	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~7개 였고, 총 127개의 대립유전자가 분석 되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 3.26개로 나타났다. Van de Wiel 등(1999)에 의하면 상추와 같이 자식성 작물의 경우 대립유전자 수가 3.2개로 나타남을 보고하였는데 기존의 연구 결과와 유사한 경향을 나타내었다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.281에서 0.799까지 나타났으며, 평균값은 0.517로 분석되었다. 이는 61개의 SSR 마커를 이용하여 96개의 유전자원을 분석한 선행연구(Simko, 2009)의 다형성지수인 0.32보다는 높게 나타났다.

39개 SSR 마커를 이용하여 상추 65품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.29-0.96의 범위로 나타났으며, 65품종이 39개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 향후 본 DB에 품종을 추가할 예정이며 신규 마커 선발 등을 지속적으로 수행함으로써 상추 품종별 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.

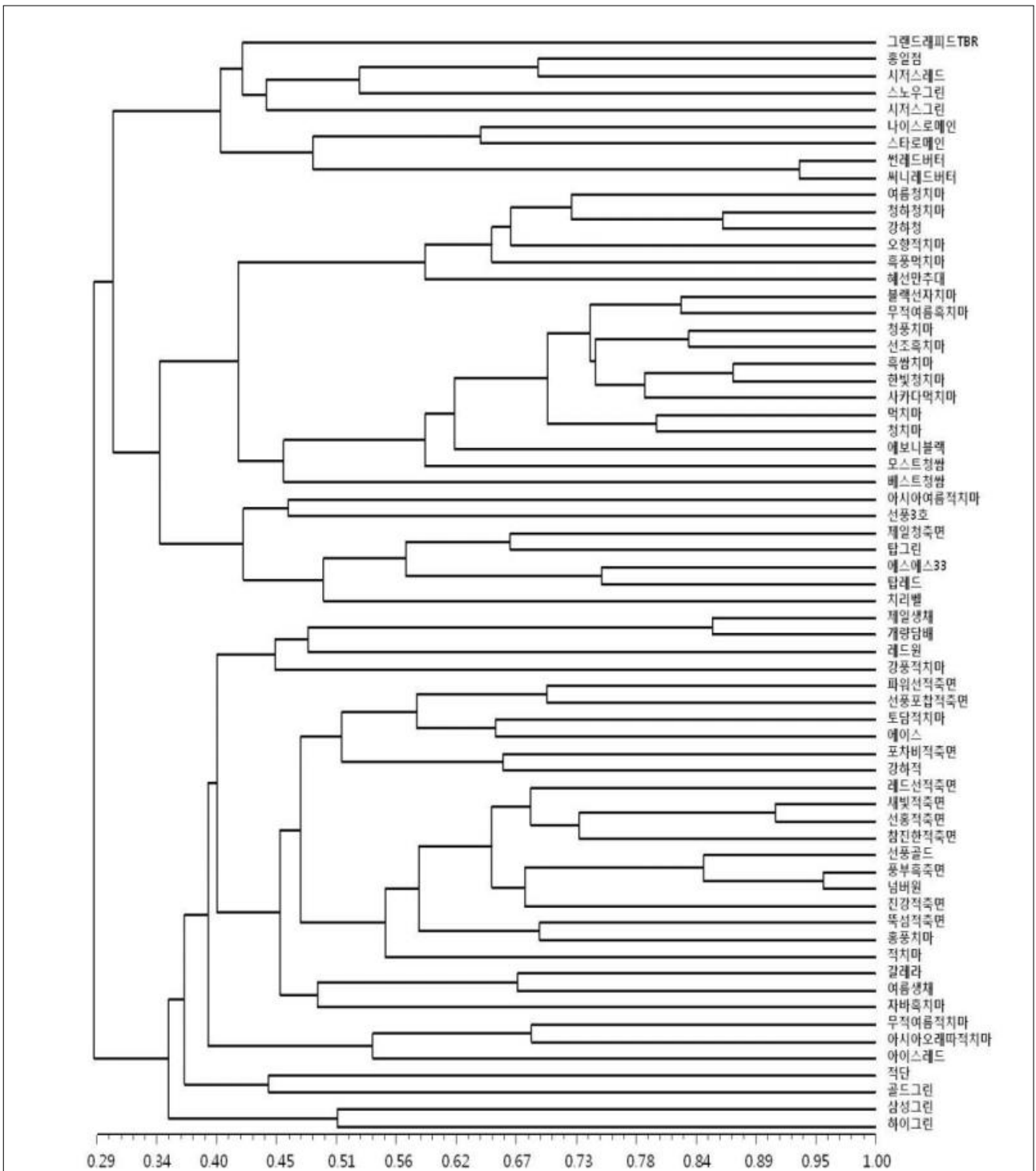


Fig. 2. Dendrogram of 65 lettuce varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

상추(*Lactuca sativa* L.)는 2013년 재배면적이 4,252ha이고 생산량이 111,950톤에 달하며 (농림축산식품 통계연보 2014), 2015년 9월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 63품종, 생산수

입판매 신고 건수가 863건으로 채소작물 중 5번째로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다(http://seed.go.kr). 국내 상추 품종식별 연구는 Yang 등(2007)이 RAPD, Inter-SSR, AFLP 마커를 이용하여 상추 품종 및 유전자원에 대한 유연관계 분석을 한 바 있고 Hong 등(2013)이 SSR 마커를 이용하여 상추 유통품종 및 유전자원에 대한 품종식별 연구를 수행한 바 있다. 그리고 최근에는 Hong 등(2015)이 SSR 마커와 표현형과의 상관관계 분석에 대한 연구결과를 보고한 바 있다. 본 연구에서는 상추의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 1차년도 공시품종을 대상으로 기존에 사용된 종자원 SSR 마커의 재현성과 반복성을 재검정하고, 신규의 프라이머로부터 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발하여 상추 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

상추 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 분리된 65품종의 DNA를 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 65품종 중 보호 등록된 품종은 18개, 출원되어 재배심사중인 품종은 12개, 생산수입 판매신고된 품종은 35개 이다.

Table 1. Commercial lettuce varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종	영문 품종명	회사명	품종보호 출원, 등록 및 생산수입판매신고 구분
1	그랜드래피드TBR	GrandrapidTBR	아시아종묘	생산수입판매신고
2	여름청치마	Yereumcheongchima	제일종묘농산	생산수입판매신고
3	제일생채	Jeilsangchae	제일종묘농산	생산수입판매신고
4	홍일집	Hongiljeom	제일종묘농산	생산수입판매신고
5	오향적치마	Ohyangjeokchima	농우바이오	생산수입판매신고
6	파워선적측면	Powersunjeokchukmyeon	세미니스코리아	생산수입판매신고
7	레드선적측면	Redsunjeokchukmyeon	세미니스코리아	생산수입판매신고
8	블랙선자치마	Blacksunjachima	세미니스코리아	생산수입판매신고
9	아시아여름적치마	Asiayeoreumjeokchima	아시아종묘	생산수입판매신고
10	청풍치마	Cheongpungchima	권농종묘	생산수입판매신고
11	떡치마	Meokchimasangchu	현대종묘	생산수입판매신고
12	뚝섬적측면	Ttuksumjeokchukmyeon	현대종묘	생산수입판매신고
13	흑쌈치마	Heukssamchima	아시아종묘	생산수입판매신고
14	청하청치마	Cheonghacheongchima	아시아종묘	생산수입판매신고
15	포차비적측면	Pochabijeokchukmyeon	제일종묘농산	생산수입판매신고
16	제일청측면	Jeilcheongchukmyeon	제일종묘농산	생산수입판매신고
17	적치마	Jeokchima	제일종묘농산	생산수입판매신고
18	사카타떡치마	Sakatameokchima	사카다코리아	생산수입판매신고
19	청치마	Cheongchima	성우종묘	생산수입판매신고
20	개량담배	Garyangdambaesangchu	제일종묘농산	생산수입판매신고
21	시저스레드	Sijeoseured	동원농산	생산수입판매신고
22	시저스그린	Sijeoseugreen	동원농산	생산수입판매신고
23	토담적치마	Todamjeokchima	ks종묘	생산수입판매신고
24	새빛적측면	Saebicjeokchukmyeon	ks종묘	생산수입판매신고
25	한빛청치마	Hanbiccheongchima	ks종묘	생산수입판매신고
26	선홍적측면	Sunhongjeokchukmyeon	아시아종묘	생산수입판매신고
27	무적여름적치마	Mujeokyeoreumjeokchima	미래종묘	생산수입판매신고
28	아시아오래따적치마	Asiaoraettajeokchima	아시아종묘	생산수입판매신고
29	무적여름흑치마	Mujeokyeoreumheukchima	미래종묘	생산수입판매신고

30	강하청	Ganghacheong	아람종묘	생산수입판매신고
31	강하적	Ganghajeok	아람종묘	생산수입판매신고
32	선조흑치마	Sunjoheukchima	아람종묘	생산수입판매신고
33	홍풍치마	Hongpungchima	권농종묘	생산수입판매신고
34	혜선만추대	Hyeseonmanchudae	농촌진흥청	품종보호출원
35	나이스로메인	Niceromaine	농우바이오	품종보호출원
36	선풍골드	Seonpunggold	권농종묘	품종보호출원
37	스타로메인	Starromaine	농우바이오	품종보호출원
38	흑풍먹치마	Heukpungmeokchima	농우바이오	품종보호출원
39	썬레드버터	Sunredbutter	농진청	품종보호출원
40	베스트청쌈	Bestcheongssam	권농종묘	품종보호출원
41	스노우그린	Snowgreen	경기도 농업기술원	품종보호출원
42	풍부흑축면	Pungbuheukchungmyeon	농우바이오	품종보호출원
43	참진한적축면	Chamjinhanjeokchungmyeon	농우바이오	품종보호출원
44	진강적축면	Jingangjeokchungmyeon	농우바이오	품종보호출원
45	썬레드버터	Sunnyredbutter	농촌진흥청	품종보호출원
46	강풍적치마	Gangpungjeokchima	권농종묘	품종보호등록
47	넘버원	Numberone	권농종묘	품종보호등록
48	모스트청쌈	Moseutcheongssam	권농종묘	품종보호등록
49	삼성그린	Samsunggreen	삼성종묘	품종보호등록
50	아이스레드	Icered	권농종묘	품종보호등록
51	에보니블랙	Eboniblack	권농종묘	품종보호등록
52	에스에스33	Eses33	삼성종묘	품종보호등록
53	적단	Jeokdan	농촌진흥청	품종보호등록
54	하이그린	Higreen	삼성종묘	품종보호등록
55	골드그린	Goldgreen	권농종묘	품종보호등록
56	탑그린	Topgreen	권농종묘	품종보호등록
57	탑레드	Topred	권농종묘	품종보호등록
58	선풍포참적축면	Sunpungpochabjeokchukmyeon	권농종묘	생산수입판매신고
59	갈레라	Garela	누넬스 비브이	품종보호등록
60	치리벨	Chirivel	누넬스 비브이	품종보호등록
61	선풍3호	Sunpung3ho	권농종묘	품종보호등록
62	자바흑치마	Javaheukchima	권농종묘	품종보호등록
63	레드윈	Redwon	권농종묘	품종보호등록
64	에이스	Ace	권농종묘	품종보호등록
65	여름생채	Yereumsangchae	제일종묘	생산수입판매신고

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

상추 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 Hong 등이 선발한 마커 30개(Hong, 2013), 26개(Hong et al. 2013), 18개(Hong, 2014, unpublished data)(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 74 SSR markers used for selection of lettuce SSR markers.

No.	SSR marker	Repeat motif	No.	SSR marker	Repeat motif
1	Le21 (SML-001)	(CATGAT)6	38	KSL-87	(CT)17
2	Le22 (SML-002)	(TTC)17	39	KSL-173	(CT)14
3	Le23 (SML-003)	(GTTTT)5	40	KSL-245	(AG)16
4	Le27 (SML-007)	(TCACCA)19	41	KSLC-4	(GGT)5
5	Le33 (SML-013)	(GAA)14..(CTG)5,(GAA)7...	42	KSLC-30	(CA)6
		(CTG)2			
6	Le35 (SML-015)	(TGTTA)16	43	KSLC-322	(TTATA)4
7	Le39 (SML-019)	(ATATG)5,(ATATG)4	44	KSL-7	(TCT)12

8	Le40 (SML-020)	(AATG)6,(AATG)5	45	KSL-26	(TC)16
9	Le58 (SML-038)	(CCA)4,(CCA)5	46	KSL-32	(CT)14
10	Le59 (SML-039)	(CCCCTT)2,(CCCCTT)1	47	KSL-43	(ATC)9(TTC)8
11	Le62 (SML-042)	(CGGA)1(AGGA)3AAG(A)11(G AAAGA)1(CGGA)2,(AGGA)3AA G(A)11(GAAAGA)2	48	KSL-44	(TCACCA)4tcat(CATCAC)5catcg (CCATCA)5
12	Le63 (SML-043)	(T)14,(T)10	49	KSL-75	(TC)6tt(TC)6
13	Le65 (SML-045)	(AAG)9,(AAG)12	50	KSL-83	(AG)6tgtgt(GA)7aa(GT)6
14	Le68 (SML-048)	(T)12,(T)19	51	KSL-92	(CT)20
15	Le71 (SML-051)	(TAA)8	52	KSL-97	(CT)11
16	Le72 (SML-052)	(CAT)5,(CAT)5GGAGGGAAT	53	KSL-115	(CT)11
17	Le74 (SML-054)	(TA)3,(TA)4	54	KSL-119	(TC)16
18	Le75 (SML-055)	(TGA)15...(ATG)9	55	KSL-123	(ATC)13 (TGA)9caatgatgaaaaagatgatgca gaggaggcagatgatgatgctggagatga agatttctcaggagaagaagggggagag(GAT)6gaagaagaccctagtgaagatcc taaggcaaatggtaatcaagacgac(GA T)7gacgacgac(GAT)6
19	Le76 (SML-056)	(TTA)14	56	KSL-137	(GAC)5gatgagc(AAG)8 (ATG)5gtatgatatgatgtgaatgt gttgtgtttaagaagtgtgaagaat ggatctttggatcctgt(TGAA)6 (CAT)11 (AGA)5acaagtctcaatggagagagg atatggatatggtgtgtacataataagcat caaccaactaagcccagtgagtgtga(TT GAT)4
20	Le77 (SML-057)	(GAA)14...(CTG)5	57	KSL-152	(TCT)5tt(TTG)6
21	Le79 (SML-059)	(TCT)12,(TCT)13	58	KSL-510	(GAA)11
22	Le80 (SML-060)	(TTC)13	59	KSL-514	(ATC)13 (ATG)5gtatgatatgatgtgaatgt gttgtgtttaagaagtgtgaagaat ggatctttggatcctgt(TGAA)6
23	Le81 (SML-061)	(AAC)6	60	KSL-516	(TC)23 (AGA)5acaagtctcaatggagagagg atatggatatggtgtgtacataataagcat caaccaactaagcccagtgagtgtga(TT GAT)4
24	Le41 (SML-021)	(TA)8,(TA)4	61	KSL-518	(TCT)5tt(TTG)6
25	Le42 (SML-022)	(ATC)13,(ATC)6	62	KSL-520	(GAA)11
26	Le46 (SML-026)	(GAA)11,(GAA)6	63	KSL-523	(ATC)13 (ATG)5gtatgatatgatgtgaatgt gttgtgtttaagaagtgtgaagaat ggatctttggatcctgt(TGAA)6
27	Le48 (SML-028)	(A)15,(A)9	64	KSL-525	(TC)23 (AGA)5acaagtctcaatggagagagg atatggatatggtgtgtacataataagcat caaccaactaagcccagtgagtgtga(TT GAT)4
28	Le52 (SML-032)	(T)4,(T)6	65	KSL-538	(CT)13
29	Le56 (SML-036)	(TCT)12...(CCAAA)4,(TCT)1 3...(CCAAA)	66	KSL-572	(CT)15 (CT)14tatcactctctcatctctctg(TC) 6
30	Le57 (SML-037)	(AAC)3,(AAC)2	67	KSL-642	(AAT)11
31	KSL-1	(CAA)10	68	KSL-581	(ACT)5attagta(GAT)6
32	KSL-37	(AGA)15	69	KSL-591	(AG)21
33	KSL-51	(ATG)10	70	KSL-593	(CAC)6cc(ATA)6
34	KSL-271	(ATG)12	71	KSL-602	(ATG)10
35	KSL-316	(AAT)11	72	KSL-647	
36	KSL-317	(ATG)11	73	KSL-603	
37	KSL-357	(TGA)14	74	KSL-604	

상추 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선발하기 위하여 Hong(2013)에 의해 개발된 53개 SSR 프라이머(Table 3)를 이용하여 ‘그랜드래피드TBR’, ‘여름청치마’, ‘홍풍치마’, ‘화홍적측면’, ‘제일생채’, ‘흑쌈치마’, ‘시저스레드’, ‘선조흑치마’ 8 품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다. PCR 반응은 상추 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation 은 94°C 에서 5분, denaturation은 94°C 에서 30초, annealing은 55°C 에서 30초, extension은 72°C 에서 45초, final-extension은 72°C 에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 상추 65품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10ul와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25ul를 첨가하여 94°C 에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 3. The 53 SSR markers used for selection of lettuce new SSR markers.

No.	SSR name	Forward primer	Reverse primer
1	KSL-447	TATTCACCCGCCTTTAACCC	ATGCATCAGAAGGACCACGA
2	KSL-448	CGCAGAATGGAAATGATAATGA	CAAATGATGGTTTTGGTGGG
3	KSL-451	GGGGAGATCGAAGAGCAAAG	GATGAGGAGGGGGAAGTTCA
4	KSL-452	CACTCTTTTCTTCTCGATTTACC	TCGCGAGAAACAGAGATTGG
5	KSL-454	GAATTCCAATGGGGCTGTTT	ATGGCATGGCTTCTGATGAA
6	KSL-455	TTGATCTATCCGGGATTCTG	ACCCTGAATCGCCAATCTTC
7	KSL-457	CACAAACACCACCAGGCATT	CCACGACTTTGGCTGAAAAA
8	KSL-458	CAAGTCGACGAAAACCCAGA	ATAAATGCGAATCCCCTGCT
9	KSL-459	AAGGAAGGGTCTGGTAGGGA	GATCGGAGGTGGTGTCTCT
10	KSL-461	TTGACGGGTTCCGATGAAG	GGCCTACGTTCTCTCATCCC
11	KSL-462	ACCGATGAATGCATTGGAGA	CGGCAAGACAAGAAACAGGA
12	KSL-463	CGACGACGAGAAATCTGTGC	CGGTGTTGAAAACGAGGAAA
13	KSL-464	CACCAGGTTTCATGCCTCAG	TGCATTCCAAACAAACCACC
14	KSL-465	ACTTTTTCACTGGGGGTGGA	AAGCACCTTCACCAACTCCG
15	KSL-466	TTGCAGACAGAAAGGAAGGG	TAGACCTGGACCTTTCCCCA
16	KSL-467	CAGCTGCAGCATCTAAAACCA	AGACGTAACACCTATAGGCATCATT
17	KSL-468	ACACAGTGACCGACTTCCGA	TCTTCCACGTTCTTGTTCGC
18	KSL-469	CCTGAAACTACCCCCACCTC	TTGAGCGAACGGAAGTGTTT
19	KSL-470	CTCAGAACTGCCATGGTTGG	GTCGTAGACGCCATTAACGC
20	KSL-471	CACCATTAACATGGGTGGGA	AGAGTTTGTATGCGGCAGAGA
21	KSL-473	TGCCGAAAAACAGAAGAAA	TCAACGATAGCTGCTGCCTC
22	KSL-474	TCTTGGGAGGGTGTACCACA	AAATCGCCCAAAGAAAAACC
23	KSL-475	CGCGTAGAATGCAACGAAC	CTTCCGCTCTACTGTTGGA
24	KSL-477	CCCACATGCTGTGGATCAGT	TTGTATCCTCCCTCCAACCC

25	KSL-478	AAACAATGGATGCTCGTTCCG	TGAAAGAAAGTTGGCAAGCAC
26	KSL-481	CAGCGGTTCACTTTCGAT	GAGGATGGGCGATCATAGTG
27	KSL-483	TGTCAAAAGCTTTGGGTTGC	AGCTTCAGTTCCCCCATGTC
28	KSL-484	GGCGAGAAAGATGGTTTTCC	AAGAAATCCCACGCCTTGTT
29	KSL-485	CGACGACGAGAAATCTGTGC	CCATATGGCGGCATACAAAC
30	KSL-486	TAAAAAGGGTCGCCCCTAAA	ACAATCCTCGGAAAGAAGCC
31	KSL-488	AATTTGGGGTCCGATTTGAG	GCAAGGTTGCACATGCTCTT
32	KSL-489	TCGTCCGCTCCCTCAGGA	CGAAGTCGATGAATGATGGC
33	KSL-490	AATTTGGGGTCCGATTTGAG	GTCCATTTTCATGGCAGCATC
34	KSL-491	ATCTTGGAGACGTTTTCGGG	CGGCGTTGAATATGGAGAGA
35	KSL-493	AACAGGTGGTGGTGGTGATG	AGCGACCGAAAACAACATGAG
36	KSL-494	ATTCGAAGAGGGCGTTTGTT	CCACCAACCAATCTCCACAA
37	KSL-495	TCCCCAGTCGTCTCCTTCTC	CTTCCGCTCTCACTGTTGGA
38	KSL-496	TCAATGGATTTCCAAGCGAC	TGGTAGTTTTGAAGGCTGCG
39	KSL-497	CGCAGCCTTCAAACTACCA	GGCTTGTGCAATAAGCCAAT
40	KSL-499	GGAGTTTAGGCCACCGATGT	GCCTAGCCATGTGCATTCAA
41	KSL-635	GGGAACTGTAGGGGAGACCA	CCTTTTGATGCCCATCTGTG
42	KSL-638	CGAGGTCGAAGAAGAGGAGG	TCCCATTAGGATCTCTGCC
43	KSL-639	GGGGGTTTTTCATTTAGCA	TGGTTGAATCTGTGGAAGGG
44	KSL-640	AGAGGCTTTCTACGCCAACC	TGAGGAGGGGGAAGTTCATC
45	KSL-642	AGGCGTTCGCTAGGGAGAT	TCGAGATGGCGTGAAAACAT
46	KSL-643	CCTCTGCCGCCACTATATCA	CGGCAGATGAGGAAGTAGATG
47	KSL-645	AAGGCGACAACACAAGCAAC	GTGAAGCTCTGGGGTCCACT
48	KSL-646	GAATGAGTTGATGGCATCCG	CACCCCTGGTCCAGTACCTC
49	KSL-647	TTCTAGAGAGAGAACTCACCTTTTT	TTGTTGCGGAGTATGAAGCC
50	KSL-648	GGTACAGTAATTTTCCCTTAACCG	GACCTTCCGTCCATCGATCT
51	KSL-649	CCTCCAAAGACCAAAACAATG	GGCGCTTTATTATCCAATGGT
52	KSL-650	TCTTCGTCTTCTCTCTCTTTG	TTGCAAGTGGGATGCAGATT
53	KSL-651	ACACACCCAAACACCAACAAA	CAGGGCTGTGAATGGTCTTG

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’ 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기존에 종자원에서 사용 중인 마커 30개(unpublished data), 26개(Hong et al. 2013), 18개(Hong, 2014)(Table 2) 총 74개 마커를 이용하여 65품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 74개 마커로부터 45개 마커를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다. 또한 상추 품종식별에 적합한 신규 마커를 선발하기 위하여 Hong(2013)이 개발한 프라이머(Table

3)를 이용하여 ‘그랜드래피드TBR’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 2개 (KSL-642, KSL-647)를 1차 선발하였다(Fig. 1).

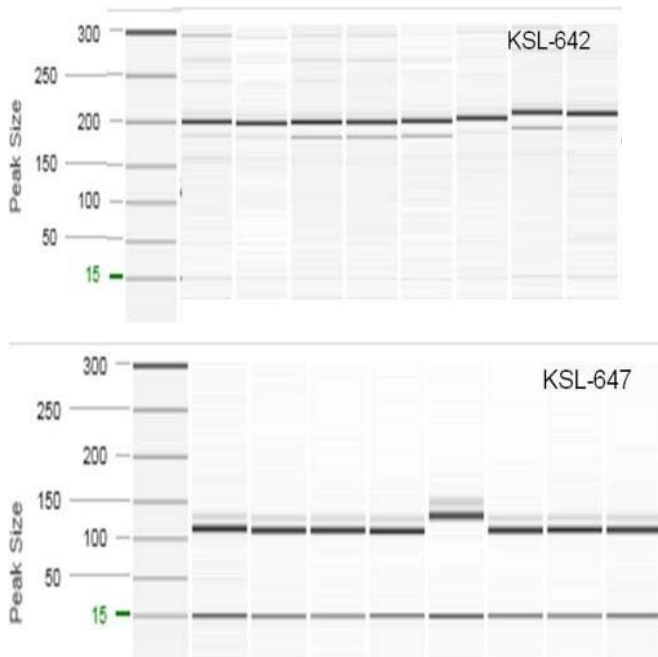


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, KSL-642, KSL-647. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: GrandrapidTBR , 2: Yereumcheongchima, 3: Hongpungchima, 4: hongjeokchukmyeon, 5: Jeilsangchae, 6: Heukssamchima, 7: Sijeoseured, 8: Sunjoheukchima.

따라서 신규로 선발된 2개 마커의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 기존의 마커로부터 재 선발된 47개 마커와 합쳐서 총 49개 마커를 이용하여 65개 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 49개 마커 중 KSL-647 마커는 염기서열 분석 시 대립유전자 판독이 용이하지 않아 DB 마커로 선정하지 않았으며, 최종 49개 선발마커를 이용하여 상추 유통품종 65품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 4. Characteristics of 49 SSR markers selected for database construction of lettuce varieties.

No.	SSR marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product (bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
1	SML-001	(CATGAT)6	55	176-198	4	0.562	VIC
2	SML-003	(GTTTT)5	55	114-119	2	0.430	FAM
3	SML-004	(ATG)11	55	184-202	3	0.498	PET
4	SML-013	(GAA)14..(CTG)5,(GAA)7... (CTG)2	55	264-276	5	0.459	VIC
5	SML-015	(TGTTA)16	55	254-269	3	0.541	NED

6	SML-019	(ATATG)5,(ATATG)4	55	163-169	2	0.281	FAM
7	SML-020	(AATG)6	55	223-227	2	0.116	PET
8	SML-038	(CCA)4,(CCA)5	55	189-192	2	0.351	VIC
9	SML-039	(CCCCTT)2,(CCCCTT)1	55	229-235	2	0.379	NED
10	SML-042	(CGGA)1(AGGA)3AAG(A)11(GAA AGA)1(CGGA)2,(AGGA)3AAG(A) 11(GAAAGA)2	55	189-193	2	0.481	FAM
11	SML-045	(AAG)9,(AAG)12	55	220-226	3	0.333	VIC
12	SML-048	(T)12	55	114-119	2	0.406	NED
13	SML-051	(TAA)8	55	237-240	2	0.245	FAM
14	SML-055	(TGA)15...(ATG)9	55	224-239	2	0.475	NED
15	SML-056	(TTA)14	55	183-189	2	0.278	FAM
16	SML-059	(TCT)12,(TCT)13	55	177-208	3	0.548	VIC
17	SML-061	(AACA)6	55	203-207	2	0.397	FAM
18	SML-021	(TA)8,(TA)4	55	172-178	3	0.215	PET
19	SML-022	(ATC)13,(ATC)6	55	314-332	3	0.470	VIC
20	SML-026	(GAA)11,(GAA)6	55	172-198	2	0.441	NED
21	SML-028	(A)15,(A)9	55	180-181	2	0.496	FAM
22	KSL-642	(CT)13	55	262-268	3	0.117	VIC
23	SML-036	(TCT)12...(CCAAA)4	55	213-216	2	0.178	NED
24	SML-037	(AAC)3	55	211-214	2	0.393	FAM
25	KSL-1	(CAA)10	55	162-171	3	0.222	PET
26	KSL-37	(AGA)15	55	137-158	6	0.715	VIC
27	KSL-51	(ATG)10	55	184-202	3	0.528	NED
28	KSL-316	(AAT)11	55	272-281	2	0.500	VIC
29	KSL-317	(ATG)11	55	248-251	2	0.495	NED
30	KSL-173	(CT)14	55	151-163	5	0.665	FAM
31	KSLC-4	(GGT)5	55	196-199	2	0.187	NED
32	KSLC-30	(CA)6	55	150-164	3	0.472	FAM
33	KSLC-443	(GAAGAG)4	55	262-271	2	0.142	VIC
34	KSL-7	(TCT)12	55	378-396	3	0.512	NED
35	KSL-43	(ATC)9(TTC)8	55	269-272	2	0.467	NED
36	KSL-75	(TC)6tt(TC)6	55	205-207	2	0.500	VIC
37	KSL-92	(CT)20	55	188-196	5	0.769	VIC
38	KSL-102	(TGA)5tgt(TGA)6	55	313-317	3	0.115	FAM
39	KSL-119	(TC)16	55	271-278	4	0.687	VIC
40	KSL-123	(ATC)13	55	336-354	3	0.470	NED
41	KSL-137	(TGA)9caatgatgaaaaagatgatgcag aggaggcagatgatgatgctggagatgaag atttctcaggagaagaagggggagag(GA T)6gaagaagaccctagtgaagatcctaag	55	281-298	4	0.607	FAM

		gcaaat					
		(ATG)5gtatgatatgatgtgatgaaatgtg					
42	KSL-510	ttgtgtttaagaagtgatgaagaattttgga	55	212-259	4	0.513	VIC
		tctttgtggatcctgt(TGAA)6					
43	KSL-520	(GAA)11	55	165-191	3	0.458	VIC
44	KSL-523	(ATC)13	55	337-354	3	0.470	NED
		(ATG)5gtatgatatgatgtgatgaaatgtg					
45	KSL-525	ttgtgtttaagaagtgatgaagaattttgga	55	212-258	3	0.511	FAM
		tctttgtggatcctgt(TGAA)6					
46	KSL-581	(CT)15	55	257-270	6	0.802	NED
47	KSL-591	(CT)14tatcactctctcatctctctg(TC)6	55	269-280	5	0.774	FAM
48	KSL-603	(CAC)6cc(ATA)6	55	217-223	2	0.494	NED
49	KSL-604	(ATG)10	55	194-207	4	0.649	FAM
	Total				144	21.813	
	Mean				2.9	0.445	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~6개 였고, 총 144개의 대립유전자가 분석 되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 2.9개로 나타났다. Van de Wiel 등(1999)에 의하면 상추와 같이 자식성 작물의 경우 대립유전자 수가 3.2개로 나타남을 보고하였는데 기존의 연구 결과와 유사한 경향을 나타내었다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.116에서 0.802까지 나타났으며, 평균값은 0.445로 분석되었다. 이는 61개의 SSR 마커를 이용하여 96개의 유전자원을 분석한 선행연구(Simko, 2009)의 다형성지수인 0.32보다는 높게 나타났다. 1차 년도에 비해 PIC값이 낮게 나타난 이유로 마커 재 선발 및 검증과정에서 대립유전자 형이 복잡한 마커는 제거하였기 때문인 것으로 추정된다.

49개 SSR 마커를 이용하여 상추 65품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.34-1.00의 범위로 나타났으며, 18품종은 46개 마커에서 동일한 대립유전자형을 나타내었고 47품종은 49개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 품종간 100%의 유사도를 나타낸 품종은 (파워선적측면, 새빛적측면, 선홍적측면), (뚝섬적측면, 풍부흑측면, 넘버원), (토담적치마, 흥풍치마), (여름청치마, 강하청), (무적여름적치마, 아시아오래따적치마), (떡치마, 사카타떡치마), (청풍치마, 청치마),(제일생채, 개량담배) 이었다. 각 그룹에 대한 품종의 계통을 조사한 결과 1그룹은 적측면, 2그룹은 적측면, 3그룹 적치마, 4그룹 청치마, 5그룹 적치마, 6그룹 떡치마, 7그룹 청치마, 8그룹 로메인으로 유사도가 높게 나타난 품종들이 상추에서 통상적으로 분류되어지는 계통과 일치하는 것으로 나타났다. 향후 동일한 대립유전자형을 나타낸 품종들에 대한 표현형 검정을 통해 유전자형과 표현형과의 상관성 연구를 추진해야 할 것으로 사료된다.

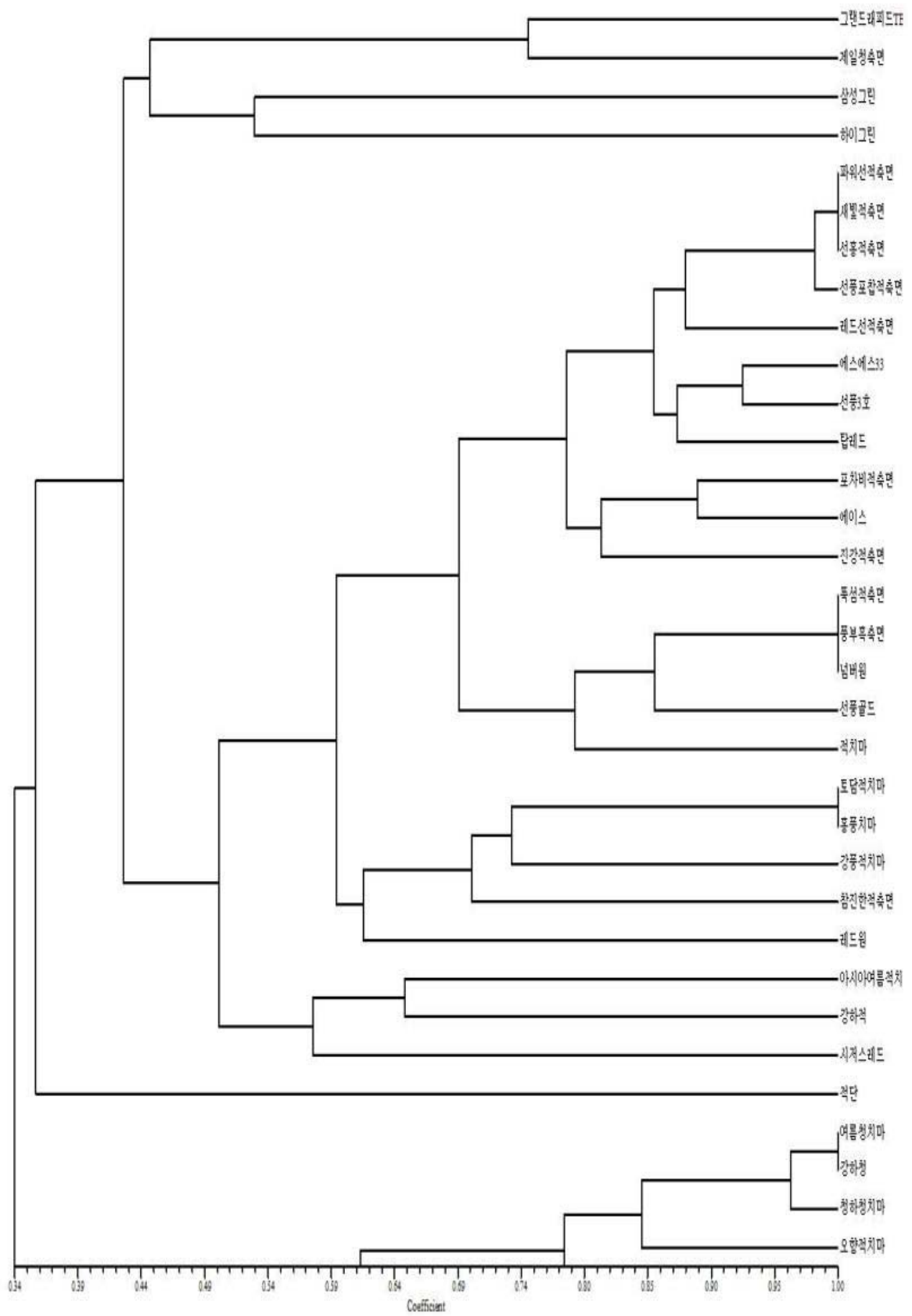


Fig. 2. Dendrogram of 65 lettuce varieties using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

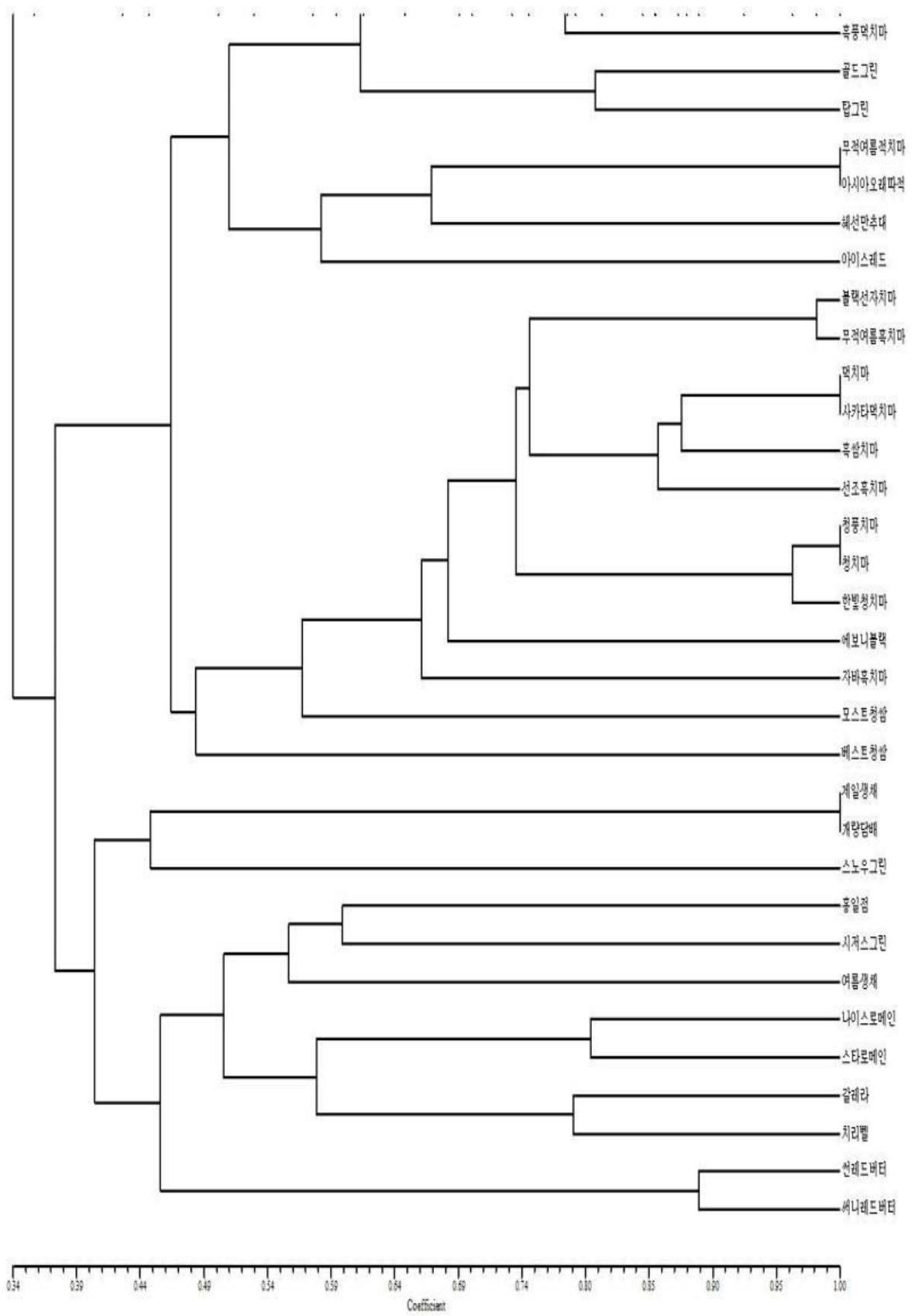


Fig. 2. Continued.

10. SSR 마커를 이용한 장미 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

장미는 오늘날 세계시장에서 상업적으로 중요한 화훼 작물 중 하나이며 *Rosaceae*종 *Rosa* 속에 속하는 장미는 2천년 이상 재배되어 왔다. 2014년 10. 1일 기준 국내에서 출원된 장미는 총 36품종, 등록된 품종수는 총 45품종이고, 현재까지 품종보호 등록된 품종수는 769품종으로 화훼류 146개 중 장미가 가장 많이 등록되고 있다. 또한 생산판매 신고된 품종수는 629 품종으로 많은 품종들이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://www.seed.go.kr>). 모든 장미는 *Rosaceae*의 *Rosa* L. 속에 속한다. *Rosa* 속에는 200종 이상이 있으며(Gudin 2000; Guterman et al. 2002), *Rosa hybrida* L.의 Hybrid Tea 품종들은 경제적으로 중요한 절화용 식물들이다. Hybrid Tea 장미들은 1867년에 처음 도입이 되어 현재까지 많은 품종들이 등록되었다. 현대 장미 품종의 대부분은 단일 장미종에 속하지 않고 중간교잡(interspecific hybridization)의 파생물이며(Gudin 2000; Joly et al. 2006; Zhang 2003) 이는 재배되는 장미들간에 관찰된 광범위한 다양성에 원인이 되었다. 비록 현대 장미 품종들의 유전적인 배경이 몇몇 *Rosa* 종으로부터 왔지만 현재 장미 genome은 여전히 triploid에서 octoploid의 범위로 많이 복잡함을 보인다. 상업적인 품종들의 대부분은 8~10 wild diploid로부터 파생된 tetraploid(x=7) 또는 treploid 교잡종과 소수의 tetraploid 장미종이다. 장미 육종에 있어서, 형태적인 특성들에 근거한 양친의 확인은 때때로 매우 어렵다. 그러므로 연구에 대한 새로운 범위의 확장으로 분자기술의 개발이 필요하다.

Simple sequence repeat(SSRs) 마커는 hybrid tea 장미 품종들 간에 발생하는 유전적 다양성을 평가하거나(Smulders et al. 2009), 관심있는 부분에 대해 마커를 적용하는 육종에 많이 사용이 되고 있다(Biber et al. 2010). Esselink et al. (2003)은 장미(*R. hybrida*)로부터 enriched small-insert libraries를 사용하여 개발된 24개 SSR 마커를 보고하였다. 이들 마커들은 절화용 장미와 꺾꽂이 품종들을 확인하는데 사용되었고, diploid 장미 map에 포함되었다(Yan et al. 2005).

본 연구에서는 현재 국내에 유통되고 있는 장미 26품종을 대상으로 장미 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종특성의 국가표준 DB구축을 하고자, SSR마커를 이용하여 장미 26 품종에 대한 품종식별 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 장미 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 향후 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 경기도 농업기술원에서 장미 26품종의 잎 샘플을 채취하여 이들을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5 ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial rose cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers

연번	품종명	유통 상품명	상품명 영문명	꽃 색	육종국가	출원 및 등록구분
1		헤라	Hera	Pink		
2		로즈유미	Rose Yumi	White	Japan	소멸
3	스코비이어	럭셔리	Luxury	Light Pink	Netherlands	품종보호등록
4	엠펙라	타라	Tara	Yellow	Netherlands	품종보호등록
5	스코스트리트	뉴앙스	Nuance	Pink	Netherlands	품종보호등록
6		드림랜드	Dreamland	Light Pink		
7		탱가벵가	Tangabanga	Dark Pink		
8	타날레핀	로지타반델라	Rosita Vendela	Pink	Japan	품종보호등록
9		나이트 피버	Night Fever	Red		
10	스키루스	마루시아	Maroussia	White	Netherlands	품종보호등록
11	탄00111	오션송	Ocean Song	Light violet	Germany	품종보호등록
12	인터시가우	시트란	Citran	Yellow	Japan	품종보호등록
13	스키라일레	마리오	Mario	Orange	Netherlands	
14	인터코팜	딤플	Dimple	Red	Netherlands	품종보호등록
15	루이지크리스	이구아나	Iguana	Light Pink	Netherlands	품종보호등록
16	스크레나트	아쿠아	Aqua	Pink	Netherlands	품종보호등록
17	그랜드티니파	어피니티	Affinity	Yellow	Australia	품종보호등록
18		푸에고	Fuego	Red		
19	팬로그	레드칼립소	Red Calypso	Red	Netherlands	품종보호등록
20	루이드0738에이	레카토	Recato	Orange		
21	스크레피스	부루트	Burut	Light Pink	Netherlands	품종보호등록
22		레드익스프레스	Red Express	Red	Korea	재배심사
23		아이스베어	Ice Bear	White	Korea	품종보호등록
24		핑크하트	Pink Heart	Pink	Korea	품종보호등록
25		필립	Feel Lip	Red	Korea	품종보호등록
26		비너스베리	Venus Berry	Light Pink	Korea	품종보호등록

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

장미 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 22개(Hong et al. 2013)와 9개 마커(Table 2)를 이용하여 공시품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 31 SSR markers used for selection of rose SSR markers.

No.	Marker name	Repeat Motif	Reference	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	C187	(AAG) ₇	Hong et al. 2013	TGTGCCTCGAGAGGTTTCTT	GTCAGCTGAAGCACTGGTGA
2	CL2845	(AAG) ₁₇	Hong et al. 2013	ACAACCCGTAAAACGACCTG	ATATGGTGCCTTTGGTGGAA
3	H2F12	-	Hibrand-Saint et al. 2008	TGGCCAACCTCTCTGTCT	TCCCAGCTTCGCTTTGTAT
4	H22E04	(AAG) ₇	Hong et al. 2013	GACATCACCACCACAAG	AACCAAGGTTTCCAGTTCCA
5	Rw54N22	(TC) ₉ X(TC) ₈	Hong et al. 2013	CTCAACTTCCCCGCTTATC	CTCGGCAGCTCCACTATCTC
6	Rw62D8	CT rich	Hong et al. 2013	CCTGACTCTAACCTCGTGCT	TCCATCATCAACTTCGTCTG
7	C172	(AAG) ₈	Hong et al. 2013	ACAACCAACTAGAACTTGAGC	GCTCAACAGCAACAACCTCA
8	CL2002	(TCAT) ₄	Hong et al. 2013	GAAGCAGGAAGATCCATGA	GGCCAATGCTCACACTAAT
9	H22C01	(TC) ₉	Hong et al. 2013	TCATAACCAACCATCTCCATCA	AGGATTTACCCAGAACACG

10	Rh48	(AGG) ₅	Hong et al. 2013	GATAGTTTCTCTGTACCCACCTA	TTGACCAGCTGCAACAAAAT TAGA
11	Rh93	(TTC) ₉	Hong et al. 2013	GCTTTGCTGCATGGTTAGGTTG	TTCTTTTTGTCGTTCTGGGA TGTG
12	H1F03	(TG) ₉	Hong et al. 2013	CCCTAGCTCTCTCCCTCTCC	AGCACATTCTTGAGGGTTGG
13	Rw16E19	(CT) ₁₄	Hong et al. 2013	CCAACAAACACGAGGAATGA	CCACACTGATGTTCCAGCAC
14	Rw20I17	(CT) ₁₆	Hong et al. 2013	TTCCTCTTCTCCTCCCTCGT	AGCAGTTTCTGGCGAGTTA
15	Rw23F13	(TTC) ₇	Hong et al. 2013	TGCATTTCATCCCTCTCACTG	TCAAATGCATGCTGAAAGGA
16	Rw34L6	(AG) ₉ X(A G) ₈	Hong et al. 2013	CTCCTTTAGACTCGGGACCA	CAGGCACGCCATTTCTAACT
17	Rw52D4	(AG) ₁₆	Hong et al. 2013	GGCAGTTGCTGTGCAGTG	TTGTGCCGACTCAAATCAA
18	Rw35C24	(CT) ₁₀	Hong et al. 2013	GGCGAATCGAGATTCAGAGA	GGATTAGCCCAAGTCCAGGT
19	CL2980	(CT) ₁₁	Hong et al. 2013	CCCTATTTCGATTTTCGAGTGC	ACTTGGCTCGACGGATACAC
20	H20D08	(TC) ₉	Hong et al. 2013	TTCGGCTCTCTTCTCTGCTC	GACATTACAGCGACGAAGCA
21	H23O17	(AAG) ₆	Hong et al. 2013	ACACCAAGCAAACCAAAACC	AGCACGAAAACCGAGAGAGA
22	Rh59	-	Nishitani et al. 2007	CGCGGATGAAGCTAGTGAATCAGT	CTAGCCCATCTCAGTATCCC TCACC
23	Rw55E12	-	Hong et al. 2013	CGGTGGTTGGACATTAAGC	GGAGGCAACAGCACACTCTC
24	H9B07	-	Hong et al. 2013	TGTGGTTTTGCCTCACAAAG	GACAATGACCCTTCAAACAT CA
25	Rw14A5	(GAA) ₄	Zang et al. 2006	CCCTCAAAACCCCTCTTA	CGTAATAACTGTCCGGTCTC
26	Rw5D11	(CT) ₁₄	Zang et al. 2006	CAGATTCGCCGTAGCCCTTAC	ATCCGAACCCCGACCTGAC
27	Rw14H21	(GT) ₁₆ (G A) ₁₅	Zang et al. 2006	ATCATGTGCAGTCTCTGGT	AATTGTGGGCTGGAAATATG
28	Rw17I7	(GCC) ₈ (A CC) ₃	Zang et al. 2006	CAGGTAATTTGCGGATGAAG	GATCCGCCGTTTCCAGT
29	Rw23H5	(CA) ₉	Zang et al. 2006	AAGCTCTGCCATTGTCCACT	GCCCCTCAAACCTTAACCTC
30	Rw32D19	(GAA) ₇	Zang et al. 2006	GAAGTCCAGAGCCAATTCCA	AGGGTCCTCATCCACCACTT
31	Rw49N14	(GAT) ₇	Zang et al. 2006	AAGCACACAGCCCTATCATC	GGCCTTTCTAGGGTTTTCTG

장미 품종식별에 효과적인 신규 마커를 추가적으로 선별하기 위하여 7개(Zang et al. 2006), 1개(Hibrand-Saint et al. 2008), 1개(Nishitani et al. 2007)의 프라이머(Table 2)를 이용하여 ‘핑크벨’, ‘하나로핑크’, ‘노블레스’, ‘핑크라임’, ‘핑크오스튜’, ‘스노우데이’, ‘티네케’, ‘프리티벨벳’ 8품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다.

PCR 반응은 장미 genomic DNA 40 ng, 1 μ M의 형광 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 \times PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 5분, denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 30초, annealing은 55 $^{\circ}$ C에서 30초, extension은 72 $^{\circ}$ C에서 45초, final-extension은 72 $^{\circ}$ C에서 5분간 수행하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정된 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 장미 26품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l는 Hi-Di formamide 9.2 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μ l를 첨가하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3130xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7 프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 peak이 있으면 '1', 없으면 '0' 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij} 는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYS-pc(version 2.21m)(Rohlf, 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

기존에 종자원에서 사용 중인 마커 21개(Hong et al. 2013)를 이용하여 24품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발한 결과, 대립유전자 분석의 용이성과 밴드의 패턴을 고려하여 21개 마커로부터 12개 마커(CL2845, H22E04, Rw62D8, CL2002, H22C01, Rh48, Rh93, H1F03, Rw20I17, Rw23F13, CL2980, H9B07)를 국가표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다(Table 3).

Table 3. The 16 SSR markers used for selection of rose new SSR markers.

No.	Marker name	Repeat Motif	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	CL2845	(AAG) ₁₇	ACAACCCGTAAAACGACCTG	ATATGGTGCCTTTGGTGGAA
2	H22E04	(AAG) ₇	GACATCACCACCACCAAG	AACCAAGGTTTCCAGTTCCA
3	Rw62D8	CT rich	CCTGACTCTAACCTCGTGCT	TCCATCATCAACTTCGTCTG
4	CL2002	(TCAT) ₄	GAAGCAGGGAAGATCCATGA	GGCCAATGCTCACACTAAT
5	H22C01	(TC) ₉	TCATAACCAACCATCTCCATCA	AGGATTTACCCAGAACACG
6	Rh48	(AGG) ₅	GATAGTTTCTCTGTACCCACCTA	TTGACCAGCTGCAACAAAATTAGA
7	Rh93	(TTC) ₉	GCTTTGCTGCATGGTTAGGTTG	TTCTTTTTGTCGTTCTGGGATGTG
8	H1F03	(AGG) ₅	CCCTAGCTCTCCTCTCTCC	AGCACATTCTTGAGGGTTGG
9	Rw20I17	(TG) ₉	TTCTCTTCTCCTCCTCGT	AGCAGTTTCTGGCGAGTTA
10	Rw23F13	(CT) ₁₄	TGCATTATCCCTCTCACTG	TCAAATGCATGCTGAAAGGA
11	CL2980	(AG) ₁₆	CCCTATTTCGATTTTCGAGTGC	ACTTGGCTCGACGGATACAC
12	H9B07	(AAG) ₆	TGTGGTTTTGCCTCACAAAAG	GACAATGACCCTTCAAACATCA
13	Rw14A5	(GAA) ₄	CCCTCAAAAACCCCTCTTA	CGTAATAACTGTCCGGTCTC
14	Rw14H21	(GT) ₁₆ (GA) ₁₅	ATCATGTGCAGTCTCCTGGT	AATTGTGGGCTGGAAATATG
15	Rw17I7	(GCC) ₈ (ACC) ₃	CAGGTAATTTGCGGATGAAG	GATCCGCCGTTTCCAGT
16	Rw49N14	(GAT) ₇	AAGCACACAGCCCTATCATC	GGCCTTTCTAGGGTTTTCTG

또한 장미 품종식별에 적합한 신규 마커를 선별하기 위하여 7개(Zang et al. 2006), 1개(Hibrand-Saint et al. 2008), 1개(Nishitani et al. 2007)의 프라이머(Table 2)를 이용하여 ‘핑크 벨’ 등 8 품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 9개 마커중 반복 실험간 뚜렷한 재현성을 보이는 4개 마커(Rw14A5, Rw14H21, Rw17I7, Rw49N14)를 DB 구축용 마커로 최종 선별하였다(Fig. 1).

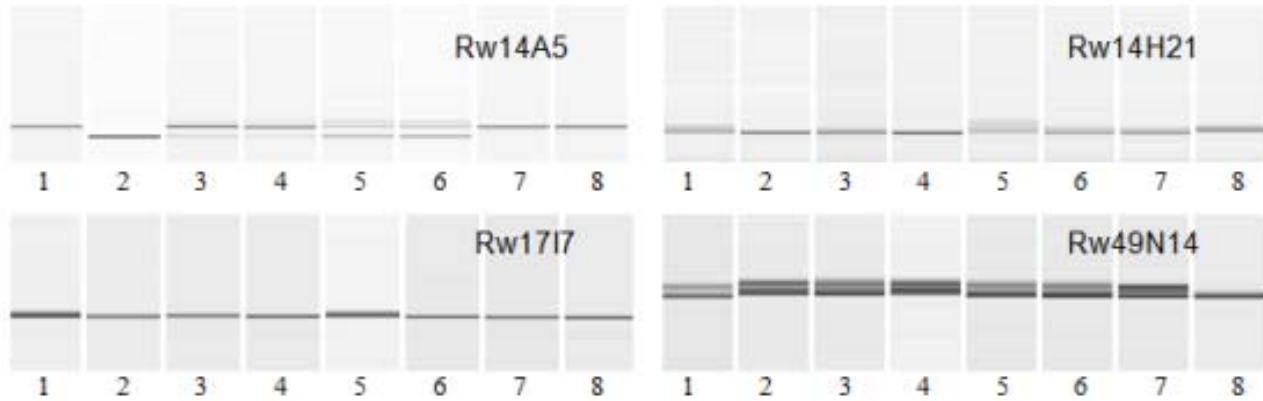


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, Rw14A5, Rw14H21, Rw17I7, Rw49N14. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane1: Pink bell, 2: Hanaro pink, 3: Noblesse, 4: Pink lime, 5: Pink austew, 6: Snow day, 7: Tineke, 8: Pretty Velvet.

기존 마커로부터 재선발된 12개 마커와 신규로 선발된 4개 마커 총 16개 마커를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 형광 표지된 선발마커를 이용하여 26개의 장미 유통 품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 Table 3과 같다.

Table 3. Characteristics of 16 SSR markers selected for database construction of rose cultivars

Marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
CL2845	(AAG) ₁₇	55	200-227	3	0.424	NED
H22E04	(AAG) ₇	55	240-246	3	0.585	PET
Rw62D8	-	55	246-276	3	0.389	NED
CL2002	(TCAT) ₄	55	184-200	4	0.478	PET
H22C01	(TC) ₉	55	219-229	3	0.555	VIC
Rh48	(AGG) ₅	55	127-144	4	0.597	NED
Rh93	(TTC) ₉	55	238-268	2	0.316	FAM
H1F03	(AGG) ₅	55	247-250	2	0.350	PET
Rw20I17	(TG) ₉	55	151-157	5	0.376	NED
Rw23F13	(CT) ₁₄	55	204-208	2	0.361	FAM
CL2980	(AG) ₁₆	55	214-232	3	0.303	FAM
H9B07	(AAG) ₆	55	223-233	4	0.262	PET
Rw14A5	(GAA) ₄	55	117-123	3	0.255	VIC
Rw14H21	(GT) ₁₆ (GA) ₁₅	55	118-126	4	0.590	FAM
Rw17I7	(GCC) ₈ (ACC) ₃	55	166-212	5	0.649	PET
Rw49N14	(GAT) ₇	55	252-258	2	0.183	FAM
Total				52		
Mean				3.250	0.417	

16개의 SSR 마커를 이용하여 26개 유통 장미 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석한 결과, 검정된 총 alleles수는 52개이고, 각 분자표지 별로는 2개에서 5개까지 allelic bands 수가 분포되었으며, 이 중 3 allelic bands의 분자표지가 6개로 가장 많이 형성되었다. 다형성 밴드의 분포범위는 117-258 bp로 다양하게 분포하였다. 전체 16개 분자표지의 평균 PIC 값은 0.417이고 PIC 값이 가장 높은 분자표지는 Rw17I7으로 0.649로 분석되었다. 유전자 다양성 측면에서 본다면 현재 국내 유통되는 장미 품종의 경우 다양성이 높지 않았다. 이러한 결과는 본 연구에 이용된 대부분의 장미품종들이 대부분의 genetic background가 서로 비슷하기 때문인 것으로 생각되었다 (Table 3).

장미 공시품종 26개에 대한 16개 분자표지의 DNA 분석 결과 도출된 52개 alleles를 바탕으로 유전적 유연관계를 Jaccard 상관계수를 이용 산출하고, 집괴분석하여 덴드로그램을 작성하였다. Fig. 1에서 보는 바와 같이 공시품종 26개는 16개 마커로 모두 식별이 되었으며, ‘마루시아’와 ‘아이스베어’는 유전적 유사도가 0.94로 매우 높게 나타났다. 공시품종간 전체 유사도 지수는 0.64-0.94의 범위였으며, 유사도 지수 0.81 수준에서 덴드로그램 상에서 유전적으로 크게 4개의 품종군으로 분리됨을 알 수 있었다 (Fig. 2).

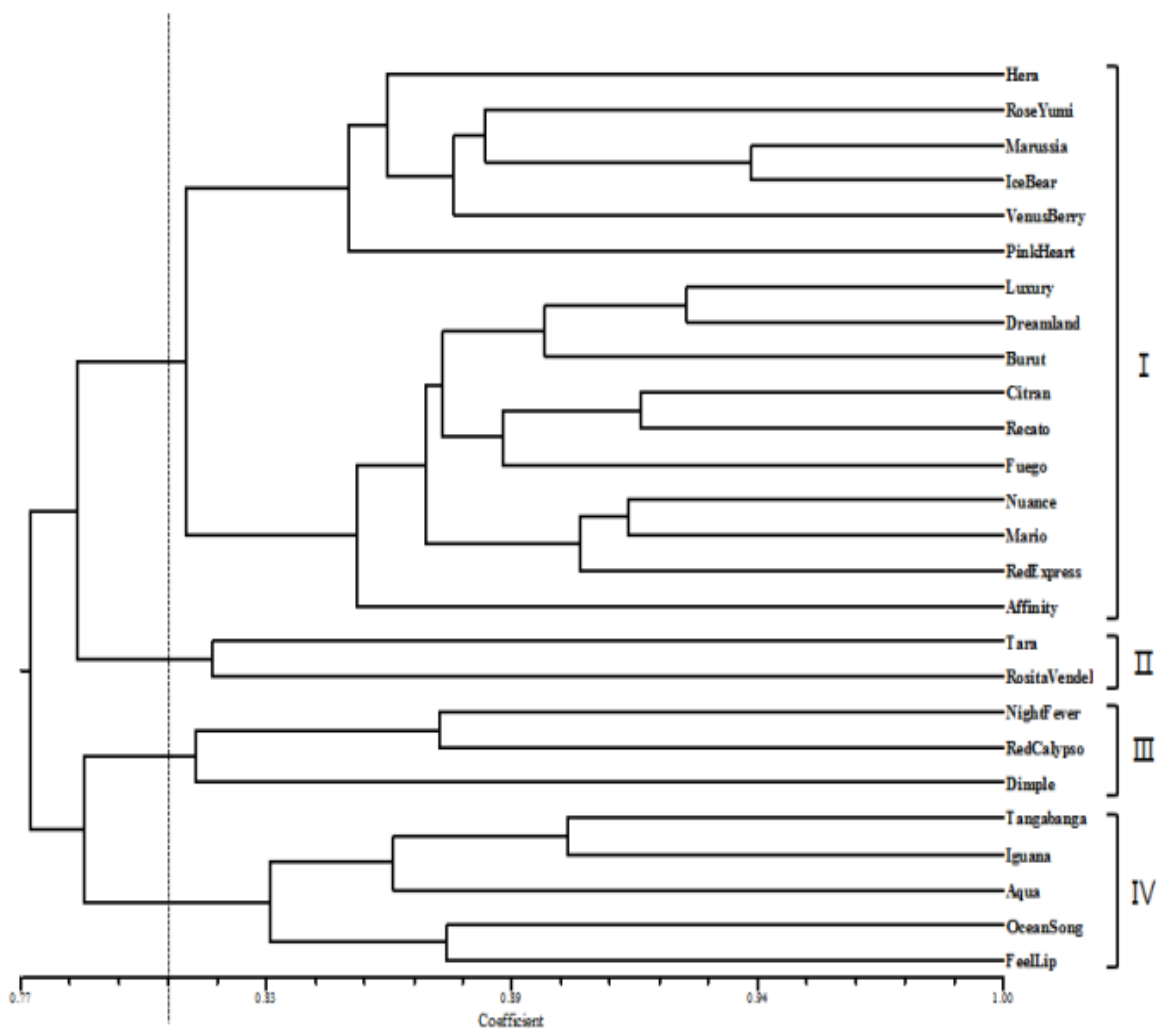


Fig. 2. Dendrogram showing the genetic relationships among 26 rose cultivars

그룹 I 에 포함된 ‘로즈유미’, ‘마루시아’, ‘아이스베어’ 경우는 모두 꽃잎색이 white로 유전적으로 유사한 것으로 나타났다. ‘로즈유미’는 일본에서 육성된 품종이고, ‘마루시아’는 네덜란드 육성품종으로 북유럽의 차가운 기후에서 많이 재배가 되며, 14.3일의 긴 저장력을 가진다 (Nabigol et al. 2009). ‘아이스베어’는 국내에서 육성된 품종으로 절화용으로 인기가 있다. 그룹 III에는 ‘나이트피버’, ‘레드칼립소’, ‘딤플’이 포함되었는데, 이들은 모두 꽃잎색상이 red인 품종들이며, 육종국가를 알 수 없는 ‘나이트 피버’와 ‘레드칼립소’와 ‘딤플’은 네덜란드에서 육성된 품종들이다. 그룹 I 에 예외적으로 포함된 red 색상의 꽃잎을 가진 ‘푸에고’와 ‘레드익스프레스’ 2개의 품종은 다른 형태적 특성들이 그룹 III에 속한 품종들과 유전적으로 다른 것으로 사료된다.

결과적으로 이번 연구에서 분석된 microsatellite들은 국내유통 장미 품종들의 품종감별에 유용한 마커가 될 수 있을 것이다. 앞으로 제7협동과제에서 수행중인 국내 주요 유통 장미의 형태적 특성검정 품종을 수집하여 본 DB에 품종을 추가할 예정이며, 국내유통 장미 시험 재료를 더 늘려서 수행함으로써 장미 품종별 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해 나갈 계획이다.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

장미는 오늘날 세계시장에서 상업적으로 가장 중요한 화훼 작물 중 하나이며 *Rosaceae*종 *Rosa*속에 속하는 장미는 2천년 이상 재배되어 왔다. 2015년 8. 31일 기준 국내에서 출원된 장미는 총 1,024품종, 등록된 품종수는 총 800품종으로 화훼류 146개 중 장미가 가장 많이 등록되어 있다. 또한 생산판매 신고된 품종수는 625품종으로 많은 품종들이 국내에서 유통이 되고 있다(<http://www.seed.go.kr>). 모든 장미는 *Rosaceae*의 *Rosa* L. 속에 속한다. *Rosa* 속에는 200종 이상이 있으며(Gudin 2000; Guterman et al. 2002), *Rosa hybrida* L.의 Hybrid Tea 품종들은 경제적으로 중요한 절화용 식물들이다. Hybrid Tea 장미들은 1867년에 처음 도입이 되어 현재까지 많은 품종들이 등록되었다. 현대 장미 품종의 대부분은 단일 장미종에 속하지 않고 종간교잡(interspecific hybridization)의 파생물이며(Gudin 2000; Joly et al. 2006; Zhang 2003) 이는 재배되는 장미들간에 관찰된 광범위한 다양성에 원인이 되었다. 비록 현대 장미 품종들의 유전적인 배경이 몇몇 *Rosa* 종으로부터 왔지만 현재 장미 genome은 여전히 triploid에서 octoploid의 범위로 많이 복잡함을 보인다. 상업적인 품종들의 대부분은 8~10 wild diploid로부터 파생된 tetraploid(x=7) 또는 treploid 교잡종과 소수의 tetraploid 장미종이다. 장미 육종에 있어서, 형태적인 특성들에 근거한 양친의 확인은 때때로 매우 어렵다. 그러므로 연구에 대한 새로운 범위의 확장으로 분자기술의 개발이 필요하다.

Simple sequence repeat(SSRs) 마커는 hybrid tea 장미 품종들 간에 발생하는 유전적 다양성을 평가하거나(Smulders et al. 2009), 관심있는 부분에 대해 마커를 적용하는 육종에 많이 사용이 되고 있다(Biber et al. 2010). Esselink et al. (2003)은 장미(*R. hybrida*)로부터 enriched small-insert libraries를 사용하여 개발된 24개 SSR 마커를 보고하였다. 이들 마커들은 절화용 장미와 꺾꽂이 품종들을 확인하는데 사용되었고, diploid 장미 map에 포함되었다(Yan et al. 2005).

본 연구에서는 장미 DNA 검정에 의한 품종특성의 국가표준 DB구축을 하고자 1차 년도

공시품종, 2차 년도에 샘플링 한 국립종자원 재배시험 품종 및 경기도 농업기술원(제7협동 과제)로부터 수집한 품종 등 총 141품종을 대상으로 DNA DB를 구축한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 장미 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도 경기도 농업기술원에서 수집한 장미 26품종과 2차 년도에 국립종자원 품종보호과에서 샘플링한 79품종, 경기도 농업기술원에서 추가로 수집한 장미 36품종의 잎 샘플을 채취하여 총 141품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1).

공시 품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial rose cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명 (유통 상품명)	비고	연번	품종명 (유통 상품명)	비고	연번	품종명 (유통 상품명)	비고
1	(헤라)	1차 년도	48	캔디파티	2차 년도 (재배시험)	95	러브미	2차 년도 (재배시험)
2	(로즈유미)	1차 년도	49	레드크라운	2차 년도 (재배시험)	96	에스더	2차 년도 (재배시험)
3	스코비아어 (럭셔리)	1차 년도	50	원우폴	2차 년도 (재배시험)	97	오스라벨	2차 년도 (재배시험)
4	엠폴라 (타라)	1차 년도	51	레드스퀘어	2차 년도 (재배시험)	98	오스플레트	2차 년도 (재배시험)
5	스코스트리트 (뉘앙스)	1차 년도	52	레드퍼플	2차 년도 (재배시험)	99	오스패니아	2차 년도 (재배시험)
6	(드림랜드)	1차 년도	53	코르크트0025	2차 년도 (재배시험)	100	에스메럴드	2차 년도 (재배시험)
7	(탱가벵가)	1차 년도	54	코르크트0033	2차 년도 (재배시험)	101	토코나츄	2차 년도 (재배시험)
8	타날레핀 (로지타반델라)	1차 년도	55	코르크트0032	2차 년도 (재배시험)	102	퓨어 포트리	2차 년도 (재배시험)
9	(나이트 피버)	1차 년도	56	코르크트0019	2차 년도 (재배시험)	103	야리파아즈마	2차 년도 (재배시험)
10	스키루스 (마루시아)	1차 년도	57	코르크트0063	2차 년도 (재배시험)	104	스트로베리 힐	2차 년도 (재배시험)
11	탄00111 (오션송)	1차 년도	58	코르크트0057	2차 년도 (재배시험)	105	러브	2차 년도 (재배시험)
12	인터시가우 (시트란)	1차 년도	59	코르크트0036	2차 년도 (재배시험)	106	레몬라페	2차 년도 (경기도원)
13	스키라일레 (마리오)	1차 년도	60	코르크트0061	2차 년도 (재배시험)	107	러브레터	2차 년도 (경기도원)
14	인터코팜 (담플)	1차 년도	61	라비아	2차 년도 (재배시험)	108	스위트스킨	2차 년도 (경기도원)
15	루이지크리스 (이구아나)	1차 년도	62	화이트미미	2차 년도 (재배시험)	109	하트온	2차 년도 (경기도원)
16	스크레나트 (아쿠아)	1차 년도	63	레드샤인	2차 년도 (재배시험)	110	아로마원	2차 년도 (경기도원)
17	그랜드티니파 (어피니티)	1차 년도	64	슈크림	2차 년도 (재배시험)	111	패니라인	2차 년도 (경기도원)
18	(푸에고)	1차 년도	65	핑크퍼플	2차 년도 (재배시험)	112	레드크라운	2차 년도 (경기도원)
19	팬로그 (레드칼립소)	1차 년도	66	웨딩마치	2차 년도 (재배시험)	113	캔디파티	2차 년도 (경기도원)

20	루이드0738에이(레카토)	1차 년도	67	러블리리디아	2차 년도 (재배시험)	114	엔드리스러브	2차 년도 (경기도원)
21	스크레피스(부루트)	1차 년도	68	아쿠아	2차 년도 (재배시험)	115	미키	2차 년도 (경기도원)
22	(레드익스프레소)	1차 년도	69	비탈	2차 년도 (재배시험)	116	코넬리	2차 년도 (경기도원)
23	(아이스베어)	1차 년도	70	골든게이트	2차 년도 (재배시험)	117	페인트볼	2차 년도 (경기도원)
24	(핑크하트)	1차 년도	71	사피아	2차 년도 (재배시험)	118	Bandolero	2차 년도 (경기도원)
25	(필립)	1차 년도	72	올라이키위	2차 년도 (재배시험)	119	상그렐라	2차 년도 (경기도원)
26	(비너스베리)	1차 년도	73	화이트쥬얼리	2차 년도 (재배시험)	120	쿨위터	2차 년도 (경기도원)
27	미샤	2차 년도 (재배시험)	74	카버넷	2차 년도 (재배시험)	121	굳타임	2차 년도 (경기도원)
28	핑크홀	2차 년도 (재배시험)	75	루이지크리스	2차 년도 (재배시험)	122	탑핑크	2차 년도 (경기도원)
29	에스핑크	2차 년도 (재배시험)	76	오스채리어트	2차 년도 (재배시험)	123	오로라	2차 년도 (경기도원)
30	에이핑크	2차 년도 (재배시험)	77	오렌지플래시	2차 년도 (재배시험)	124	셀리나	2차 년도 (경기도원)
31	스윙블루	2차 년도 (재배시험)	78	이구아나	2차 년도 (재배시험)	125	실키	2차 년도 (경기도원)
32	썬스타	2차 년도 (재배시험)	79	스프링타임	2차 년도 (재배시험)	126	레드비	2차 년도 (경기도원)
33	셀매지컬	2차 년도 (재배시험)	80	샤벳	2차 년도 (재배시험)	127	클럽니카	2차 년도 (경기도원)
34	셀스트로베리	2차 년도 (재배시험)	81	마리나	2차 년도 (재배시험)	128	양상블	2차 년도 (경기도원)
35	스피페니	2차 년도 (재배시험)	82	비비안	2차 년도 (재배시험)	129	데니스	2차 년도 (경기도원)
36	엘로우아이	2차 년도 (재배시험)	83	슈퍼렉스	2차 년도 (재배시험)	130	마틸린먼로	2차 년도 (경기도원)
37	루미너스	2차 년도 (재배시험)	84	노블레스	2차 년도 (재배시험)	131	보르도	2차 년도 (경기도원)
38	탄07463	2차 년도 (재배시험)	85	오스커크	2차 년도 (재배시험)	132	포비	2차 년도 (경기도원)
39	그린비	2차 년도 (재배시험)	86	오스토비아스	2차 년도 (재배시험)	133	몬테카를로	2차 년도 (경기도원)
40	안다미로	2차 년도 (재배시험)	87	오스키친	2차 년도 (재배시험)	134	굳초이스	2차 년도 (경기도원)
41	루이치2519에이	2차 년도 (재배시험)	88	오스라운지	2차 년도 (재배시험)	135	모네	2차 년도 (경기도원)
42	오스박스	2차 년도 (재배시험)	89	오스오스카	2차 년도 (재배시험)	136	실루엣	2차 년도 (경기도원)
43	오스크리스	2차 년도 (재배시험)	90	이알001	2차 년도 (재배시험)	137	립그로스	2차 년도 (경기도원)
44	지니	2차 년도 (재배시험)	91	이알002	2차 년도 (재배시험)	138	아르만도	2차 년도 (경기도원)
45	탄09112	2차 년도 (재배시험)	92	이알003	2차 년도 (재배시험)	139	미스홀랜드	2차 년도 (경기도원)
46	탄08087	2차 년도 (재배시험)	93	이알004	2차 년도 (재배시험)	140	레드폴	2차 년도 (경기도원)
47	스위트스킨	2차 년도 (재배시험)	94	이알005	2차 년도 (재배시험)	141	핑크파티	2차 년도 (경기도원)

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

장미 141품종의 식별 및 재확인을 위하여 1차 년도에 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 22개(Hong et al. 2013)와 추가로 선발된 9개 마커를 이용하여 총 31개 중에서 선발된 16개 마커를 동일하게 사용하였다(Table 2).

Table 2. The 16 SSR markers used for selection of rose new SSR markers.

No.	Marker name	Repeat Motif	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	CL2845	(AAG) ₁₇	ACAACCCGTAAAACGACCTG	ATATGGTGCCTTTGGTGGAA
2	H22E04	(AAG) ₇	GACATCACCACCACCACAAG	AACCAAGGTTTCCAGTTCCA
3	Rw62D8	CT rich	CCTGACTCTAACCTCGTGCT	TCCATCATCAACTTCGTCTG
4	CL2002	(TCAT) ₄	GAAGCAGGGAAGATCCATGA	GGCCCAATGCTCACACTAAT
5	H22C01	(TC) ₉	TCATAACCAACCATCTCCATCA	AGGATTTTACCCAGAACACG
6	Rh48	(AGG) ₅	GATAGTTTCTCTGTACCCACCTA	TTGACCAGCTGCAACAAAATTAGA
7	Rh93	(TTC) ₉	GCTTTGCTGCATGGTTAGGTTG	TTCTTTTTGTCTGTTCTGGGATGTG
8	H1F03	(AGG) ₅	CCCTAGCTCTCTCCCTCTCC	AGCACATTCTTGAGGGTTGG
9	Rw20I17	(TG) ₉	TTCTCTTCTCCTCCCTCGT	AGCAGTTTCTGGCGAGTTA
10	Rw23F13	(CT) ₁₄	TGCATTCATCCCTCTCACTG	TCAAATGCATGCTGAAAGGA
11	CL2980	(AG) ₁₆	CCCTATTCGATTTTCGAGTGC	ACTTGGCTCGACGGATACAC
12	H9B07	(AAG) ₆	TGTGGTTTTGCCTCACAAAG	GACAATGACCCTTCAAACATCA
13	Rw14A5	(GAA) ₄	CCCTCAAAAACCCCTCTTA	CGTAATAACTGTCCGGTCTC
14	Rw14H21	(GT) ₁₆ (GA) ₁₅	ATCATGTGCAGTCTCCTGGT	AATTGTGGGCTGGAAATATG
15	Rw17I7	(GCC) ₈ (ACC) ₃	CAGGTAATTTGCGGATGAAG	GATCCGCCGTTTCCAGT
16	Rw49N14	(GAT) ₇	AAGCACACAGCCCTATCATC	GGCCTTTCTAGGGTTTTCTG

PCR 반응은 장미 genomic DNA 40 ng, 1 μM의 형광 SSR primer, 2 μl dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μl의 10× PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μl로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 5분간 수행하였다.

PCR 수행 후, 4 μl의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μl에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μl씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μl는 Hi-Di formamide 9.2 μl와 size marker(LIZ500 size standard) 0.1 μl를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(3730xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7 프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

자동염기서열분석기를 통해 분석된 대립유전자의 유무에 따라 피크가 있으면 '1', 없으면 '0'으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터 베이스를 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal 1973)방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

1차년도에 선발된 16개 마커를 이용하여 141개의 장미 유통 품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 Table 3과 같다.

Table 3. Characteristics of 16 SSR markers selected for database construction of rose cultivars

Marker	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
CL2845	(AAG) ₁₇	55	291-303	4	0.5466	NED
H22E04	(AAG) ₇	55	237-247	4	0.6673	PET
Rw23F13	(CT) ₁₄	55	202-210	4	0.4836	FAM
Rw62D8	-	55	243-275	3	0.6644	NED
CL2002	(TCAT) ₄	55	186-204	7	0.4976	PET
Rw49N14	(GAT) ₇	55	247-255	3	0.6072	FAM
H22C01	(TC) ₉	55	121-242	11	0.6937	VIC
Rh48	(AGG) ₅	55	89-143	7	0.6482	NED
Rh93	(TTC) ₉	55	236-265	3	0.4938	FAM
H1F03	(AGG) ₅	55	243-246	2	0.4948	PET
Rw20I17	(TG) ₉	55	146-160	5	0.5545	NED
CL2980	(AG) ₁₆	55	205-235	6	0.5186	FAM
H9B07	(AAG) ₆	55	221-230	3	0.5755	PET
Rw14A5	(GAA) ₄	55	91-128	3	0.5091	VIC
Rw14H21	(GT) ₁₆ (GA) ₁₅	55	115-127	6	0.6875	FAM
Rw17I7	(GCC) ₈ (ACC) ₃	55	167-212	5	0.5510	PET
Total				76		
Mean				4.75	0.5746	

16개의 SSR 마커를 이용하여 141개 장미 품종에 대하여 유전적 다양성을 분석한 결과, 검정된 총 alleles수는 76개이고, 각 분자표지 별로는 2개에서 11개까지 allelic bands 수가 분포하였다. 전체 16개 분자표지의 평균 PIC 값은 0.5746이고 PIC 값이 가장 높은 분자표지는 H22C01으로 0.6937로 분석되었다(Table 3).

장미 공시품종 141개에 대한 16개 분자표지의 DNA 분석 결과 도출된 76개 alleles를 바탕으로 유전적 유연관계를 Jaccard 상관계수를 이용 산출하고, 집괴분석하여 덴드로그램을 작성하였다(Fig. 1). 141 품종 중 22품종을 제외한 119품종이 본 연구에서 적용한 16개 SSR 마커의 유전자형에 따라 식별이 됨을 확인하였다. (‘비탈’, ‘탑핑크’), (‘윈우폴’, ‘미스홀랜드’), (‘스위트스킨’, ‘레몬라떼’), (‘슈퍼렉스’, ‘노블레스’), (‘코르커트0019’, ‘마리나’, ‘데니스’), (‘루이지키르스’, ‘이구아나’, ‘시트란’), (‘라비아’, ‘스프링타임’), (‘캔디파티’, ‘패니라인’), (‘에스터’, ‘스트로베리’), (‘오스라운지’, ‘오스패니아’)는 본 연구에서 사용한 분자표지로 식별되지 않았다.

향후 제8협동과제에서 수행한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 8협동과제와 중복되는 품종을 대상으로 표현형과 유전자형의 상관관계를 분석해야 할 것으로 생각되며, 유통되는 장미 품종수 추가 및 신규 마커 개발 등을 통해 장미 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해야 할 것으로 사료된다.

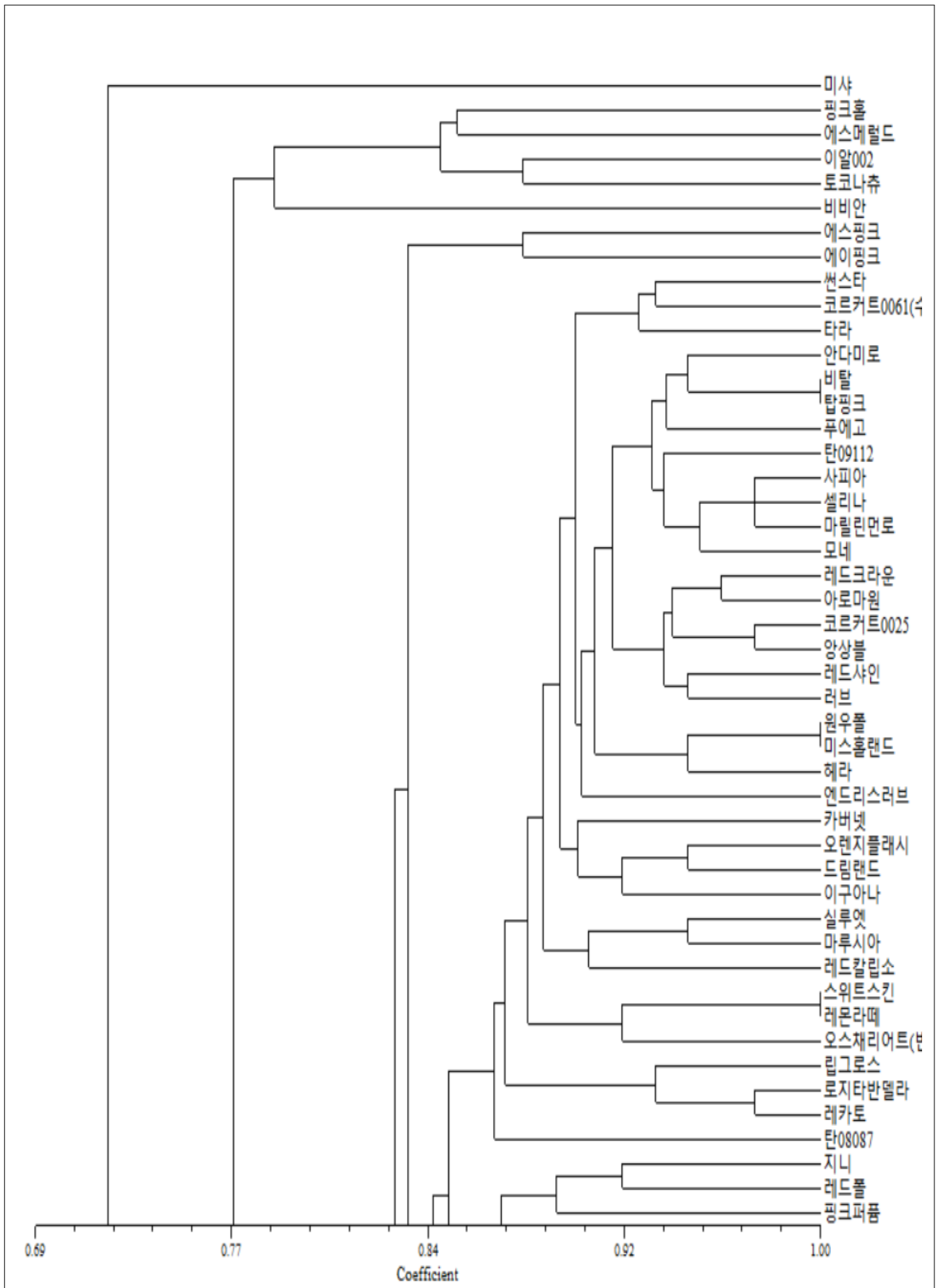


Fig. 1. Dendrogram showing the genetic relationships among 141 rose cultivars

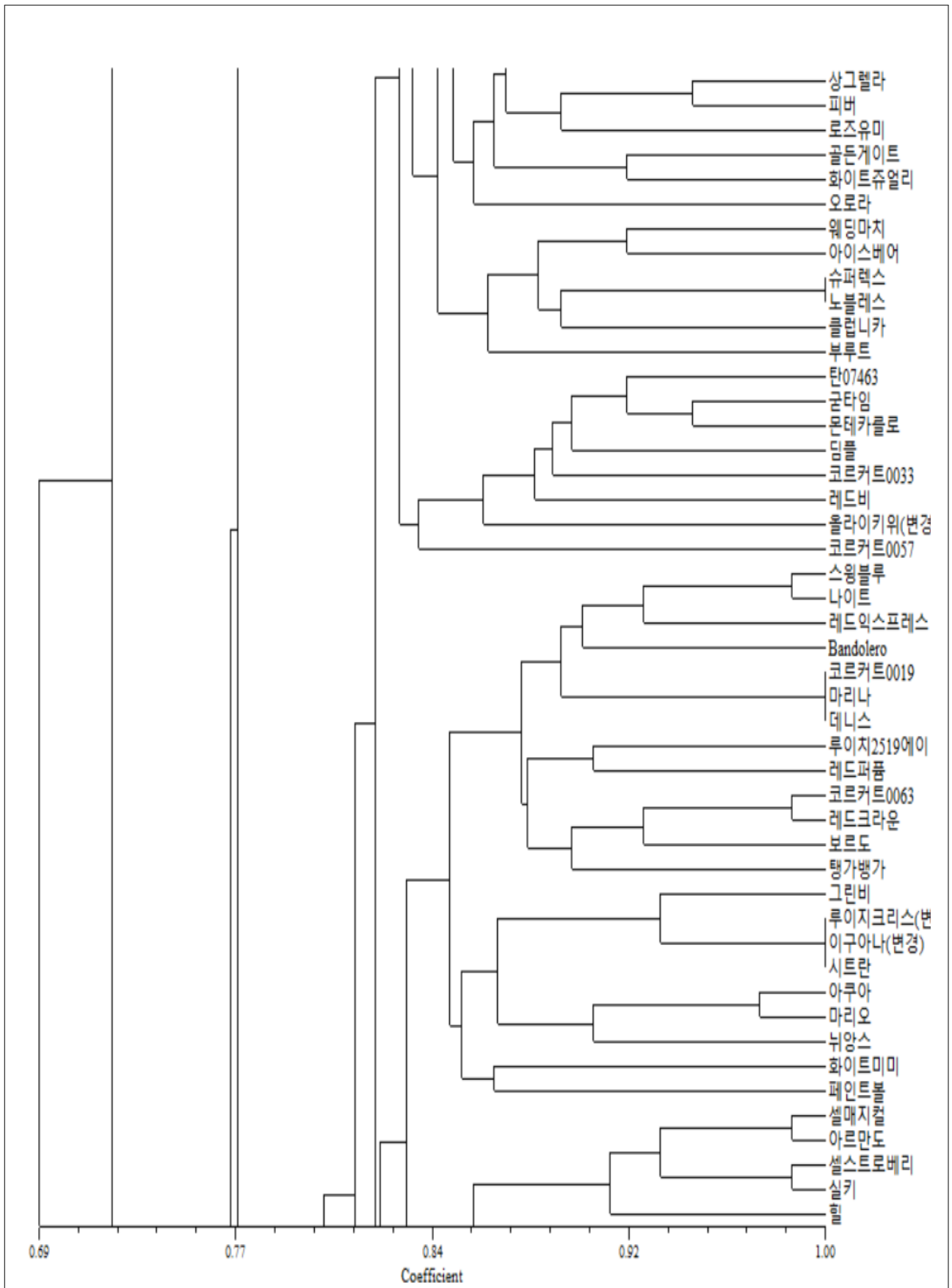


Fig. 1. Continued.

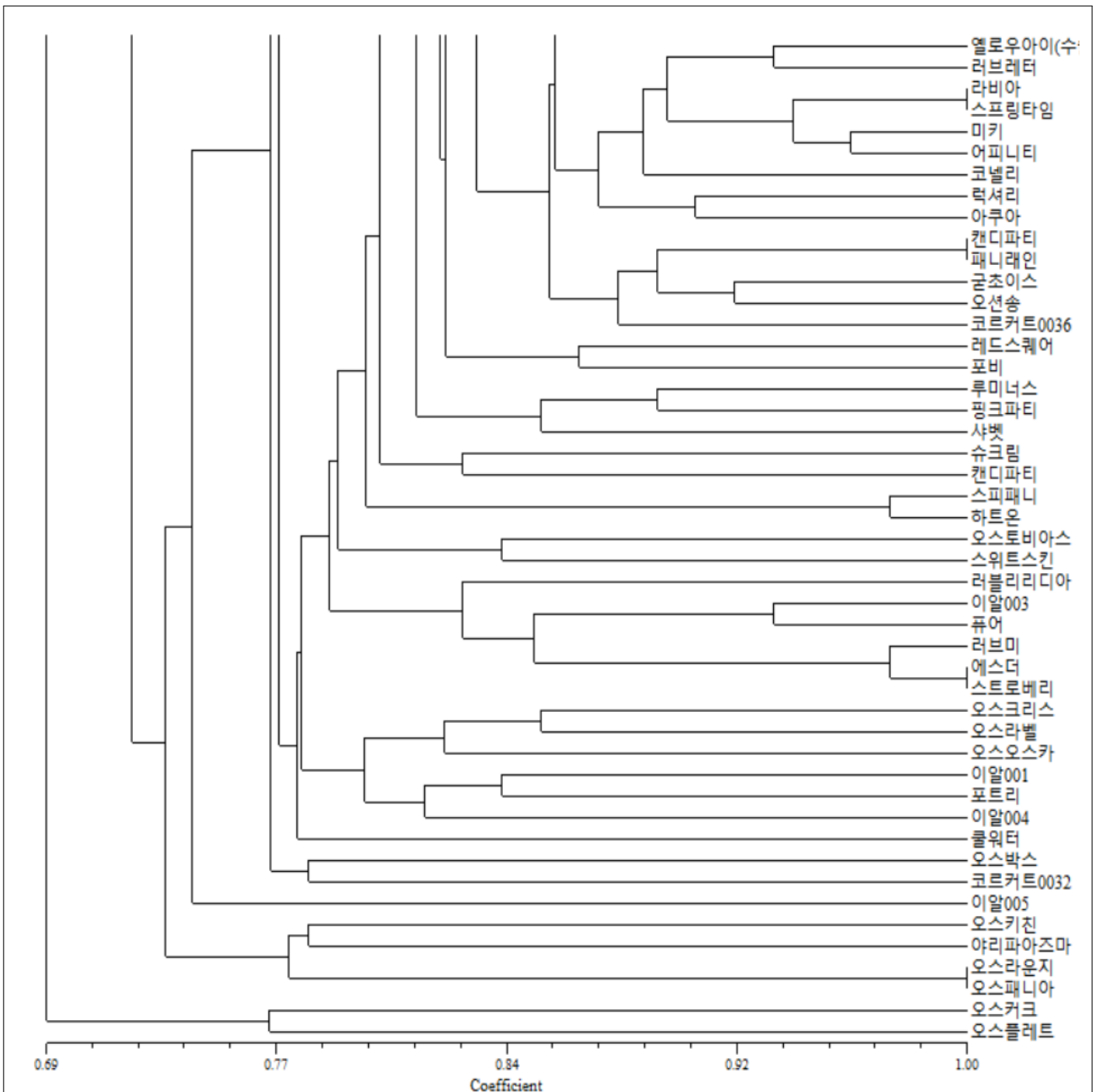


Fig. 1. Continued.

11. SSR 마커를 이용한 국화 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

국화(*Dendranthema grandiflorum* Ramat.)는 우리나라 3대 화훼류 중 하나로 절화 및 분화로 다양하게 활용되는 화훼작물 중 하나이다. 2014년 국화 국내 품종보호출원은 727품종, 품종보호등록은 590 품종, 재배심사중인 품종이 73품종, 생산수입판매 신고된 품종이 655 품종으로 (<http://seed.go.kr>) 이들 품종의 효율적인 관리를 위한 표준화 된 데이터베이스 구축이 필요할 것으로 사료된다. 국내 국화 품종식별 연구는 Hong 등(2013)에 의해 수행된 바 있으나 아직 미흡한 실정이다. 따라서, 본 연구에서는 국화의 국가 표준 데이터베이스 구축을 위해 최근에 품종보호 출원 및 등록된 품종을 대

상으로 기존에 확보된 SSR 마커로부터 품종식별에 효율적인 최소마커를 선정하고, 신규의 프라이머로부터 국화 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발함으로써 국화 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 genomic DNA분리

국내에서 유통되는 국화 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 향후 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 예산국화시험장으로부터 20품종을 분양받았으며, 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 20품종중 공시품종의 DNA는 본엽 3~4매 정도를 채취하여 DNA 분리는 NucleoSpin[®] Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740.770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계(NanoDrop2000, Thermo Sciectific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후, μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial chrysanthemum varieties assayed for genetic characterization using ssr marker.

연번	품종명	품종영문명	육성기관	품종보호출원, 등록 및 생산수입판매신고 구분	형태
1	보라미	Borami	예산국화시험장	품종보호등록	Spray
2	무지개	Mujigae	예산국화시험장	품종보호등록	Spray
3	휘파람	Hwiparam	예산국화시험장	품종보호등록	Spray
4	에스모닝	Yes morning	예산국화시험장	품종보호등록	Spray
5	하이백산	Hi baeksan	예산국화시험장	품종보호등록	Standard
6	매직	Magic	창원화훼시험장	품종보호등록	Spray
7	옐로우캡	Yellow cap	창원화훼시험장	품종보호등록	Spray
8	수미	Sumi	창원화훼시험장	품종보호등록	Standard
9	일월	Ilweol	국립원예특작과학원	품종보호등록	Spray
10	체리블러쉬	Cherry blossom	국립원예특작과학원	품종보호등록	Spray
11	포레스트아로마	Forest aroma	국립원예특작과학원	품종보호등록	Spray
12	시크릿핑크	Secret pink	국립원예특작과학원	품종보호등록	Spray
13	백마	Baekma	국립원예특작과학원	품종보호등록	Standard
14	오렌지엔디	Orange ND	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray
15	피치엔디	Peach ND	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray
16	브라이트엔디	Bright ND	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray
17	파워엔디	Power ND	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray
18	드림라운드	Dream round	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray
19	파이어핑크	Fire pink	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray
20	신마	Shinma	구미화훼시험장	품종보호등록	Spray

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

본 연구에서는 2014년 공시품종인 20개 품종으로부터 DNA를 추출하였으며, 국화 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위해, 1차로 SSR primer 12개(Hong et al., 2013)를 이용해 실험을 진행하였다(Table 2). 2차로 상추 EST-SSR primer 207개 (Hong et al., 2013)를 이용해 실험을 진행하였고(Table 3), 상추는 국화과 작물로 기존 보유하고 있는 상추 EST-SSR 마커 정보를 이용하게 되면 효율적으로 마커 탐색이 가능할 것으로 판단되어 적용하였다. 3차로 575개의 SSR primer (Wang et al., 2013)를 이용해 실험을 진행하였다(Table 4). 각각 탐색하여 확보된 SSR primer를 이용하여 ‘예스모닝’, ‘하이백산’, ‘매직’, ‘옐로우캡’, ‘수미’, ‘백마’, ‘오렌지엔디’, ‘피치엔디’ 8품종을 대표품종으로 이용하여 유전자형을 분석하였으며, 이들 품종에서 품종식별이 가능한 신규마커들을 대상으로 20개의 공시품종에 적용하여 유전자형을 분석하였다. PCR 반응액 조성은 국화 genomic DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터 프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

Table 2. The 12 SSR primers tested for genetic characterization of chrysanthemum varieties (Hong et al., 2013).

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
1	KNUCRY10	(CA) ₂₄	55	7	KNUCRY76	(TTG) ₇	55
2	KNUCRY16	(AC) ₃ , (AC) ₄	55	8	KNUCRY77	(CACG) ₃ , (CA) ₂₈	55
3	KNUCRY35	(CA) ₂₇ , (CA) ₁₆	55	9	KNUCRY84	(CA) ₁₅	55
4	KNUCRY58	(TTG) ₅ , (TTG) ₆	55	10	KNUCRY85	(CA) ₄	55
5	KNUCRY59	(CA) ₅	55	11	KNUCRY94	(GAA) ₄	55
6	KNUCRY75	(TTG) ₇	55	12	KNUCRY98	(AC) ₄	55

Table 3. SSR primers tested for genetic characterization of chrysanthemum varieties (Hong).

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
1	SML-001	(CATGAT) ₆	55	53	SML-053	(TTTC) ₉	55
2	SML-002	(TTC) ₁₇	55	54	SML-054	(TA) ₃	55
3	SML-003	(GTTTT) ₅	55	55	SML-055	(TGA) ₁₅	55
4	SML-004	(ATG) ₁₁	55	56	SML-056	(ATG) ₉	55
5	SML-005	(CCAAT) ₆	55	57	SML-057	(TTA) ₁₄	55
6	SML-006	(GAA) ₁₁	55	58	SML-058	(GAA) ₁₄ (CTG) ₅	55
7	SML-007	(TCACCA) ₁₉	55	59	SML-059	(CAC) ₆ (CAT) ₁₃	55
8	SML-008	(AGAA) ₅	55	60	SML-060	(TCT) ₁₃	55
9	SML-009	(GGT) ₆	55	61	SML-061	(AACA) ₆	55
10	SML-010	(GGTTCC) ₉	55	62	CLSS10818	(AAG) ₅ (GAT) ₅	55
11	SML-011	(AACCCCT) ₅	55	63	CLSS10604	(TC) ₂₁	55
12	SML-012	(GTC) ₆	55	64	CLSS10530	(TC) ₂₁	55
13	SML-013	(GAA) ₁₄ (CTG) ₅	55	65	CLSS10499	(TCT) ₁₂	55
14	SML-014	(ATTGTTA) ₄	55	66	CLSS10449	(AG) ₇ (AG) ₆	55
15	SML-015	(TGTTA) ₁₆	55	67	CLSS10273	(AAG) ₁₅ (GAAGAT) ₄	55
16	SML-016	(CT) ₃ (CTACT) ₄	55	68	CLSM9993	(TC) ₇ (AC) ₆	55
17	SML-017	(TGAAGA) ₄	55	69	CLSM9550	(ATG) ₅ (ATG) ₅	55
18	SML-018	(TGTTA) ₁₆	55	70	CLSM9350	(TC) ₆ (GA) ₇	55
19	SML-019	(ATATG) ₅	55	71	CLSM9307	(TAC) ₅ (TAC) ₇	55
20	SML-020	(AATG) ₆	55	72	CLSM9307	(TAA) ₆ (TAC) ₅ (TAC) ₆ (TAC) ₆	55
21	SML-021	(TA) ₈	55	73	CLSM9266	(CTT) ₁₀	55
22	SML-022	(ATC) ₁₃	55	74	CLSM9226	(CT) ₈ (CT) ₆	55
23	SML-023	(GGGTT) ₂	55	75	CLSM9108	(GAA) ₈ (AGA) ₅	55
24	SML-024	(AGAGAT) ₂ (GTT) ₃ (GAT) ₅	55	76	CLSM14994	(TC) ₁₆	55
25	SML-025	(TA) ₃₇	55	77	CLSM14812	(TTCT) ₆ (TTC)	55
26	SML-026	(GAA) ₁₁	55	78	CLSM1479	(AC) ₁₂	55
27	SML-027	(ATGG) ₂ (TGG) ₂	55	79	CLSM14764	(CT) ₁₄	55
28	SML-028	(A) ₁₅	55	80	CLSM1472	(TC) ₉ (CT) ₆	55
29	SML-029	(GAG) ₈	55	81	CLSM14718	(TC) ₂₂	55
30	SML-030	(GGT) ₄ (GCT) ₄ (GGT) ₂	55	82	CLSM14191	(TCA) ₅ (ACA) ₅	55
31	SML-031	(TGG) ₄	55	83	CLSM13917	(CT) ₁₅	55
32	SML-032	(T) ₄	55	84	CLSM1373	(ATC) ₉ (TTC) ₈	55
33	SML-033	(GTGA) ₃	55	85	CLSM13555	(TCACCA) ₄ (CATCAC) ₅ (CCATCA) ₅	55
34	SML-034	(GCA) ₅	55	86	CLSM13344	(CCTTCA) ₄ (TGC) ₆	55
35	SML-035	(ATCA) ₄	55	87	CLSZ2206	(TC) ₆ (TC) ₆	55
36	SML-036	(TCT) ₁₂ (CCAAA) ₄	55	88	CLSZ1941	(AG) ₁₈ (AG) ₁₂	55
37	SML-037	(AAC) ₃	55	89	CLSZ1459	(ATT) ₁₅	55
38	SML-038	(CCA) ₄	55	90	CLSY9778	(CT) ₂₃	55
39	SML-039	(CCCCTT) ₂	55	91	CLSY9652	(TC) ₂₂	55
40	SML-040 ^e	(TA) ₈	55	92	CLSY9610	(AG) ₂₄	55
41	SML-041 ^e	(GT) ₉ (GT) ₃ (GTT) ₁	55	93	CLSY9403	(TC) ₁₅	55
42	SML-042	(CGGA) ₂ (AGGA) ₃ AAG(A) ₁ (GAAAGA) ₂	55	94	CLSY9332	(TTA) ₁₁ (TAT) ₆	55
43	SML-043	(T) ₁₄	55	95	CLSY9243	(AG) ₁₉ (AGA) ₉ (AAG) ₁₂	55
44	SML-044	(T)9(A) ₁₀	55	96	CLSY9243	(AT) ₁₄	55
45	SML-045	(AAG) ₉	55	97	CLSY9215	(AGA) ₅ (AAG) ₅ (GCA) ₅	55
46	SML-046	(ACC) ₄	55	98	CLSY8229	(ATG) ₁₁	55
47	SML-047	(A) ₁₉	55	99	CLSY8073	(TTTCG) ₁₄	55
48	SML-048	(T) ₁₂	55	100	CLSY7987	(TC) ₃₂ (ACT) ₆	55
49	SML-049	(ATTATA) ₂	55	101	CLSY7906	(TC) ₆ (TC) ₆	55
50	SML-050	(CAA) ₈	55	102	CLSY683	(CT) ₂₄	55
51	SML-051	(TAA) ₈	55	103	CLSY6710	(TCACCA) ₄ (CATCAC) ₅ (CCATCA) ₅	55
52	SML-052	(CAT) ₅	55	104	CLSY6646	(AG) ₆ (GA) ₇ (GT) ₆	55

Table 3. Continued.

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
105	CLSY6595	(TC) ₆ (GA) ₇	55	130	CLSM10221	(TCA) ₅ (ACA) ₅	55
106	CLSY601	(TCC) ₆ (CGAGAG) ₄	55	131	CLSL2539	(CT) ₁₉	55
107	CLSY5666	(TCC) ₇ (TGG) ₆	55	132	CLSL2393	(ATC) ₁₃	55
108	CLSY5646	(TC) ₂₄	55	133	CLSL1534	(AGA) ₅ (GGT) ₅	55
109	CLSY5520	(CT) ₂₀	55	134	CLSL1504	(TC) ₁₉	55
110	CLSY517	(CT) ₂₀	55	135	CLSL1421	(ATG) ₁₁	55
111	CLSY5088	(CTT) ₁₄	55	136	CLSL1399	(TC) ₁₇	55
112	CLSY5027	(TGG) ₆ (ATC) ₅	55	137	CLSL1215	(TC) ₂₁	55
113	CLSY4956	(CT) ₁₀ (CA) ₁₀	55	138	CLSL1189	(CCT) ₈ (CT) ₆	55
114	CLSY4815	(CT) ₁₁	55	139	CLSZ3817	(GAA) ₅ (TGA) ₅ (GAT) ₅ (ATG) ₆	55
115	CLSY4808	(AG) ₁₈	55	140	CLSZ3622	(TGA) ₉ (GAT) ₆ (GAT) ₇ (GAT) ₆	55
116	CLSY4651	(TCA) ₅ (ACA) ₅	55	141	CLSZ3535	(TC) ₁₄	55
117	CLSY4573	(AG) ₂₁	55	142	CLSZ3474	(AG) ₁₈	55
118	CLSY4549	(TGA) ₅ (TGA) ₆	55	143	CLSZ3412	(CTA) ₅ (CTT) ₅	55
119	CLSY4544	(CT) ₂₈	55	144	CLSZ3263	(TGG) ₆ (CAG) ₈ (TGG) ₆	55
120	CLSY440	(TC) ₃₀	55	145	CLSZ2897	(TC) ₁₉	55
121	CLSY4266	(TGG) ₅ (GGT) ₅	55	146	CLSZ2730	(TCC) ₆ (CGAGAG) ₄	55
122	CLSM11553	(CT) ₂₀	55	147	CLSZ2351	(CT) ₂₂	55
123	CLSM11530	(CT) ₁₈	55	148	CLSZ2298	(CT) ₁₅	55
124	CLSM11423	(TC) ₁₅	55	149	CLSM13070	(GATGAA) ₄ (GAA) ₈	55
125	CLSM11208	(CT) ₁₁	55	150	CLSM12856	(CT) ₉ (CA) ₉ (TC) ₆	55
126	CLSM11144	(CT) ₁₃ (TC) ₆	55	151	CLSM12854	(GAC) ₅ (AAG) ₈	55
127	CLSM10797	(CA) ₆ (AC) ₈ (AG) ₉	55	152	CLSM12654	(ACC) ₇ (ATC) ₅	55
128	CLSM10780	(GCT) ₅ (GCT) ₅	55	153	CLSM12635	(TC) ₂₁	55
129	CLSM10279	(TC) ₁₆	55	154	CLSM12628	(GA) ₁₁	55

Table 4. SSR primers tested for genetic characterization of chrysanthemum varieties (Wang et al).

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
1	CHRY-1	(ATC) ₅	55	56	CHRY-56	(AAT) ₆	55
2	CHRY-2	(AAT) ₆	55	57	CHRY-57	(AAGA) ₈	55
3	CHRY-3	(TCA) ₅	55	58	CHRY-58	(AAGA) ₁₁	55
4	CHRY-4	(ACA) ₇	55	59	CHRY-59	(AAC) ₅	55
5	CHRY-5	(ACA) ₇	55	60	CHRY-60	(GGT) ₅	55
6	CHRY-6	(TGA) ₅	55	61	CHRY-61	(AG) ₇	55
7	CHRY-7	(TGA) ₅	55	62	CHRY-62	(AC) ₆	55
8	CHRY-8	(TAA) ₆	55	63	CHRY-63	(ATC) ₆	55
9	CHRY-9	(AAT) ₅	55	64	CHRY-64	(GT) ₇	55
10	CHRY-10	(GA) ₆	55	65	CHRY-65	(CCA) ₆	55
11	CHRY-11	(GCT) ₅	55	66	CHRY-66	(GGT) ₅	55
12	CHRY-12	(AGC) ₅	55	67	CHRY-67	(GAT) ₅	55
13	CHRY-13	(TGG) ₆	55	68	CHRY-68	(AGA) ₅	55
14	CHRY-14	(TAA) ₆	55	69	CHRY-69	(AAC) ₅	55
15	CHRY-15	(CA) ₇	55	70	CHRY-70	(AAC) ₅	55
16	CHRY-16	(AC) ₆	55	71	CHRY-71	(AAC) ₆ (CCG) ₆	55
17	CHRY-17	(CAC) ₆	55	72	CHRY-72	(ACATCA) ₉ (GAT) ₆	55
18	CHRY-18	(CAG) ₅	55	73	CHRY-73	(TCT) ₆	55
19	CHRY-19	(CAA) ₅	55	74	CHRY-74	(CAC) ₆	55
20	CHRY-20	(AAC) ₅	55	75	CHRY-75	(CCA) ₅	55
21	CHRY-21	(TA) ₆	55	76	CHRY-76	(CCA) ₅	55
22	CHRY-22	(CAG) ₅	55	77	CHRY-77	(AAC) ₅	55
23	CHRY-23	(CT) ₈	55	78	CHRY-78	(AAC) ₅	55
24	CHRY-24	(GAT) ₅	55	79	CHRY-79	(CATG) ₅	55
25	CHRY-25	(TC) ₆	55	80	CHRY-80	(CCA) ₆	55
26	CHRY-26	(AC) ₆	55	81	CHRY-81	(GAA) ₅	55
27	CHRY-27	(AGATGG) ₅	55	82	CHRY-82	(GAAAGA) ₄	55
28	CHRY-28	(TTCC) ₄	55	83	CHRY-83	(CA) ₉	55
29	CHRY-29	(CA) ₇	55	84	CHRY-84	(GGT) ₅	55
30	CHRY-30	(AC) ₈	55	85	CHRY-85	(TAA) ₆	55
31	CHRY-31	(TGG) ₅	55	86	CHRY-86	(AAT) ₆	55
32	CHRY-32	(ACA) ₅	55	87	CHRY-87	(GTGGAG) ₄	55
33	CHRY-33	(GAA) ₆	55	88	CHRY-88	(GGT) ₅	55
34	CHRY-34	(GAT) ₆	55	89	CHRY-89	(GGT) ₅	55
35	CHRY-35	(TTG) ₆	55	90	CHRY-90	(CAA) ₆	55
36	CHRY-36	(CAT) ₆	55	91	CHRY-91	(CAA) ₆	55
37	CHRY-37	(GA) ₆	55	92	CHRY-92	(AC) ₆	55
38	CHRY-38	(GA) ₆	55	93	CHRY-93	(ATA) ₅	55
39	CHRY-39	(CCA) ₅	55	94	CHRY-94	(TGA) ₆	55
40	CHRY-40	(CCA) ₅	55	95	CHRY-95	(CTC) ₅	55
41	CHRY-41	(CCT) ₅	55	96	CHRY-96	(TTG) ₅	55
42	CHRY-42	(CCT) ₅	55	97	CHRY-97	(TG) ₇	55
43	CHRY-43	(CCAA) ₄	55	98	CHRY-98	(CA) ₇	55
44	CHRY-44	(ATA) ₅	55	99	CHRY-99	(CAA) ₅	55
45	CHRY-45	(ATG) ₇	55	100	CHRY-100	(CAA) ₅	55
46	CHRY-46	(AGA) ₅	55	101	CHRY-101	(CA) ₆	55
47	CHRY-47	(GAT) ₆	55	102	CHRY-102	(AGA) ₅	55
48	CHRY-48	(GAT) ₅	55	103	CHRY-103	(AGA) ₅	55
49	CHRY-49	(GA) ₇	55	104	CHRY-104	(ATC) ₅	55
50	CHRY-50	(ATG) ₆	55	105	CHRY-105	(TTGATT) ₄	55
51	CHRY-51	(TGG) ₅	55	106	CHRY-106	(TCA) ₇	55
52	CHRY-52	(TTC) ₉	55	107	CHRY-107	(TCA) ₇	55
53	CHRY-53	(GTG) ₆ (TGG) ₅	55	108	CHRY-108	(GAA) ₅	55
54	CHRY-54	(AAG) ₆	55	109	CHRY-109	(GAA) ₅	55
55	CHRY-55	(CAT) ₈	55	110	CHRY-110	(AATGGG) ₄	55

Table 4. Continued.

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
111	CHRY-111	(ACGT) ₄	55	166	CHRY-166	(TAA) ₅	55
112	CHRY-112	(CA) ₆	55	167	CHRY-167	(CAA) ₅	55
113	CHRY-113	(GAA) ₅	55	168	CHRY-168	(CAA) ₅	55
114	CHRY-114	(GAAA) ₄	55	169	CHRY-169	(CAA) ₆	55
115	CHRY-115	(CAG) ₅	55	170	CHRY-170	(GTG) ₇	55
116	CHRY-116	(CA) ₆ (ACC) ₅	55	171	CHRY-171	(CAA) ₆	55
117	CHRY-117	(CA) ₆ (ACC) ₅	55	172	CHRY-172	(ACA) ₅	55
118	CHRY-118	(CA) ₆ (ACC) ₅	55	173	CHRY-173	(CA) ₆ (CTCA) ₄	55
119	CHRY-119	(TGA) ₅	55	174	CHRY-174	(CAC) ₅	55
120	CHRY-120	(GGT) ₅	55	175	CHRY-175	(CAA) ₅	55
121	CHRY-121	(AT) ₇	55	176	CHRY-176	(TTC) ₆	55
122	CHRY-122	(TAC) ₅ (ATT) ₅	55	177	CHRY-177	(ATA) ₅	55
123	CHRY-123	(TGA) ₅	55	178	CHRY-178	(AC) ₆	55
124	CHRY-124	(TGA) ₅	55	179	CHRY-179	(ACC) ₆ (GCAACA) ₄	55
125	CHRY-125	(GGT) ₅	55	180	CHRY-180	(TTC) ₅	55
126	CHRY-126	(GAT) ₅	55	181	CHRY-181	(CA) ₈	55
127	CHRY-127	(GAT) ₅	55	182	CHRY-182	(CT) ₇	55
128	CHRY-128	(CTT) ₅	55	183	CHRY-183	(ATA) ₆	55
129	CHRY-129	(ATTGA) ₄ (AC) ₇	55	184	CHRY-184	(GTTA) ₄	55
130	CHRY-130	(AC) ₆	55	185	CHRY-185	(GGT) ₅	55
131	CHRY-131	(AAGAGG) ₄	55	186	CHRY-186	(GGT) ₅	55
132	CHRY-132	(AAGAGG) ₆ (GAA) ₅	55	187	CHRY-187	(GGT) ₅	55
133	CHRY-133	(GA) ₁₀	55	188	CHRY-188	(AC) ₈ (TAAA) ₄	55
134	CHRY-134	(AC) ₇	55	189	CHRY-189	(AAG) ₇	55
135	CHRY-135	(TGTA) ₄	55	190	CHRY-190	(GAA) ₇	55
136	CHRY-136	(GGGAAG) ₄ (TGAGGG) ₄	55	191	CHRY-191	(AGG) ₆	55
137	CHRY-137	(AAC) ₅	55	192	CHRY-192	(GTG) ₅	55
138	CHRY-138	(TCA) ₇	55	193	CHRY-193	(GTG) ₅	55
139	CHRY-139	(ATC) ₅	55	194	CHRY-194	(CAG) ₅	55
140	CHRY-140	(AAG) ₅	55	195	CHRY-195	(TGA) ₅	55
141	CHRY-141	(AAG) ₅	55	196	CHRY-196	(CATC) ₄	55
142	CHRY-142	(AAG) ₅	55	197	CHRY-197	(CTG) ₅	55
143	CHRY-143	(TATGT) ₅	55	198	CHRY-198	(CAT) ₆	55
144	CHRY-144	(TG) ₇	55	199	CHRY-199	(TCAAAG) ₄	55
145	CHRY-145	(AAC) ₆	55	200	CHRY-200	(CAA) ₅	55
146	CHRY-146	(CCT) ₅	55	201	CHRY-201	(TGG) ₅	55
147	CHRY-147	(AAG) ₅	55	202	CHRY-202	(TGG) ₅	55
148	CHRY-148	(AAT) ₅	55	203	CHRY-203	(GAA) ₅	55
149	CHRY-149	(AAT) ₅	55	204	CHRY-204	(GAG) ₇	55
150	CHRY-150	(CAT) ₆	55	205	CHRY-205	(AGA) ₅	55
151	CHRY-151	(CAT) ₆	55	206	CHRY-206	(ATG) ₇	55
152	CHRY-152	(GAA) ₇	55	207	CHRY-207	(ATG) ₆	55
153	CHRY-153	(GGT) ₅	55	208	CHRY-208	(TGA) ₅	55
154	CHRY-154	(TAA) ₅	55	209	CHRY-209	(AAC) ₆	55
155	CHRY-155	(AGG) ₇	55	210	CHRY-210	(AAAAG) ₄	55
156	CHRY-156	(GCT) ₅	55	211	CHRY-211	(TCACAA) ₄	55
157	CHRY-157	(AAAT) ₄	55	212	CHRY-212	(GGT) ₅	55
158	CHRY-158	(AC) ₆ (CTAAA) ₅	55	213	CHRY-213	(CT) ₆	55
159	CHRY-159	(GGGTCA) ₄	55	214	CHRY-214	(ATA) ₇ (GGT) ₅	55
160	CHRY-160	(ATC) ₆	55	215	CHRY-215	(TGA) ₅	55
161	CHRY-161	(ATAGTA) ₄	55	216	CHRY-216	(TGG) ₅	55
162	CHRY-162	(GAA) ₆	55	217	CHRY-217	(GGT) ₅	55
163	CHRY-163	(CAC) ₅	55	218	CHRY-218	(AC) ₆	55
164	CHRY-164	(CCA) ₅	55	219	CHRY-219	(AAT) ₅	55
165	CHRY-165	(ATA) ₇ (GGT) ₅	55	220	CHRY-220	(CA) ₉ (AC) ₈	55

Table 4. Continued.

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
221	CHRY-221	(GGGTCA) ₄	55	276	CHRY-276	(GGA) ₅	55
222	CHRY-222	(CT) ₆	55	277	CHRY-277	(AC) ₆	55
223	CHRY-223	(TCA) ₅ (AGTT) ₄	55	278	CHRY-278	(CA) ₈	55
224	CHRY-224	(TGA) ₅	55	279	CHRY-279	(ATCA) ₄	55
225	CHRY-225	(TCA) ₅	55	280	CHRY-280	(TGG) ₅	55
226	CHRY-226	(AAG) ₅	55	281	CHRY-281	(GGT) ₆	55
227	CHRY-227	(AAG) ₅	55	282	CHRY-282	(CAA) ₅	55
228	CHRY-228	(GCA) ₇ (ACA) ₆	55	283	CHRY-283	(ATA) ₅	55
229	CHRY-229	(AGT) ₅	55	284	CHRY-284	(ACC) ₇	55
230	CHRY-230	(TGG) ₅ (TGG) ₅	55	285	CHRY-285	(GGT) ₆	55
231	CHRY-231	(TGG) ₅	55	286	CHRY-286	(TCA) ₅	55
232	CHRY-232	(ACA) ₆	55	287	CHRY-287	(AC) ₇	55
233	CHRY-233	(AAC) ₅	55	288	CHRY-288	(TA) ₇	55
234	CHRY-234	(TGG) ₅	55	289	CHRY-289	(ACC) ₅	55
235	CHRY-235	(TGT) ₅	55	290	CHRY-290	(CTTT) ₄	55
236	CHRY-236	(CA) ₈	55	291	CHRY-291	(TGC) ₅	55
237	CHRY-237	(GT) ₆	55	292	CHRY-292	(AC) ₆	55
238	CHRY-238	(ATC) ₅	55	293	CHRY-293	(TCA) ₅ (TCA) ₆	55
239	CHRY-239	(TGG) ₅	55	294	CHRY-294	(TCA) ₆	55
240	CHRY-240	(GGT) ₆ (GGT) ₅	55	295	CHRY-295	(CTCA) ₄	55
241	CHRY-241	(ATC) ₆	55	296	CHRY-296	(TC) ₆ (CA) ₆	55
242	CHRY-242	(ATAA) ₄	55	297	CHRY-297	(ACC) ₇	55
243	CHRY-243	(ATG) ₆	55	298	CHRY-298	(ACC) ₇	55
244	CHRY-244	(TGA) ₅	55	299	CHRY-299	(TC) ₇	55
245	CHRY-245	(AGA) ₅	55	300	CHRY-300	(GCT) ₅	55
246	CHRY-246	(AACCG) ₄	55	301	CHRY-301	(GAA) ₆	55
247	CHRY-247	(TC) ₇	55	302	CHRY-302	(CTC) ₅	55
248	CHRY-248	(AC) ₇	55	303	CHRY-303	(AG) ₈	55
249	CHRY-249	(ATTTTT) ₅	55	304	CHRY-304	(TTG) ₅	55
250	CHRY-250	(TCAT) ₄	55	305	CHRY-305	(AAC) ₅	55
251	CHRY-251	(CA) ₁₁	55	306	CHRY-306	(TGG) ₅	55
252	CHRY-252	(GTTCT) ₄	55	307	CHRY-307	(AACT) ₅	55
253	CHRY-253	(ATA) ₅	55	308	CHRY-308	(AGC) ₅	55
254	CHRY-254	(CAAC) ₄	55	309	CHRY-309	(AAACA) ₄	55
255	CHRY-255	(AT) ₆	55	310	CHRY-310	(AGA) ₅ (AGA) ₅	55
256	CHRY-256	(TG) ₆	55	311	CHRY-311	(ACA) ₈	55
257	CHRY-257	(CCA) ₆	55	312	CHRY-312	(TGG) ₇	55
258	CHRY-258	(TGG) ₅	55	313	CHRY-313	(CAA) ₅	55
259	CHRY-259	(CAG) ₅	55	314	CHRY-314	(CA) ₁₁	55
260	CHRY-260	(TTC) ₅	55	315	CHRY-315	(CCA) ₇	55
261	CHRY-261	(TGG) ₅	55	316	CHRY-316	(ACC) ₆	55
262	CHRY-262	(TCC) ₅	55	317	CHRY-317	(CTG) ₅	55
263	CHRY-263	(GCA) ₆	55	318	CHRY-318	(AACCAG) ₄	55
264	CHRY-264	(CT) ₇	55	319	CHRY-319	(GTG) ₅	55
265	CHRY-265	(GAA) ₅	55	320	CHRY-320	(ATG) ₅	55
266	CHRY-266	(AC) ₆	55	321	CHRY-321	(GGT) ₅	55
267	CHRY-267	(AC) ₆	55	322	CHRY-322	(AACA) ₄	55
268	CHRY-268	(CCA) ₅	55	323	CHRY-323	(CTTT) ₄	55
269	CHRY-269	(GAT) ₅	55	324	CHRY-324	(TC) ₉	55
270	CHRY-270	(GAT) ₅	55	325	CHRY-325	(AG) ₇	55
271	CHRY-271	(AAAGTC) ₄	55	326	CHRY-326	(TTC) ₇	55
272	CHRY-272	(CAT) ₆	55	327	CHRY-327	(CCA) ₆	55
273	CHRY-273	(TGA) ₅	55	328	CHRY-328	(TTGA) ₄	55
274	CHRY-274	(AT) ₈	55	329	CHRY-329	(AG) ₆	55
275	CHRY-275	(CAA) ₅ (AC) ₈	55	330	CHRY-330	(GAT) ₅	55

Table 4. Continued.

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
331	CHRY-331	(CTG) ₅	55	386	CHRY-386	(AGC) ₅	55
332	CHRY-332	(GGT) ₆	55	387	CHRY-387	(TAAA) ₄	55
333	CHRY-333	(TCA) ₇	55	388	CHRY-388	(GT) ₆	55
334	CHRY-334	(TG) ₆	55	389	CHRY-389	(CAG) ₅	55
335	CHRY-335	(TGG) ₆	55	390	CHRY-390	(AAC) ₅	55
336	CHRY-336	(TGG) ₆	55	391	CHRY-391	(AATC) ₄	55
337	CHRY-337	(CAC) ₆	55	392	CHRY-392	(CAG) ₅	55
338	CHRY-338	(AATC) ₄ (CAT) ₆	55	393	CHRY-393	(TCT) ₅	55
339	CHRY-339	(TC) ₇	55	394	CHRY-394	(TCC) ₅	55
340	CHRY-340	(CCG) ₅	55	395	CHRY-395	(CCA) ₆	55
341	CHRY-341	(CA) ₇	55	396	CHRY-396	(CAT) ₅	55
342	CHRY-342	(CCA) ₅	55	397	CHRY-397	(GCA) ₅	55
343	CHRY-343	(AAGA) ₄	55	398	CHRY-398	(CAA) ₅	55
344	CHRY-344	(ATG) ₇	55	399	CHRY-399	(AACC) ₄	55
345	CHRY-345	(CTC) ₆	55	400	CHRY-400	(AACC) ₄	55
346	CHRY-346	(TC) ₆ (GCA) ₆	55	401	CHRY-401	(GTG) ₆ (TGG) ₅	55
347	CHRY-347	(TCT) ₆	55	402	CHRY-402	(AGA) ₅	55
348	CHRY-348	(GGT) ₅	55	403	CHRY-403	(ATC) ₅	55
349	CHRY-349	(CCA) ₅	55	404	CHRY-404	(CAC) ₇	55
350	CHRY-350	(CAATT) ₄	55	405	CHRY-405	(CAT) ₆	55
351	CHRY-351	(TGG) ₇	55	406	CHRY-406	(ACC) ₅	55
352	CHRY-352	(TGG) ₇	55	407	CHRY-407	(CAC) ₆	55
353	CHRY-353	(AC) ₇	55	408	CHRY-408	(AC) ₆	55
354	CHRY-354	(ATC) ₅	55	409	CHRY-409	(ACC) ₅	55
355	CHRY-355	(GAT) ₅ (ATG) ₅	55	410	CHRY-410	(ATC) ₅	55
356	CHRY-356	(TAA) ₅	55	411	CHRY-411	(GTTA) ₄ (GT) ₈	55
357	CHRY-357	(ACA) ₅	55	412	CHRY-412	(AAC) ₅	55
358	CHRY-358	(ATC) ₅	55	413	CHRY-413	(ATC) ₆	55
359	CHRY-359	(ATT) ₅	55	414	CHRY-414	(GT) ₆ (GA) ₆	55
360	CHRY-360	(AC) ₆	55	415	CHRY-415	(TGG) ₅	55
361	CHRY-361	(AT) ₇	55	416	CHRY-416	(AAG) ₅	55
362	CHRY-362	(TCC) ₅	55	417	CHRY-417	(ATG) ₅	55
363	CHRY-363	(CAT) ₅	55	418	CHRY-418	(ACC) ₅	55
364	CHRY-364	(TGG) ₆	55	419	CHRY-419	(ACC) ₅	55
365	CHRY-365	(AATCC) ₄	55	420	CHRY-420	(TCT) ₇	55
366	CHRY-366	(AAG) ₅	55	421	CHRY-421	(AACCCT) ₄	55
367	CHRY-367	(GAA) ₅	55	422	CHRY-422	(GCT) ₅	55
368	CHRY-368	(ATGAAG) ₄	55	423	CHRY-423	(CAC) ₅	55
369	CHRY-369	(GAT) ₇	55	424	CHRY-424	(GGT) ₅	55
370	CHRY-370	(ATC) ₅	55	425	CHRY-425	(CAC) ₅ (CAC) ₆	55
371	CHRY-371	(TTAT) ₄	55	426	CHRY-426	(CA) ₆ (CCA) ₇	55
372	CHRY-372	(TC) ₈	55	427	CHRY-427	(ACC) ₇	55
373	CHRY-373	(CAA) ₅	55	428	CHRY-428	(ACC) ₇	55
374	CHRY-374	(TGA) ₅	55	429	CHRY-429	(TCA) ₁₄	55
375	CHRY-375	(TAA) ₆	55	430	CHRY-430	(CAC) ₅	55
376	CHRY-376	(AGA) ₅	55	431	CHRY-431	(GCT) ₅	55
377	CHRY-377	(CAC) ₅	55	432	CHRY-432	(ATA) ₅	55
378	CHRY-378	(TGG) ₅	55	433	CHRY-433	(GCA) ₅	55
379	CHRY-379	(CAA) ₆	55	434	CHRY-434	(GAT) ₅	55
380	CHRY-380	(CAA) ₆	55	435	CHRY-435	(CAC) ₅	55
381	CHRY-381	(TGG) ₆	55	436	CHRY-436	(TCT) ₅	55
382	CHRY-382	(ATC) ₅ (AAC) ₇	55	437	CHRY-437	(TCT) ₅	55
383	CHRY-383	(ATC) ₅ (AAC) ₇	55	438	CHRY-438	(ATC) ₅	55
384	CHRY-384	(TTCTAG) ₄	55	439	CHRY-439	(GCA) ₅	55
385	CHRY-385	(CAA) ₆	55	440	CHRY-440	(GA) ₆	55

Table 4. Continued.

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
441	CHRY-441	(AGG) ₅	55	496	CHRY-496	(TTG) ₅	55
442	CHRY-442	(TGG) ₅	55	497	CHRY-497	(TGAT) ₆	55
443	CHRY-443	(CAA) ₆	55	498	CHRY-498	(TAG) ₅	55
444	CHRY-444	(ATG) ₅	55	499	CHRY-499	(TTAT) ₄ (TTAG) ₄	55
445	CHRY-445	(ATA) ₅	55	500	CHRY-500	(TGA) ₆	55
446	CHRY-446	(CTT) ₇	55	501	CHRY-501	(GAA) ₅	55
447	CHRY-447	(GGT) ₆	55	502	CHRY-502	(GT) ₇	55
448	CHRY-448	(CA) ₆	55	503	CHRY-503	(ACC) ₇	55
449	CHRY-449	(AG) ₆	55	504	CHRY-504	(TGA) ₆	55
450	CHRY-450	(CTG) ₈	55	505	CHRY-505	(AATCA) ₄	55
451	CHRY-451	(AAG) ₅	55	506	CHRY-506	(ACA) ₅	55
452	CHRY-452	(TGA) ₅	55	507	CHRY-507	(ACA) ₅	55
453	CHRY-453	(TGG) ₆	55	508	CHRY-508	(ACA) ₅	55
454	CHRY-454	(CCA) ₅	55	509	CHRY-509	(CAT) ₅	55
455	CHRY-455	(CCA) ₅	55	510	CHRY-510	(CTCATC) ₁₀	55
456	CHRY-456	(CA) ₇	55	511	CHRY-511	(CCG) ₆	55
457	CHRY-457	(AG) ₈	55	512	CHRY-512	(CAC) ₅	55
458	CHRY-458	(GAAA) ₄	55	513	CHRY-513	(GAT) ₅	55
459	CHRY-459	(ACA) ₅	55	514	CHRY-514	(CCA) ₅	55
460	CHRY-460	(CTG) ₅	55	515	CHRY-515	(AC) ₇	55
461	CHRY-461	(TCTA) ₄	55	516	CHRY-516	(CCA) ₆	55
462	CHRY-462	(GAG) ₅	55	517	CHRY-517	(AG) ₈	55
463	CHRY-463	(TCA) ₆	55	518	CHRY-518	(CAG) ₆	55
464	CHRY-464	(GAAA) ₄	55	519	CHRY-519	(AAG) ₅	55
465	CHRY-465	(TCA) ₆	55	520	CHRY-520	(ACC) ₅	55
466	CHRY-466	(CCA) ₅	55	521	CHRY-521	(CTT) ₅	55
467	CHRY-467	(ATG) ₅	55	522	CHRY-522	(CAA) ₅ (CAA) ₇	55
468	CHRY-468	(ATG) ₅	55	523	CHRY-523	(ATCAA) ₄	55
469	CHRY-469	(AAG) ₆	55	524	CHRY-524	(CA) ₆	55
470	CHRY-470	(GGATCA) ₄	55	525	CHRY-525	(GCT) ₅	55
471	CHRY-471	(ACA) ₅	55	526	CHRY-526	(CCA) ₆	55
472	CHRY-472	(ACA) ₅	55	527	CHRY-527	(CAA) ₅	55
473	CHRY-473	(ACG) ₅	55	528	CHRY-528	(ACC) ₅	55
474	CHRY-474	(ATAAAG) ₄	55	529	CHRY-529	(ACC) ₇	55
475	CHRY-475	(CAT) ₅	55	530	CHRY-530	(CAA) ₅	55
476	CHRY-476	(CAT) ₅	55	531	CHRY-531	(CA) ₆	55
477	CHRY-477	(TCA) ₆	55	532	CHRY-532	(AAT) ₅	55
478	CHRY-478	(CTC) ₇	55	533	CHRY-533	(CTT) ₅	55
479	CHRY-479	(CTC) ₇	55	534	CHRY-534	(AC) ₈	55
480	CHRY-480	(AAT) ₅	55	535	CHRY-535	(AC) ₆	55
481	CHRY-481	(TCA) ₅	55	536	CHRY-536	(CA) ₆	55
482	CHRY-482	(CAC) ₅ (GGA) ₅ (GGT) ₉	55	537	CHRY-537	(AATGAT) ₉	55
483	CHRY-483	(CAC) ₅ (GGA) ₅ (GGT) ₁₇	55	538	CHRY-538	(AC) ₆ (CAA) ₅	55
484	CHRY-484	(TTC) ₆ (CAA) ₅	55	539	CHRY-539	(CAA) ₆	55
485	CHRY-485	(TGA) ₆	55	540	CHRY-540	(AC) ₇	55
486	CHRY-486	(AAC) ₅	55	541	CHRY-541	(CCA) ₅	55
487	CHRY-487	(TGAC) ₄	55	542	CHRY-542	(TCT) ₅	55
488	CHRY-488	(GAA) ₅	55	543	CHRY-543	(TC) ₆	55
489	CHRY-489	(ACCTT) ₄	55	544	CHRY-544	(CAA) ₅	55
490	CHRY-490	(GTG) ₅	55	545	CHRY-545	(AC) ₆	55
491	CHRY-491	(GTG) ₅	55	546	CHRY-546	(CT) ₆	55
492	CHRY-492	(GAG) ₆	55	547	CHRY-547	(CCA) ₆	55
493	CHRY-493	(CTT) ₅	55	548	CHRY-548	(CCA) ₅	55
494	CHRY-494	(TCCCCA) ₄	55	549	CHRY-549	(CGG) ₅	55
495	CHRY-495	(ACA) ₅	55	550	CHRY-550	(GAA) ₅	55

Table 4. Continued.

No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)	No.	SSR Primers	Repeat Motifs	Tm(°C)
551	CHRY-551	(AC) ₈	55	564	CHRY-564	(CCA) ₅	55
552	CHRY-552	(ACA) ₅	55	565	CHRY-565	(TGA) ₅	55
553	CHRY-553	(TGA) ₅	55	566	CHRY-566	(GTG) ₅	55
554	CHRY-554	(ACA) ₅	55	567	CHRY-567	(CAA) ₅	55
555	CHRY-555	(CAA) ₆	55	568	CHRY-568	(CTCA) ₄	55
556	CHRY-556	(GAT) ₅	55	569	CHRY-569	(TTC) ₅	55
557	CHRY-557	(TGG) ₅	55	570	CHRY-570	(AGG) ₆	55
558	CHRY-558	(TAGA) ₅	55	571	CHRY-571	(CAA) ₅	55
559	CHRY-559	(CAA) ₆	55	572	CHRY-572	(ATC) ₆	55
560	CHRY-560	(GAT) ₅	55	573	CHRY-573	(AGA) ₅	55
561	CHRY-561	(AAC) ₅	55	574	CHRY-574	(AC) ₈	55
562	CHRY-562	(CTTC) ₅	55	575	CHRY-575	(GCA) ₇	55
563	CHRY-563	(AAT) ₅	55				

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

국화 20 품종을 통해 분석된 SSR 마커 결과를 분석하여 대립유전자의 유무에 따라 밴드가 있으면 '1', 없으면 '0' 으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스 초안을 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. Pij는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al., 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.2)(Rohlf, 2000) 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal, 1973) 방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후, unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal, 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

가. 1차 DNA profile 데이터베이스 구축을 위한 국화 SSR 마커 개발

국화 DB 구축을 위해 국화 20품종(스프레이형 17품종, 스탠다드형 3품종)을 이용하여 12개의 SSR 마커(Hong *et al.*, 2013)를 이용하여 분석한 결과, 1개의 마커 KNUCRY 94 SSR 마커에서 다형성을 보였으며, 국가 표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소마커로 선정하였다(Fig. 1).

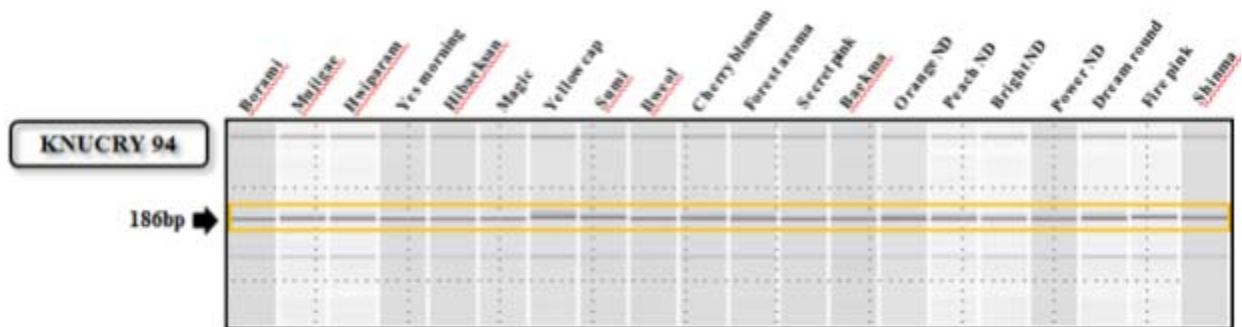


Fig. 1. Development of SSR marker showing polymorphism related to varieties identification in chrysanthemum ; KNUCRY 94

나. 2차 DNA profile 데이터베이스 구축을 위한 국화 SSR 마커 개발

국화 품종식별에 적합한 마커를 선별하기 위하여 20품종을 이용하여 총 154개의 상추 EST-SSR 마커(Hong *et al.*, 2013)를 활용하여 분석한 결과, 다형성이 있고, 재현성이 있는 품종식별이 가능한 2개의 마커, SML 004, SML 013을 선별하였다(Fig. 2). 이들 선별된 EST-SSR 마커들은 국화 표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 최소 마커로 선정하였다. 본 연구결과를 통해 기존 개발된 국화과 작물의 SSR 마커를 활용하여 분석하면 효율적으로 마커선발이 가능할 것으로 판단된다.

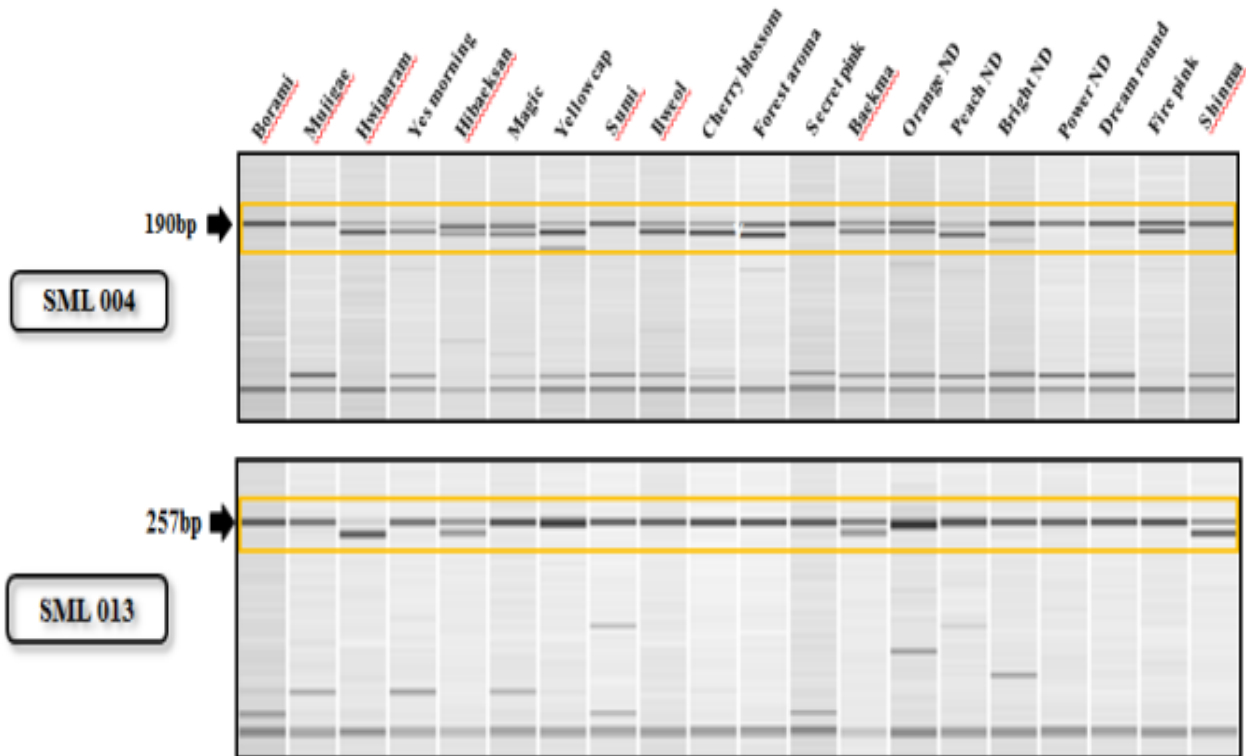


Fig. 2. Development of SSR markers showing polymorphism related to varieties identification in chrysanthemum ; SML 004, SML 013

다. 3차 DNA profile 데이터베이스 구축을 위한 국화 SSR 마커 개발

국화 DNA 프로파일 DB 구축을 위한 국화 SSR 마커 개발을 위해 Wang *et al.*(2013)에서 유래된 SSR 마커 정보를 이용하여 분석하였다. 국화 품종식별을 위해 총 575개의 SSR 마커 정보를 이용하였으며, 이들 마커들 중, 국화 품종 간 다형성과 재현성을 나타내는 Chrysanthemum 40, 43, 44, 50, 54, 59, 84, 106, 125, 139, 200, 201, 244, 205, 266, 422, 424, 426, 427, 457, 460, 468, 500, 543의 24개 SSR 마커를 최종적으로 선별하였다(Fig. 3). 다형성을 나타내는 band들은 110~300 bp에 분포되어 있었으며, 본 연구결과를 이용하여 국화의 품종식별이 가능할 것으로 생각되며, 결과들을 통합하여 국화 국가 표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 이용될 것으로 판단된다.

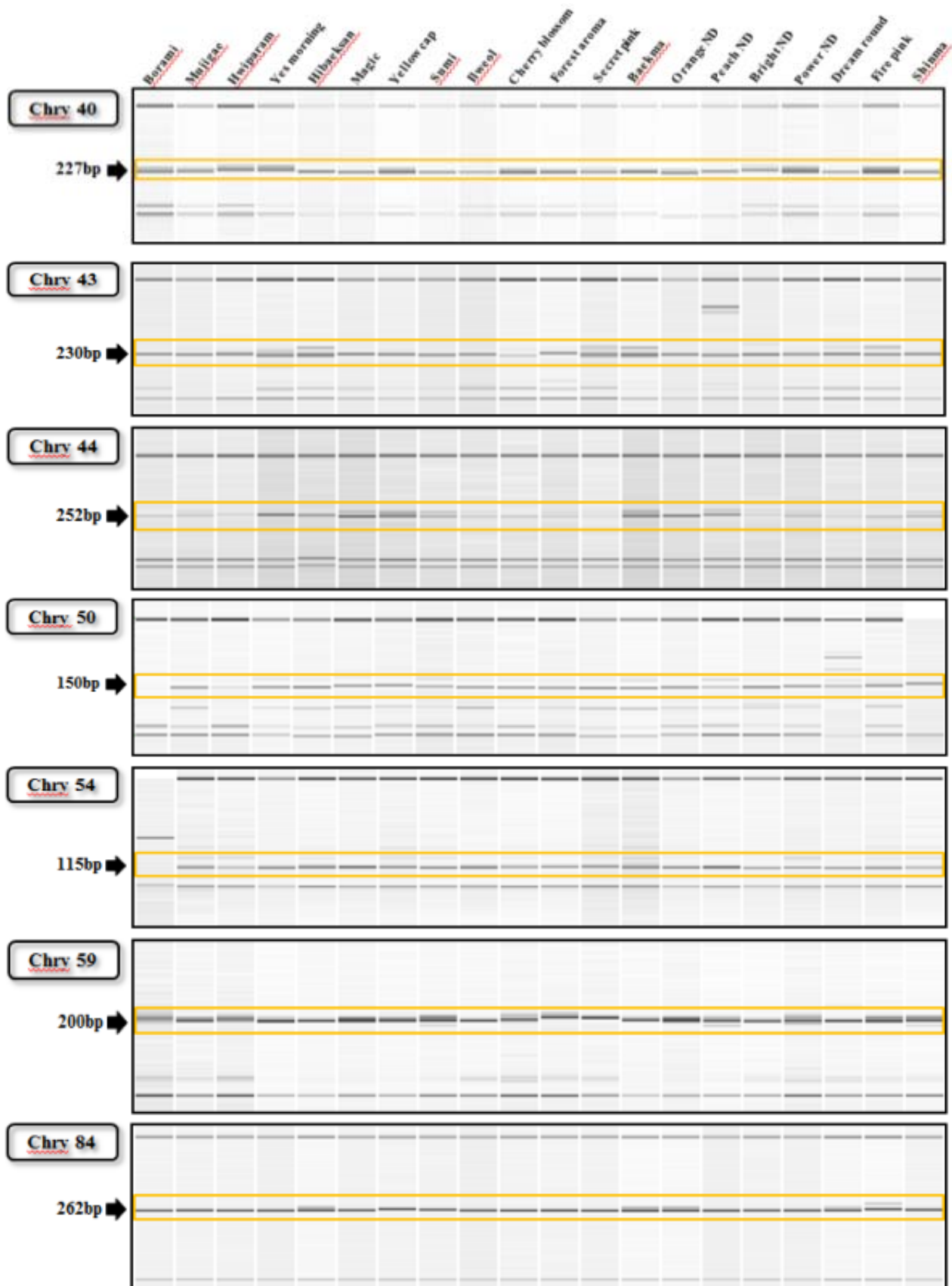


Fig. 3. Development of SSR marker showing polymorphism related to varieties identification in chrysanthemum ; Chry 40, 43, 44, 50, 54, 59, 84

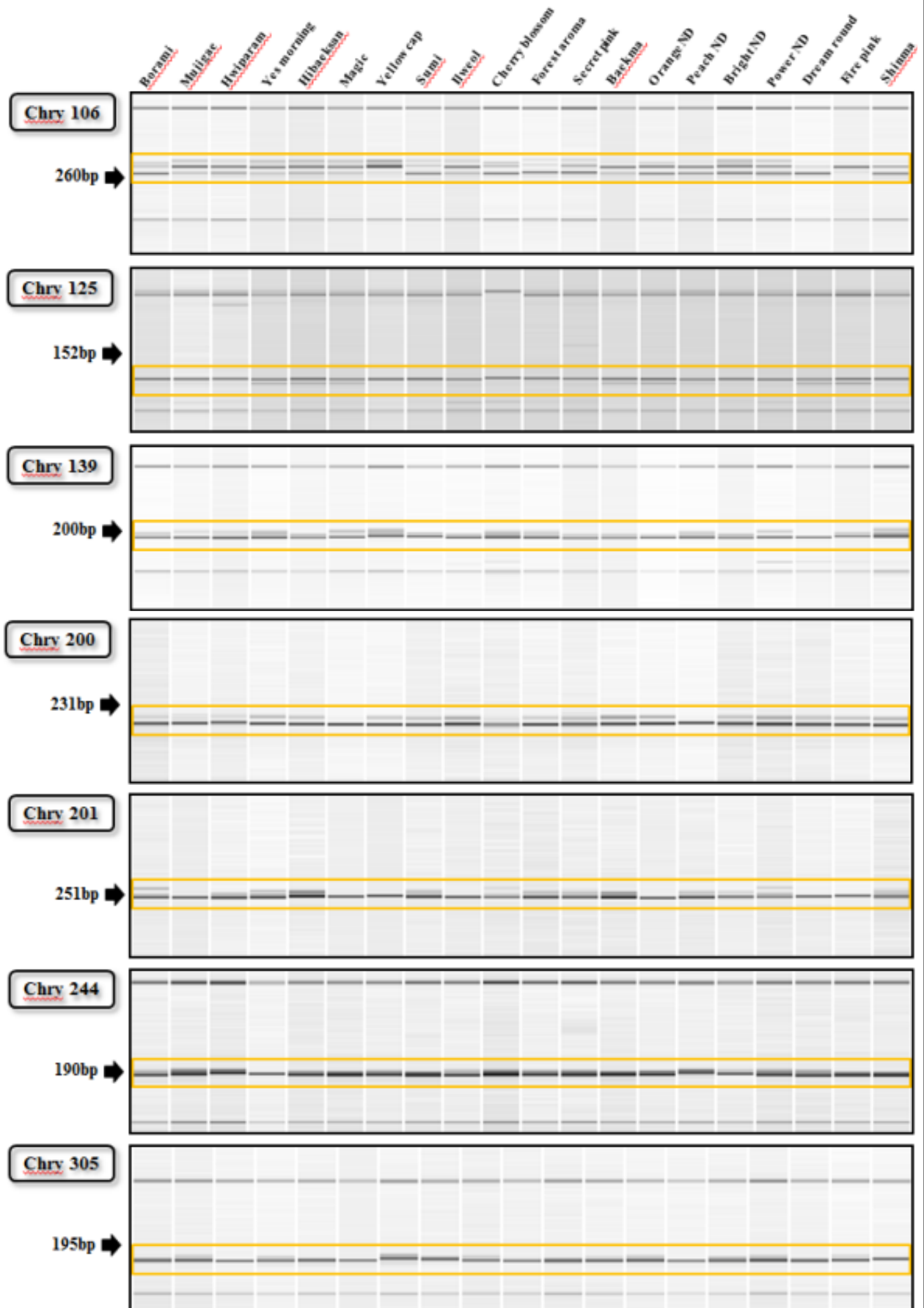


Fig. 3. Continued; Chry 106, 125, 139, 200, 201, 244, 305.

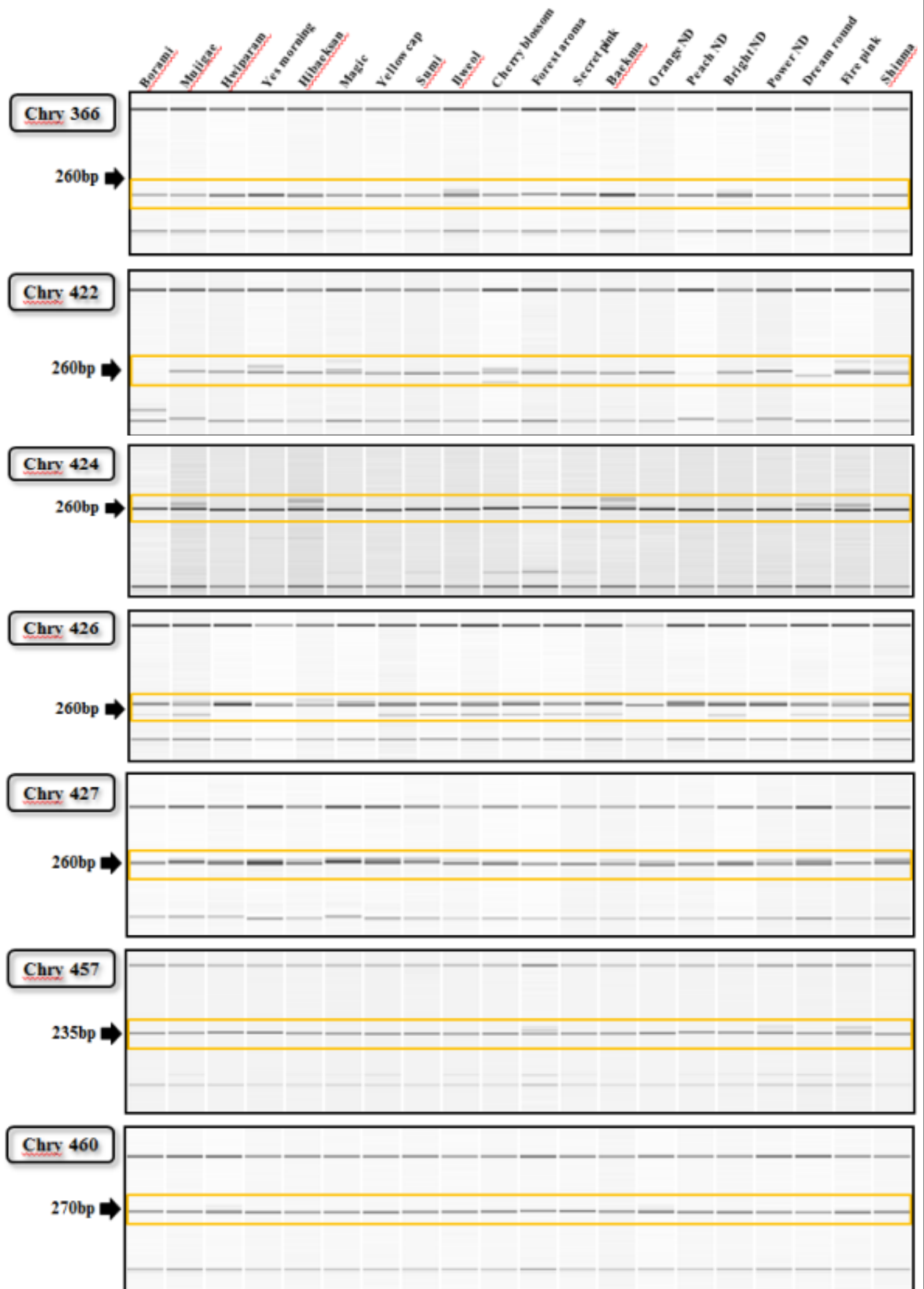


Fig. 3. Continued; Chry 366, 422, 424, 426, 427, 457, 460.

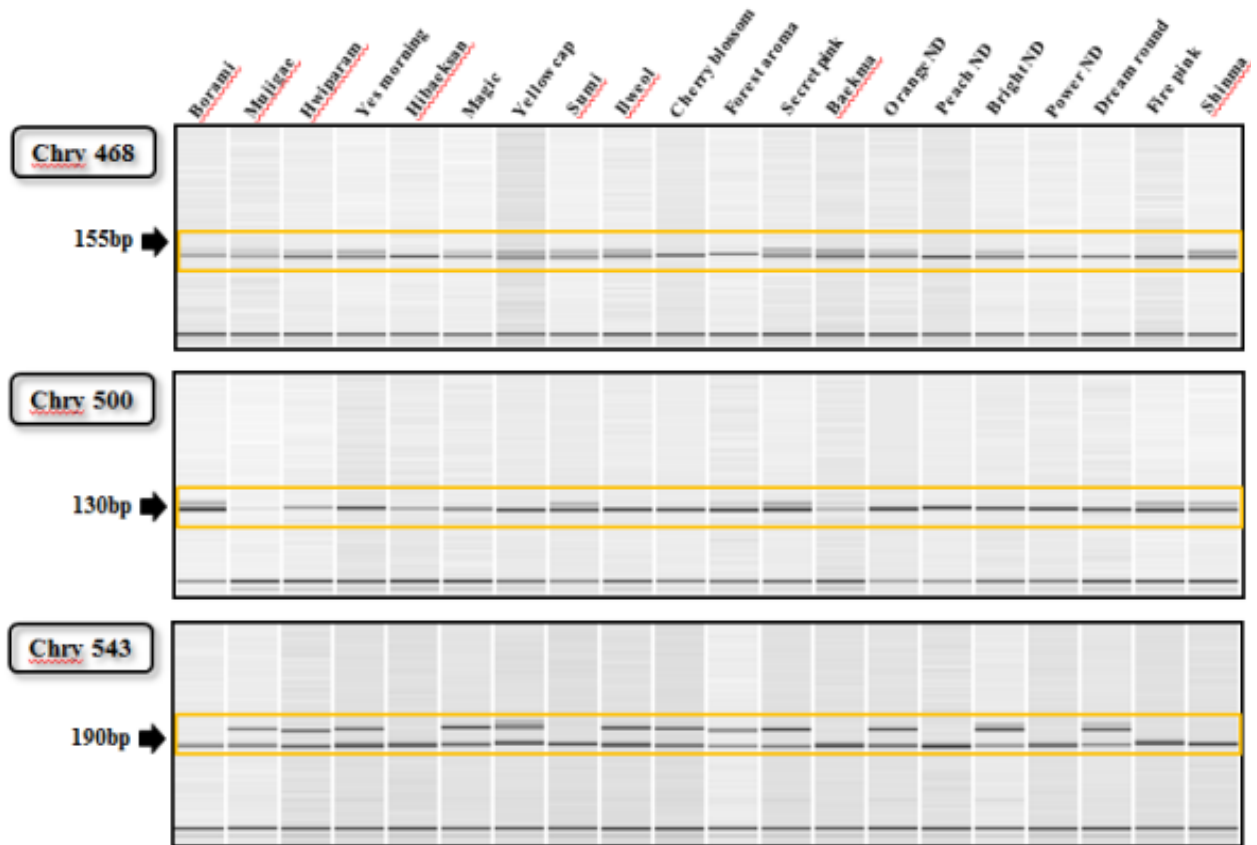


Fig. 3. Continued; Chry 468, 500, 543.

라. 국화 DNA profile 데이터베이스 구축을 위한 유전적 유연관계 분석

국화 품종식별을 위해 선발된 총 27개 마커를 이용하여 다형성 정도를 분석하였다(Table 5). SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~8개 이고, 총 116개의 대립유전자가 분석되었으며, 각각의 마커당 평균 대립유전자 수는 4.3개로 확인되었다. 각 마커의 유전적 다형성 정도를 나타내는 PIC 값은 0.234에서 0.825로 나타났으며, 평균값은 0.607로 분석되었다. 국화, 상추로부터 선발된 27개의 마커들은 741개의 SSR 마커 정보를 이용해 선발하였고, 마커 별로 다형성 비율이 1.3~8.3%로 확인되었다. 국화 genomic DNA에서 개발된 SSR 마커의 비율을 8.3%로 가장 높았으며, 상추 EST-SSR에서 개발된 SSR 마커의 비율이 1.3%로 분석되었다. 국화 품종식별을 위해 최종 선발된 27개 SSR 마커 중에서 25개는 EST-SSR 마커이다. EST-SSR 마커는 다형성 정도가 낮지만, 밴드가 선명하고 재현성이 있어 국화 품종식별에 효율적으로 이용가능한 것으로 확인되었으며, 다형성이 높은 genomic SSR 마커와 혼용하여 사용하면, 국화 품종식별에 효율적으로 이용될 수 있을 것으로 판단된다(Table 6). 선발된 27개의 SSR 마커를 이용하여 국화 20품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 결과(Fig. 4), 공시품종의 유사도 지수는 0.390에서 0.656의 범위에서 나타났으며, 20개의 공시품종 모두 27개의 마커에 의해 구분되는 것을 확인할 수 있었다. 본 결과에서는 국화의 스탠다드 형과 스프레이 형의 유전적 구분은 확인할 수 없었다. 제8협동과제와 협력하여 국화의 형태적 특성 평가 성적을 참조하여 표현형과 유전자형의 상관관계를 비교, 분석해야할 것으로 판단되며, 차후 연구에서는 유통되는 품종수의 추가 및 신규 마커 개발 등을 통해 국화 국가 표준

DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 향상시킬 계획이다.

Table 5. Characteristics of the 27 SSR markers selected for genetic characterization of chrysanthemum varieties.

No.	Marker name	Repeat motif	Tm(°C)	Product Size(bp)	Number of alleles	PIC value
1	Chrysanthemum 40	(CCA) ₅	55	220-248	8	0.825
2	Chrysanthemum 43	(CCAA) ₄	55	220-250	5	0.706
3	Chrysanthemum 44	(ATA) ₅	55	248-260	3	0.605
4	Chrysanthemum 50	(ATG) ₆	55	140-160	5	0.729
5	Chrysanthemum 54	(AAG) ₆	55	115-130	6	0.755
6	Chrysanthemum 59	(AAC) ₅	55	185-210	5	0.673
7	Chrysanthemum 84	(GGT) ₅	55	262-270	4	0.538
8	Chrysanthemum 106	(TCA) ₇	55	240-273	4	0.690
9	Chrysanthemum 125	(GGT) ₅	55	148-152	2	0.408
10	Chrysanthemum 139	(ATC) ₅	55	180-210	7	0.820
11	Chrysanthemum 200	(CAA) ₅	55	220-231	2	0.497
12	Chrysanthemum 201	(TGG) ₅	55	240-250	4	0.602
13	Chrysanthemum 244	(TGA) ₅	55	180-200	4	0.708
14	Chrysanthemum 305	(AAC) ₅	55	189-200	4	0.647
15	Chrysanthemum 366	(AAG) ₅	55	150-170	3	0.234
16	Chrysanthemum 422	(GCT) ₅	55	160-240	7	0.664
17	Chrysanthemum 424	(GGT) ₅	55	200-220	3	0.333
18	Chrysanthemum 426	(CA) ₆ (CCA) ₇	55	115-200	6	0.783
19	Chrysanthemum 427	(ACC) ₇	55	250-280	5	0.778
20	Chrysanthemum 457	(AG) ₈	55	220-250	3	0.382
21	Chrysanthemum 460	(CTG) ₅	55	260-280	4	0.567
22	Chrysanthemum 468	(ATG) ₅	55	150-160	2	0.490
23	Chrysanthemum 500	(TGA) ₆	55	120-140	2	0.355
24	Chrysanthemum 543	(TC) ₆	55	160-210	4	0.573
25	KNUCRY 94-1	(GAA) ₄	55	180-200	5	0.616
26	SML 004-1	(ATG) ₁₁	55	188-194	5	0.722
27	SML 013-1	(GAA) ₇ (CTG) ₂	55	246-276	4	0.694
Total					116	
Mean					4.30	0.607

Table 6. SSR markers screened for identifying polymorphism and source informations in selected 27 SSR markers.

No. of used markers for screening	Type of SSR markers	No. of polymorphic markers	Ratio of polymorphism(%)	SSR marker source
12	gSSR of chrysanthemum	1	8.3%	Hong et al.(2013)
154	EST-SSR of lettuce	2	1.3%	Hong et al.(2013)
575	EST-SSR of chrysanthemum	24	4.2%	Wang et al.(2013)
741		27	3.6%	

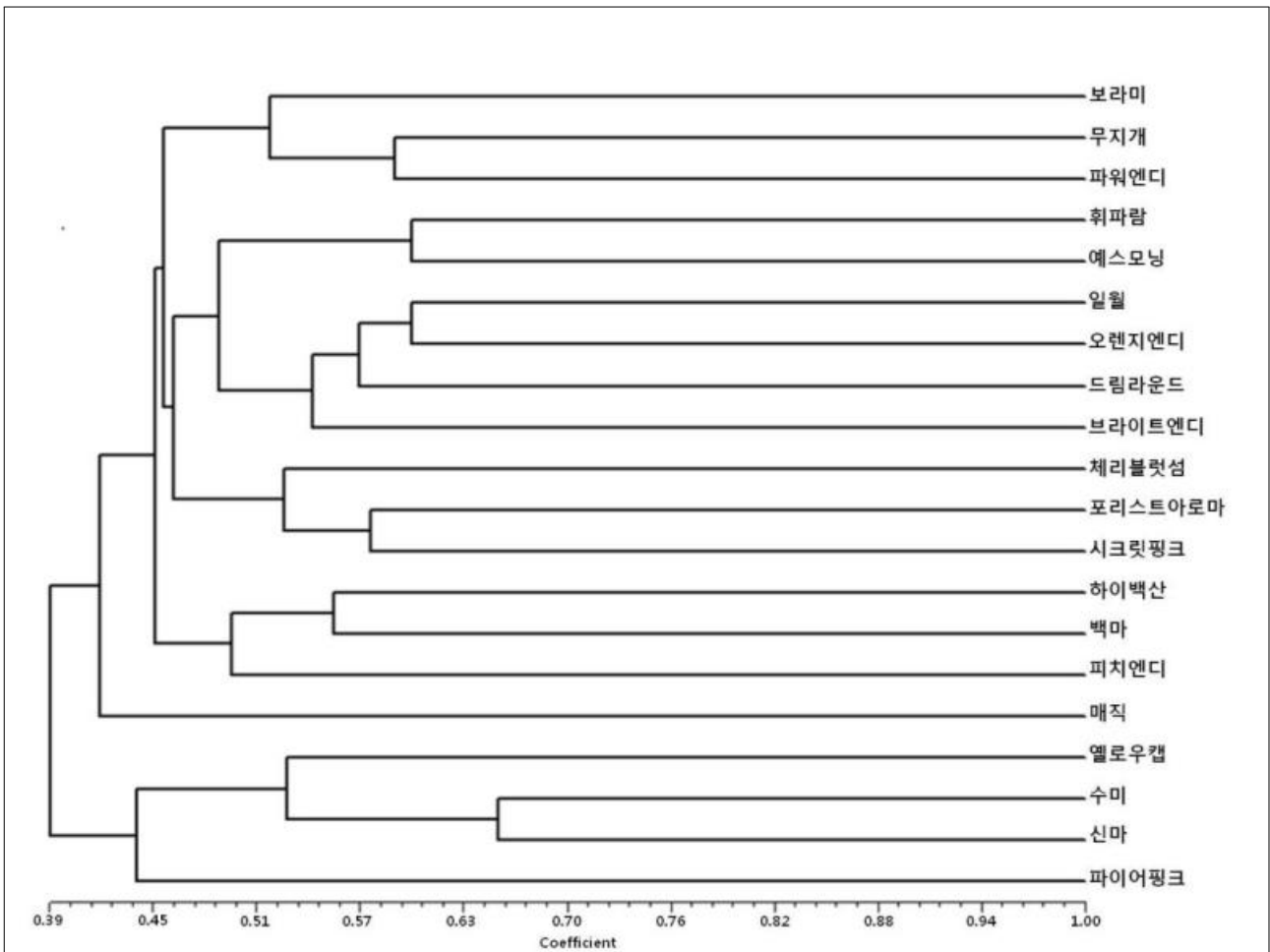


Fig. 4. Dendrogram of the 20 chrysanthemum varieties by 116 allelic bands of 27 SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

국화(*Dendranthema grandiflourm* Kitamura)는 우리나라 3대 화훼류 중 하나로 절화 및 분화로 다양하게 활용되는 화훼작물 중 하나이다. 2015년 9월 현재 국내에 품종보호 등록된 국화 품종수는 670품종, 재배심사중인 품종은 84품종, 생산수입판매 신고 건수는 669건으로 화훼작물 중 장미 다음으로 보호 등록된 품종수가 많은 작물이다(<http://www.seed.go.kr>). 국내 국화 품종식별 연구는 Hong 등(2013)에 의해 수행된 바 있고, EST-SSR 분자표지를 이용하여 50품종에 대한 식별 연구 결과가 보고된 바 있다(Jo et al. 2015). 국화는 경제적으로 중요한 작물이기에 많은 품종을 대상으로 한 정밀도 높은 데이터베이스 구축이 필요하나 관련 연구가 미비한 실정이기 때문에 품종보호제도 및 종자분쟁 해결 등에 분자표지를 실용적으로 활용하기 위해서는 DNA profile 데이터베이스 구축을 통한 체계적인 품종식별 체계 확립이 필요하다고 판단된다. 따라서 본 연구에서는 국화의 국가 표준 데이터베이스 구축을 위해 최근에 품종보호 출원 및 등록된 품종을 대상으로 1차 년도에 선발된 SSR 마커를 이용하여 국화 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 genomic DNA분리

국내에서 유통되는 국화 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 충남농업기술원 화훼연구소(구 예산국화시험장)로부터 분양받은 20품종과, 국립종자원 서부지원으로부터 수집된 127품종을 합하여 총 147품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다 (Table 1). 공시품종의 DNA는 본엽 3~4매 정도를 채취하여 DNA 분리는 NucleoSpin® Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740.770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial chrysanthemum varieties assayed for genetic characterization using SSR marker.

No.	품종명	품종영문명	Type classification	비고
1	보라미	Borami	Spray	1,2차년도 공시품종
2	무지개	Mujigae	Spray	1,2차년도 공시품종
3	휘파람	Hwiparam	Spray	1,2차년도 공시품종
4	예스모닝	Yesmorning	Spray	1,2차년도 공시품종
5	매직	Magic	Spray	1,2차년도 공시품종
6	옐로우캡	Yellowcap	Spray	1,2차년도 공시품종
7	일월	Ilweol	Spray	1,2차년도 공시품종
8	체리블러섬	Cherryblossom	Spray	1,2차년도 공시품종
9	포레스트아로마	Forestaroma	Spray	1,2차년도 공시품종
10	시크릿핑크	Secretpink	Spray	1,2차년도 공시품종
11	오렌지엔디	OrangeND	Spray	1,2차년도 공시품종
12	피치엔디	PeachND	Spray	1,2차년도 공시품종
13	브라이트엔디	BrightND	Spray	1,2차년도 공시품종
14	파워엔디	PowerND	Spray	1,2차년도 공시품종
15	드림라운드	Dreamround	Spray	1,2차년도 공시품종
16	파이어핑크	Firepink	Spray	1,2차년도 공시품종
17	그레이스엔디	GraceND	Spray	2차년도 공시품종
18	킹피셔	Kingfisher	Spray	2차년도 공시품종
19	예스루비	Yesruby	Spray	2차년도 공시품종
20	보그	Vogue	Spray	2차년도 공시품종
21	큐티엔디	CutieND	Spray	2차년도 공시품종
22	메리벨	Merrybell	Spray	2차년도 공시품종
23	드림해피	Dreamhappy	Spray	2차년도 공시품종
24	드림리버	Dreamriver	Spray	2차년도 공시품종
25	델리아크림	Deliacream	Spray	2차년도 공시품종
26	퍼플캡	Purplecap	Spray	2차년도 공시품종
27	롤리팝	Lollipop	Spray	2차년도 공시품종
28	핑크맘	Pinkmam	Spray	2차년도 공시품종
29	아르거스	Argus	Spray	2차년도 공시품종
30	퍼플콘	Purplecone	Spray	2차년도 공시품종
31	비아리츠P	Biarittz P	Spray	2차년도 공시품종
32	골드리치	Goldrich	Spray	2차년도 공시품종
33	모나리자	Monalisa	Spray	2차년도 공시품종
34	골든보이	Goldenboy	Spray	2차년도 공시품종
35	바카디필	Bacardifill	Spray	2차년도 공시품종
36	핑크보이	Pinkyboy	Spray	2차년도 공시품종
37	글로리아	Gloria	Spray	2차년도 공시품종

38	바티칸	Vatican	Spray	2차년도	공시품종
39	연자	Yeonja	Spray	2차년도	공시품종
40	나오스	Naos	Spray	2차년도	공시품종
41	사스인	Sasine	Spray	2차년도	공시품종
42	네스터	Neseteo	Spray	2차년도	공시품종
43	세이프릴그린	Seifrigreen	Spray	2차년도	공시품종
44	텔리바르카	Delibarca	Spray	2차년도	공시품종
45	텔리단테퍼플	Delidantepurple	Spray	2차년도	공시품종
46	텔리비스카리	Delibiscari	Spray	2차년도	공시품종
47	텔리텐츠	Delitents	Spray	2차년도	공시품종
48	텔리아라곤	Deliaragon	Spray	2차년도	공시품종
49	텔리퀘벡	Deliquebec	Spray	2차년도	공시품종
50	텔리마리모	Delimarimo	Spray	2차년도	공시품종
51	텔리팀	Delithm	Spray	2차년도	공시품종
52	러브마인	Lovemine	Spray	2차년도	공시품종
53	여심	Yeosim	Spray	2차년도	공시품종
54	매직스타	Magicstar	Spray	2차년도	공시품종
55	델몬트	Delmonte	Spray	2차년도	공시품종
56	무랑루즈	Moulinrouge	Spray	2차년도	공시품종
57	써니엔디	SunnyND	Spray	2차년도	공시품종
58	바운스엔디	BounceND	Spray	2차년도	공시품종
59	아도스(스프레이)	Athos(Sp.)	Spray	2차년도	공시품종
60	해피엔디	HappyND	Spray	2차년도	공시품종
61	보라미오렌지	Boramiorange	Spray	2차년도	공시품종
62	아즈마	Azma	Spray	2차년도	공시품종
63	사스인옐로우	Sasineyellow	Spray	2차년도	공시품종
64	노스타	Nostar	Spray	2차년도	공시품종
65	사스인크림	Sasinecream	Spray	2차년도	공시품종
66	시저크림	Caesarcream	Spray	2차년도	공시품종
67	세이렌느	Seireine	Spray	2차년도	공시품종
68	세이리뿌	Seiribbu	Spray	2차년도	공시품종
69	세이마이러	Seimyra	Spray	2차년도	공시품종
70	세이테드	Seited	Spray	2차년도	공시품종
71	세이아스트론	Seiastron	Spray	2차년도	공시품종
72	세이엘자	Seielza	Spray	2차년도	공시품종
73	스위트봉봉	Sweetbongbong	Spray	2차년도	공시품종
74	레오파드	Leopard	Spray	2차년도	공시품종
75	스위트스노우	Sweetsnow	Spray	2차년도	공시품종
76	포드	Ford	Spray	2차년도	공시품종
77	스위트썬	Sweetsun	Spray	2차년도	공시품종
78	카스텔리	Castelli	Spray	2차년도	공시품종
79	스윗캔디	Sweetcandy	Spray	2차년도	공시품종
80	아티라이징선	Artirisingsun	Spray	2차년도	공시품종
81	핑크	Pinky	Spray	2차년도	공시품종
82	아티퍼플레이디	Artipurplelady	Spray	2차년도	공시품종
83	아티다크초콜릿	Artidarkchocolate	Spray	2차년도	공시품종
84	예스홀릭	Yesholic	Spray	2차년도	공시품종
85	재즈	Jazz	Spray	2차년도	공시품종
86	옐로우드림	Yellowdream	Spray	2차년도	공시품종
87	스파이벨리	Spybelly	Spray	2차년도	공시품종
88	옐로우마블	Yellowmarble	Spray	2차년도	공시품종
89	세이아그네스	Seiagness	Spray	2차년도	공시품종
90	옐로우키드	Yellowkid	Spray	2차년도	공시품종
91	챔피	Champy	Spray	2차년도	공시품종
92	오렌지드림	Orangedream	Spray	2차년도	공시품종
93	자리타	Zarita	Spray	2차년도	공시품종
94	오렌지키드	Orangekid	Spray	2차년도	공시품종

95	히라리오	Hirario	Spray	2차년도	공시품종
96	젬블라	Zembla	Spray	2차년도	공시품종
97	큐티핑크	Cutiepink	Spray	2차년도	공시품종
98	치크	Cheeks	Spray	2차년도	공시품종
99	파이어옐로우	Fireyellow	Spray	2차년도	공시품종
100	카리스옐로우	Karisyellow	Spray	2차년도	공시품종
101	핑크카리스	Pinkycharis	Spray	2차년도	공시품종
102	옐로우팡팡	Yellowpangpang	Spray	2차년도	공시품종
103	핑크팡팡	Pinkpangpang	Spray	2차년도	공시품종
104	루비나	Rubyna	Spray	2차년도	공시품종
105	홍파	Hongpa	Spray	2차년도	공시품종
106	하이백산	Hibaeksan	Standard	1,2차년도	공시품종
107	수미	Sumi	Standard	1,2차년도	공시품종
108	백마	Baekma	Standard	1,2차년도	공시품종
109	신마	Shinma	Standard	1,2차년도	공시품종
110	금화	Geumhwa	Standard	2차년도	공시품종
111	보령황국	Boryeonghwangkuk	Standard	2차년도	공시품종
112	그린엔디	GreenND	Standard	2차년도	공시품종
113	아도스(스탠다드)	Athos(St.)	Standard	2차년도	공시품종
114	델리아카리	Deliakari	Standard	2차년도	공시품종
115	화이트런너	Whiterunner	Standard	2차년도	공시품종
116	핑퐁	Pingpong	Standard	2차년도	공시품종
117	설미	Seolmi	Standard	2차년도	공시품종
118	에코그린	Ecogreen	Standard	2차년도	공시품종
119	젬블라라임	Zemblalime	Standard	2차년도	공시품종
120	알마도리스	Armadolis	Pot mum	2차년도	공시품종
121	앰플루	Aamflu	Pot mum	2차년도	공시품종
122	마이루비	Myruby	Pot mum	2차년도	공시품종
123	비노	Vino	Pot mum	2차년도	공시품종
124	마이걸	Mygirl	Pot mum	2차년도	공시품종
125	핑크아이	Pinkeye	Pot mum	2차년도	공시품종
126	마이소울	Mysoul	Pot mum	2차년도	공시품종
127	가야골드	Gayagold	Pot mum	2차년도	공시품종
128	가야오렌지	Gayaoorange	Pot mum	2차년도	공시품종
129	가야글로리	Gayaglory	Pot mum	2차년도	공시품종
130	가야옐로우	Gayayellow	Pot mum	2차년도	공시품종
131	가야네온	Gayaneon	Pot mum	2차년도	공시품종
132	가야루비	Gayaruby	Pot mum	2차년도	공시품종
133	퍼플에그	Purpleegg	Pot mum	2차년도	공시품종
134	줄리엣	Juliet	Pot mum	2차년도	공시품종
135	피스큐티	Peacecutie	Pot mum	2차년도	공시품종
136	가야핑크	Gayapink	Pot mum	2차년도	공시품종
137	마이골드	Mygold	Pot mum	2차년도	공시품종
138	마이써니	Mysunny	Pot mum	2차년도	공시품종
139	마이레드	Myred	Pot mum	2차년도	공시품종
140	가야센스	Gayasense	Pot mum	2차년도	공시품종
141	마이윙	Mywing	Pot mum	2차년도	공시품종
142	마이 크림	Mycream	Pot mum	2차년도	공시품종
143	캔디볼	Candyball	Garden mum	2차년도	공시품종
144	다솜볼	Dasomball	Garden mum	2차년도	공시품종
145	마루볼	Maruball	Garden mum	2차년도	공시품종
146	마당볼	Madangball	Garden mum	2차년도	공시품종
147	금방울	Geumbangul	Garden mum	2차년도	공시품종

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 재선발

국화 품종식별에 효과적인 SSR 분자표지를 선별하기 위해서 1차 년도 실험에 이어서 국내외에서 개발된 575개 primer(Wang et al. 2013), 12개의 primer(Khaing et al. 2013) 총 587개의 primer를 이용하여 ‘Borami(보라미)’, ‘Mujigae(무지개)’, ‘Hwiparam(휘파람)’, ‘Yesmorning(예스모닝)’, ‘Hibaeksan(하이백산)’, ‘Magic(매직)’, ‘Yellowcap(옐로우캡)’, ‘Sumi(수미)’, ‘Ilweol(일월)’, ‘Cherryblossom(체리블릿섬)’, ‘Forestaroma(포레스트아로마)’, ‘Secretpink(시크릿핑크)’, ‘Baekma(백마)’, ‘OrangeND(오렌지엔디)’, ‘PeachND(피치엔디)’, ‘BrightND(브라이트엔디)’, ‘PowerND(파워엔디)’, ‘Dreamround(드림라운드)’, ‘Firepink(파이어핑크)’, ‘Shinma(신마)’ 20개 품종을 대표품종으로 선정하여 다형성을 분석하였다. PCR 반응액 조성은 국화 genomic DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터 프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선별하였다.

다. 다형성 지수 및 유연관계 분석

국화 147품종을 통해 분석된 SSR 마커 결과를 분석하여 대립유전자의 유무에 따라 밴드가 있으면 ‘1’, 없으면 ‘0’으로 기록하여 엑셀파일에 품종별 SSR 프로파일 대립유전자 크기에 대한 데이터베이스 초안을 구축하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래 공식을 이용하여 polymorphism information content(PIC) 값을 산출하였다. P_{ij}는 마커 i의 밴드들 중에서 j번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al., 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

NTSYSpc(version 2.2)(Rohlf, 2000) 프로그램의 Jaccard(Sneath & Sokal, 1973) 방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후, unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA)(Sneath & Sokal, 1973) 방법을 통해 유연관계를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

국화 DB 구축을 위해 587개 SSR 마커를 이용하여 20품종에 대한 다형성 여부를 분석한 결과는 아래와 같다. 국화로부터 선별된 25개의 마커들은 587개의 SSR 마커 정보를 이용해 선별하였고, 다형성 비율이 4.3%로 확인되었다.

Table 2. SSR markers screened for identifying polymorphism of chrysanthemum.

Number of screened markers	Type of SSR markers	Number of polymorphic markers	Polymorphism (%) of amplified SSR markers	SSR marker source
12	Genomic SSR of chrysanthemum	1	1/12	Khaing et al. (2013)
575	EST-SSR of chrysanthemum	24	24/575	Wang et al. (2013)
587		25	25/587 (4.3%)	

1차 년도에 선발된 27개 마커 중 2개는 상추 프라이머로 증폭한 것인바, 반복 실험간 재현성이 낮아 2차 년도에는 제외하였다. 따라서 국화에서 유래된 25개 SSR 마커를 대상으로 국내에서 수집된 147품종에 대한 다형성 정도를 분석한 결과 25개 마커 중 피크 분석의 용이성, 반복성, 재현성 등을 고려하여 14개 마커를 국화 품종 데이터베이스 구축에 활용할 마커로 선정하였다. 국화 분자표지 교차분석을 위하여 14개 마커를 8협동과제(위탁: 공주대학교)에 제공하였으며, 공주대학교에서 선발된 10개 SSR 마커를 제공받았다. 10개 마커에 대해 147품종 중 8품종을 대상으로 Capillary gel로 분석한 결과 W285 마커만이 아가로스 젤에서 단일 밴드로 명확하게 증폭이 되어 종자원 14개 마커와 공주대 1개 마커를 대상으로 프라이머 정방향에 형광을 붙여서 자동염기서열분석기로 다형성을 분석한 결과, 8협동과제로부터 제공받은 1개 마커는 피크 분석이 용이하지 않아 선발에서 제외하였다. 따라서 14개 마커를 이용한 147품종에 대한 데이터베이스를 구축한 결과는 Table 3과 같다. SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 3~10개 이고, 총 79개의 대립유전자가 분석되었으며, 각각의 마커당 평균 대립유전자 수는 5.6개로 확인되었다. 각 마커의 유전적 다형성 정도를 나타내는 PIC 값은 0.287에서 0.785로 나타났으며, 평균값은 0.598로 분석되었다.

Table 3. Characteristics of the 14 SSR markers selected for genetic characterization of chrysanthemum varieties.

No.	Marker name	Repeat motif	Annealing temp.(°C)	PCR product size (bp)	No. of alleles	PIC value	Primer labeling
1	SSR 48	(CCA)5	55	206-214	4	0.655	VIC
2	SSR 51	(CCAA)4	55	197-252	8	0.785	NED
3	SSR 52	(ATA)5	55	233-247	6	0.573	FAM
4	SSR 127	(GGT)5	55	262-273	5	0.335	FAM
5	SSR 200	(GGT)5	55	129-154	4	0.637	VIC
6	SSR 222	(ATC)5	55	153-185	8	0.756	NED
7	SSR 330	(CAA)5	55	204-219	6	0.597	FAM
8	SSR 332	(TGG)5	55	227-240	5	0.556	PET
9	SSR 380	(TGA)5	55	190-196	4	0.658	VIC
10	SSR 649	(ACC)7	55	247-259	6	0.762	FAM
11	SSR 706	(AG)8	55	208-240	7	0.613	PET
12	SSR 728	(ATG)5	55	145-151	3	0.488	VIC
13	SSR 792	(TGA)6	55	126-136	3	0.287	NED
14	SSR 863	(TC)6	55	129-181	10	0.678	FAM
Total					79	8.379	
Mean					5.6	0.598	

14개 SSR 마커를 이용하여 국화 174품종에 대한 유전적 유연관계를 분석하여 계통도를 작성하였다(Fig. 1). 공시품종의 유전적 유사도 지수는 0.44~1.00의 범위에 분포하였고 ‘보라미(Borami)’ , ‘보라미오렌지(Boramiorange)’ 와 ‘핑퐁(Pingpong)’ , ‘화이트런너(Whiterunner)’ 품종을 제외한 143 품종이 본 연구에서 선발된 14개 SSR 분자표지의 유전자형에 따라 식별됨을 확인하였다. ‘보라미(Borami)’ 와 ‘보라미오렌지(Boramiorange)’ 품종은 유전적 유사도 지수가 100%를 나타냈으며 이들 품종의 육성내역을 조사한 결과 ‘보라미오렌지(Boramiorange)’ 품종은 ‘보라미(Borami)’ 품종에 감마선 처리를 하여 육성한 품종으로 형태적 특성을 조사한 결과 화색의 형질에서만 뚜렷한 구별성을 보이는 것으로 보고된 바 있다(Choi et al. 2014). 또한 유전적 유사도 지수가 100%인 ‘화이트런너(Whiterunner)’ 와 ‘핑퐁(Pingpong)’ 품종의 육성내역을 알아본 결과 ‘화이트런너(Whiterunner)’ 품종은 ‘핑퐁(Pingpong)’ 품종을 재배 중 꽃이 크고 백색인 변이를 발견하여 육성된 품종으로 확인되었다. 향후 3차 년도에는 본 DB에 충남농업기술원 화훼연구소에서 샘플링 한 신규 품종(37품종, 샘플링 완료)을 추가하여 DNA 데이터베이스의 정밀도를 향상시키고, 유사품종에 대한 형태적 특성 검정을 통해 품종의 유사성 판단 기준을 위한 연구를 추진할 예정이다.

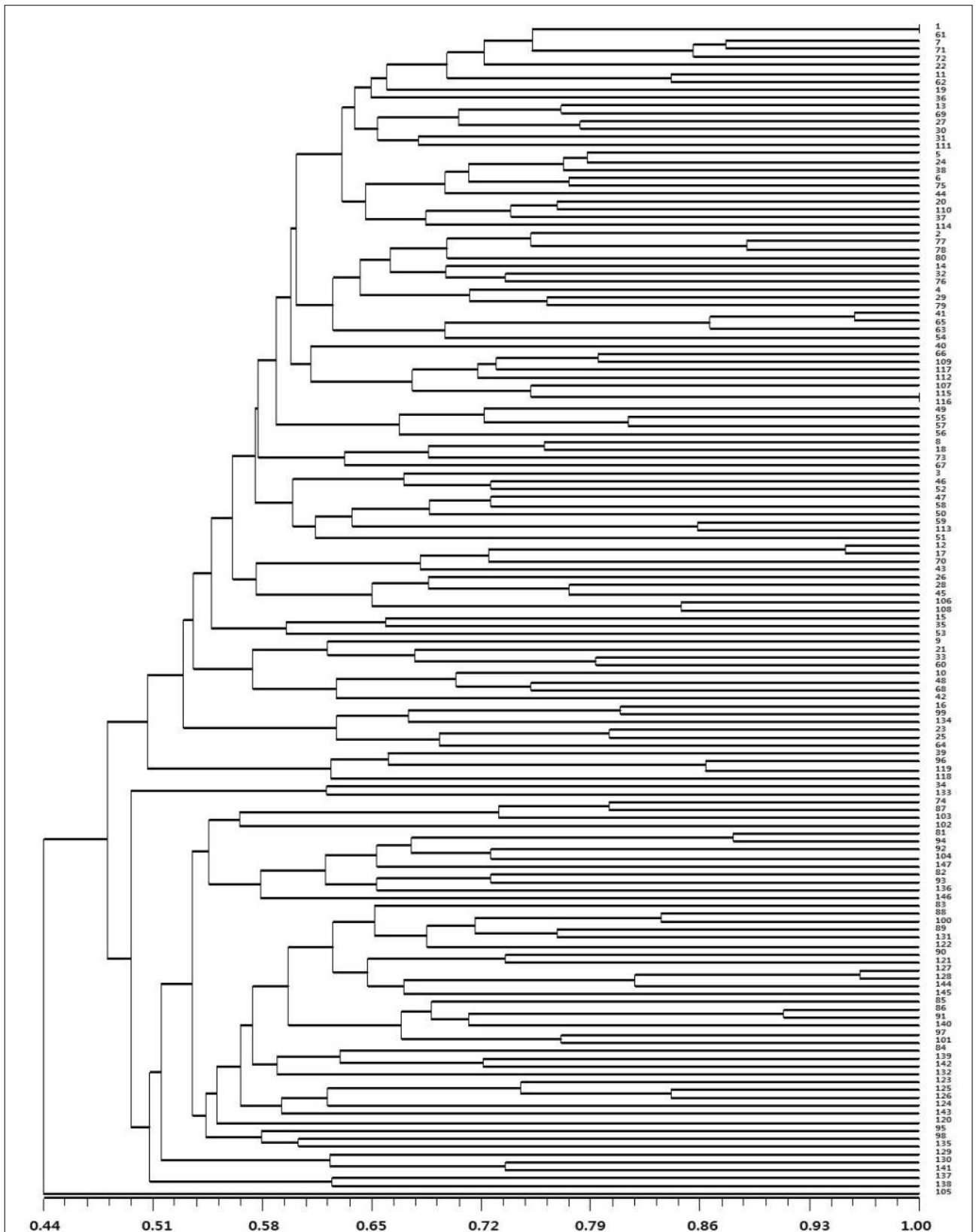


Fig. 1. Dendrogram of the 147 chrysanthemum varieties by 14 SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity. The number indicate variety name of table 1.

<3차년도 수행결과>

1) 서론

국화(*Dendranthema grandiflourm* Kitamura)는 우리나라 3대 화훼류 중 하나로 절화 및 분화로 다양하게 활용되는 화훼작물 중 하나이다. 2015년 9월 현재 국내에 품종보호 등록된 국화 품종수는 670품종, 재배심사중인 품종은 84품종, 생산수입판매 신고 건수는 669건으로 화훼작물 중 장미 다음으로 보호 등록된 품종수가 많은 작물이다(<http://www.seed.go.kr>). 국내 국화 품종식별 연구는 Hong 등(2013)에 의해 수행된 바 있고, EST-SSR 분자표지를 이용하여 50품종에 대한 식별 연구 결과가 보고된 바 있다(Jo et al. 2015). 국화는 경제적으로 중요한 작물이기에 많은 품종을 대상으로 한 정밀도 높은 데이터베이스 구축이 필요하나 관련 연구가 미비한 실정이기 때문에 품종보호제도 및 종자분쟁 해결 등에 분자표지를 실용적으로 활용하기 위해서는 DNA profile 데이터베이스 구축을 통한 체계적인 품종식별 체계 확립이 필요하다고 판단된다. 따라서 3차년도 연구에서는 보다 신속한 분석법을 개발하기 위하여 차세대염기서열분석을 통해 얻어진 데이터를 이용하여 품종식별을 위한 SNP 분자표지를 개발하고, 수집된 품종들에 대한 데이터베이스를 구축한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 국화 품종에 대한 SNP분자표지 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 경남기술원 화훼연구소로부터 91종, 충남기술원 화훼연구소 38품종 등 총 129품종을 공시품종으로 활용하였다(Table 1).

Table 1. Commercial Chrysanthemum varieties assayed for genetic characterization using SNP markers.

번호	품종명	Source	번호	품종명	Source	번호	품종명	Source
1	포드	경남기술원 화훼연구소	44	무량루즈	경남기술원 화훼연구소	87	하모니레드	경남기술원 화훼연구소
2	롤리팝(p)	경남기술원 화훼연구소	45	바키디(Y)	경남기술원 화훼연구소	88	하모니오렌지	경남기술원 화훼연구소
3	가야골드	경남기술원 화훼연구소	46	백선	경남기술원 화훼연구소	89	허니핑크	경남기술원 화훼연구소
4	가야글로리	경남기술원 화훼연구소	47	봄분	경남기술원 화훼연구소	90	화이트엔젤	경남기술원 화훼연구소
5	가야나노	경남기술원 화훼연구소	48	뷰티션	경남기술원 화훼연구소	91	허리리오	경남기술원 화훼연구소
6	가야네온	경남기술원 화훼연구소	49	비즈	경남기술원 화훼연구소	92	예스투게더	충남기술원 화훼연구소
7	가야레드	경남기술원 화훼연구소	50	선미	경남기술원 화훼연구소	93	바티칸	충남기술원 화훼연구소
8	가야루즈	경남기술원 화훼연구소	51	설미	경남기술원 화훼연구소	94	카스텔리	충남기술원 화훼연구소
9	가야선샤인	경남기술원 화훼연구소	52	세라파나	경남기술원 화훼연구소	95	버블엔디	충남기술원 화훼연구소
10	가야센스	경남기술원 화훼연구소	53	세이노이세이	경남기술원 화훼연구소	96	엔젤	충남기술원 화훼연구소
11	가야썬니	경남기술원 화훼연구소	54	수미	경남기술원 화훼연구소	97	드림엘로우	충남기술원 화훼연구소
12	가야썬	경남기술원 화훼연구소	55	슈가크림	경남기술원 화훼연구소	98	백선	충남기술원 화훼연구소
13	가야이트	경남기술원 화훼연구소	56	스노우뱀	경남기술원 화훼연구소	99	백설	충남기술원 화훼연구소
14	가야와인	경남기술원 화훼연구소	57	신마	경남기술원 화훼연구소	100	프로기	충남기술원 화훼연구소

15	가아핑크	경남기술원 화훼연구소	58	센그린	경남기술원 화훼연구소	101	예스송	충남기술원 화훼연구소
16	가아히트	경남기술원 화훼연구소	59	아트리스	경남기술원 화훼연구소	102	엘로우 팡팡	충남기술원 화훼연구소
17	골든아이	경남기술원 화훼연구소	60	아이그린	경남기술원 화훼연구소	103	핑크베리	충남기술원 화훼연구소
18	골든트리	경남기술원 화훼연구소	61	아이볼	경남기술원 화훼연구소	104	예스코리스	충남기술원 화훼연구소
19	그린리차드	경남기술원 화훼연구소	62	에너지	경남기술원 화훼연구소	105	필드그림	충남기술원 화훼연구소
20	그린문	경남기술원 화훼연구소	63	에코그린	경남기술원 화훼연구소	106	예스엘사	충남기술원 화훼연구소
21	그린위치	경남기술원 화훼연구소	64	엘사	경남기술원 화훼연구소	107	예스송(흰색)	충남기술원 화훼연구소
22	그린조이	경남기술원 화훼연구소	65	엠버	경남기술원 화훼연구소	108	엘로우 키드	충남기술원 화훼연구소
23	그린토티	경남기술원 화훼연구소	66	엘로 키드	경남기술원 화훼연구소	109	예스홀릭	충남기술원 화훼연구소
24	그린파스타	경남기술원 화훼연구소	67	엘로아이	경남기술원 화훼연구소	110	예스루비	충남기술원 화훼연구소
25	그린플로라	경남기술원 화훼연구소	68	엘로캡	경남기술원 화훼연구소	111	엘로우마블	충남기술원 화훼연구소
26	노블와인	경남기술원 화훼연구소	69	오렌지아이	경남기술원 화훼연구소	112	예스루나	충남기술원 화훼연구소
27	단미	경남기술원 화훼연구소	70	오렌지캡	경남기술원 화훼연구소	113	해피엔디	충남기술원 화훼연구소
28	도로시	경남기술원 화훼연구소	71	오렌지키드	경남기술원 화훼연구소	114	핑크프라이드	충남기술원 화훼연구소
29	딤플	경남기술원 화훼연구소	72	위터포그	경남기술원 화훼연구소	115	신명	충남기술원 화훼연구소
30	러브트리	경남기술원 화훼연구소	73	윈섬	경남기술원 화훼연구소	116	예스나우	충남기술원 화훼연구소
31	러빙유	경남기술원 화훼연구소	74	조이핑크	경남기술원 화훼연구소	117	퍼블론	충남기술원 화훼연구소
32	레드윙	경남기술원 화훼연구소	75	지엔하모니	경남기술원 화훼연구소	118	레오퍼드	충남기술원 화훼연구소
33	레드트리	경남기술원 화훼연구소	76	코로나핑크	경남기술원 화훼연구소	119	델리아크림	충남기술원 화훼연구소
34	레몬아이	경남기술원 화훼연구소	77	키즈오렌지	경남기술원 화훼연구소	120	스윗캔디	충남기술원 화훼연구소
35	레몬트리	경남기술원 화훼연구소	78	퍼플에그	경남기술원 화훼연구소	121	레드마블	충남기술원 화훼연구소
36	레인보우	경남기술원 화훼연구소	79	퍼플캡	경남기술원 화훼연구소	122	드리킹	충남기술원 화훼연구소
37	마썸포	경남기술원 화훼연구소	80	퍼플트리	경남기술원 화훼연구소	123	하이마야	충남기술원 화훼연구소
38	마이티	경남기술원 화훼연구소	81	피오레	경남기술원 화훼연구소	124	드림라운드	충남기술원 화훼연구소
39	매직	경남기술원 화훼연구소	82	필링그린	경남기술원 화훼연구소	125	드림프린스	충남기술원 화훼연구소
40	매직엘로우	경남기술원 화훼연구소	83	핑크맘	경남기술원 화훼연구소	126	드림심포니	충남기술원 화훼연구소
41	메이저크림	경남기술원 화훼연구소	84	핑크아이	경남기술원 화훼연구소	127	금화	충남기술원 화훼연구소
42	모나리자(P)	경남기술원 화훼연구소	85	핑크트리	경남기술원 화훼연구소	128	조이크림	충남기술원 화훼연구소
43	모닝엔젤	경남기술원 화훼연구소	86	핑키	경남기술원 화훼연구소	129	하이백산	충남기술원 화훼연구소

나. SNP 후보군 선발

새로운 SNP분자표지를 개발하기 위하여 기존의 RNA sequencing 데이터를 이용하여 품종 식별에 활용이 가능한 SNP candidate를 확보하였다. NGS분석은 Short read data의 sequence quality에 따른 trimming 후, reference genome과의 alignment를 수행하여 consensus sequence를 작성한다. 프로그램을 이용하여 raw SNP(In/Del) 및 SSR detection 후에, *SEEDERS in-house* script를 이용하여 샘플 간의 SNP(In/Del) 및 SNP matrix를 작성하고, 유의한 SNP(In/Del) 및 SSR 후보 선발을 위한 filtering 과정을 진행 후, 추가적으로 alignment 과정 중에 국화와 공개된 표준 유전체 간의 mapping율이 매우 낮은 문제를 해결하기 위하여 *de novo* assembly를 수행 결과 생성된 contig를 reference로 이용하여 분석을 진행하

였다. NGS분석을 위하여 사용된 2품종(델리아크림, 설미)의 SNP 후보군은 표2에서 보는 바와 같다.

Table 2. Summary of SNP survey in Chrysanthemum

Sample	Num. of total SNP	Num. of homozygous (read depth \geq 90%)	Num. of heterozygous (60% \geq read depth \geq 40%)	Num. of etc. (homo/heterozygous 구분할 수 없는 경우)
SP델리아크림	294,478	1,417	48,564	244,497
Stan설미	341,193	60,469	56,214	224,510

Table 3. polymorphism of SNP in Chrysanthemum

Sample	Num. of homozygous	Num. of polymorphic SNP
SP델리아크림	1,417	18,041
Stan설미	60,469	

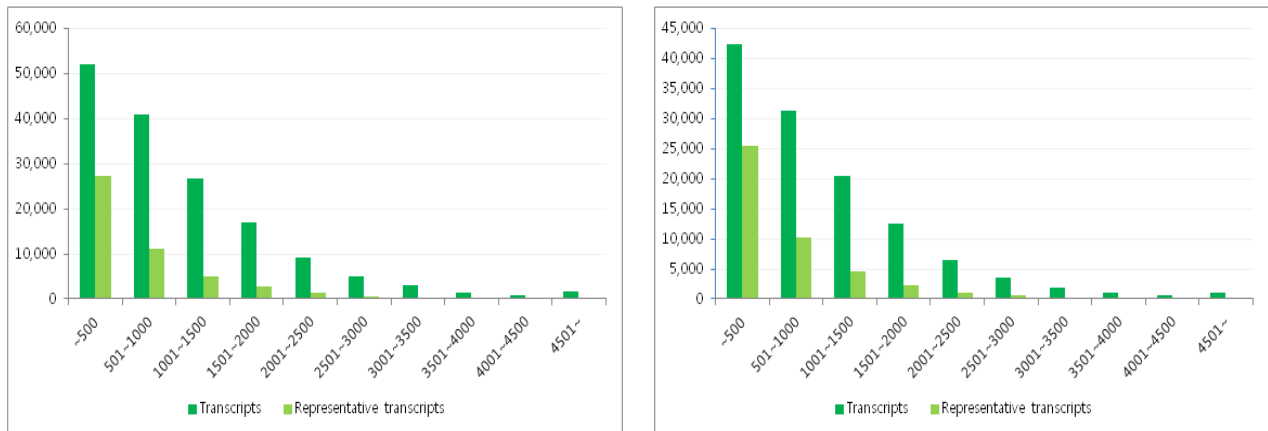


Figure 1. Result of de novo transcriptome assembly of Deliacrean and Sulmi

다. SNP마커 개발 및 다형성 분석

국화 품종식별에 효과적인 SNP마커 개발을 위하여 델리아크림과 설미 품종간의 차세대 염기서열분석 결과 다형성을 보이는 18천개의 SNP locus 중에서 Frequency가 높은 90개의 SNP를 선발한 후, Direct Sequencing을 통하여 정확한 유전자형을 확인하고 품종식별을 위한 47개 프라이머를 디자인하였다. 품종식별용 마커는 저비용의 분석을 위하여 Allele specific primer를 제작하여 ‘프로기’, ‘포드’, ‘설미’, ‘신미’, ‘델리아크림’ 국화 5품종에 대한 유전자형 확인을 시도하였다. PCR 반응은 국화계놈 DNA 10ng 1.5ul, 50pmole의 SNP primer, 0.15 μ l 2 \times Multiplex PCR mix(Solgent. co.) 10.0ul에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 20 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 30회 실시하며, pre-denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서

15분, denaturation은 94°C 에서 30초, annealing은 60°C 에서 30초, extension은 72°C 에서 30초, final-extension은 72°C 에서 7분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 3%의 아가로스 상에서 전기영동하고 밴드 출현의 유무를 통하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다. 5품종에서 Direct Sequencing 결과와 동일한 PCR결과를 보이는 최초의 47개의 프라이머를 선발하였다. 선발된 마커를 사용하여 공시시료 84품종에 대하여 validation을 실시하였다.

Table 4. The 47 SNP markers used for identification of Chrysanthemum

No.	SNP name	5'_primer_seq	3'_primer_seq
1	DalkC1	TAAGAGCCAAAAGGTCCCGAC	ACATCATCCTCACTGTACGACGTG
2	DalkC2	ATAATGTTTGGTCCAGTACACAACAC	AAATACCTCTTGGTGTCCCTGC
3	DalkC3	AACAAAAGTCTGGTCACTGTCATG	TCGTTGTATTCAAGAGTGATGTGC
4	DalkC4	TTTTTCATGACAGCACTGACGTC	TCGTTGTATTCAAGAGTGATGTGC
5	DalkC5	AACAAGATCAGCTGAGGCAGATA	AGTTTACAAACCTCTGCACTTTTCAG
6	DalkC6	GGTCAACCACAAGCGTCTGC	AACACTAAACTCCTAAACTCTTCCGC
7	DalkC7	GTGAAGGATGCGCGTCC	AACACTAAACTCCTAAACTCTTCCGC
8	DalkC8	CGGAAAGTTGGAGATTGGTTGA	AACACTAAACTCCTAAACTCTTCCGC
9	DalkC9	AATCTCACCGACAAACCAATTC	AATAATAAGAAAATCCACCTTCACC
10	DalkC10	AGATTTCCATCTCGTTTAATGGTC	ATCGTGCAAAAACACATGTGTGC
11	DalkC11	GGAGGCCCAACTTTGTGTGTG	ATCGTGCAAAAACACATGTGTGC
12	DalkC12	AACATAGTTTTGAAAGATGCGACC	ATCGTGCAAAAACACATGTGTGC
13	DalkC13	TCCACGTTAAGTATCGGCCG	ATCGTGCAAAAACACATGTGTGC
14	DalkC14	TACGCCACCACAAAAACCAC	ACTTATAACTATTTAACAAATCATCCGC
15	DalkC15	GAATGTGCTCCGACTAAAGCC	ATCGTGCAAAAACACATGTGTGC
16	DalkC16	TACGCCACCACAAAAACCAC	TCATACACCACATCTGGCAAAAC
17	DalkC17	TACGCCACCACAAAAACCAC	AATATATAGCCCCATCTACCC
18	DalkC21	GGAGGCCCAACTTTGTGTGTG	TAGCCATAACCGCAGCCG
19	DalkC22	AACATAGTTTTGAAAGATGCGACC	TAGCCATAACCGCAGCCG
20	DalkC23	TCGGACGCAGCTTAAAGCAG	TAGCCATAACCGCAGCCG
21	DalkC24	TGAATGTGCTCCGACTAAAGCC	TAGCCATAACCGCAGCCG
22	DalkC25	TTCATTACGCCACCACAAAAAC	GGATAATATCCCTTAGGCGCG
23	DalkC26	GGAGCCTTTGACAACGGAAC	ACCCAATTTAATTTGAATCCGAG
24	DalkC27	GGAGCCTTTGACAACGGAAC	TGCCTACACAACCCATTTTCG
25	DalkC28	TCGTAAGGCTGAAATGATCTTGG	AGAATTCAATGTACATAACAGTCAACAC
26	DalkC29	AATTCTGCATTCCCATTTGTATTC	TGCCTACACAACCCATTTTCG
27	DalkC30	TGCAATTCTGATATCAGCAGAAGTG	TGTTAGACTACAGTTTGGGTTGTTTTTC

28	DalkC31	AACTTTCTTGAGAAAAGTATTCCG	TGTTAGACTACAGTTTGGGTTGTTTTTC
29	DalkC32	TCCTTGCTCAAAGTCCTCCC	AAAGAATAAAAAAGGTCATATGTGTCC
30	DalkC33	CCAGGTAACTTTTAGTCTACTATGGCG	AAAGAATAAAAAAGGTCATATGTGTCC
31	DalkC34	TAACTTTTAGTCTACTATGTGCTTAGGAATAT	AAAGAATAAAAAAGGTCATATGTGTCC
32	DalkC35	TCAAGTCATTATCCGGTTATTGG	AATTGACACTAAAAAGTTACATGTGAAC
33	DalkC39	TCAAGTCATTATCCGGTTATTGG	ATTTTGAGTTTGCATAGTCAAACCTG
34	DalkC41	TGACCCTGGGGAGTTGACAC	AGAATTAAGGGAACCTAACCCAGAGATACC
35	DalkC42	TGCTACTCTTTTGTCTTTTATATTACTGTG	AGAATTAAGGGAACCTAACCCAGAGATACC
36	DalkC43	GGGTACAAAAGTACTACTGATCCTTCC	AGAATTAAGGGAACCTAACCCAGAGATACC
37	DalkC48	AGGCTTGTAGCTGCTCGGATT	TCGACAAACACTTCTCGTAGCTAG
38	DalkC49	ACGTAATGGGGACGGAAAAAG	TCGACAAACACTTCTCGTAGCTAG
39	DalkC50	ATCCAGTCCAATATCGATCCG	TCGACAAACACTTCTCGTAGCTAG
40	DalkC51	AGGGTTAGCCACACTTTTGTCC	TCGACAAACACTTCTCGTAGCTAG
41	DalkC55	AGGGTTAGCCACACTTTTGTCC	TTTCCATCCAGATGACATCCG
42	DalkC56	ACAGGCTTGTAGCTGCTCGG	CTTCGACTGAGCCTTTGCAA
43	DalkC57	GTCAAGACAATGCAGCCCAAG	TTTGAATCCTCTCCACATAAGCC
44	DalkC59	AACTTTATCCCAACAATTGCCAG	CAGACCTCGTCCACGTCTCC
45	DalkC61	CAAAAATGGTCTGGTGCTAATGAC	CAGACCTCGTCCACGTCTCC
46	DalkC62	TAATTATTATGACAGGGTGCTTCGA	CAGACCTCGTCCACGTCTCC
47	DalkC67	AGTCAAGACAATGCAGCCCTAG	TTTACCTTTGCCCATAGCAGC

3) 결과 및 고찰

가. SNP 프라이머 개발 및 DB구축

국내 유통 중인 국화 품종식별에 적합한 SNP 마커를 개발하기 위하여 47개의 주요 SNP마커를 이용한 국화 129품종에 대한 다형성 여부를 확인하고 최종적으로 16개의 유의성이 있는 SNP마커를 품종식별용으로 최종 선정하였으며, 이 마커를 사용하여 129품종에 대한 분석결과 개별적인 품종 식별이 가능하게 되었다. 최종 선정된 16개의 SNP마커는 15개의 SNP마커와 1개의 InDel로 구성되어 있으며, InDel 경우, 19개의 염기서열의 삽입 및 결실 (AATCTCACC GACAAACCAA) 변이가 있음을 확인하였다(Table 5). SNP마커의 증폭산물의 크기는 177bp - 481bp이며 향후 품종식별이 효율성을 높이고자 Multiplex 분석을 위한 전 단계로 각 마커별로 다양한 크기의 증폭산물을 디자인하였고 annealing 온도도 60°C로 규격화 하였다. 품종판별을 위하여 개발된 SNP분자표지의 정확도 향상 및 반응의 적정성 여부를 확인하기 위하여 내재유전자로 식물체의 광합성 과정에서 CO₂고정에 관여하는 유전자인 rbcL(ribulose-1,5- biphosphate carboxylase/oxygenase)에 대한 프라이머를 제작하여 활용하였다. SNP마커 및 내재유전자를 활용한 PCR결과는 그림 2와 같이 발췌를 하였다

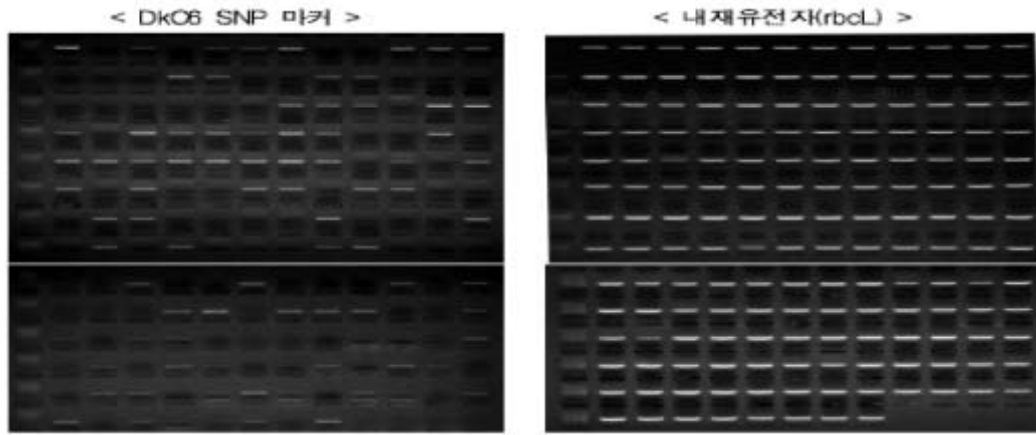


Figure. 2. Electrophoresis result of Chrysanthemum using SNP marker

Table 5. Primer sequence of SNP markers.

연번	마커명	프라이머 서열(5'→3')	크기(bp)	중복산출크기 (bp)	변이종류	어닐링 온도 (°C)	유전자형	PIC	PCR amplicon						
									A	B	C	D	E		
1	DkC1	F TAAGAGCCAAAAGTCCCGAC R ACATCATCCTCACTGTACGACGTG	21 24	188	SNP	60	[C/T]	0.496							
2	DkC5	F AACAAAGATCAGCTGAGGCAGATA R AGTTTACAAAACCTCTGCACCTTCAG	23 25	264	SNP	60	[A/T]	0.273							
3	DkC6	F GGTCAACCACAAAGCGTCTGC R AACACTAAACTCCTAAACTCTCCGC	20 26	261	SNP	60	[C/T]	0.500							
4	DkC8	F CGGAAAGTTGGAGATTGGTTGA R AACACTAAACTCCTAAACTCTCCGC	22 26	177	SNP	60	[A/T]	0.496							
5	DkC9	F AATCTCACCGACAAAACCAATTC R AATAATAAAGAAAATCCACCTTCACC	22 26	330	INDEL	60	[AATCTCACCGACAAAACCA]	0.467							
6	DkC13	F TCCACGTTAAGTATCGGCGG R ATCGTGCAAAAACACATGTGTC	20 22	293	SNP	60	[A/G]	0.439							
7	DkC28	F TCGTAAGGCTGAAATGATCTTGG R AGAATTCATGTACATAACAGTCAACAC	23 28	192	SNP	60	[A/G]	0.229							
8	DkC30	F TGCAATTCGTATATCAGCAGAAGTG R TGTTAGACTACAGTTGGGTTGTTTC	25 27	481	SNP	60	[G/A]	0.500							
9	DkC34	F TAACITTTAGTCTACTATGTGTTAGGAATAT R AAAGAATAAAAAAGGCATATGTGTCC	32 27	222	SNP	60	[G/A]	0.206							
10	DkC39	F TCAAGTCATTATCCGGTTATTGG R ATTTTGAGTTTGCATAGTCAAACCTG	23 26	269	SNP	60	[T/C]	0.500							
11	DkC41	F TGACCCCTGGGGAGTTGACAC R AGAATTAAGGGAACCTAACAGAGATACC	20 28	245	SNP	60	[G/A], [A/C]	0.381							
12	DkC42	F TGCTACTCTTTTGTTCCTTATATTACTGTG R AGAATTAAGGGAACCTAACAGAGATACC	31 28	188	SNP	60	[C/T], [A/T], [C/G]	0.388							
13	DkC43	F GGGTACAAAAGTACTACTGATCCTTCC R AGAATTAAGGGAACCTAACAGAGATACC	27 28	145	SNP	60	[CC/GT]	0.475							
14	DkC48	F AGGCTTTAGCTGCTCGSATT R TCSACAAACACTTCTCGTAGCTAG	21 24	373	SNP	60	[T/A]	0.251							
15	DkC59	F AACTTTATCCCAACAATTGCCAG R CAGACCTCGTCCACGTCTCC	23 20	457	SNP	60	[A/G]	0.357							
16	DkC61	F CAAAAATGGTCTGGTCTAATGAC R CAGACCTCGTCCACGTCTCC	24 20	274	SNP	60	[C/T]	0.495							

A: 프로기, B: 포드, C: 설미, D: 신마, E: 델리아크림

최종 선정된 SNP마커의 품종 식별능을 확인하기 위하여 GeneAlex 6.1 프로그램을 사용하여 마커의 다형성을 측정할 수 있는 Shannon's Information Index(I)를 구하였으며, 그 결과 마커의 I index는 0.227 - 0.655으로 평균 0.568의 높은 수준의 유전적 다형성을 나타내어 향후 품종보호 출원품종의 대조품종선정, 종자분쟁 해결 등에 활용이 가능한 효과적인 마커임을 확인하였다.

$$I = - \sum p_i \ln p_i$$

Table 6. Summary of AS-PCR SNP markers developed in this study

SNP marker	Band Freq.	p	q	N	Na	Ne	I	He	UHe
DkC1	0.543	0.324	0.676	129.000	2.000	1.779	0.630	0.438	0.440
DkC5	0.837	0.597	0.403	129.000	2.000	1.928	0.674	0.481	0.483
DkC6	0.512	0.301	0.699	129.000	2.000	1.727	0.612	0.421	0.423
DkC8	0.457	0.263	0.737	129.000	2.000	1.634	0.577	0.388	0.390
DkC9	0.372	0.208	0.792	129.000	2.000	1.490	0.511	0.329	0.330
DkC13	0.326	0.179	0.821	129.000	2.000	1.416	0.470	0.294	0.295
DkC28	0.868	0.637	0.363	129.000	2.000	1.860	0.655	0.462	0.464
DkC30	0.512	0.301	0.699	129.000	2.000	1.727	0.612	0.421	0.423
DkC34	0.116	0.060	0.940	129.000	2.000	1.127	0.227	0.113	0.113
DkC39	0.496	0.290	0.710	129.000	2.000	1.700	0.602	0.412	0.414
DkC41	0.744	0.494	0.506	129.000	2.000	2.000	0.693	0.500	0.502
DkC42	0.736	0.487	0.513	129.000	2.000	1.999	0.693	0.500	0.502
DkC43	0.388	0.217	0.783	129.000	2.000	1.516	0.524	0.340	0.342
DkC48	0.853	0.616	0.384	129.000	2.000	1.897	0.666	0.473	0.475
DkC59	0.233	0.124	0.876	129.000	2.000	1.277	0.375	0.217	0.218
DkC61	0.450	0.258	0.742	129.000	2.000	1.621	0.571	0.383	0.384

* Na = No. of Different Alleles

* Ne = No. of Effective Alleles = $1 / (p^2 + q^2)$

* I = Shannon's Information Index = $-1 * (p * \ln(p) + q * \ln(q))$

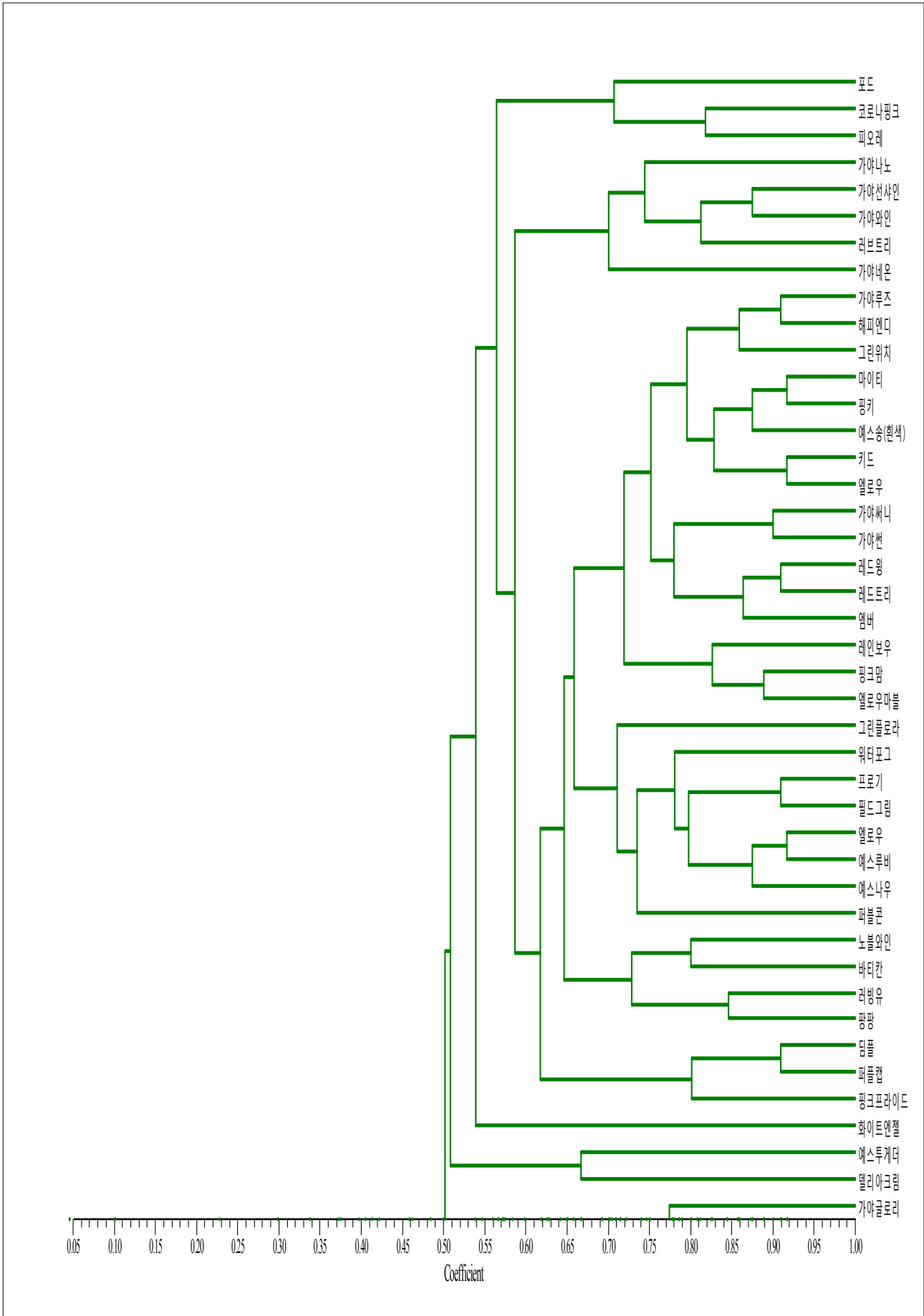
* He = Expected Heterozygosity = $2 * p * q$

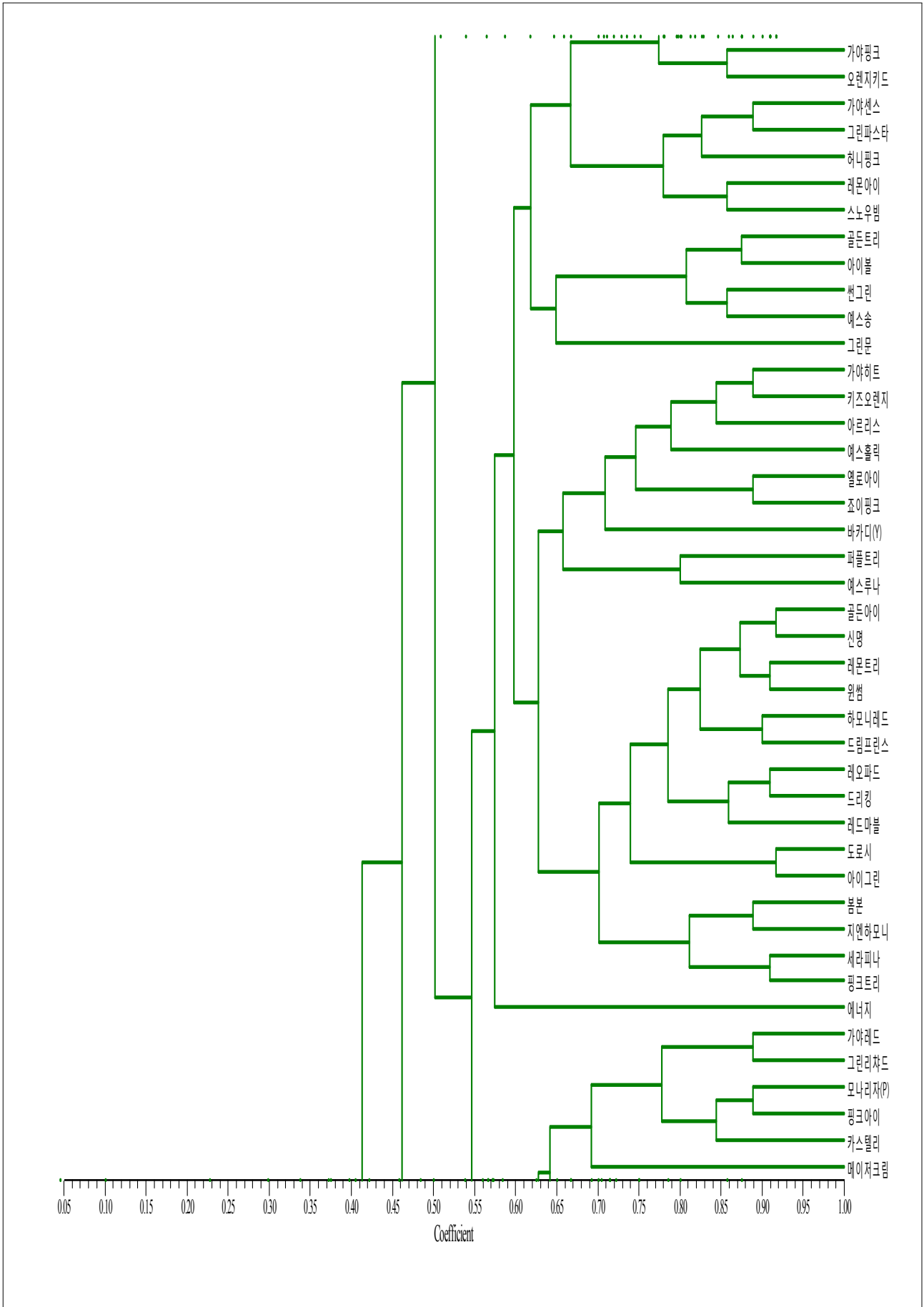
* UHe = Unbiased Expected Heterozygosity = $(2N / (2N-1)) * He$

Where for Diploid Binary data and assuming Hardy-Weinberg Equilibrium,
 $q = (1 - \text{Band Freq.})^{0.5}$ and $p = 1 - q$.

또한 선발된 SNP마커를 이용하여 국내 국화 129품종에 대한 유전적 연관관계를 확인하고자 NTSYS 프로그램을 사용하여 Phylogenic tree를 작성하였으며, 이 분석을 위하여 1-Jaccard similarity coefficient를 적용하여 tree를 작성하였으며 GeneAlex 6.1 프로그램을 사용하여 Principle Component Assay(PCA)를 작성하였다.

* Jaccard distance (d):
$$d_J = \frac{M_{01} + M_{10}}{M_{01} + M_{10} + M_{11}} = 1 - J.$$





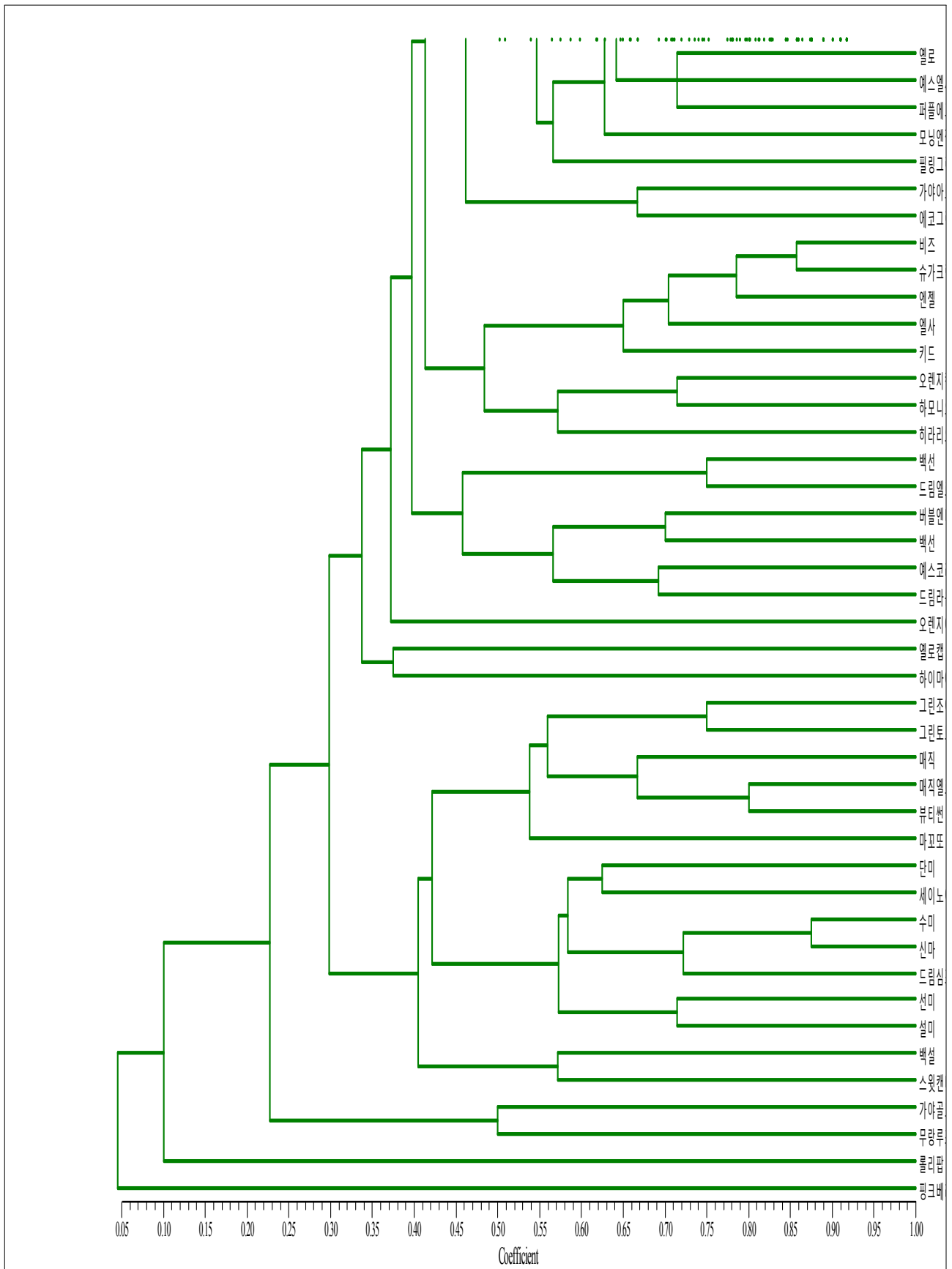


Fig 3. Phylogenetic tree of 129 Chrysanthemum using SNP marker

결론적으로 25개의 SNP마커를 사용하여 블루베리 84품종에 대한 품종식별이 안정적으로 수행되었음을 확인할 수 있었고, 개발된 SNP마커는 신속, 저비용의 분석법으로 향후 품종보호 출원품종의 대조품종 선정, 종자분쟁해결 등 종자유통관리에 효과적으로 활용이 가능할 것으로 사료 된다.

12. SSR 마커를 이용한 배 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

배(*Pyrus serinitina* L.)는 사과, 복숭아, 포도에 이어 우리나라 4대 과실 중 하나이다. 국내 배 분자마커 관련 연구는 과실 특성과 연관된 RAPD, AFLP 마커 개발에 대한 연구(Kim *et al.*, 2004)와 우리나라 야생배와 일본배, F₁을 이용한 genetic linkage map 작성에 관한 연구(Choi *et al.*, 2010)등 배의 형태적 특성과 기능, 내병성과 연관된 분자마커 개발은 다양하게 시도되고 있으나, 실제적으로 이용되고 있는 경우는 많지 않다. 이는 과수작물의 재배시 문제가 되는 긴 재배기간, 자가불화합성, 식물의 크기 등 DNA 마커를 연구하기에 많은 제약이 있기 때문인 것으로 생각된다. 국내 육성되고 있는 배 품종을 대상으로 한 분자마커를 활용한 우리나라 배 품종식별에 관련된 연구는 아직 미비한 실정이다. 따라서 본 연구에서는 SSR 마커를 이용하여 국내 유통되는 배 품종의 유전자형 분석을 통해 표준화 된 DB 구축을 위하여 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 배 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 genomic DNA 분리

국내에서 유통되는 배 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 국립원예특작과학원으로부터 87개의 품종 및 유전자원을 분양받아 유전자 분석재료로 이용하였다(Table 1). 공시품종의 DNA 분리는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 분리된 DNA는 분광광도계 (NanoDrop2000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ L당 5ng의 농도로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial pear varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

No.	품종명	No.	품종명	No.	품종명
1	견착	30	미황	59	창조(나44)
2	Passa Crassene	31	꿀배	60	금천설리
3	Beze Ligelya	32	영목리	61	래양자리
4	공주청설리	33	청서리	62	설화리
5	팔리	34	OPR-113	63	청룽침
6	Abate fetal	35	황실리	64	탕산소(탕산수)
7	Bosc	36	신고	65	대두황리
8	OPR-264	37	신수	66	만원향
9	P. abarttiagi	38	풍수	67	진수
10	P. aromatica	39	행수	68	황형장파

11	<i>P. dimorphophylla</i>	40	금촌추	69	논산콩배
12	<i>P. hondoensis</i>	41	만삼길	70	이누나시
13	진황	42	이십세기	71	OPR-265
14	단배	43	장십랑	72	암수산리
15	영산배	44	군충조생	73	한아름
16	황금	45	대원홍	74	조이스킨(나53)
17	감천배	46	수진조생	75	Redspire
18	수황배	47	신세기	76	원교 나-11
19	원황	48	영리	77	진유
20	화산	49	장수	78	조선
21	감로	50	취성	79	명월
22	만수	51	추황	80	전희천
23	신일	52	녹수(나-38)	81	정마려
24	만풍	53	만황(나-39)	82	팔행
25	신천	54	수영(나36)	83	소담(원교 나-62)
26	조생황금	55	스위트스킨	84	솔미(원교 나-58)
27	개량홍리35	56	조생적	85	스위트코스트(나-61)
28	금촌조생	57	길향	86	신화(나-46)
29	미니배	58	왕추	87	원교나기후(나-45)

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

국내 배 품종식별에 효과적인 SSR 마커를 선발하기 위하여 총 287개의 마커; 21개 (Nishitani et al., 2009) 국립원예특작과학원 정책제안 마커와 기존 개발된 42개 SSR 마커 (Hemmat et al., 2003), 120개 SSR 마커(Fan et al., 2013), 104개 SSR 마커(Yue et al., 2014)(Table 1)를 이용하여 다형성이 있고, 재현성이 있는 SSR 마커를 선발하였다.

Table 2. The 287 SSR primers tested for genetic characterization of chrysanthemum varieties.

No.	SSR marker	Motif	Reference	No.	SSR marker	motif	Reference
1	TsuENH002	(GA) _{12.5}	Nishitani et al., 2009	145	NAUpy87h	-	Fan et al., 2013
2	TsuENH004	(AG) _{9.5}	Nishitani et al., 2009	146	NAUpy88h	-	Fan et al., 2013
3	TsuENH006	(GA) _{17.5}	Nishitani et al., 2009	147	NAUpy88x	-	Fan et al., 2013
4	TsuENH007	(CT) ₁₆	Nishitani et al., 2009	148	NAUpy89c	-	Fan et al., 2013
5	TsuENH008	(TC) ₁₅	Nishitani et al., 2009	149	NAUpy89h	-	Fan et al., 2013
6	TsuENH009	(CT) _{11.5} C(CT) ₁₀	Nishitani et al., 2009	150	NAUpy90w	-	Fan et al., 2013
7	TsuENH011	(AG) ₁₄	Nishitani et al., 2009	151	NAUpy91b	-	Fan et al., 2013
8	TsuENH012	(CT) _{7.5} A(CT) ₃	Nishitani et al., 2009	152	NAUpy91h	-	Fan et al., 2013
9	TsuENH016	(GA) _{10.5}	Nishitani et al., 2009	153	NAUpy91t	-	Fan et al., 2013
10	TsuENH017	(GA) ₁₆	Nishitani et al., 2009	154	NAUpy92a	-	Fan et al., 2013
11	TsuENH019	(TC) _{20.5}	Nishitani et al., 2009	155	NAUpy92e	-	Fan et al., 2013
12	TsuENH025	(CT) _{10.5}	Nishitani et al., 2009	156	NAUpy92h	-	Fan et al., 2013
13	TsuENH046	(TTC) ₅	Nishitani et al., 2009	157	NAUpy92x	-	Fan et al., 2013
14	TsuENH049	(GCA) ₄	Nishitani et al., 2009	158	NAUpy94h	-	Fan et al., 2013
15	TsuENH071	(CTTCCT) ₃	Nishitani et al., 2009	159	NAUpy94x	-	Fan et al., 2013
16	TsuENH079	(CCA) ₆	Nishitani et al., 2009	160	NAUpy95h	-	Fan et al., 2013
17	TsuENH087	(TCC) ₄	Nishitani et al., 2009	161	NAUpy98h	-	Fan et al., 2013
18	TsuENH090	(CCT) ₅	Nishitani et al., 2009	162	NAUpy98s	-	Fan et al., 2013
19	TsuENH093	(TGC) ₄	Nishitani et al., 2009	163	NAUpy98x	-	Fan et al., 2013
20	TsuENH094	(TAA) ₃ (GGA) ₃	Nishitani et al., 2009	164	NAUpy99h	-	Fan et al., 2013
21	TsuENH096	(GAG) ₇	Nishitani et al., 2009	165	NAUpy18d	-	Fan et al., 2013

22	*SSR	-	Hemmat et al., 2003	166	NAUpy30u	-	Fan et al., 2013
23	CH01B12	-	Hemmat et al., 2003	167	NAUpy62u	-	Fan et al., 2013
24	CH01E12	-	Hemmat et al., 2003	168	NAUpy43w	-	Fan et al., 2013
25	CH01G12	-	Hemmat et al., 2003	169	NAUpy11d	-	Fan et al., 2013
26	CH01H01	-	Hemmat et al., 2003	170	NAUpy13d	-	Fan et al., 2013
27	CH01H10	-	Hemmat et al., 2003	171	NAUpy21d	-	Fan et al., 2013
28	CH02B10	-	Hemmat et al., 2003	172	NAUpy22d	-	Fan et al., 2013
29	CH02B12	-	Hemmat et al., 2003	173	NAUpy23d	-	Fan et al., 2013
30	CH02C06	-	Hemmat et al., 2003	174	<i>NAUpy24d</i>	-	Fan et al., 2013
31	CH02D12	-	Hemmat et al., 2003	175	NAUpy25d	-	Fan et al., 2013
32	CH01F02	-	Hemmat et al., 2003	176	NAUpy27d	-	Fan et al., 2013
33	*GD-6	-	Hemmat et al., 2003	177	NAUpy28d	-	Fan et al., 2013
34	*GD-12	-	Hemmat et al., 2003	178	NAUpy29d	-	Fan et al., 2013
35	*GD-96	-	Hemmat et al., 2003	179	NAUpy30d	-	Fan et al., 2013
36	GD-100	-	Hemmat et al., 2003	180	NAUpy33d	-	Fan et al., 2013
37	*GD-103	-	Hemmat et al., 2003	181	NAUpy34d	-	Fan et al., 2013
38	*GD-112	-	Hemmat et al., 2003	182	NAUpy35d	-	Fan et al., 2013
39	*GD-126	-	Hemmat et al., 2003	183	NAUpy06z	-	Fan et al., 2013
40	*GD-127	-	Hemmat et al., 2003	184	TXY1	(AC) ₉	Yue et al., 2014
41	*GD-136	-	Hemmat et al., 2003	185	TXY2	(AC) ₉	Yue et al., 2014
42	GD-142	-	Hemmat et al., 2003	186	TXY4	(AC) ₉	Yue et al., 2014
43	*GD-144	-	Hemmat et al., 2003	187	TXY5	(TG) ₈	Yue et al., 2014
44	GD-147	-	Hemmat et al., 2003	188	TXY8	(TG) ₈	Yue et al., 2014
45	*GD-153	-	Hemmat et al., 2003	189	TXY11	(TC) ₈	Yue et al., 2014
46	*GD-154	-	Hemmat et al., 2003	190	TXY12	(TC) ₈	Yue et al., 2014
47	*GD-158	-	Hemmat et al., 2003	191	TXY15	(TC) ₈	Yue et al., 2014
48	*GD-161	-	Hemmat et al., 2003	192	TXY16	(TC) ₈	Yue et al., 2014
49	GD-162	-	Hemmat et al., 2003	193	TXY19	(TC) ₈	Yue et al., 2014
50	*NZ-02b1	-	Hemmat et al., 2003	194	TXY20	(TC) ₈	Yue et al., 2014
51	*NZ-03c1	-	Hemmat et al., 2003	195	TXY23	(TC) ₈	Yue et al., 2014
52	*NZ-04h11	-	Hemmat et al., 2003	196	TXY25	(TC) ₈	Yue et al., 2014
53	*NZ-05g8	-	Hemmat et al., 2003	197	TXY29	(TC) ₈	Yue et al., 2014
54	*NZ-17e6	-	Hemmat et al., 2003	198	TXY33	(GT) ₈	Yue et al., 2014
55	NZ-26c6	-	Hemmat et al., 2003	199	TXY40	(GA) ₈	Yue et al., 2014
56	*NZ-28f4	-	Hemmat et al., 2003	200	TXY45	(GA) ₈	Yue et al., 2014
57	*UK-MS11H08	-	Hemmat et al., 2003	201	TXY47	(GA) ₈	Yue et al., 2014
58	*UK-MS14B04	-	Hemmat et al., 2003	202	TXY48	(GA) ₈	Yue et al., 2014
59	*UK-MS14H03	-	Hemmat et al., 2003	203	TXY49	(GA) ₈	Yue et al., 2014
60	*UK-MS02A01	-	Hemmat et al., 2003	204	TXY51	(GA) ₈	Yue et al., 2014
61	*UK-MS01A03	-	Hemmat et al., 2003	205	TXY53	(GA) ₈	Yue et al., 2014
62	*UK-MS01A05	-	Hemmat et al., 2003	206	TXY61	(CT) ₈	Yue et al., 2014
63	*UK-MS02H06	-	Hemmat et al., 2003	207	TXY62	(CT) ₈	Yue et al., 2014
64	NAUpy01i	-	Fan et al., 2013	208	TXY63	(CT) ₈	Yue et al., 2014
65	NAUpy02i	-	Fan et al., 2013	209	TXY75	(CT) ₈	Yue et al., 2014
66	NAUpy02z	-	Fan et al., 2013	210	TXY77	(CT) ₈	Yue et al., 2014
67	NAUpy03i	-	Fan et al., 2013	211	TXY79	(CT) ₈	Yue et al., 2014
68	NAUpy04i	-	Fan et al., 2013	212	TXY83	(CA) ₈	Yue et al., 2014
69	NAUpy05i	-	Fan et al., 2013	213	TXY85	(CA) ₈	Yue et al., 2014
70	NAUpy06d	-	Fan et al., 2013	214	TXY86	(AG) ₈	Yue et al., 2014
71	NAUpy06i	-	Fan et al., 2013	215	TXY88	(AG) ₈	Yue et al., 2014
72	NAUpy07i	-	Fan et al., 2013	216	TXY93	(AG) ₈	Yue et al., 2014
73	NAUpy07u	-	Fan et al., 2013	217	TXY94	(AG) ₈	Yue et al., 2014
74	NAUpy08i	-	Fan et al., 2013	218	TXY95	(AG) ₈	Yue et al., 2014
75	NAUpy10c	-	Fan et al., 2013	219	TXY100	(AG) ₈	Yue et al., 2014

76	NAUpy10i	-	Fan et al., 2013	220	TXY102	(AC) ₈	Yue et al., 2014
77	NAUpy11i	-	Fan et al., 2013	221	TXY104	(AC) ₈	Yue et al., 2014
78	NAUpy12c	-	Fan et al., 2013	222	TXY114	(CT) ₉	Yue et al., 2014
79	NAUpy22c	-	Fan et al., 2013	223	TXY119	(TC) ₈	Yue et al., 2014
80	NAUpy23f	-	Fan et al., 2013	224	TXY120	(TC) ₈	Yue et al., 2014
81	NAUpy24c	-	Fan et al., 2013	225	TXY121	(CT) ₈	Yue et al., 2014
82	NAUpy27c	-	Fan et al., 2013	226	TXY123	(CT) ₈	Yue et al., 2014
83	NAUpy29u	-	Fan et al., 2013	227	TXY126	(GAA) ₆	Yue et al., 2014
84	NAUpy30c	-	Fan et al., 2013	228	TXY132	(CCT) ₆	Yue et al., 2014
85	NAUpy31a	-	Fan et al., 2013	229	TXY133	(CGA) ₆	Yue et al., 2014
86	NAUpy31t	-	Fan et al., 2013	230	TXY136	(ATG) ₆	Yue et al., 2014
87	NAUpy32c	-	Fan et al., 2013	231	TXY138	(GCC) ₆	Yue et al., 2014
88	NAUpy33v	-	Fan et al., 2013	232	TXY144	(GAG) ₁₁	Yue et al., 2014
89	NAUpy35c	-	Fan et al., 2013	233	TXY147	(TC) ₉	Yue et al., 2014
90	NAUpy35v	-	Fan et al., 2013	234	TXY149	(TC) ₉	Yue et al., 2014
91	NAUpy36t	-	Fan et al., 2013	235	TXY150	(TC) ₉	Yue et al., 2014
92	NAUpy38c	-	Fan et al., 2013	236	TXY151	(TC) ₉	Yue et al., 2014
93	NAUpy38e	-	Fan et al., 2013	237	TXY152	(GA) ₉	Yue et al., 2014
94	NAUpy39h	-	Fan et al., 2013	238	TXY153	(GA) ₉	Yue et al., 2014
95	NAUpy40c	-	Fan et al., 2013	239	TXY154	(CT) ₉	Yue et al., 2014
96	NAUpy41v	-	Fan et al., 2013	240	TXY155	(CT) ₉	Yue et al., 2014
97	NAUpy43c	-	Fan et al., 2013	241	TXY156	(CA) ₉	Yue et al., 2014
98	NAUpy45f	-	Fan et al., 2013	242	TXY157	(AG) ₉	Yue et al., 2014
99	NAUpy46k	-	Fan et al., 2013	243	TXY158	(AG) ₉	Yue et al., 2014
100	NAUpy14d	-	Fan et al., 2013	244	TXY161	(GCT) ₅	Yue et al., 2014
101	NAUpy48t	-	Fan et al., 2013	245	TXY164	(TGC) ₅	Yue et al., 2014
102	NAUpy53a	-	Fan et al., 2013	246	TXY166	(CCA) ₅	Yue et al., 2014
103	NAUpy55k	-	Fan et al., 2013	247	TXY167	(GCA) ₆	Yue et al., 2014
104	NAUpy56h	-	Fan et al., 2013	248	TXY168	(CAG) ₆	Yue et al., 2014
105	NAUpy58t	-	Fan et al., 2013	249	TXY170	(CAT) ₉	Yue et al., 2014
106	NAUpy60e	-	Fan et al., 2013	250	TXY176	(CGT) ₇	Yue et al., 2014
107	<i>NAUpy16d</i>	-	Fan et al., 2013	251	TXY177	(CGT) ₇	Yue et al., 2014
108	NAUpy64h	-	Fan et al., 2013	252	TXY181	(GTG) ₇	Yue et al., 2014
109	NAUpy64t	-	Fan et al., 2013	253	TXY182	(CCT) ₇	Yue et al., 2014
110	NAUpy66w	-	Fan et al., 2013	254	TXY185	(CAG) ₇	Yue et al., 2014
111	NAUpy67h	-	Fan et al., 2013	255	TXY189	(TTC) ₇	Yue et al., 2014
112	NAUpy67t	-	Fan et al., 2013	256	TXY192	(GCG) ₆	Yue et al., 2014
113	NAUpy68h	-	Fan et al., 2013	257	TXY193	(TCC) ₆	Yue et al., 2014
114	NAUpy68n	-	Fan et al., 2013	258	TXY194	(CCT) ₆	Yue et al., 2014
115	NAUpy69h	-	Fan et al., 2013	259	TXY195	(GAG) ₆	Yue et al., 2014
116	NAUpy70h	-	Fan et al., 2013	260	TXY210	(CCA) ₆	Yue et al., 2014
117	NAUpy71h	-	Fan et al., 2013	261	TXY213	(CCG) ₆	Yue et al., 2014
118	NAUpy71v	-	Fan et al., 2013	262	TXY214	(ACC) ₆	Yue et al., 2014
119	NAUpy17d	-	Fan et al., 2013	263	TXY215	(GAA) ₆	Yue et al., 2014
120	NAUpy72h	-	Fan et al., 2013	264	TXY219	(GTG) ₆	Yue et al., 2014
121	NAUpy73h	-	Fan et al., 2013	265	TXY222	(GAA) ₆	Yue et al., 2014
122	NAUpy73m	-	Fan et al., 2013	266	TXY223	(GTG) ₆	Yue et al., 2014
123	NAUpy74f	-	Fan et al., 2013	267	TXY224	(TCC) ₆	Yue et al., 2014
124	NAUpy74h	-	Fan et al., 2013	268	TXY236	(TCC) ₆	Yue et al., 2014
125	NAUpy74v	-	Fan et al., 2013	269	TXY238	(TTC) ₆	Yue et al., 2014
126	NAUpy75h	-	Fan et al., 2013	270	TXY257	(CAC) ₆	Yue et al., 2014
127	NAUpy75t	-	Fan et al., 2013	271	TXY260	(GGC) ₆	Yue et al., 2014
128	NAUpy76h	-	Fan et al., 2013	272	TXY263	(TGC) ₆	Yue et al., 2014
129	NAUpy77h	-	Fan et al., 2013	273	TXY267	(TC) ₉	Yue et al., 2014

130	NAUpy79h	-	Fan et al., 2013	274	TXY268	(GT) ₉	Yue et al., 2014
131	NAUpy80h	-	Fan et al., 2013	275	TXY270	(GA) ₉	Yue et al., 2014
132	NAUpy80k	-	Fan et al., 2013	276	TXY276	(CAGCT) ₅	Yue et al., 2014
133	NAUpy81c	-	Fan et al., 2013	277	TXY277	(TGAGG) ₅	Yue et al., 2014
134	NAUpy81h	-	Fan et al., 2013	278	TXY280	(AAGG) ₅	Yue et al., 2014
135	NAUpy81m	-	Fan et al., 2013	279	TXY281	(GCGA) ₅	Yue et al., 2014
136	NAUpy85c	-	Fan et al., 2013	280	TXY282	(TCAC) ₅	Yue et al., 2014
137	NAUpy85d	-	Fan et al., 2013	281	TXY283	(TGC) ₅	Yue et al., 2014
138	NAUpy85h	-	Fan et al., 2013	282	TXY284	(TTC) ₅	Yue et al., 2014
139	NAUpy85x	-	Fan et al., 2013	283	TXY285	(CTT) ₆	Yue et al., 2014
140	NAUpy86c	-	Fan et al., 2013	284	TXY286	(GGA) ₆	Yue et al., 2014
141	NAUpy86h	-	Fan et al., 2013	285	TXY287	(GGC) ₅	Yue et al., 2014
142	NAUpy86n	-	Fan et al., 2013	286	TXY288	(ATC) ₅	Yue et al., 2014
143	NAUpy87c	-	Fan et al., 2013	287	TXY289	(AAG) ₅	Yue et al., 2014
144	NAUpy87d	-	Fan et al., 2013				

배 품종식별에 효과적인 SSR 마커를 선별하기 위하여 87개의 배 품종 중 ‘건착’, ‘Passa Crassene’, ‘Beze Ligelya’, ‘공주청실리’, ‘팔리’, ‘Abate fetal’, ‘Bosc’, ‘OPR-264’ 총 8개의 대표적인 품종을 이용하여 마커를 선별하였다. PCR 반응은 배 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선별하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 배 87품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 겔에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3730XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 4.1프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

국내 배 품종식별에 적합한 SSR 마커를 선별하기 위해 확보된 287개의 SSR 프라이머(Table 2)를 이용하여 ‘건착’ 등 8품종간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 총 22개 마커(TsuENH002, TsuENH017, TsuENH019, TsuENH046, TsuENH071, TsuENH079, CH01H01, GD-136, GD-144, GD-158, NAUpy32c, NAUpy35c, NAUpy24d, TXY45, TXY48, TXY63, TXY75, TXY157, TXY236, TXY238, TXY284, TXY285)를 선별하였다(Fig. 1). 국가 표준 DNA profile 데이터베이스 구축에 활용할 마커로 선정하였다.

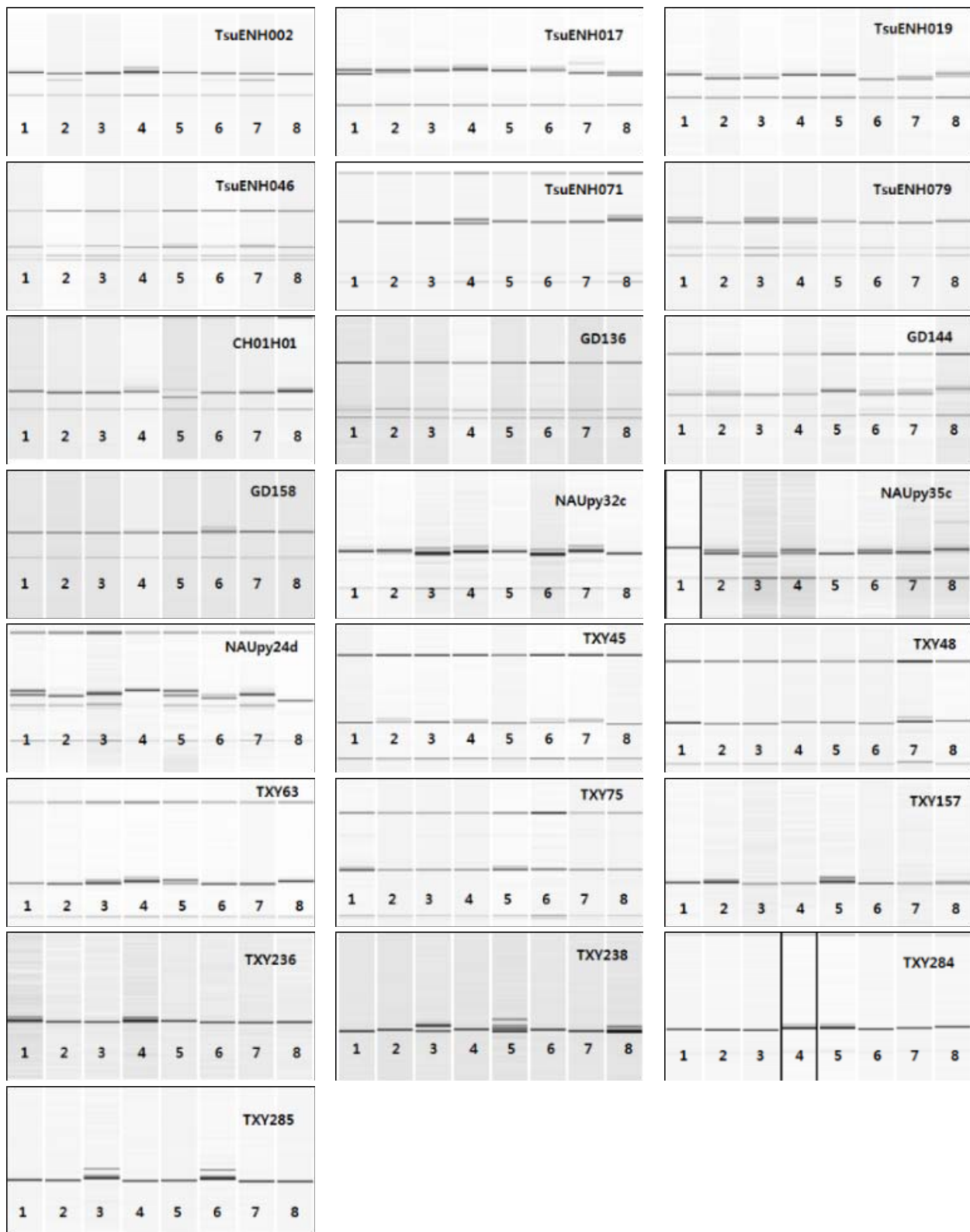


Fig. 1. Polymorphism of SSR markers, CaES5707, CaES5733, CaES5479. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane 1: Gunchak, 2: Passa Crassene, 3: Beze Ligelya, 4: Gongjuchungsill, 5: Palli, 6: Abate fetal, 7: Bosc, 8: OPR-264.

따라서 선발된 22개 SSR 마커들 중 12개의 마커(TsuENH002, TsuENH017, TsuENH019, TsuENH046, TsuENH071, TsuENH079, CH01H01, GD-136, GD-144, GD-158, NAUpy32c, NAUpy35c, NAUpy24d)(Table 3)를 이용하여 데이터베이스 구축을 위해 프라이머의 정방향에 VIC, NED, FAM, PET 중 한가지로 형광 표지한 후, 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 12개 마커 중 자동염기서열분석기로 분석이 가능한 10개 마커를 최종 선발하였고, 이를 이용한 배 87품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4). 본 연구에 포함되지 않은 10개의 마커는 현재 실험 중에 있으며 향후에 DB에 추가할 예정에 있다.

Table 3. 12 SSR markers selected for database construction of pear varieties.

No.	Marker name	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
1	TsuENH002	CAGCAGGAAACACAGAAAAACAG	GTTTCTTATATCGAGCAATCAAGGAAGCAG
2	TsuENH017	ACTTCAAGTAGCCAACTATCAG	GTTTCTTGGCACTCTGTTTCTTATCAAC
3	TsuENH019	CTCCGCTCACTCCTCAGAAAGTTT	GTTTCTTAATGCTTGAGTTGGTTGAGCTTC
4	TsuENH046	GGTCATCACCCACTTAAAAACCA	GTTTCTTGTGCCCTGAAGTAATTGAGATGG
5	TsuENH071	GAATGATGAAGGCTGTGAGTT	GTTTCTTGTATAGCGGGGCGAAGAAC
6	TsuENH079	GCGCGTTCTTGGGAGAAGGT	GTTTCTTGCATGTTCTTTTACAGCCTAC
7	CH01H01	GAAAGACTTGCAGTGGGAGC	GGAGTGGGTTTGAGAAGGTT
8	GD-144	GCAAACATAAAACCCATCATTACC	GTAGCCCTCAAAGAACTCCTTGT
9	GD-158	CAACCACTCAGAATGACACCAAC	GAGAAAGACGATGGCTACGAGATT
10	NAUpy32c	CAAATTCTCAGCCGCATC	AGAGACCCCATAGAAGCAGTTT
11	NAUpy35c	ATTGTGTACTATCCGTGTTCCCTGT	TGATCCCCATTTTATCTCCGT
12	NAUpy24d	AGTGTACGCAATGGAGCC	GCCAATTCTATTCTTTCAAACCTG

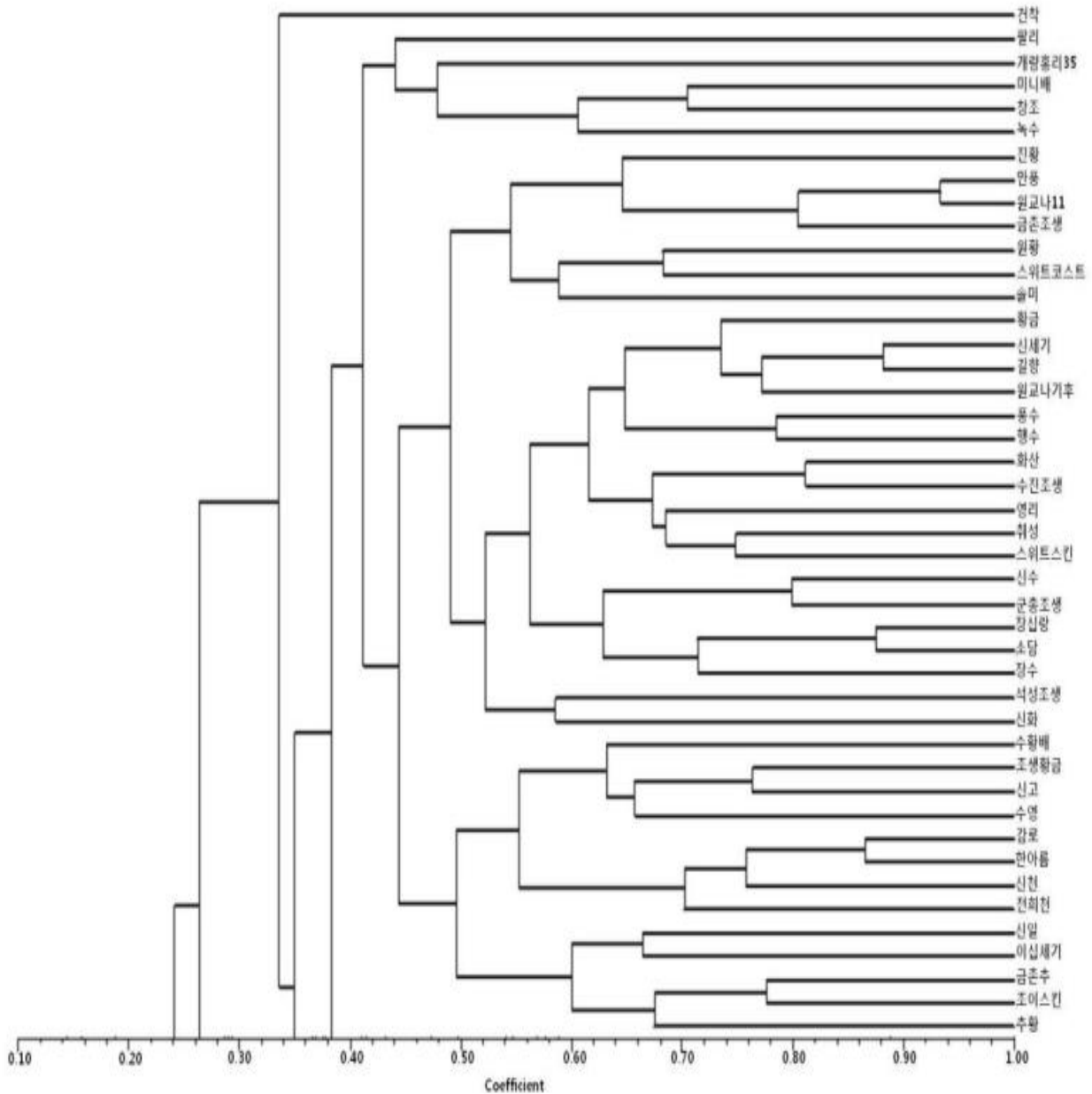
Table 4. Characteristics of the 10 SSR markers selected for genetic characterization of pear varieties.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
TsuENH002	(GA) _{12.5}	55	83-133	12	0.805	VIC
TsuENH017	(GA) ₁₆	55	107-212	20	0.816	NED
TsuENH019	(TC) _{20.5}	55	104-141	14	0.723	FAM
TsuENH046	(TTC) ₅	55	144-159	5	0.491	PET
TsuENH071	(CTTCCT) ₃	55	286-304	7	0.568	VIC
TsuENH079	(CCA) ₆	55	194-298	3	0.349	NED
CH01H01	-	55	98-132	11	0.808	FAM
GD-144	-	55	177-238	20	0.858	PET
NAUpy32c	-	55	143-164	11	0.758	NED
NAUpy24d	-	55	211-258	16	0.824	PET
Total				119		
Mean				11.7	0.7	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 3~20개 이었고, 총 119개의 대립유전자가 분석되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 11.9개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.349에서 0.858까지 나타났으며, 평균값은 0.7로 분석되었다. 이는 Yue 등(2003)이 보고한 PIC 값 0.748 보다는 다소 낮았다. Yue 등(2003)은 28개의 유전자원을 수집하여 분석하였고 공시재료에 9개 품종과, 20개의 다양한 유전자원을 대상으로 분석하였기 때문에 본 연구의 공시재료보다 유전적 다양성이 높게 나타난 것으로 추정된다.

10개 SSR 마커를 이용하여 배 87품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과

같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.10-1.00의 범위로 나타났으며, ‘감천배’와 ‘미황’ 그리고 ‘Paromatica’와 ‘암수산리’ 품종을 제외한 83품종이 10개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 다형성 지수인 PIC 값(0.7)이 나타내주듯이 본 연구에서 선발된 마커가 많은 품종을 식별함을 알 수 있었다. 마커로 구분되지 않은 ‘미황’ 배의 경우 ‘풍수’와 ‘만삼길’의 교배로 육성된 품종이고 ‘감천배’는 ‘만삼길’과 ‘단배’의 교배로 육성된 품종이다. 두 품종 모두 ‘만삼길’ 품종의 교배로 육성되어 유사도가 높게 나온 것으로 추정되나, 향후 형태적 특성과의 비교분석을 통해 신규 분자표지 개발, 품종간의 유사성 판정 등을 검토해야 할 것으로 판단된다. ‘Paromatica’와 ‘암수산리’ 품종도 유전적 유사도가 100%로 높게 분석되어 밀접한 유전적 연관성을 시사하나 이들 품종의 육성내역이 명확하게 알려져 있지 않아 향후 연관관계를 추정하기 위해서는 9협동 과제의 형태적 특성 조사 결과를 참고해야 할 것으로 판단된다.



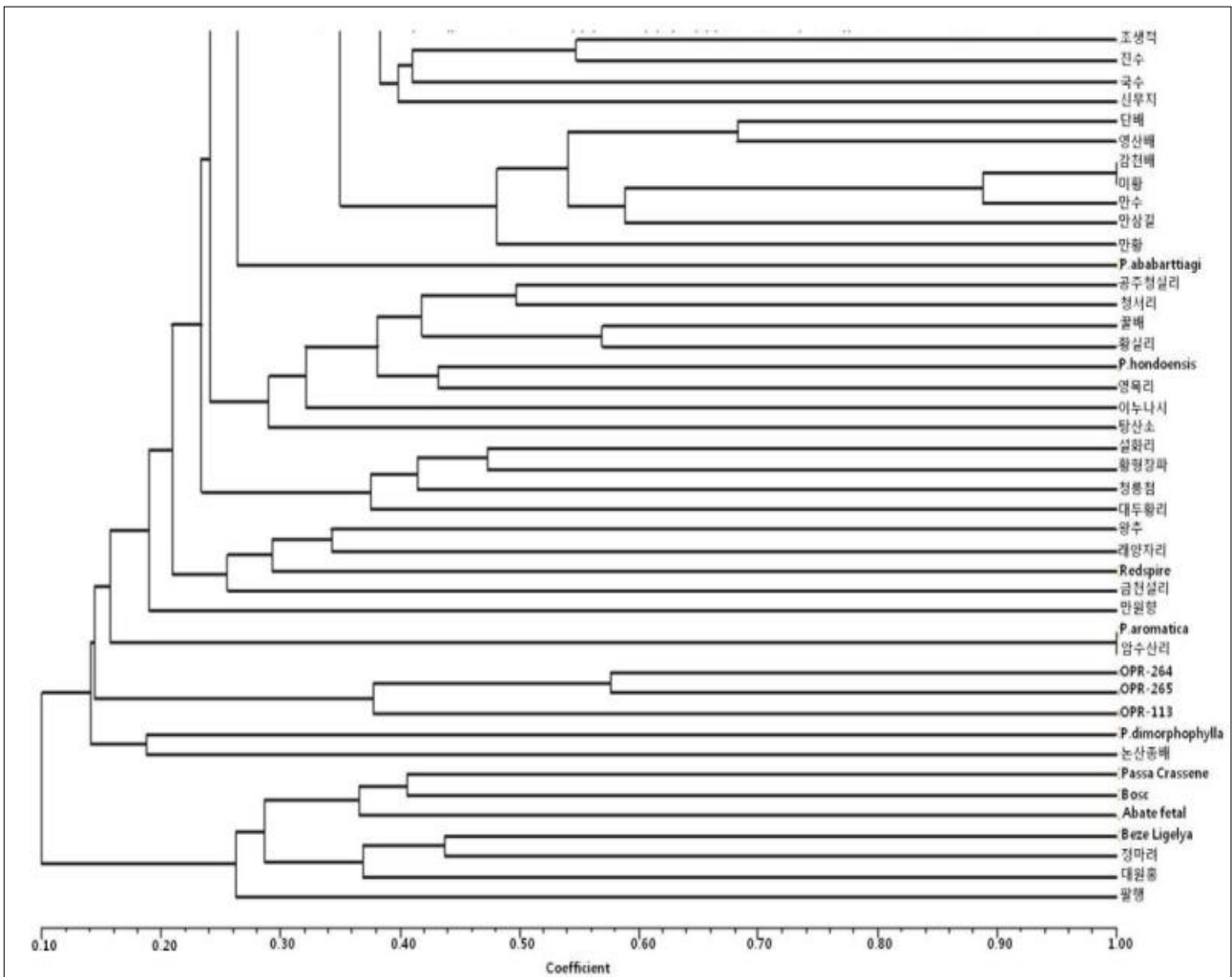


Fig. 2. Dendrogram of 87 pear accessions using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

배(*Pyrus serinitina* L.)는 사과, 복숭아, 포도에 이어 우리나라 4대 과실 중 하나이다. 2015년 9월 현재 배의 품종보호 등록 품종은 33품종, 재배심사 중인 품종은 9품종, 생산판매수입 신고 건수는 549을 차지하고 있다. 국내 배 분자마커 관련 연구는 과실 특성과 연관된 RAPD, AFLP 마커 개발에 대한 연구(Kim et al., 2004)와 우리나라 야생배와 일본배, F₁을 이용한 genetic linkage map 작성에 관한 연구 (Choi et. al., 2010)등 배의 형태적 특성과 기능, 내병성과 연관된 분자마커 개발은 다양하게 시도되고 있으나, 배 품종식별 관련 연구는 아직 미비한 실정이다. 국립원예특작과학원에서 배 품종관별을 위한 AFLP 분자표지를 개발하였으나(Cho et al., 2009) 품종보호 출원품종의 대조품종 선정과 종자분쟁 관련 품종 진위성 확인 요구에 실용적으로 활용하기 위해서는 국제식물신품종보호연맹이 제안하고 있는 분자표지인 SSR, SNP 마커를 이용한 품종 식별용 분자표지 선별과 데이터베이스 구축이 필요한 실정이다. 2차 년도에는 1차 년도에 이어서 배 품종식별을 위한 SSR 신규 분자표지를 선별하고, 이를 이용하여 SSR 분자표지 데이터베이스를 구축한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 genomic DNA 분리

국내에서 유통되는 배 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 2차 년도에 1차 년도에 국립원예특작과학원으로부터 분양받은 87개의 품종 및 유전자원을 공시품종으로 선정하였고 1차 년도에 분리된 공시품종의 DNA를 활용하였다(Table 1).

Table 1. Commercial pear varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

No.	품종명	No.	품종명	No.	품종명
1	건착	30	미황	59	창조(나44)
2	Passa Crassene	31	꿀배	60	금천설리
3	Beze Ligelya	32	영목리	61	래양자리
4	공주청설리	33	청서리	62	설화리
5	팔리	34	OPR-113	63	청룽침
6	Abate fetal	35	황설리	64	탕산소(당산수)
7	Bosc	36	신고	65	대두황리
8	OPR-264	37	신수	66	만원향
9	P. abarttiagi	38	풍수	67	진수
10	P. aromatica	39	행수	68	황형장파
11	P. dimorphophylla	40	금춘추	69	논산콩배
12	P. hondoensis	41	만삼길	70	이누나시
13	진황	42	이십세기	71	OPR-265
14	단배	43	장십랑	72	암수산리
15	영산배	44	군충조생	73	한아름
16	황금	45	대원홍	74	조이스킨(나53)
17	감천배	46	수진조생	75	Redspire
18	수황배	47	신세기	76	원교 나-11
19	원황	48	영리	77	진유
20	화산	49	장수	78	조선
21	감로	50	취성	79	명월
22	만수	51	추황	80	전희천
23	신일	52	녹수(나-38)	81	정마려
24	만풍	53	만황(나-39)	82	팔행
25	신천	54	수영(나36)	83	소담(원교 나-62)
26	조생황금	55	스위트스킨	84	솔미(원교 나-58)
27	개량홍리35	56	조생적	85	스위트코스트(나-61)
28	금춘조생	57	길향	86	신화(나-46)
29	미니배	58	왕추	87	원교나기후(나-45)

나. 프라이머의 확보 및 SSR 마커 선발

국내 배 품종식별에 효과적인 SSR 마커를 선발하기 위하여 1차 년도에 확보된 287개 프라이머 외에 신규 프라이머 48개(Table 2)를 확보하였고, 이를 이용하여 확보된 프라이머 중 다형성이 있고, 재현성이 있는 SSR 마커를 선발하였다.

Table 2. The 48 SSR primers tested for genetic characterization of pear varieties.

No.	SSR marker	Reference	No.	SSR marker	Reference
1	Pyrus_Contig1a	http://www.rosaceae.org	25	Pyrus_Contig5a	http://www.rosaceae.org
2	Pyrus_Contig1b	http://www.rosaceae.org	26	Pyrus_Contig5b	http://www.rosaceae.org
3	Pyrus_Contig1c	http://www.rosaceae.org	27	Pyrus_Contig5c	http://www.rosaceae.org
4	Pyrus_Contig1d	http://www.rosaceae.org	28	Pyrus_Contig5d	http://www.rosaceae.org
5	Pyrus_Contig1e	http://www.rosaceae.org	29	Pyrus_Contig5e	http://www.rosaceae.org
6	Pyrus_Contig1f	http://www.rosaceae.org	30	Pyrus_Contig5f	http://www.rosaceae.org
7	Pyrus_Contig1g	http://www.rosaceae.org	31	Pyrus_Contig5g	http://www.rosaceae.org
8	Pyrus_Contig1h	http://www.rosaceae.org	32	Pyrus_Contig5h	http://www.rosaceae.org
9	Pyrus_Contig3a	http://www.rosaceae.org	33	Pyrus_Contig19a	http://www.rosaceae.org
10	Pyrus_Contig3b	http://www.rosaceae.org	34	Pyrus_Contig19b	http://www.rosaceae.org
11	Pyrus_Contig3c	http://www.rosaceae.org	35	Pyrus_Contig19c	http://www.rosaceae.org
12	Pyrus_Contig3d	http://www.rosaceae.org	36	Pyrus_Contig19d	http://www.rosaceae.org
13	Pyrus_Contig3e	http://www.rosaceae.org	37	Pyrus_Contig21a	http://www.rosaceae.org
14	Pyrus_Contig3f	http://www.rosaceae.org	38	Pyrus_Contig21b	http://www.rosaceae.org
15	Pyrus_Contig3g	http://www.rosaceae.org	39	Pyrus_Contig21c	http://www.rosaceae.org
16	Pyrus_Contig3h	http://www.rosaceae.org	40	Pyrus_Contig21d	http://www.rosaceae.org
17	Pyrus_Contig4a	http://www.rosaceae.org	41	Pyrus_Contig29a	http://www.rosaceae.org
18	Pyrus_Contig4b	http://www.rosaceae.org	42	Pyrus_Contig29b	http://www.rosaceae.org
19	Pyrus_Contig4c	http://www.rosaceae.org	43	Pyrus_Contig29c	http://www.rosaceae.org
20	Pyrus_Contig4d	http://www.rosaceae.org	44	Pyrus_Contig29d	http://www.rosaceae.org
21	Pyrus_Contig4e	http://www.rosaceae.org	45	Pyrus_Contig41a	http://www.rosaceae.org
22	Pyrus_Contig4f	http://www.rosaceae.org	46	Pyrus_Contig41b	http://www.rosaceae.org
23	Pyrus_Contig4g	http://www.rosaceae.org	47	Pyrus_Contig41c	http://www.rosaceae.org
24	Pyrus_Contig4h	http://www.rosaceae.org	48	Pyrus_Contig41d	http://www.rosaceae.org

배 품종식별에 효과적인 SSR 마커를 선별하기 위하여 87개의 배 품종 중 ‘건착’, ‘Passa Crassene’, ‘Beze Ligelya’, ‘공주청실리’, ‘팔리’, ‘Abate fetal’, ‘Bosc’, ‘OPR-264’ 총 8개의 대표적인 품종을 이용하여 마커를 선별하였다. PCR 반응은 배 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture(2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer(50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선별하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 배 87품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 겔에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3730XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 4.1프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

3) 결과 및 고찰

국내 배 품종식별에 적합한 SSR 마커를 선별하기 위해 확보된 48개의 SSR 프라이머 (Table 2)를 이용하여 ‘건착’ 등 8품종 간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 총 4개 마커 (Pyrus_Contig3a, Pyrus_Contig4c, Pyrus_Contig5c, Pyrus_Contig29a)를 선별하였다(Fig. 1).

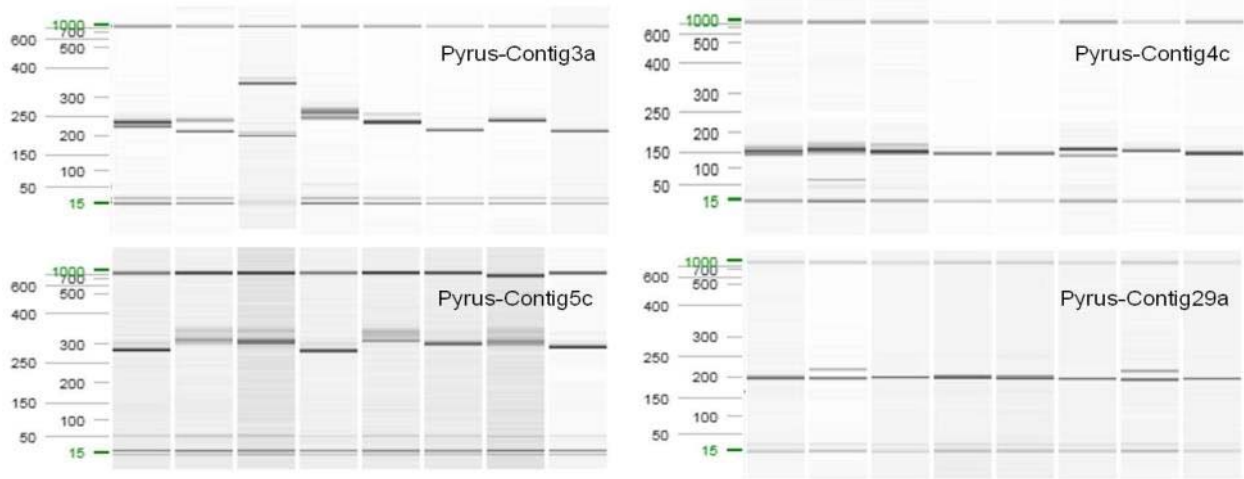


Fig. 1. Polymorphism of 4 SSR markers, Pyrus_Contig3a, Pyrus_Contig4c, Pyrus_Contig5c, Pyrus_Contig29a. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane 1: Gunchak, 2: Passa Crassene, 3: Beze Ligelya, 4: Gongjuchungsil, 5: Palli, 6: Abate fetal, 7: Bosc, 8: OPR-264.

1차 년도에 선별된 마커 10개와 2차 년도에 선별된 마커 5개, 총 15개의 마커(Table 3)를 이용하여 대립유전자형의 반복성, 재현성을 검정하였고 품종별 대립유전자 크기를 분석하였다. 15개 마커 중 자동염기서열분석기로 분석이 가능한 12개 마커를 최종 선별하였고, 이를 이용한 배 87품종의 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

Table 3. 15 SSR markers selected for database construction of pear varieties.

No.	Marker name	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
1	TsuENH002	CAGCAGGAAACACAGAAAAACAG	GTTTCTTATATCGAGCAATCAAGGAAGCAG
2	TsuENH017	ACTTCAAGTAGCCAACATCAG	GTTTCTTGGCACTCTGTTTCTTATCAAC
3	TsuENH019	CTCCGCTCACTCCTCAGAAGTTT	GTTTCTTAATGCTTGAGTTGGTTGAGCTTC
4	TsuENH046	GGTCATCACCCACTTAAAAACCA	GTTTCTTGTGCCCTGAAGTAATTGAGATGG
5	TsuENH071	GAATGATGAAGGCTGTGAGTT	GTTTCTTGTATAGCGGGGCGAAGAAC
6	TsuENH079	GCGCGTTCTTGGGAGAAGGT	GTTTCTTGCATGTTCTTTTGCAGCCTAC
7	CH01H01	GAAAGACTTGCAGTGGGAGC	GGAGTGGGTTTGAGAAGGTT
8	GD-144	GCAAACATAAAACCCATCATTACC	GTAGCCCTCAAAGAACTCCTTGT
9	NAUpy32c	CAAATTCTCAGCCGCATC	AGAGACCCCATAGAAGCAGTTT
10	NAUpy24d	AGTGTCACGCAATGGAGCC	GCCAATTCTATTCTTTCAAACCTG
11	Pyrus_Contig3a	GTCGAAAACTTCATCGGAA	ATGCAAGCAATTCTTCCTCG
12	Pyrus_Contig4c	CCCCTCCCACACAATAAGAA	CCTTAGCTCCCTCCAGTTCC
13	Pyrus_Contig5c	GCCATCACTCAAGAGACAGAA	TTCCTCTCCCCATGTCCTTA
14	Pyrus_Contig29a	GGCCAAAAACCAAACATAGA	TCCTTTCTCCAAAAGGCAAA
15	Pyrus_Contig29b	GGCCAAAAACCAAACATAGA	CAACAAAGGGCTAGCCAAGA

Table 4. Characteristics of the 12 SSR markers selected for genetic characterization of pear varieties.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
TsuENH002	(GA)12.5	55	106-133	11	0.801	VIC
TsuENH019	(TC)20.5	55	104-141	13	0.715	FAM
TsuENH071	(CTTCCT)3	55	287-305	7	0.575	VIC
TsuENH079	(CCA)6	55	194-200	2	0.342	NED
CH01H01	-	55	72-132	12	0.829	FAM
GD-144	-	55	177-242	20	0.853	PET
Pyrus_Contig29b	-	55	103-114	5	0.622	VIC
NAUpy32c	-	55	139-164	12	0.759	NED
Pyrus_Contig3a	-	55	205-264	23	0.889	VIC
Pyrus_Contig4c	-	55	133-159	12	0.763	NED
Pyrus_Contig5c	-	55	273-329	19	0.823	FAM
Pyrus_Contig29a	-	55	186-196	4	0.620	PET
Total				140	8.592	
Mean				11.7	0.716	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 3~20개 이었고, 총 119개의 대립유전자가 분석되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 11.9개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.349에서 0.858까지 나타났으며, 평균값은 0.7으로 분석되었다. 이는 Yue 등(2003)이 보고한 PIC 값 0.748 보다는 다소 낮았다. Yue 등(2003)은 28개의 유전자원을 수집하여 분석하였고 공시재료에 9개 품종과, 20개의 다양한 유전자원을 대상으로 분석하였기 때문에 본 연구의 공시재료보다 유전적 다양성이 높게 나타난 것으로 추정된다.

앞으로 제9협동과제에서 수행한 87품종에 대한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 표현형과 유전자형의 상관관계를 분석해야 할 것으로 생각되며, 유통되는 배 품종 추가 및 신규 마커 개발 등을 통해 배 DNA profile 데이터베이스의 정밀도를 제고해나갈 계획이다.

12개 SSR 마커를 이용하여 배 87품종에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.10-1.00의 범위로 나타났으며, ‘감천배’와 ‘미황’ 그리고 ‘Paromatica’와 ‘암수산리’ 품종을 제외한 83품종이 12개 SSR 마커에 의해 구분되는 것으로 나타났다. 본 결과는 1차 년도 결과와 동일한 것으로 2차 년도 실험을 통해 배 마커별 품종식별 결과의 반복성과 재현성이 재확인된 것으로 생각된다. 마커로 구분되지 않은 ‘미황’ 배의 경우 ‘풍수’와 ‘만삼길’의 교배로 육성된 품종이고 ‘감천배’는 ‘만삼길’과 ‘단배’의 교배로 육성된 품종이다. 두 품종 모두 ‘만삼길’ 품종의 교배로 육성되어 유사도가 높게 나온 것으로 추정되나, 향후 형태적 특성과의 비교분석을 통해 신규 분자표지 개발, 품종간의 유사성 판정 등을 검토해야 할 것으로 판단된다. ‘Paromatica’와 ‘암수산리’ 품종도 유전적 유사도가 100%로 높게 분석되어 밀접한 유전적 연관성을 시사하나 이들 품종의 육성내역이 명확하게 알려져 있지 않기에 연관관계를 추정하기 위해서는 9협동 과제의 형태적 특성조사 결과를 참고해야 할 것으로 판단된다.

앞으로 제9협동과제에서 수행한 87품종에 대한 형태적 특성평가 성적을 참조하여 배의 표현형과 유전자형의 상관성을 분석해야 할 것으로 판단된다. 그리고 본 과제의 10개 마커는 9협동과제에 제공하였으며, 향후 9협동과제의 유전자형 데이터와 비교분석을 통해 두 개의 실험실에서 높은 재현성과 반복성을 보이는 마커를 재확인해야 할 것으로 사료된다.

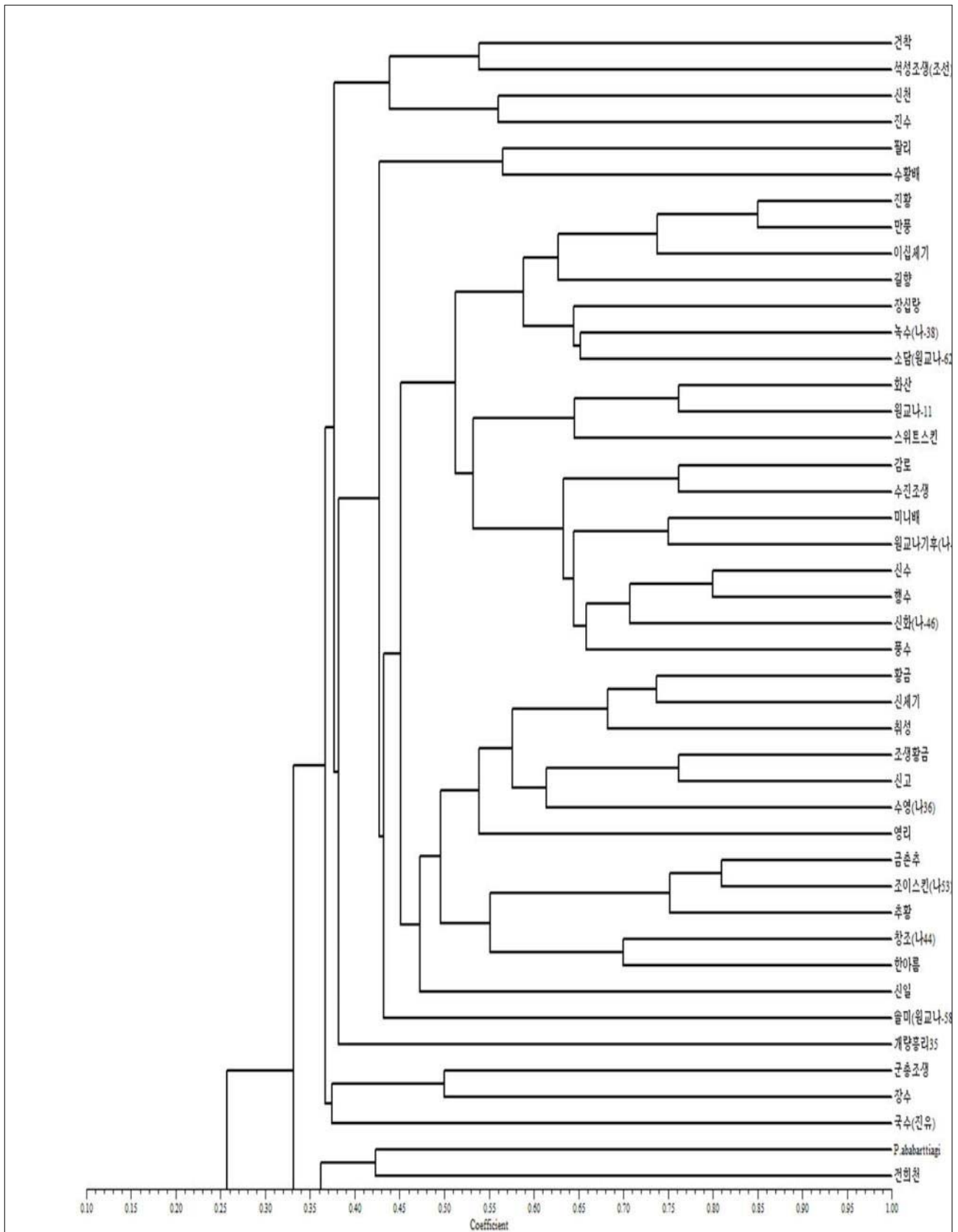


Fig. 2. Dendrogram of 87 pear accessions using 10 SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

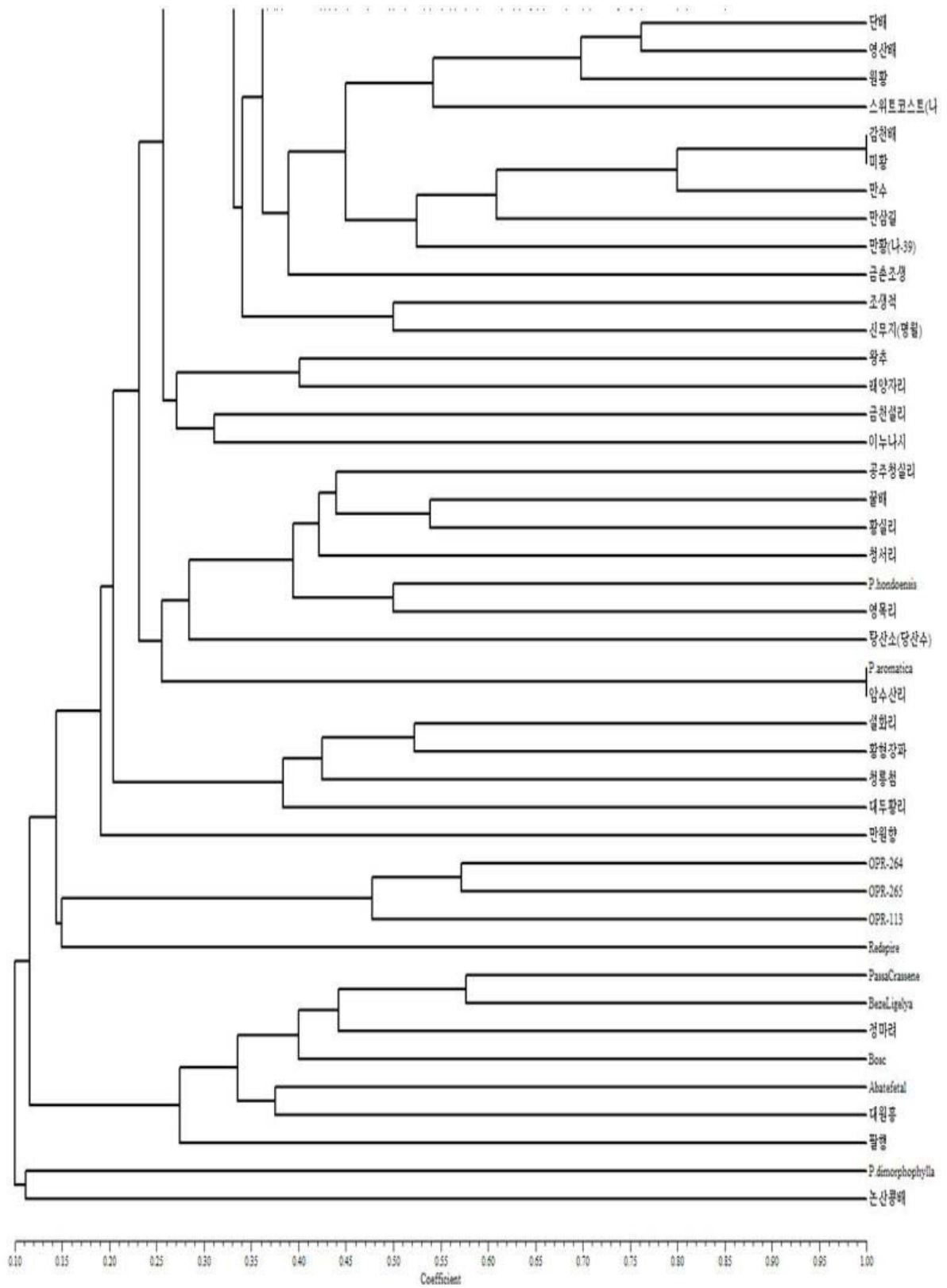


Fig. 2. Continued.

13. SSR 마커를 이용한 블루베리 품종의 DNA profile 데이터베이스 구축

<1차년도 수행결과>

1) 서론

블루베리(*Vaccinium* spp.)는 진달래과(Ericaceae), *Vaccinium*속, *Cyanococcus*아속에 속하며, *Vaccinium* 속에는 약 400개 종이 있고 상업적으로 재배되는 블루베리는 하이부쉬 블루베리(*V. corymbosum*), 로우부쉬 블루베리(*V. angustifolium*), 래빗아이 블루베리(*V. ashei*), 하프 하이부쉬 블루베리(*V. angustifolium* x *V. corymbosum*)가 있으며, 이중에 하이부쉬 블루베리가 전세계적으로 가장 많이 재배된다고 보고된 바 있다(Ratnaparkhe 2007). 블루베리는 2012년 1월 7일부터 품종보호 대상작물로 지정되어 품종보호 출원된 품종이 16품종(하이부쉬 11, 래빗아이 4, 하프 하이부쉬 1), 생산수입판매신고 건수가 854건(2014년 9월)을 차지하며(<http://www.seed.go.kr>) 기능성 과수로 많은 홍보가 되면서 국내 수입과 재배면적이 급속히 증가하고 있다(<http://www.rda.go.kr>). 따라서 품종보호 출원품종과 가장 유사한 대조품종의 선정, 국내 유통품종과 농가 재배품종의 품종 진위성 확인 요구에 대비하기 위해서는 품종을 식별할 수 있는 분자표지의 선발과 이를 이용한 데이터베이스 구축이 필요하다. 국내의 블루베리 품종식별 연구는 Hong 등(2014)이 17개 SSR 마커를 이용하여 34품종에 대한 DNA profile 데이터베이스를 구축한 바 있다. 하지만 국내에서 수집된 블루베리 품종들의 진위 여부가 불확실하여 국가 표준 데이터베이스 구축을 위해서는 진위가 명확한 시료를 수집하여 연구할 필요성이 있을 것으로 판단되었다. 또한 블루베리의 경우 공개된 SSR 분자표지의 정보가 제한적이기 때문에 신규 분자표지 개발에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과와 기존에 선발된 분자표지 중 핵심마커를 이용하여 데이터베이스 초안을 구축한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 블루베리 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 형태적 특성과의 상관관계 분석을 위하여 국립원예특작과학원으로부터 13품종을 분양받았고, 국립종자원 서부지원에서 21품종을 수집하여 34품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 39품종 중 5품종은 국립원예특작과학원과 서부지원에서 모두 샘플링되어 공시품종 중 중복된 품종이다. 34품종 중 출원되어 재배심사중인 품종이 10개, 생산수입 판매 신고된 품종은 24개이다. 공시품종의 DNA는 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 분리하였다. 추출된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 20 ng의 농도로 정량하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Commercial blueberry varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	계통 구분	품종보호 출원 등록 및 생산수입판매신고 구분	시료출처
1	휴론	Huron	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
2	대로우	Darrow	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
3	탑햇	Top Hat	Lowbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원

4	스파르탄	Spartan	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
4-2	스파르탄	Spartan	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
5	레가시	Legacy	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
6	스타	Star	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
7	리버티	Liberty	Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
8	핑크레모네이드	Pink Lemonade	Rabbiteye	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
9	웨이마우스	Weymouth	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
10	카멜리아	Camellia	Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
11	노스랜드	Northland	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
12	알라파하	Alapaha	Rabbiteye	품종보호출원	국립종자원	서부지원
13	레벨	Rebel	Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
14	수지블루	Suzibue	Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
15	버논	Vernon	Rabbiteye	품종보호출원	국립종자원	서부지원
16	블루크롭	Bluecrop	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
16-2	블루크롭	Bluecrop	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
17	테라스블루베리	Terrace Blueberry	Half Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
	치쿠시스바루	Chikushisubaru				
18	버클리	Berkeley	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
19	드래퍼	Draper	Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
20	오로라	Aurora	Highbush	품종보호출원	국립종자원	서부지원
21	콜린스	Collins	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
22	엘리자베스	Elizabeth	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
22-2	엘리자베스	Elizabeth	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
23	블루타	Bluetta	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
24	저지	Jersey	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
25	일리블루	Earliblue	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
25-2	일리블루	Earliblue	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
26	블루제이	Bluejay	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원	서부지원
26-2	블루제이	Bluejay	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
27	찬들러	Chandler	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
28	코빌	Coville	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
29	노스블루	Northblue	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
30	블루골드	Bluegold	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
31	토로	Toro	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
32	넬슨	Nelson	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
33	오닐	O'Neal	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	
34	엘리오트	Elliot	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원	

나. SSR 프라이머 개발

블루베리 SSR 마커를 개발하기 위하여 반도체 차세대 시퀀싱(Ion Torrent PGM™ Sequencer)을 이용하여 ‘선라이즈’와 ‘블루레이’ 염기서열에 차이가 나는 부분을 이용하여 새로운 분자마커를 개발하고자 하였다. 두 품종의 DNA를 분리하여 농도를 확인한 후 Library를 만들고, E-gel로 원하는 크기의 template를 자른 후, 2010 Bioanalyzer(Agilent, USA)로 Template의 농도를 측정하였다. Ion PGM™ emplate OT2 400 Kit를 이용하여 Ion OneTouch™ 2 System에서 Emulsion PCR을 수행하였고, PCR이 끝난 시료를 Ion PGM™ Sequencing 400 kit를 이용하여 Ion 318™ Chip을 장착한 상태로 sequencing을 하였다.

다. SSR 마커의 확보 및 다형성 마커 선별

블루베리 품종식별에 효과적인 핵심 마커를 선별하기 위하여 기존에 종자원에서 사용 중인 마커 17개(Hong et al. 2014)를 이용하여 ‘Rebel’, ‘Suzibue’, ‘Huron’, ‘Liberty’, ‘Draper’, ‘Ochlockonee’ 6품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선별하였다.

PCR 반응은 블루베리 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 블루베리 8품종을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10 μ l와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3730XL, Applied Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 4.1프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 2. The 17 SSR markers used for selection of blueberry SSR markers.

SSR name	Forward primer	Reverse primer	Reference
CA23F	GAGAGGGTTTCGAGGAGGAG	GTTTAGAAACGGGACTGTGAGACG	Hong et al. 2014
CA25F	TGATGCCACAAGAAGAGAAGC	GTTTAACAGAGAAACCTATCT	Hong et al. 2014
CA169	TAGTGGAGGGTTTTGCTTGG	GTTTATCGAAGCGAAGGTCAAAGA	Hong et al. 2014
CA190R	TTATGCTTGCCATGGTGGTA	TTGCGAAGGGACCTAGTAGC	Hong et al. 2014
CA214F	TTCCACAAAACCTGATCTC	GTTTGCTGGAGATTTCCACCATTC	Hong et al. 2014
CA236F	GTTAAGCTTTAGATGAGTTGATGG	GTTTAACAGTCCCAGACCCAAAT	Hong et al. 2014
CA278F	GCACGAGCTCAAGGCTACTAA	GTTTCCACCACACCCTTCCAATAG	Hong et al. 2014
CA518F	CCGCTTCTCAAAGCCTCTC	GTTTCTTCTCGATGGCAATGTTT	Hong et al. 2014
CA664F	GAAAGATCGGTCGTGGTGAT	GTTTGAAGTCATCGCTGCAAACAA	Hong et al. 2014
CA1031F	TGGAGATCCCTAAGAGAGTGGA	GTTTGGCTCGGCTCCTTATGTTA	Hong et al. 2014
NA172	CCTCGTCTCCTCTTCTCTCT	GTTTGACTTTGGAGAAGGCGAAG	Hong et al. 2014
NA222	TCCACATCTGGCAACGATTA	GTTTAGAGCATGACCCATGAACATT	Hong et al. 2014
NA240	TCTTCTCCAGCGTTCTCTCC	GTTTAAAGCGAGGAGGTAGGGAAA	Hong et al. 2014
NA961	TCAGACATGATTGGGGAGGT	GTTTGAATAATAGAGGCGGTGGA	Hong et al. 2014
VCC1_H9	TCCGAGCCATTTAGTGTCAA	GTTTACAAAAACCAAAGCCATGC	Hong et al. 2014
VCC1_I8	TTCAGCATTCAATCCATCCA	GTTTCTCTTCTCCAATCTTTTTCCA	Hong et al. 2014
VCC1_J3	TGATTACATTGCCAGGGTCA	TGGAAACAACCGGGTTACAT	Hong et al. 2014

3) 결과 및 고찰

① SSR 프라이머 개발

두 품종에 대해 NGS resequencing을 수행하여 선라이즈 821Mbp, 블루레이 354Mbp의 염기서열을 얻었다. 하지만 얻게 된 염기서열이 매우 작아 추가적인 염기서열 분석이 필요할 것으로 생각되나 본 분석기기로 한 번에 분석 가능한 염기서열이 최대 1G로 제한되어 있기 때문에 염기서열 해독을 위해서는 반복적인 염기서열 분석이 필요할 것으로 사료된다. 따라서

대량의 염기서열 분석을 위해서 하이부쉬 계통인 ‘블루크럽’ 과 래빗아이 계통인 ‘버논’ 두 품종을 염기서열분석업체에 대량 염기서열 분석을 의뢰하였다. 추후 새롭게 개발된 분자표지로부터 본 연구에서 수집된 품종을 대상으로 품종간 다형성을 보이는 마커를 선발하고 DNA profile 데이터베이스를 구축할 예정이다.

② SSR 마커 선발 및 DB 구축

기 선발된 SSR 마커 17개(Table 2)중에서 품종 간에 높은 다형성을 나타내는 3개(CA236F, CA1031F, VCC_I8)의 마커를 최소 마커로 선정하였다. 3개의 분자표지를 이용하여 6개의 품종에 대한 대립유전자 크기를 분석한 결과, 대립유전자수는 19개로 분석되었다. 19개 대립유전자를 바탕으로 유전적 유연관계를 Jaccard 상관계수를 이용 산출하고, UPGMA 집괴분석하여 덴드로그램을 작성하였다. 공시품종 6품종은 3개 마커로 모두 식별이 되었으며, 공시 품종간 전체 유사도 지수는 0.02-0.51의 범위로 나타났다(Fig. 1). 유사도 지수 0.07을 기준으로 품종은 2개의 그룹으로 구분되었고 이는 블루베리 계통(래빗아이, 하이부쉬)에 따라 구분됨을 확인할 수 있었다. 향후 본 연구에서 수집된 품종 전체를 대상으로 새롭게 개발된 마커와 본 연구에서 선발된 마커를 이용하여 블루베리 품종별 DNA profile 데이터베이스를 보완하고, 제9협동과제와 교차분석을 통해 표준화된 데이터베이스를 구축해나갈 예정이다.

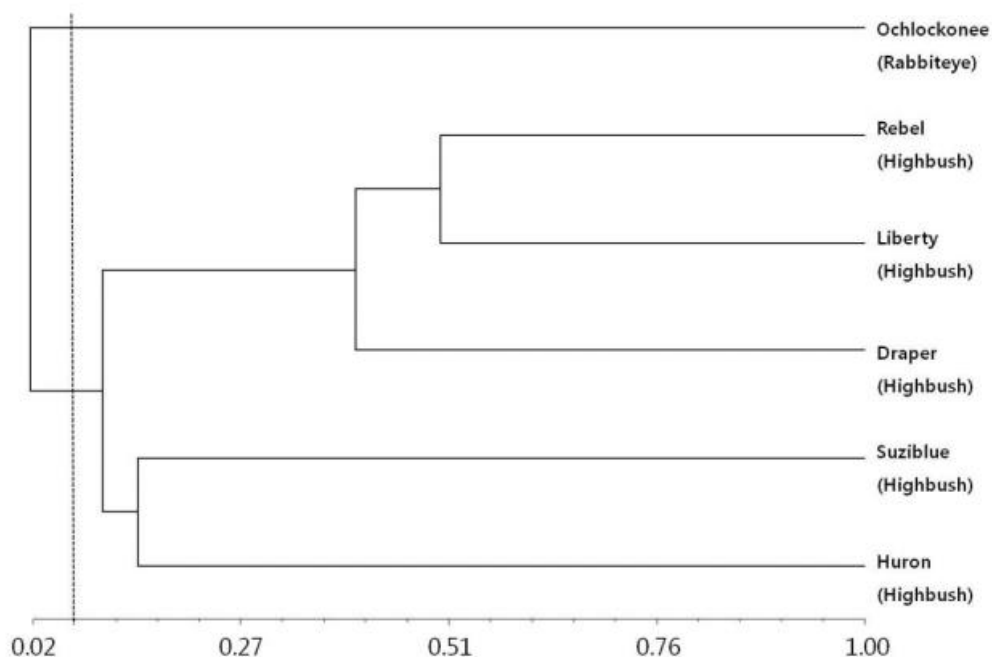


Fig. 1. Dendrogram of 6 blueberry accessions using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<2차년도 수행결과>

1) 서론

블루베리(*Vaccinium* spp.)는 진달래과(Ericaceae), *Vaccinium*속, *Cyanococcus*아속에 속하며, *Vaccinium* 속에는 약 400개종이 있고 상업적으로 재배되는 블루베리는 하이부쉬 블루베리(*V.*

corymbosum), 로우부쉬 블루베리(*V. angustifolium*), 래빗아이 블루베리(*V. ashei*), 하프 하이부쉬 블루베리(*V. angustifolium* x *V. corymbosum*)가 있으며, 이중에 하이부쉬 블루베리가 전 세계적으로 가장 많이 재배된다고 보고된 바 있다(Ratnaparkhe 2007). 블루베리는 2012년 1월 7일부터 품종보호 대상작물로 지정되어 품종보호 등록된 품종이 11품종, 재배심사 중인 품종이 7품종, 생산수입판매신고 건수가 902건(2015년 9월)을 차지하며(<http://www.seed.go.kr>) 기능성 과수로 많은 홍보가 되면서 국내 수입과 재배면적이 급속히 증가하고 있다(<http://www.rda.go.kr>). 따라서 품종보호 출원품종과 가장 유사한 대조품종의 선정, 국내 유통 품종과 농가 재배품종의 품종 진위성 확인 요구에 대비하기 위해서는 품종을 식별할 수 있는 분자표지의 선발과 이를 이용한 데이터베이스 구축이 필요하다. 국내의 블루베리 품종식별 연구는 Hong 등(2014)이 17개 SSR 마커를 이용하여 34품종에 대한 DNA profile 데이터베이스를 구축한 바 있다. 하지만 국내에서 수집된 블루베리 품종들의 진위 여부가 불확실하여 국가 표준 데이터베이스 구축을 위해서는 진위가 명확한 시료를 수집하여 연구할 필요성이 있을 것으로 판단되었다. 2차 년도에는 차세대염기서열분석을 통해 신규로 개발된 분자표지를 이용하여 신규 분자표지를 선발하고, 수집된 품종들에 대한 데이터베이스를 구축한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 블루베리 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차년도에 국립원예특작과학원으로부터 13품종을 분양받았고, 국립종자원 서부지원에서 21품종을 수집하여 34품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 34품종 중 5품종은 국립원예특작과학원과 서부지원에서 모두 샘플링 되어 공시품종 중 중복된 품종이므로 총 39점(하이부쉬 34, 로우부쉬 1, 래빗아이 3, 하프하이부쉬 1)을 공시품종으로 활용하였다. 2차 년도에는 1차 년도에 수집되어 분리된 DNA를 이용하여 PCR 분석에 사용하였다.

Table 1. Commercial blueberry varieties assayed for genetic characterization using SSR markers.

연번	품종명	품종영문명	계통 구분	품종보호출원 등록 및 생산수입판매신고 구분	시료출처
1	휴론	Huron	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
2	대로우	Darrow	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
3	탑햇	Top Hat	Lowbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
4	스파르탄	Spartan	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
4-2	스파르탄	Spartan	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
5	레가시	Legacy	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
6	스타	Star	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
7	리버티	Liberty	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
8	핑크레모네이드	Pink Lemonade	Rabbiteye	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
9	웨이마우스	Weymouth	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원

10	카멜리아	Camellia	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
11	노스랜드	Northland	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
12	알라파하	Alapaha	Rabbiteye	품종보호출원	국립종자원 서부지원
13	레벨	Rebel	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
14	수지블루	Suziblue	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
15	버논	Vernon	Rabbiteye	품종보호출원	국립종자원 서부지원
16	블루크럽	Bluecrop	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
16-2	블루크럽	Bluecrop	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
17	테라스블루베리 치쿠시스바루	Terrace Blueberry Chikushisubaru	Half Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
18	버클리	Berkeley	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
19	드래퍼	Draper	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
20	오로라	Aurora	Highbush	품종보호출원	국립종자원 서부지원
21	콜린스	Collins	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
22	엘리자베스	Elizabeth	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
22-2	엘리자베스	Elizabeth	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
23	블루타	Bluetta	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
24	저지	Jersey	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
25	얼리블루	Earliblue	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
25-2	얼리블루	Earliblue	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
26	블루제이	Bluejay	Highbush	생산수입판매신고	국립종자원 서부지원
26-2	블루제이	Bluejay	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
27	찬들러	Chandler	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
28	코빌	Coville	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
29	노스블루	Northblue	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
30	블루골드	Bluegold	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
31	토로	Toro	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
32	넬슨	Nelson	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
33	오닐	O'Neal	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원
34	엘리오프	Elliot	Highbush	생산수입판매신고	국립원예특작과학원

나. SSR 프라이머 개발

1차년도에 ‘블루크럽’ 과 래빗아이 계통인 ‘버논’ 두 품종간의 염기서열 차이를 알아보기 위하여 염기서열분석을 의뢰하였으나, DNA 농도 및 양의 부족으로 염기서열 분석이 불가능 하였다. 따라서 2차년도에는 블루베리 신규 마커를 개발하기 위하여 하이부쉬 계통의 ‘카멜리아’ 와 래빗아이 계통의 ‘알라파하’ 품종의 염기서열에서 차이가 나는 부분을 이용하여 새로운 분자마커(SNP, In/Del, SSR)를 개발하고자 하였다. 두 품종의 DNA를 분리하여 농도를 확인한 후 씨더스 업체에 차세대염기서열 분석을 의뢰하였다.

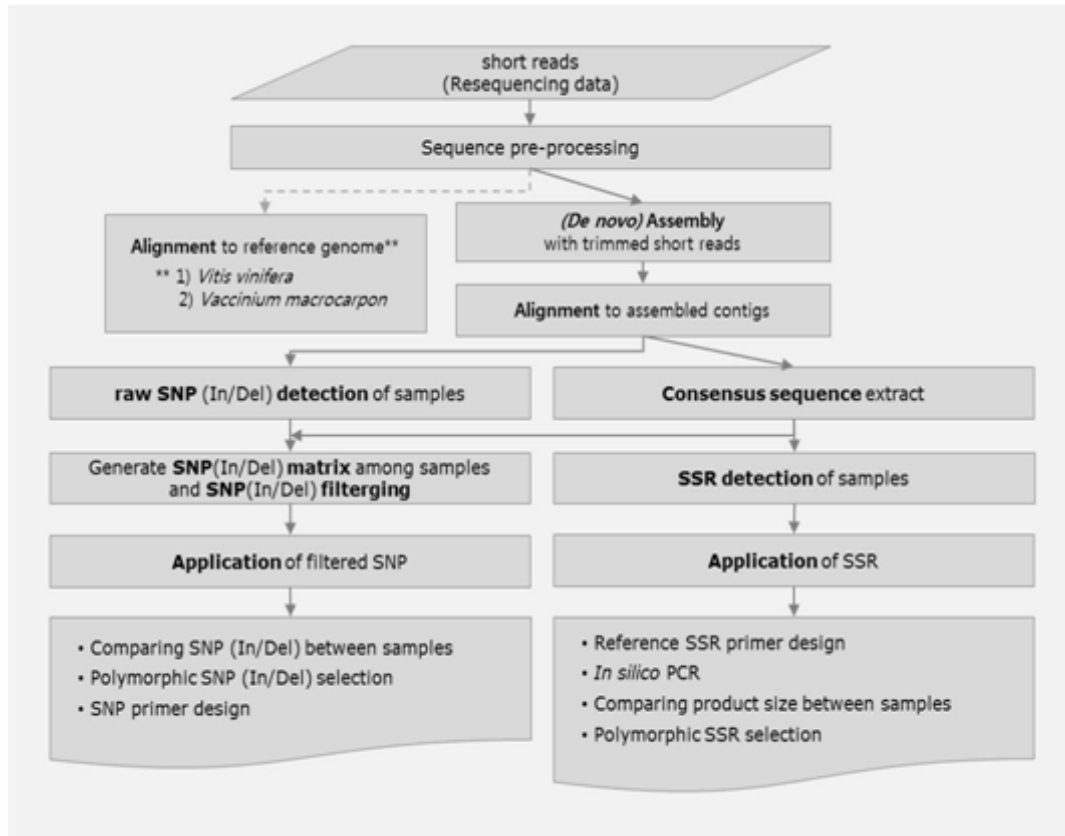


Fig. 1. Process of development of SNP and SSR markers between 2 varieties.

다. SSR 마커의 확보 및 다형성 마커 선발

블루베리 품종식별에 효과적인 핵심 마커를 선발하기 위하여 차세대 염기서열 분석을 통해 개발된 987개 마커중 148개 SSR 마커(Hong et al. 2015)를 이용하여 ‘Huron’, ‘Liberty’, ‘Rebel’, ‘Suziblue’, ‘Draper’, ‘Elizabeth’, ‘Alapaha’, ‘Camellia’ 8품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는 마커를 선발하였다. PCR 반응은 블루베리 게놈 DNA 20 ng, 0.5 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), Taq polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8.0, 2 mM MgCl₂)(GenetBio,Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 40회 실시하며, pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 QIAxcel Advanced System(QIAGEN)을 이용하여 전기영동하고 컴퓨터프로그램(QIAxcel ScreenGel)을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다.

다형성을 나타내는 마커 중 SSR 프로파일 데이터베이스 구축에 활용할 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET 중 한가지로 형광 표지하여 블루베리 39점을 PCR 하였다. 4 μ l의 PCR 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 증류수 220 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l은 Hi-Di formamide 10ul와 size marker(LIZ500 size standard) 0.25ul를 첨가하여 94°C에서 2분간 denaturation 시킨 후 자동염기서열분석기(Genetic Analyzer 3130XL, Applied

Biosystems, USA)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 3.7프로그램(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자 크기를 분석하였다.

Table 2. The 148 SSR markers used for selection of blueberry SSR markers.

No.	SSR name	5'_primer_seq	3'_primer_seq	Reference
1	Blue-new1	TAAGAGTGCACGGCAACCAT	TGTGGTCTTTGAGCAGCAGT	Hong et al. 2015
2	Blue-new2	TGGTTTGGACTAGACTCGCG	CAGAAGAAGAGGCCCCACAG	Hong et al. 2015
3	Blue-new3	GCCTATTTTCGTGTCAGGCCCT	TGCCTAGGAAGCACGGAAAG	Hong et al. 2015
4	Blue-new4	TGAACTTTGGAGCCCCTTCA	AGGCCTGGATCGGCTACTTA	Hong et al. 2015
5	Blue-new5	CCCATACCCGTTCTGCACTT	CCACGACAACCAGGACTTCA	Hong et al. 2015
6	Blue-new6	GGCAAATTACGAGTCGCCC	CTACACTCAGCCCTTCACCG	Hong et al. 2015
7	Blue-new7	TTCCTCACATTCTCCCGGGA	ACGGAGAGGTGTCCTAGCAT	Hong et al. 2015
8	Blue-new8	TCAGAAGAGGCCCATCTCGA	CGCACCAACTCCTTACCACT	Hong et al. 2015
9	Blue-new9	TTTCACTCGGGCCTCACTTC	TACCTTGCCTGCCAACACA	Hong et al. 2015
10	Blue-new10	GTCCTAAGTTCGAGGCCGAG	CCGGAGCTTCTTCGATTGT	Hong et al. 2015
11	Blue-new11	GCCAATTACGCCTAGCTTGC	CCAGATGTGGTGCAAGGGTA	Hong et al. 2015
12	Blue-new12	AGACGGGTCAAGAGGAGGAA	CGGATACAACCCAACACGGA	Hong et al. 2015
13	Blue-new13	CCCTCCTACCGTACGCAATC	GCACCATCGCCATCCAAATC	Hong et al. 2015
14	Blue-new14	CCCTTGTTTGGTTTGAGCGG	AGTTACTCGCTTCCGCCAAA	Hong et al. 2015
15	Blue-new15	TCTTCAATCATGCTCCCCT	GCTTGGATTGATACCGTGGGA	Hong et al. 2015
16	Blue-new16	TGCTCCCTTGGATTGGTTGG	TCGTAAGGCTAATGCACCA	Hong et al. 2015
17	Blue-new17	CGATCATGCGAGCTAGGGAG	GCATTGACAGCAAACGACCA	Hong et al. 2015
18	Blue-new18	CGGTGCGGTTTGGTTTCAAT	GCACGCACGCAGCTTTAATA	Hong et al. 2015
19	Blue-new19	GTTGACCGGCATTTGCAGTT	TCCCCGTTCTTTTGTATGACGT	Hong et al. 2015
20	Blue-new20	GGCGTGCATTGAGAAAAGG	TATGACCCCACTGAAGCAGC	Hong et al. 2015
21	Blue-new21	AGGATCAGTTTCAGCGCGAA	GCCGGGAAGAAGGGGTAA	Hong et al. 2015
22	Blue-new22	AGAGCGAGACACGAGAGAGA	TCGCATCCAACGGTTCAGAT	Hong et al. 2015
23	Blue-new23	ATCGGCCTAGTTTTTTCCCC	TGTTTCATGTCCTTTAAAAGAGGGT	Hong et al. 2015
24	Blue-new24	GCACCCACACTGTACCCTAC	GGCCACCCATGTTAAGACCA	Hong et al. 2015
25	Blue-new25	ATACACACTCGCAAGTCGCA	GGGGGAGGACAGGTCTATGA	Hong et al. 2015
26	Blue-new26	AATGGACACCCGTCAGCAAT	TGGCGACTCTTCTCGGACTT	Hong et al. 2015
27	Blue-new27	CAAAAGCCGACCGAGCAAAA	TGGGTAACACATTGCGGTGA	Hong et al. 2015
28	Blue-new28	GAGCTGAATCGAGCCGAAT	GGCTCGACTTGGTAAAGGCT	Hong et al. 2015
29	Blue-new29	GCCAAAGAGAGGAGAGTGAGG	TTCCCACTACGTACCGACCT	Hong et al. 2015
30	Blue-new30	CGGCAACCAATGTTTTTGCC	ATTGATAGCCGGCGAGTGAG	Hong et al. 2015
31	Blue-new31	TGGCTGCTGCTGTTGTTCTA	ATAGCGTGCCTGCCAAATTC	Hong et al. 2015
32	Blue-new32	TTTCTGGGTCCACACTGTG	GTTCCCTCACTCAACCCAGG	Hong et al. 2015
33	Blue-new33	CGTCTGACACTGAGAGCCAT	GCACCTGCTAGTCCACTGAA	Hong et al. 2015
34	Blue-new34	ACCATAACAATACCATCAACACCA	AATAGATACCGTGGGCTGCG	Hong et al. 2015
35	Blue-new35	TAGCAAGCACAGACCTACGG	AACTCCAGAAGAAGCTCCGC	Hong et al. 2015
36	Blue-new36	TCCGGCTTCGATCCAAGTTT	TGAGCAAGTGGGTGTGTCTC	Hong et al. 2015
37	Blue-new37	GAACCCACCAGAGCCTGTTT	TCCGAATCCTCTCGTCGAGA	Hong et al. 2015
38	Blue-new38	GGGGGATGAGGGGTATCTGT	TGCTAGCGAAAACACCGAGA	Hong et al. 2015
39	Blue-new39	CCCTTGCGAAAATACGTGCA	GCGGACAAAATAGCGGCAA	Hong et al. 2015
40	Blue-new40	TCCTCCTCCAAATCCCCCTT	TGTCACTCACTACCACTAGCA	Hong et al. 2015
41	Blue-new41	AGCCACGTTACGAAGGAAGG	CCGTAGTGCCGTGTGGTAAT	Hong et al. 2015
42	Blue-new42	TGATTGCAGGAGTCAAGCGT	GTGGCCTCAGGGTGTCTAAT	Hong et al. 2015
43	Blue-new43	GGCCCTACATGGTTACAAA	ATCAGTTAGGGGCGTTTGGG	Hong et al. 2015
44	Blue-new44	TGGCTTGCAAGTTGATGGAC	TGCTTTCACGCCAAAACAC	Hong et al. 2015
45	Blue-new45	AGTGAGTCGGGTTGCAACAT	TCTCGATCACGTAGCCAAGC	Hong et al. 2015
46	Blue-new46	TAAGTCTACCACCGCCATG	AAAGCATCGCCTCTGCATCA	Hong et al. 2015

47	Blue-new47	TTGTAACCGCATTGCACTGC	CCTTTTCGTGCAAGGTGGTG	Hong et al. 2015
48	Blue-new48	TCGCGGCATTTCTATCATCCA	AGTTGTGTGTGTGTGTGTGT	Hong et al. 2015
49	Blue-new49	GTTTCTGAAGCAGGAAGAGCC	CGCCGAATGTTTCTCGTCAC	Hong et al. 2015
50	Blue-new50	GGCAACGCTAGCTCATGAGA	CTGAGATCTTGGGCAGTGGG	Hong et al. 2015
51	Blue-new51	GTCGAGTTGGGGATGAACGA	TGCTCCATTGATCGTCCCTG	Hong et al. 2015
52	Blue-new52	GAAGCCGGATTTGCCAAAGG	AGAAGCAACCCATAACACAAACA	Hong et al. 2015
53	Blue-new53	ACTGCCGAAATGCCCTCTAG	CACCCCTCAATCAGTTCCTC	Hong et al. 2015
54	Blue-new54	CGAAGAGCCTCCAGGACAAA	ATGTCTCCGCGCATAGTACG	Hong et al. 2015
55	Blue-new55	CCGTTGTTGTGATTTGCAGC	ACCCCATGTGAGTGTGTGT	Hong et al. 2015
56	Blue-new56	AAAAGGTGCTCTGCCCTTGT	CAGAATCGCTACCGTCGTCA	Hong et al. 2015
57	Blue-new57	TTGTCGAAACCTCAGGGAG	AGGGGCGACTACGATTGTTG	Hong et al. 2015
58	Blue-new58	GGGACATTGGACATGATAGAAGC	TTGCAGCAGAGACCACTGAG	Hong et al. 2015
59	Blue-new59	ACTCTCTGCGTCCATGTTTGT	TTCGGGCAAAGATATGGCGT	Hong et al. 2015
60	Blue-new60	GAGCCCAGAAAATGCAAGGC	TGGAGGGTGCAGGAAAAACA	Hong et al. 2015
61	Blue-new61	GGAGGGCTGGCTGTAAGTTT	TAAGTGTGGGCGTCTCTGTG	Hong et al. 2015
62	Blue-new62	CACATCCACCACTGAGTCCC	CAACCCATTCACTCCCTCCC	Hong et al. 2015
63	Blue-new63	TGACTGAGAGCCTGAGAGGG	ACAGCGCATGATTCTCTGCA	Hong et al. 2015
64	Blue-new64	ATATTGTGGGGATGGTGCGG	CTACCCACCCACAAGAGCTG	Hong et al. 2015
65	Blue-new65	TCAAGTTTGACCCACGACGG	AGGAGGAAATGATGGCCACC	Hong et al. 2015
66	Blue-new66	TGTAAGGGTCCACACAAGGA	GAACCATGCTCGAGCCACTA	Hong et al. 2015
67	Blue-new67	TCGTCACTGAGCGATGCAAT	CTTTGTTTGGCAACTTGCGC	Hong et al. 2015
68	Blue-new68	ACTCAACAGCCACACGTTCT	GGTGTGCCTGGAGATCCAAA	Hong et al. 2015
69	Blue-new69	AAGGCCAAGTAACACACCCA	GCCACCTTTGTTTTGGGGTG	Hong et al. 2015
70	Blue-new70	TCGTTCCGGTGACAATCTGA	TGCAAACCGGAAAAGAAGCA	Hong et al. 2015
71	Blue-new71	GCGATCCCGTGCAATGATTC	GGATTGCCCATTGCCAAC TG	Hong et al. 2015
72	Blue-new72	GCTGATTGGACACCTCGACT	TATCCTCCCTCCCACCAAGG	Hong et al. 2015
73	Blue-new73	CCCCTTTCATCCTTTTTGCC	GGTGGGACAGAGACTTGGAG	Hong et al. 2015
74	Blue-new74	CGACCCATCCAGTGCTTAG	TTCAATGATTCCGGCCGGTGA	Hong et al. 2015
75	Blue-new75	ACGCTGAATTGATTATGGTGCC	CCCATACCTCGAGCATGACC	Hong et al. 2015
76	Blue-new76	TTCCAAGCCACCTCATGTC	AAGTGGTTTTCAAGTAATTGCTTT	Hong et al. 2015
77	Blue-new77	AACGTTACCAAATGCCCCCT	CTGAGGTGTCCCCCATATGC	Hong et al. 2015
78	Blue-new78	GCTCCGGATATGCTTCCACA	GATTCCCTCGACATGGGACCC	Hong et al. 2015
79	Blue-new79	GTTCATCCTCCGACGGATCC	CACAAAGACCCACAAACTTGCA	Hong et al. 2015
80	Blue-new80	TCCGAAGTCTTGCCTCTTGG	CCGCACCATCCCCACAATAT	Hong et al. 2015
81	Blue-new81	TGGGTTGCTGAGTTTGTGTTGC	AAATGAAGCGGCCGTGTTTC	Hong et al. 2015
82	Blue-new82	TGAGCTTAGTTGGTGCAGGG	GTAGCAGGATGCCAGGATCC	Hong et al. 2015
83	Blue-new83	GGCAACAAATGTGCCCATTT	CTGCTCGCCATGAACTTGTG	Hong et al. 2015
84	Blue-new84	TCATGTACCACGGGGCTTTC	ACACAGAGTACTGCTGCTGG	Hong et al. 2015
85	Blue-new85	ATTGAGGCTCGCCGACTATG	GTGCGGCGGATGCTTTTTATT	Hong et al. 2015
86	Blue-new86	GGTTGCGTTTGGTCCAAATCA	GAGACAGAGTGTGCCAAAGGA	Hong et al. 2015
87	Blue-new87	ACGAGTCACTACGAACCGTA	TTGAACGGTCAGACAGAGCC	Hong et al. 2015
88	Blue-new88	ACGGTGATGGATTTCCGTTGA	GGTGTACCACTCCTCTTGCA	Hong et al. 2015
89	Blue-new89	GCCAATGACAACCGAAGTGG	TGTCCTCGTTGGTCTTCACG	Hong et al. 2015
90	Blue-new90	GCGGTCTGTACAATTGCGTC	GAAACAGCAAGGCCAATGCA	Hong et al. 2015
91	Blue-new91	AAGTCACGCCAAGGTAGGTG	CCCTGCACATCACACATCCA	Hong et al. 2015
92	Blue-new92	TTTTGGGTGCCCTGGTGATT	ATCTTCTCCTCCTCCGCTT	Hong et al. 2015
93	Blue-new93	GATCGTGATTGGTGTGCGG	TAACAAACACGGACGGAGGG	Hong et al. 2015
94	Blue-new94	ACTCTGGTATTGCAACACGGT	TGGAGATGCTCGTAGGGGAA	Hong et al. 2015
95	Blue-new95	TCAATGCTGACCCCTGAACC	GCCAGTTTGCCACCCTCTAT	Hong et al. 2015
96	Blue-new96	TGGGCCTTGAAAACACCTT	TTGCTTCATGGGAAGTGCCT	Hong et al. 2015
97	Blue-new97	GCATTCAATGGGATGCGGTC	TGAGAGGGCCTAGTTTCTGC	Hong et al. 2015
98	Blue-new98	TCAAGCAAATTGGAACGGAGA	CGCTGCAATATGTGTGCTCC	Hong et al. 2015

99	Blue-new99	GTCACCTCCATCTAGCACCG	CTAGGTTTTGGGGCAGAGG	Hong et al. 2015
100	Blue-new100	ATAAATACACACACGCGCGC	GACGGGTAGCTAGGTACCCA	Hong et al. 2015
101	Blue-new101	TCCTTCAACACAAGCAGCCA	CACGGTGTGGAAGGTTGAA	Hong et al. 2015
102	Blue-new102	CAAGCAGTCCCCTCCGAAAGT	TCACCAAAGAGAATCCTGGGC	Hong et al. 2015
103	Blue-new103	ATGCGTGCAACATCAGATGC	GTGGCTGCCTTTTGGTTCTG	Hong et al. 2015
104	Blue-new104	AGTAAATGTCATCCGGCCGG	TGGCTTGGAAAGGTGAGGTC	Hong et al. 2015
105	Blue-new105	GGTGGGAGTTGGCAAGATCA	GATGGCCCCATGTACAGGAG	Hong et al. 2015
106	Blue-new106	TCCTCGCTTTTCGTGAAACA	TCTCCGAAAATGCAAGCCCT	Hong et al. 2015
107	Blue-new107	GAAGTGTCTCTCTCCACCG	ACTTGGCAGAGTTTCCTTGCT	Hong et al. 2015
108	Blue-new108	TCCATGTTGCCGTAAAGGGG	TCGTTTTACGGGCCAGACAA	Hong et al. 2015
109	Blue-new109	GGCTCCACCACTGCTATCAG	ACCGTATGGCTTGGTAGAATCA	Hong et al. 2015
110	Blue-new110	GATGCTTGCAATGCTCCAG	CCGCTTGGGGAAGTTGATGA	Hong et al. 2015
111	Blue-new111	AAAGAACACGTGCCACATGC	GCCCCGAAAAGTGTGGAC	Hong et al. 2015
112	Blue-new112	GACTGCAGATGCTTTTGGGC	TCTCGTCGTTGTCTTGACACA	Hong et al. 2015
113	Blue-new113	GGCATCCTAACAGGCACAGT	GAAATCATCCGTGGGCAAGC	Hong et al. 2015
114	Blue-new114	CACCAATGCTTTGTGGGCAA	AGCTCACTCGTGACTTGTGCG	Hong et al. 2015
115	Blue-new115	TTCCAATGCAAGTGCTCCCT	TGGCATGCCTCAGTTGACTT	Hong et al. 2015
116	Blue-new116	GCTCTGTTTGTTCGACGCA	TTCACCATCCTGTGAGGTGC	Hong et al. 2015
117	Blue-new117	AACCTCAAACCTGCACACCA	AAGAAGTAGTCAGTGCCGGC	Hong et al. 2015
118	Blue-new118	ACCGCCTCAGATTGTGAAGG	ATCACCATTGACGCCCTGTT	Hong et al. 2015
119	Blue-new119	GTTTGGTTGGTGCGCTGAAT	TGTCCTGTTGTCCATCGTCG	Hong et al. 2015
120	Blue-new120	ATGTTGTGCGCGTGAACAGA	ACCTGTCCCACCTGTCTCTT	Hong et al. 2015
121	Blue-new121	ACACCCAAGCCCAATGAAGA	CACTCCAATACAAGAGAGGAGGA	Hong et al. 2015
122	Blue-new122	TGACTTCCACTTTGTTCGCGC	CATGGCAAATGTGGGGGTG	Hong et al. 2015
123	Blue-new123	AAAGTGGCCAAACCTAGGG	GTCCCCTTGCTGTCTCTCTC	Hong et al. 2015
124	Blue-new124	GTTGAAGCCTTTCCTGCTGC	CTCGAAACGCCTACACCACT	Hong et al. 2015
125	Blue-new125	CAGGGCCACTATGATCCAGC	GCTTCTAACAATTCGTATCTCCC	Hong et al. 2015
126	Blue-new126	GCTTTTGCAACCCACATGGA	TATGTGGAGGAGGGGTGGAG	Hong et al. 2015
127	Blue-new127	CATGGACAGCTGAGGAGGAC	CATGGCACGCCTTTTCACAA	Hong et al. 2015
128	Blue-new128	AAGCATGTATTCCCAGGCC	TCCAAACAGGCTACCGGAAC	Hong et al. 2015
129	Blue-new129	CTTCAGGCGCTGGTTTAGGA	TGGAGAGGGGCAAAGGAAA	Hong et al. 2015
130	Blue-new130	ATGGCCTGGGTACTGGATCT	CAATAAAGCCTTGGCCGAGC	Hong et al. 2015
131	Blue-new131	ACAACCCTAGAGGCAAGAGC	CATGTCCCCAATGGCCTAA	Hong et al. 2015
132	Blue-new132	ACAAGGGGCAACATCGTCTT	AACGATTGAGCAGCCTTGGT	Hong et al. 2015
133	Blue-new133	GGACACGGCTGACACAAGTA	CGGTGAGATTTGAGCCTCCA	Hong et al. 2015
134	Blue-new134	TCTTTTCATGTTTCGGTTGTGCA	TTTTCCCTCCGAATGCTCC	Hong et al. 2015
135	Blue-new135	GAGGAAGAAATCGCCGTTGC	GTGTTGTTGATGGCCACTGC	Hong et al. 2015
136	Blue-new136	AGAACTTTTGCCCGCCATA	AAGGGGGATTTGGAGGAGGA	Hong et al. 2015
137	Blue-new137	GGGTGCCGATACCTCAAAA	TGCAGGTCAGGTTTCATCGAC	Hong et al. 2015
138	Blue-new138	CTGGTTTGGCCGAAGTAGT	CTTCCACTGAGGGCCATGTT	Hong et al. 2015
139	Blue-new139	AACCAACCCAAAGACAGCCA	GCTCCCTCAGGCGTACAAAT	Hong et al. 2015
140	Blue-new140	GCTCACTCATCTCTCCGC	TGAGTTGGTGAATGAGAGGA	Hong et al. 2015
141	Blue-new141	AAGGCTTGGGCTTTGGGTAG	ACCCAACCATTTTCTCTCCCA	Hong et al. 2015
142	Blue-new142	CTGTGCTTCTCATTGCATTGGT	CATACCTGAGCCACTGCGAA	Hong et al. 2015
143	Blue-new143	GCCTTCGGTTTTTGGCATGT	TGGTGAGGCAGCTGAAGAAG	Hong et al. 2015
144	Blue-new144	GTTACCTCCTCTCCGTCCCT	CCTTTCGGGTGTAGCCAGTT	Hong et al. 2015
145	Blue-new145	GCTCAGCTCGATTAGTAGCCC	CCGCTTAGTACAACAGGCCA	Hong et al. 2015
146	Blue-new146	AACAACCAGCTGTGTGGGAA	CGAAAATCTTAGTACTTCCACTGC	Hong et al. 2015
147	Blue-new147	AACCTCTCTTTGAGCGCTC	GTGGATGCTTGTGCCTTGTG	Hong et al. 2015
148	Blue-new148	TCCAACAATTACTTGGGAGACA	CATGCATCACACATTGCGGT	Hong et al. 2015

3) 결과 및 고찰

가. SSR 프라이머 개발

‘카멜리아’, ‘알라파하’ 두 품종에 대해 NGS 기법을 이용하여 De novo assembly를 수행하여 Contigs를 작성하였고 ‘카멜리아’ 품종의 assembled contig(1kb)를 reference로 사용하여 두 품종간 SSR을 탐색한 결과 ‘카멜리아’ 품종에서 분석된 SSR 수는 1,255개였고, ‘알라파하’ 품종에서 분석된 SSR 수는 839개로 나타났다. 그리고 두 품종간에 다형성을 나타내는 분자표지는 987개로 나타났다.

Table 3. SSR primer set between 2 varieties of blueberry.

Sample	Number of SSR	Number of polymorphic SSR candidate
Camellia	1,255	987
Alapaha	839	

나. SSR 마커 선발 및 DB 구축

국내 블루베리 품종식별에 적합한 SSR 마커를 선발하기 위해 확보된 148개의 SSR 프라이머(Table 2)를 이용하여 ‘휴론’ 등 8품종간에 다형성을 나타내는 SSR 마커 총 7개 마커를 선발하였다(Fig. 1). 선발된 마커 7개(Hong et al. 2015)와 종자원에서 기 선발된 SSR 마커 17개(Hong et al. 2014)를 합하여 총 24개의 SSR 마커를 이용하여 수집된 블루베리 39점에 대한 DB 구축을 실시하였다. 24개의 분자표지를 이용하여 39점에 대한 다형성 정도를 조사한 결과는 표와 같다(Table 4).

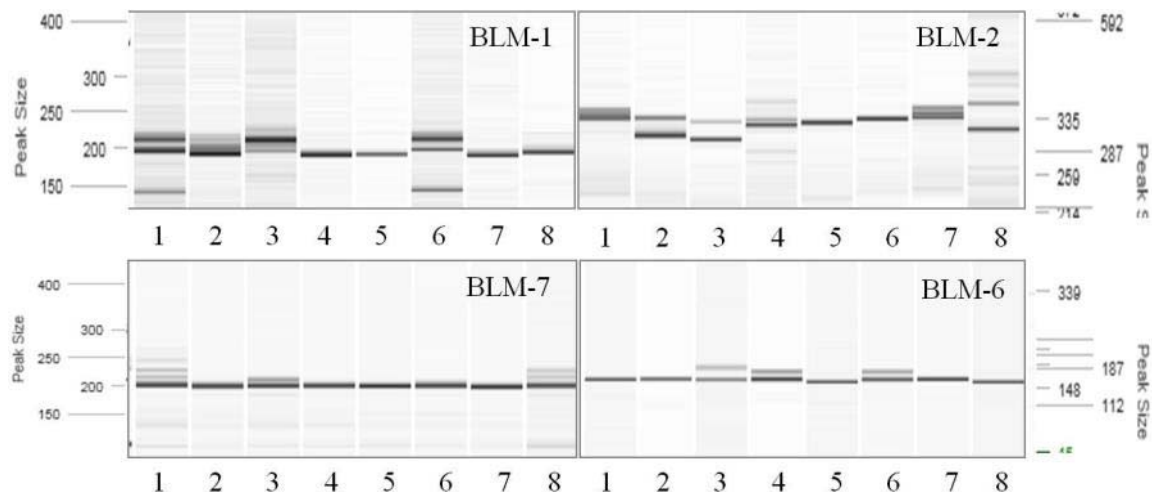


Fig. 2. Polymorphism of SSR markers, BLM-1, BLM-2, BLM-6, BLM-7. The PCR products were analyzed using a QIAxcel Advanced System(QIAGEN). Lane 1: ‘Huron’, 2: ‘Liberty’, 3: ‘Rebel’, 4: ‘Suziblue’, 5: ‘Draper’, 6: ‘Elizabeth’, 7: ‘Alapaha’, 8: ‘Camellia’.

Table 4. Characteristics of the 24 SSR markers selected for genetic characterization of blueberry varieties.

No.	Primer name	Repeat motif	AT(°C)	Product size(bp)	No. of alleles	PIC value	labelling
1	CA23F	(AGA)6	55	156-168	4	0.587	VIC
2	CA25F	(TG)7	55	246-255	4	0.627	NED
3	CA169	(GAT)4	55	112-130	5	0.779	VIC
4	CA190R	(TGC)5	55	240-246	3	0.639	NED
5	CA214F	(TC)6	55	121-125	3	0.547	FAM
6	CA664F	(AG)6	55	120-124	3	0.487	VIC
7	CA236F	(TG)17	55	223-240	7	0.737	NED
8	CA278F	(CCA)7	55	239-251	5	0.685	FAM
9	NA240	(TC)3	55	101-104	2	0.495	VIC
10	NA961	(TAC)5	55	183-195	5	0.732	NED
11	CA518F	(CAC)6	55	177-186	4	0.346	FAM
12	CA1031F	(CT)10	55	201-245	10	0.814	VIC
13	NA172	(CAT)5	55	293-308	5	0.678	FAM
14	NA222	(TG)8	55	303-307	3	0.556	PET
15	VCC1_H9	(CT)13	55	199-226	11	0.870	VIC
16	VCC1_I8	(TG)8	55	111-161	7	0.706	FAM
17	VCC1_J3	(AAG)15	55	134-164	5	0.615	PET
18	Blue-new92	(CT)8	55	142-220	6	0.684	NED
19	Blue-new97	(TAAT)6	55	313-349	7	0.694	VIC
20	Blue-new98	(AT)7	55	164-198	5	0.476	NED
21	Blue-new101	(TC)5	55	225-259	4	0.569	FAM
22	Blue-new102	(CT)5	55	149-154	2	0.497	PET
23	Blue-new128	(AC)5	55	164-169	3	0.548	VIC
24	Blue-new143	(AT)5	55	281-286	3	0.367	FAM
Total					116	14.735	
Mean					4.8	0.614	

SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~11개 였고, 총 116개의 대립유전자가 분석 되었으며 마커 당 평균 대립유전자의 수는 4.8개로 나타났다. 각 마커별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.346에서 0.870까지 나타났으며, 평균값은 0.614로 분석되었다.

24개 SSR 마커를 이용하여 블루베리 39점에 대한 유전적 유연관계를 분석한 계통도는 그림과 같다(Fig. 2). 공시품종의 유사도 지수는 0.38-1.00의 범위로 나타났으며, 39점 중 ‘버클리’와 ‘저지’, ‘블루크럽(서부지원)’ 과 ‘테라스블루베리치쿠시스바루’ 를 제외한 35점이 모두 식별되는 것으로 나타났다. 39점 중 동일품종인 ‘얼리블루’, ‘엘리자베스’, ‘블루크럽’, ‘스파르탄’ 은 품종 당 2점을 분석하였는데, 4품종 모두 국립종자원 서부지원에서 채취한 시료와 국립원예특작과학원으로 분양받은 시료의 대립유전자형이 다르게 나타났다. 국내에서 유통되는 블루베리 품종의 진위가 불분명한 상태이므로 국립원예특작과학원에서 미국에서 직접 받은 시료를 본 과제에 활용한바 향후 블루베리 품종 진위에 대한 분쟁 발생 시 시료 출처에 따른 품종 진위 검정에 본 결과를 참고해야 할 것으로 사료된다. 그리고 본 연구를 통해 구축된 블루베리 24개 SSR 마커 세트를 제 9협동과제인 국립원예특작과

학원에 제공하였고, 9협동과제에서 본 과제의 마커를 재검증하여 본 연구의 공시품종과 중복되는 품종을 대상으로 실험실간에 높은 재현성과 반복성을 보이는 마커를 확인할 수 있을 것으로 사료된다.

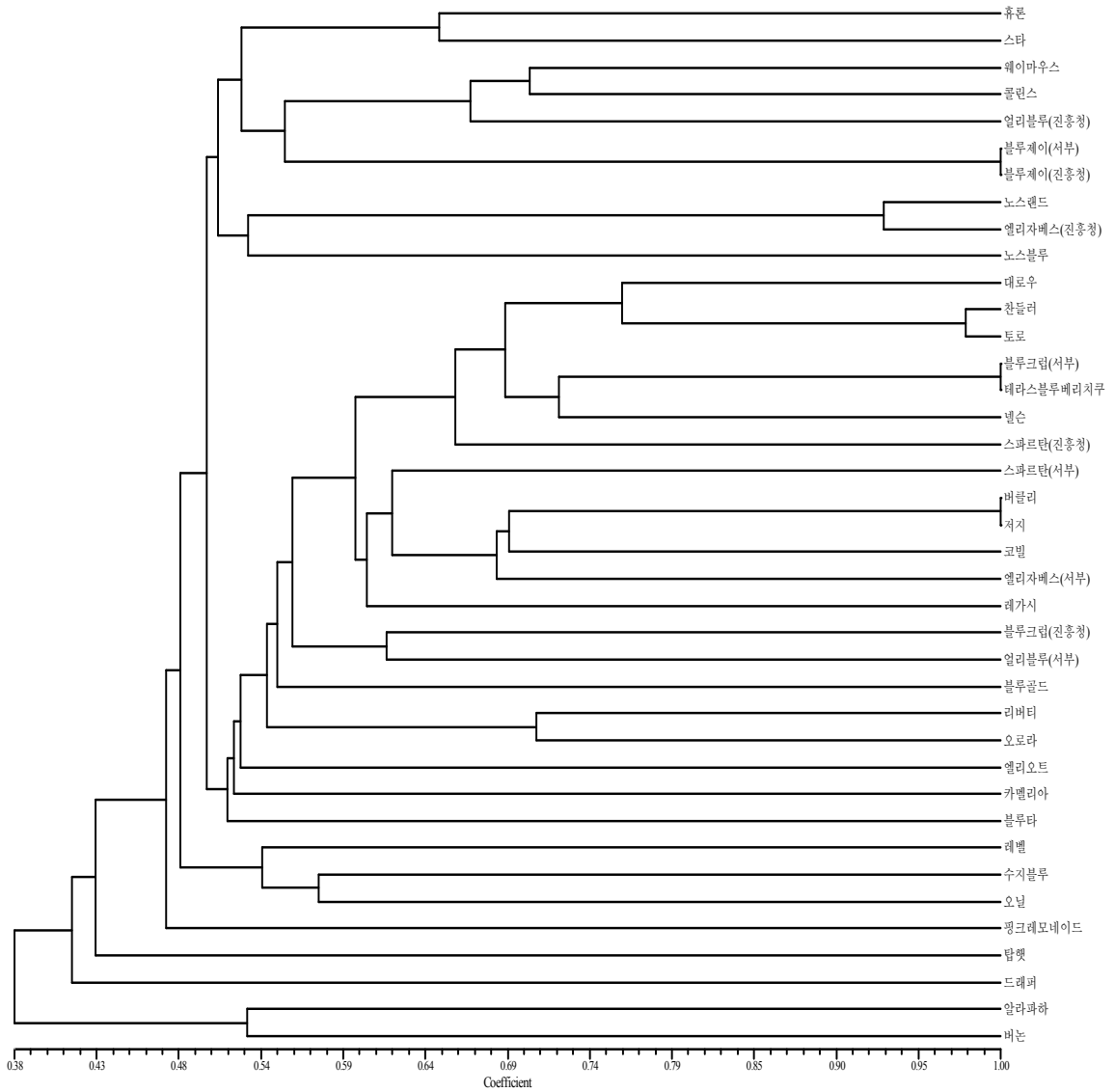


Fig. 3. Dendrogram of 39 blueberry accessions using SSR markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

<3차년도 수행결과>

1) 서론

블루베리(*Vaccinium* spp.)는 진달래과(Ericaceae), *Vaccinium*속, *Cyanococcus*아속에 속하며, *Vaccinium* 속에는 약 400개종이 있고 상업적으로 재배되는 블루베리는 하이부쉬 블루베리(*V. corymbosum*), 로우부쉬 블루베리(*V. angustifolium*), 래빗아이 블루베리(*V. ashe*), 하프 하이부쉬 블루베리(*V. angustifolium* x *V. corymbosum*)가 있으며, 이중에 하이부쉬 블루베리가 전세계적으로 가장 많이 재배된다고 보고된 바 있다(Ratnaparkhe 2007). 3차년도 연구에

서는 보다 신속한 품종 분석법을 개발하기 위하여 차세대염기서열분석을 통해 얻어진 데이터를 이용하여 품종식별을 위한 SNP 분자표지를 개발하고, 수집된 품종들에 대한 데이터베이스를 구축한 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 DNA 분리

국내에서 유통되는 블루베리 품종에 대한 SNP분자표지 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 국립원예특작과학원으로부터 84품종(남부하이부시 계열 23종, 북부하이부시 계열 35종, 래빗아이 계열 18종, 반수고하이부시 계열 5종, 기타 3종)을 분양받아 공시품종으로 활용하였다(Table 1).

Table 1. Commercial blueberry varieties assayed for genetic characterization using SNP markers.

번호	품종명	Type	생육상	출처	번호	품종명	Type	생육상	출처
1	Alapaha	래빗아이	조생종	원예특작과학원	43	Lateblue	북부하이부시	만생종	원예특작과학원
2	Aliceblue	래빗아이	중생종	원예특작과학원	44	Liberty	북부하이부시	극만생종	원예특작과학원
3	Aurora	북부하이부시	극만생종	원예특작과학원	45	Magnolia	남부하이부시	중만생종	원예특작과학원
4	Baldwin	래빗아이	극만생종	원예특작과학원	46	Maru	래빗아이	극만생종	원예특작과학원
5	Berkeley	북부하이부시	중생종	원예특작과학원	47	Misty	남부하이부시	중생종	원예특작과학원
6	Black prarl	남부하이부시	조중생종	원예특작과학원	48	Nelson	북부하이부시	만생종	원예특작과학원
7	Bladen	남부하이부시	조중생종	원예특작과학원	49	New hanover	남부하이부시	조중생종	원예특작과학원
8	Bluecrop	북부하이부시	중생종	원예특작과학원	50	Northblue	반수고하이부시	조생종	원예특작과학원
9	Bluegold	북부하이부시	조중생종	원예특작과학원	51	Northland	반수고하이부시	조생종	원예특작과학원
10	Bluehaven	북부하이부시	조중생종	원예특작과학원	52	Ohtsubuoshi	북부하이부시	중생종	원예특작과학원
11	Bluereka	북부하이부시	중생종	원예특작과학원	53	O'Neal	남부하이부시	중만생종	원예특작과학원
12	Blueridge	남부하이부시	조중생종	원예특작과학원	54	Ono	래빗아이	만생종	원예특작과학원
13	Bluetta	북부하이부시	조생종	원예특작과학원	55	Onslow	래빗아이	만생종	원예특작과학원
14	Bonifacy	북부하이부시	중생종	원예특작과학원	56	Patriot	북부하이부시	조생종	원예특작과학원
15	Bonus	북부하이부시	만생종	원예특작과학원	57	Pink lemonade	래빗아이	중만생종	원예특작과학원
16	Brightwell	래빗아이	중생종	원예특작과학원	58	Polaris	반수고하이부시	조생종	원예특작과학원
17	Brigitta	북부하이부시	중,만생종	원예특작과학원	59	Powderblue	래빗아이	극만생종	원예특작과학원
18	Briteblue	래빗아이	만생종	원예특작과학원	60	Rancocas	북부하이부시	중생종	원예특작과학원
19	Burlington	북부하이부시	만생종	원예특작과학원	61	Rebel	남부하이부시	조생종	원예특작과학원

20	Callaway	남부하이부시	극만생종	원예특작과학원	62	Rubel	북부하이부시	중만생종	원예특작과학원
21	Camellia	남부하이부시	극조생종	원예특작과학원	63	Scintilla	남부하이부시	조생종	원예특작과학원
22	Chandler	북부하이부시	중생종	원예특작과학원	64	Sharpblue	남부하이부시	조중생종	원예특작과학원
23	Chonticleer	NA	NA	원예특작과학원	65	Sierra	북부하이부시	중생종	원예특작과학원
24	Climax	래빗아이	조생종	원예특작과학원	66	Southland	래빗아이	극만생종	원예특작과학원
25	Collins	북부하이부시	조생종	원예특작과학원	67	Spartan	북부하이부시	조중생종	원예특작과학원
26	Columbus	래빗아이	중생종	원예특작과학원	68	Spartangrow	북부하이부시	조생종	원예특작과학원
27	Coville	북부하이부시	중,만생종	원예특작과학원	69	Summit	남부하이부시	만생종	원예특작과학원
28	Croatian	북부하이부시	조생종	원예특작과학원	70	Sunrise	북부하이부시	조중생종	원예특작과학원
29	Darrow	북부하이부시	만생종	원예특작과학원	71	Sunshineblue	남부하이부시	중만생종	원예특작과학원
30	Draper	북부하이부시	조중생종	원예특작과학원	72	Superior	반수고하이부시	중생종	원예특작과학원
31	Duke	북부하이부시	극조생종	원예특작과학원	73	Suzible	남부하이부시	극조생종	원예특작과학원
32	Duplin	남부하이부시	중,만생종	원예특작과학원	74	Sweet crisp	남부하이부시	NA	원예특작과학원
33	Earliblue	북부하이부시	극조생종	원예특작과학원	75	Sweet heart	북부하이부시	조생종	원예특작과학원
34	Elliot	북부하이부시	만생종	원예특작과학원	76	T(Titan)-959	래빗아이	조생종	원예특작과학원
35	Elizabeth	북부하이부시	중,만생종	원예특작과학원	77	TH-819	남부하이부시	조생종	원예특작과학원
36	Emerald	남부하이부시	중생종	원예특작과학원	78	Tifblue	래빗아이	극만생종	원예특작과학원
37	Friendship	반수고하이부시	조생종	원예특작과학원	79	Toro	북부하이부시	중생종	원예특작과학원
38	Georgiagem	남부하이부시	중생종	원예특작과학원	80	Vernon	래빗아이	중만생	원예특작과학원
39	Gupton	남부하이부시	중,만생종	원예특작과학원	81	Windsor	NA	NA	원예특작과학원
40	Hombell	래빗아이	중생종	원예특작과학원	82	Woodard	래빗아이	조생종	원예특작과학원
41	Huron	북부하이부시	조생종	원예특작과학원	83	Legacy	남부하이부시	만생종	원예특작과학원
42	Kestrel	남부하이부시	조생종	원예특작과학원	84	Tap hat	NA	NA	원예특작과학원

나. SNP 후보군 선발

새로운 SNP분자표지를 개발하기 위하여 기존의 RNA sequencing 데이터를 이용하여 품종 식별에 활용이 가능한 SNP candidate를 확보하였다. NGS분석은 Short read data의 sequence quality에 따른 trimming 후, reference genome과의 alignment를 수행하여 consensus

sequence를 작성한다. 프로그램을 이용하여 raw SNP(In/Del) 및 SSR detection 후에, *SEEDERS in-house* script를 이용하여 샘플 간의 SNP(In/Del) 및 SNP matrix를 작성하고, 유한 SNP(In/Del) 및 SSR 후보 선발을 위한 filtering 과정을 진행 후, 추가적으로 alignment 과정 중에 블루베리와 공개된 표준 유전체 간의 mapping을 높이기 위하여 *de novo* assembly를 수행하여 생성된 contig를 reference로 이용하여 분석을 진행하였다. NGS분석을 위하여 사용된 2품종(카멜리아, 알라파하)의 SNP 후보군은 그림2에서 보는 바와 같고 Indel은 그림3과 같다.

Table 2. Summary of SNP detection

Sample	# of Total SNP	# of Homozygous (read depth \geq 90%)	# of Heterozygous (40% \leq read depth \leq 60%)	# of 기타 (homo/heterozygous로 구분할 수 없는 경우)
Highbush 카멜리아	55,357	109	8,506	46,742
Rabbit 알라파하	93,199	16,406	16,741	60,052

Table 3. Summary of In/Del detection

Sample	# of Total In/Del	# of Homozygous (read depth \geq 90%)	# of Heterozygous (40% \leq read depth \leq 60%)	# of 기타 (homo/heterozygous로 구분할 수 없는 경우)
Highbush 카멜리아	961	3	295	663
Rabbit 알라파하	2,483	660	741	1,082

다. SNP마커 개발 및 다형성 분석

블루베리 품종식별에 효과적인 SNP마커 개발을 위하여 차세대 염기서열분석 결과 6만개의 SNP locus 중에서 Frequency가 높은 80개의 SNP를 선별한 후, Direct Sequencing을 통하여 정확한 유전자형을 확인하고 품종식별을 위한 80개의 프라이머를 디자인하였다. 마커는 저비용의 분석을 위하여 Allele specific primer를 제작하여 ‘Duke’, ‘Camellia’, ‘Alapaha’, ‘Huron’, ‘Vernon’ 블루베리 5품종에 대한 유전자형 확인을 시도하였다.

PCR 반응은 블루베리 게놈 DNA 10ng 1.5ul, 50pmole의 SNP primer, 0.15ul 2×Multiplex PCR mix(Solgent. co.) 10.0ul에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 20ul로 맞추었다. PCR(C1000, BioRad, USA)은 30회 실시하며, pre-denaturation은 94°C 에서 15분, denaturation은 94°C 에서 30초, annealing은 60°C 에서 30초, extension은 72°C 에서 30초, final-extension은 72°C 에서 7분간 수행하였다. 유전자 증폭 산물은 3%의 아가로스 상에서 전기영동하고 밴드 출현의 유무를 통하여 다형성을 보이는 마커를 선별하였다. 5품종에서 Direct Sequencing 결과와 동일한 PCR결과를 보이는 63개의 프라이머를 선별하였다. 선별된 마커를 사용하여 공시시료 84품종에 대하여 validation을 실시하였다.

Table 4. The 63 SNP markers used for identification Blueberry.

No.	SNP name	5'_primer_seq	3'_primer_seq
1	DSb1	TTATTATGTCGGCCCCGGTGTC	CTCCACCCACAATCTCTCTTATAACG
2	DSb2	GACACGTTATGGTTTTTATTATGTCGG	TCAGTCCCTGCCTTATCTTCGTAC
3	DSb7	CGCACCTAGGCTTAATGGGC	ACGCTCATGCACTCTTATGGGG
4	DSb8	TGCCAGGATAAGAGACAGAAAAGG	TGCCAGTTCTATAAGCGATTGAGTC
5	DSb9	CTTGGGTACTTATAGGACAGGCAC	TCCTCTCGTCTTGCTTCATCTG
6	DSb11	TCTATGACCACCCTGATCTGAGG	TGAGGCAAGATGAATAGGGTCTT
7	DSb13	AAAACCTCCAAAACCTCGGGTTCC	AGAGTAAGTGGCCTTTACTCATATAATCTC
8	DSb14	GCTTCTACGACTGCCTTCCC	AGCATAGCTCTTTCTTTCCCAGG
9	DSb15	AATCGTCTGTCGAAGCTGGTC	AACTACAAAACAACTACATCAACAACCC
10	DSb16	AATTAATCCCCCAAACCACCT	AACTACAAAACAACTACATCAACAACCC
11	DSb18	ATCTACTCTTCATGGGTACCGGATAC	AGAGGTGAGTTCATTAGGACTGAAGC
12	DSb20	TCGTTTCAAAAAACCAATCCC	AATTTTATAGCGGCAGCAACAG
13	DSb21	ACCTCCGCAGAAGAAGCAAC	GGTAAATGCAAATGCTTTAAAAGACA
14	DSb23	GCTAGGAAGTGGCTACTTACTCATATCAT	ATCACAAAAGAAGAAGCATCATCTAGC
15	DSb24	TGCTCGATATCTCCCTGCTATAAC	TTTACACAGTGCCTTAGCTTAGGTCG
16	DSb25	AAATCCATTAGCATTAGAAAGCCG	TGGTGAGATAGTTTTCTTAAGGTGTCC
17	DSb26	CCTCTTTCCCTCCCTTAATACCC	TCATTTTACACAGTGCCTTAGCTTAGG
18	DSb27	CATACGATTAAGCAGATAAACGGC	ATAATGGACCTATAGCTTCGGG
19	DSb29	GTGTTTTTGGCTTCAATCTTTACC	TGTTTTTGGCTTCAATCTTTCTC
20	DSb30	TTGACTCGATGGATGGAGGG	TTTGATTGCAGCTAGCCCG
21	DSb31	ACGGGACTCAGCGAGGAAAC	CGTCTGTTTTCAACCCATCTGTG
22	DSb32	ACTCAAATTCAATCCCAAAGCG	AGACCCGCTGCCTGTTTAC
23	DSb33	TCCGGCAACTCATTCAATAGTC	CTTGATCAGCGCCTAAACTAAA
24	DSb34	TCATTCAATAGTCCAATCTCTGTCC	TGTGAAGTTAGTGGATAAGGAATGTG
25	DSb35	GAGGAAGTCAATACAGACTCGAATATG	ACACCATCGTTTGAAGGACTTTAG
26	DSb36	GGATAAGTAAGGCATGAAAAAGAATTC	ATCGTTTGAAGGACTTTAGGCC
27	DSb37	ACAGAGAATTCTCCAGTTAATGATGAAG	TACACTACACCATCGTTTGAAGG
28	DSb39	AGAGAGCATTCAATTGTTGGACCG	AATGCTCACTTCAACTTACACTACAACC
29	DSb40	AGTCGAACCAGGAAGCTCCC	ACCACTTACAAGTTGAGAGATGTTCC
30	DSb41	CAGCAAGTGAATCAACTGCC	TCCCCCAGAACCCTACC
31	DSb42	ACCTTAGGAGCAATTTCTTGTTAAAG	AGATCGATCAGTCTTCTCCGAGATC
32	DSb44	TTCTTACCTTAAGGAGCAATTTCTTG	GATCGATCAGTCTTCTCCGAGATC
33	DSb46	CTTTCTTGAAGGTAATACCCCCG	TCGTAGATCATGCAAGAAAAGAAG
34	DSb47	TAATAGTCGAGACCAGGAGGACG	GATTGCCAAACATTCCTCAAC
35	DSb48	AGGAGCACTTGTTTCATAGCACTG	GAATCATGGCCATTCCTCTAG
36	DSb49	TCTTCTACGCCGTAAGTTGGG	AGGGGAGACATCGATCTTTGTAG
37	DSb50	GCATAGGTTTCCCAATCAATTTTATC	TAGCAAAGTGGAAACGGTCTGTC
38	DSb53	AAAAGGTTATTATACACCCACCC	TACAAAGAATCAAATGCATTTTCGAC

39	DSb54	GTCGGTGAAGTACTAGGTGGAAATTG	AAGCCCCGAGCTGGTCC
40	DSb55	AGAGGTCAAGTAGTAGCATTGGTTAAC	ACAAAGTTTAAAGTGAAGATTGAGCATG
41	DSb58	AGATGATAGATGGGGGGTCG	TGAATAGATGAATGAAAGACTTAAGGC
42	DSb60	AATGACTGCCTTCTTTCTTGTATC	TTTCAAGAATCGAGTTAATATAAAAAATATC
43	DSb61	AATGACTGCCTTCTTTCTTGTATC	TTCATATTATATTAAGTTCGATTCTTGAAACT
44	DSb62	AGTCCAAATCAACGGACGTTTC	TTGATGAGTCCCTCGCTCAGTG
45	DSb63	ATACAATGATAGGGGAGCGGG	TATGTAGTGTGTGGGGGCAATC
46	DSb65	TCCGTGTACCAAGGGAGTTAGC	TCTCGTGAGCACTTGGACAAG
47	DSb67	TCACGAGAGGGTATGAGCTTGTTC	TAAATGAATGGACCCCTCTATTTTGAC
48	DSb68	TTTTCGTACCTTGTCTCCAATCTC	TAAATGAATGGACCCCTCTATTTTGAC
49	DSb69	GGTTTTACTGATGACCAGCAAGTAC	AGCGCCTAAATGAATGGACC
50	DSb70	TTAAGAATCAGAATAGGTCCCGC	TAGCGCCCCTATAGAGTCAGG
51	DSb72	TAGCGCTTGACTAATAGAATAGAATAGAA	ACTTTCTTATGAGCAAAAACGGG
52	DSb73	AGATAGATCTATTGAGTGAGAGAAAGAAC	TGCAAAGGCATAATGATAGTAGGG
53	DSb75	TCCAGTTAGTGCTGCGCTATTC	GCAATTGCGCTCCCGAC
54	DSb76	AGAGTTGAGTCAAAAAAAGGTAGGG	ATGAAAGACGATCGATTATCTACCC
55	DSb77	CTCAAGAAGGTTTCGCAGTGG	TTCTTGACAACTTTTTCTTGAATATTC
56	DSb80	TCTTACACATATGTACCCGAGATCG	ACTCCTCGCTTCTGACTCCATG
57	DSb88	TTTGCTACTACCGCTGACGC	TGTCGAGGGGGATCCGC
58	DSb90	TTTCTATTGGCAACTCTTCAGGG	TGCAACTAATTCAACTAGATGGGG
59	DSb91	ACACGTTTATTAACCTAAGTTTTTATACC	TTTCCGGCTCATAATAGCACC
60	DSb92	TGCTAAGCTTGGTCTTTCTTGAGAG	TTTCCGGCTCATAATAGCACC
61	DSb93	ACTTCCAGATAATTGCAGACCG	ATGGGTCTACTGGTTATGCTTACC
62	DSb96	AGGTGCTATTATGAGCCGGAAAG	GCCTGCATCAACACAAGCG
63	DSb98	AATTCCTAGATTGTTCTCGAAGCG	TCTACTTCTGCTCGATGAGGG

3) 결과 및 고찰

가. SNP 프라이머 개발 및 DB구축

국내 블루베리 품종식별에 적합한 SNP 마커를 개발하기 위하여 63개의 주요 SNP마커를 이용한 블루베리 84품종에 대한 다형성 여부를 확인하고 최종적으로 25개의 유의성이 있는 SNP마커를 품종식별용으로 최종 선정하였으며, 이 마커를 사용하여 84품종에 대한 개별적인 품종 식별이 가능하게 되었다. 최종 선정된 25개의 SNP마커는 20개의 SNP마커와 5개의 InDel로 구성되어 있으며, InDel 경우, 5~10개의 염기가 삽입 및 결실이 있음을 확인하였다. (Table 5). 품종판별을 위하여 개발된 SNP분자표지의 정확한 반응 여부를 확인하기 위한 내재유전자로 광합성에서 CO₂고정에 관여하는 유전자인 rbcL(ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/ oxygenase)에 대한 프라이머를 제작하여 활용하였다. SNP마커 및 내재유전자를 활용한 PCR결과는 그림 1와 같이 발췌를 하였다

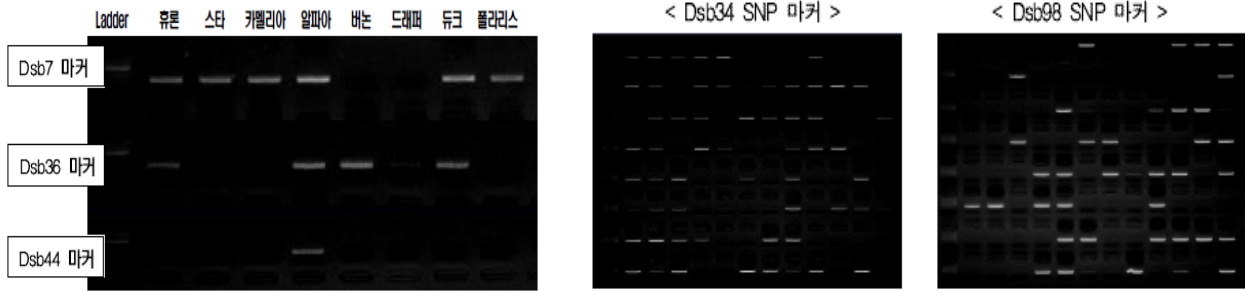


Fig. 1. Electrophoresis result of blueberry eight variety using SNP marker

Table 5. Primer sequence of SNP markers.

Marker	SEQ(5'→3')	Primer size(bp)	Amplicon (bp)	TYPE	Annealing Temp	Genotype	Shannon's Information	PCR amplicon						
								A	B	C	D	E		
Dsb7	F CGCACCTAGGCTTAATGGGC R ACGCTCATGCACTCTTATGGGG	20 22	229	INDEL	60	{TTAATGGGC}	0.663							
Dsb14	F GCTTCTAGGACTGCCTTCCC R AGCATAGCTCTTTCTTTCCAGG	20 23	187	SNP	60	{T/C}	0.632							
Dsb18	F ATCTACTCTTCATGGGTACCGGATAC R AGAGGTGAGTTTCATTAGGACTGAAGC	26 26	461	SNP	60	{C/T}	0.688							
Dsb21	F ACCTCCGAGAAAGCAAC R GGTAAATGCAAAATGCTTTAAAAGACA	20 26	390	SNP	60	{A/T}	0.690							
Dsb26	F CCTCTTCTCCCTTAATACCC R TCATTTACACAGTGCTTAGCTTAGG	23 26	220	INDEL	60	{CTTAATACCC}	0.632							
Dsb30	F TTGACTCGATGGATGGAGGG R TTTGATTGCAGCTAGCCCG	20 19	231	SNP	60	{C/T}	0.248							
Dsb32	F ACTCAAATTCATCCCAAAGCG R AGACCCGCTGCCTGTTAC	22 19	349	INDEL	60	{AAGCG}	0.692							
Dsb34	F TCATTCAATAGTCCAATCTGTCC R TGTGAAGTTAGTGGATAAGGAATGTG	25 26	445	SNP	60	{C/A}	0.681							
Dsb35	F GAGGAAGTCAATACAGACTCGAATATG R ACACCATCGTTTGAAGGACTTTAG	27 24	382	SNP	60	{G/T}	0.693							
Dsb36	F GGATAAGTAAGGCATGAAAAAGAATT R ATCGTTGGAAGGACTTTAGGCC	27 22	228	SNP	60	{C/A}	0.605							
Dsb37	F ACAGAGAATCTCCAGTTAATGATGAAG R TACACTAGACCATCGTTCGAAGG	28 23	176	SNP	60	{A/G}	0.689							
Dsb39	F AGAGAGCAATTCATTGTTGGACCG R AATGCTCACTTCAACTTACACTACAACC	23 28	606	SNP	60	{G/T}	0.690							
Dsb40	F AGTCGAACCAGGAAGCTCCC R ACCACTTACAAGTTGAGAGATGTTCC	20 26	352	SNP	60	{C/T}	0.632							
Dsb41	F CAGCAAGTGAATCAACTGCC R TCCCCCAGAACCCCTACC	21 18	461	SNP	60	{C/A}	0.681							
Dsb42	F ACCTTAGGAGCAATTTCTGTAAAG R AGATCGATCAGTCTTCCGAGATC	26 25	224	SNP	60	{G/A}	0.296							
Dsb44	F TTCTACCTTAAGGAGCAATTTCTTG R GATCGATCAGTCTTCTCCGAGATC	26 24	299	SNP	60	{C/T}	0.213							
Dsb48	F AGGAGCACTGTTTCATAGCACTG R GAATCATGGCCATTCCTCTAG	23 22	180	SNP	60	{C/T}	0.688							
Dsb49	F TCTTCTACGCCGACTTGGG R AGGGGAGACATCGATCTTTGTAG	20 23	396	SNP	60	{G/A}	0.687							
Dsb60	F AATGACTGCCTTCTTCTGTTATC R TTCAAGAATCGAGTTAATATAAAAAATATC	25 31	426	INDEL	60	{AAATATC}	0.687							
Dsb65	F TCCGTGTACCAAGGGAGTTAGC R TCTCGTAGCACTTGGACAAG	22 21	234	SNP	60	{C/T}	0.454							
Dsb70	F TTAAGAATCAGAAATAGTCCCGC R TAGCGCCCTATAGATCAGG	23 21	292	SNP	60	{C/T}	0.213							
Dsb73	F AGATAGATCTATTGAGTGAGAGAAAGGAAC R TGCAAAAGGCATAATGATAGTAGGG	30 24	446	INDEL	60	{AAGGAAC}	0.691							
Dsb76	F AGAGTTGAGTCAAAAAAAGGTAGGG R ATGAAAGACGATCGATTATCTACCC	26 25	294	SNP	60	{G/T}	0.690							
Dsb77	F CTCAAAGAAGTTTCGCAGTGG R TTCTGTACAACCTTTTCTTGGAATATC	21 29	324	SNP	60	{G/A}	0.645							
Dsb98	F AATTCCTAGATTGTTCTCGAAGCG R TCTACTTCTGCTCGATGAGGG	24 22	309	SNP	60	{G/A}	0.518							

A: Alpaha, B: Camellia, C: Duke, D: Huron, E: Vernon

최종 선정된 SNP마커의 품종 식별능을 확인하기 위하여 GeneAlix 6.1 프로그램을 사용하여 마커의 다형성을 측정할 수 있는 Shannon's Information Index(I)를 구하였으며, 그 결과 마커의 I index는 0.213 - 0.693으로 평균 0.588의 높은 수준의 유전적 다형성을 나타내어 향후 품종보호 출원품종의 대조품종선정, 종자분쟁 해결 등에 활용이 가능한 효과적인 마커임을 확인하였다.

$$I = - \sum p_i \ln p_i$$

Table 6. Summary of AS-PCR SNP markers developed in this study

SNP marker	Band Freq.	p	q	N	Na	Ne	I	He	UHe
DSb7	0.857	0.622	0.378	84.000	2.000	1.888	0.663	0.470	0.473
DSb14	0.893	0.673	0.327	84.000	2.000	1.787	0.632	0.440	0.443
DSb18	0.798	0.550	0.450	84.000	2.000	1.980	0.688	0.495	0.498
DSb21	0.786	0.537	0.463	84.000	2.000	1.989	0.690	0.497	0.500
DSb26	0.893	0.673	0.327	84.000	2.000	1.787	0.632	0.440	0.443
DSb30	0.131	0.068	0.932	84.000	2.000	1.145	0.248	0.126	0.127
DSb32	0.726	0.477	0.523	84.000	2.000	1.996	0.692	0.499	0.502
DSb34	0.667	0.423	0.577	84.000	2.000	1.953	0.681	0.488	0.491
DSb35	0.750	0.500	0.500	84.000	2.000	2.000	0.693	0.500	0.503
DSb36	0.500	0.293	0.707	84.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.417
DSb37	0.702	0.454	0.546	84.000	2.000	1.984	0.689	0.496	0.499
DSb39	0.786	0.537	0.463	84.000	2.000	1.989	0.690	0.497	0.500
DSb40	0.893	0.673	0.327	84.000	2.000	1.787	0.632	0.440	0.443
DSb41	0.667	0.423	0.577	84.000	2.000	1.953	0.681	0.488	0.491
DSb42	0.167	0.087	0.913	84.000	2.000	1.189	0.296	0.159	0.160
DSb44	0.107	0.055	0.945	84.000	2.000	1.116	0.213	0.104	0.105
DSb48	0.798	0.550	0.450	84.000	2.000	1.980	0.688	0.495	0.498
DSb49	0.690	0.444	0.556	84.000	2.000	1.975	0.687	0.494	0.497
DSb60	0.690	0.444	0.556	84.000	2.000	1.975	0.687	0.494	0.497
DSb65	0.310	0.169	0.831	84.000	2.000	1.391	0.454	0.281	0.283
DSb70	0.107	0.055	0.945	84.000	2.000	1.116	0.213	0.104	0.105
DSb73	0.714	0.465	0.535	84.000	2.000	1.991	0.691	0.498	0.501
DSb76	0.786	0.537	0.463	84.000	2.000	1.989	0.690	0.497	0.500
DSb77	0.571	0.345	0.655	84.000	2.000	1.825	0.645	0.452	0.455
DSb98	0.381	0.213	0.787	84.000	2.000	1.505	0.518	0.335	0.338

* Na = No. of Different Alleles

* Ne = No. of Effective Alleles = $1 / (p^2 + q^2)$

* I = Shannon's Information Index = $-1 * (p * \ln(p) + q * \ln(q))$

* He = Expected Heterozygosity = $2 * p * q$

* UHe = Unbiased Expected Heterozygosity = $(2N / (2N-1)) * He$

Where for Diploid Binary data and assuming Hardy-Weinberg Equilibrium,

$$q = (1 - \text{Band Freq.})^{0.5} \text{ and } p = 1 - q.$$

또한 선발된 SNP마커를 이용하여 국내 블루베리 84품종에 대한 유전적 연관관계를 확인하고자 NTSYS 프로그램을 사용하여 Phylogenetic tree를 작성하였으며, 이 분석을 위하여 1-Jaccard similarity coefficient를 적용하여 tree를 작성하였으며 GeneAlix 6.1 프로그램을 사용하여 Principle Component Assay(PCA)를 작성하였다.

$$* \text{ Jaccard distance (d): } d_J = \frac{M_{01} + M_{10}}{M_{01} + M_{10} + M_{11}} = 1 - J.$$

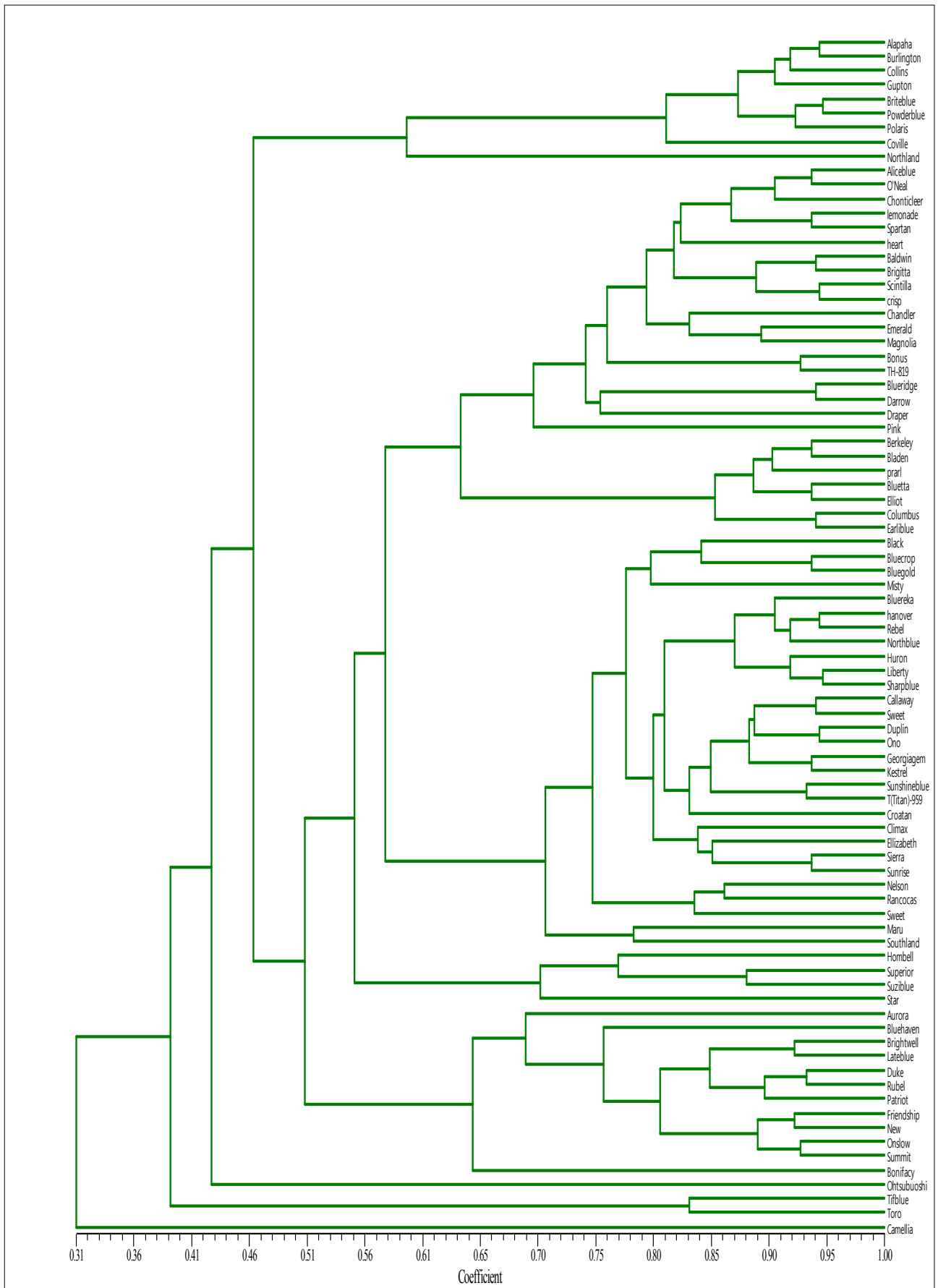


Fig 2. Phylogenetic tree of 84 blueberry using SNP marker

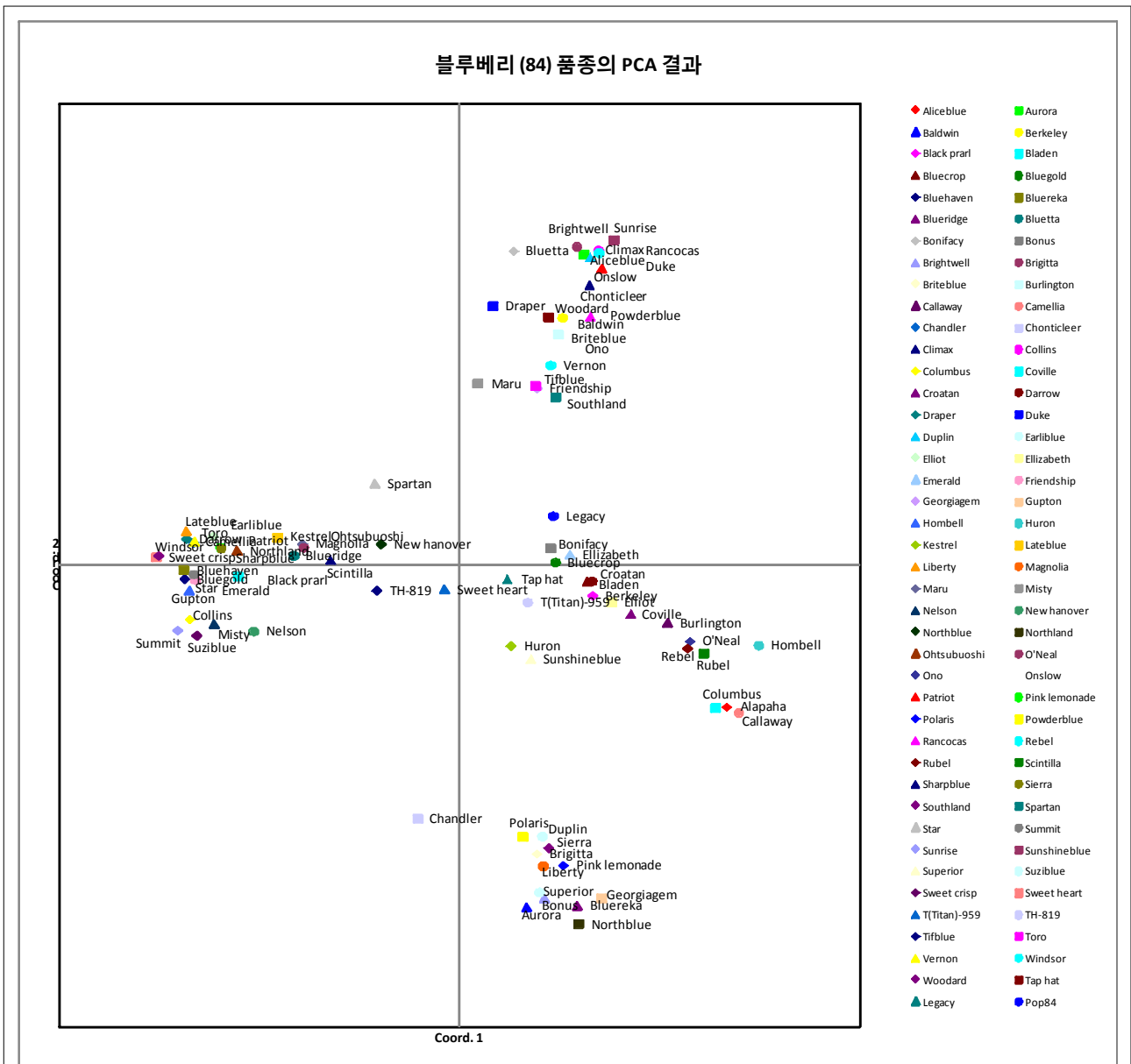


Fig 3. PCA analysis of 84 blueberry cultivars

결론적으로 25개의 SNP마커를 사용하여 블루베리 84품종에 대한 품종식별이 안정적으로 수행되었음을 확인할 수 있었고, 향후 품종보호 출원품종의 대조품종 선정, 종자분쟁해결 등 종자유통관리에 효과적으로 활용이 가능할 것으로 사료 된다.

14. 영양체 작물에 대한 DNA 보관체계 구축<2차년도 수행>

본 연구에서 유전자 분석 대상 작물은 13개로 종자번식 작물의 경우 국립종자원에서 보호등록품종, 국가목록등재신청품종, 생산수입판매신고품종의 종자를 보관하고 있기 때문에 품종보호 침해 및 종자분쟁 발생 시 이를 표준품종으로 활용하고 있다. 그러나 영양번식 작물의 경우 시료를 육종가가 보관하고 있기 때문에 침해 및 분쟁 발생 시 진위여부가 확실한 표준품종을 활용해야 한다. 일본의 경우 품종보호 품종에 대한 표본과 DNA 보존사업을 위하여 보호품종의 잎을 채취하여 -80℃에서 동결건조 시킨 다음 건조시설에 보관하거나, DNA를 분리한 후 -80℃에 보관하는 사업을 추진한다고 보고한 바 있다. 본 과제 수행을 위해 수

집된 영양체 시료는 육종가 및 작물 육성기관의 제출 시료와 국립종자원에서 재배심사 중인 품종을 활용하였기 때문에 품종에 대한 진위가 확실한 품종이므로 영양체 작물을 대상으로 분리된 DNA를 안정적으로 보관 하고 관리할 수 있는 시스템 구축이 필요하였다. 따라서 국화, 장미, 배, 블루베리 DNA 데이터베이스 품종을 대상으로 국화 147품종, 장미 26품종, 배 87품종, 블루베리 40품종 등 총 300품종에 대한 DNA 바코드화 작업을 추진한 결과를 보고하는 바이다.

1) 국화

국내에서 유통되는 국화 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 충남농업기술원 화훼연구소(구 예산국화시험장)로부터 분양받은 20품종과, 국립종자원 서부지원으로부터 수집된 127품종을 합하여 총 147품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다. DNA 바코드화를 위해서 147품종과 본 DB에는 포함되어 있지 않지만 서부지원에서 추가 수집된 11품종을 합하여 총 158품종(Table 1)을 대상으로 아래와 같이 캡코코리아(주)로부터 구입한 biological resources storage management system의 2D barcode jacket tube sample manager software를 이용하여 DNA 바코드화 작업을 추진하였다.

Table 1. The DNA list of 158 chrysanthemum varieties collected in korea.

No.	품종명	바코드 No.	Type	No.	품종명	바코드 No.	Type
1	보라미	Chry000001	스탠다드	80	젍피	Chry000080	스프레이
2	무지개	Chry000002	스탠다드	81	오렌지드립	Chry000081	스프레이
3	휘파람	Chry000003	스탠다드	82	자리타	Chry000082	스프레이
4	하이백산	Chry000004	스탠다드	83	오렌지키드	Chry000083	스프레이
5	매직	Chry000005	스탠다드	84	히라리오	Chry000084	스프레이
6	수미	Chry000006	스탠다드	85	젍블라	Chry000085	스프레이
7	일월	Chry000007	스탠다드	86	Cheeks	Chry000086	스프레이
8	체리블러섬	Chry000008	스탠다드	87	파이어엘로우	Chry000087	스프레이
9	포리스트아로마	Chry000009	스탠다드	88	카리스엘로우	Chry000088	스프레이
10	백마	Chry000010	스탠다드	89	핑크카리스	Chry000089	스프레이
11	피치엔디	Chry000011	스탠다드	90	엘로우광광	Chry000090	스프레이
12	파워엔디	Chry000012	스탠다드	91	핑크광광	Chry000091	스프레이
13	드림라운드	Chry000013	스탠다드	92	루비나	Chry000092	스프레이
14	파이어핑크	Chry000014	스탠다드	93	홍과	Chry000093	스프레이
15	신마	Chry000015	스탠다드	94	국야진주	Chry000094	스프레이
16	금화	Chry000016	스탠다드	95	국야미홍	Chry000095	스프레이
17	보령황국	Chry000017	스탠다드	96	국야백미	Chry000096	스프레이
18	그린엔디	Chry000018	스탠다드	97	국야수울	Chry000097	스프레이
19	텔리아카리	Chry000019	스탠다드	98	국야연미	Chry000098	스프레이
20	화이트러너	Chry000020	스탠다드	99	국야설화	Chry000099	스프레이
21	설미	Chry000021	스탠다드	100	알마도리스	Chry000100	스프레이
22	에코그린	Chry000022	스탠다드	101	암플루	Chry000101	스프레이

23	젬블라라임	Chry000023	스탠다드	102	마이루비	Chry000102	스프레이
24	그레이스엔디	Chry000024	스프레이	103	비노	Chry000103	스프레이
25	킹피셔	Chry000025	스프레이	104	마이걸	Chry000104	스프레이
26	예스루비	Chry000026	스프레이	105	핑크아이	Chry000105	스프레이
27	보그	Chry000027	스프레이	106	마이소울	Chry000106	스프레이
28	드림해피	Chry000028	스프레이	107	가야골드	Chry000107	스프레이
29	드림리버	Chry000029	스프레이	108	가야오렌지	Chry000108	스프레이
30	퍼플캡	Chry000030	스프레이	109	가야글로리	Chry000109	스프레이
31	롤리팝	Chry000031	스프레이	110	가야엘로우	Chry000110	스프레이
32	핑크맘	Chry000032	스프레이	111	가야네온	Chry000111	스프레이
33	아르거스	Chry000033	스프레이	112	가야루비	Chry000112	스프레이
34	퍼플콘	Chry000034	스프레이	113	퍼플에그	Chry000113	스프레이
35	Biarittz P	Chry000035	스프레이	114	줄리엣	Chry000114	스프레이
36	골드리치	Chry000036	스프레이	115	피스큐티	Chry000115	스프레이
37	골든보이	Chry000037	스프레이	116	가야핑크	Chry000116	스프레이
38	바카디필	Chry000038	스프레이	117	마이골드	Chry000117	스프레이
39	핑키보이	Chry000039	스프레이	118	마이씨니	Chry000118	스프레이
40	바티칸	Chry000040	스프레이	119	마이레드	Chry000119	스프레이
41	연자	Chry000041	스프레이	120	가야센스	Chry000120	스프레이
42	나오스	Chry000042	스프레이	121	마이윙	Chry000121	스프레이
43	네스터	Chry000043	스프레이	122	마이크림	Chry000122	스프레이
44	세이프틸그린	Chry000044	스프레이	123	넓은앞구절초	Chry000123	스프레이
45	텔리단테퍼플	Chry000045	스프레이	124	캔디볼	Chry000124	화단국
46	텔리비스카리	Chry000046	스프레이	125	다솜볼	Chry000125	화단국
47	텔리텐츠	Chry000047	스프레이	126	마루볼	Chry000126	화단국
48	텔리퀘백	Chry000048	스프레이	127	마당볼	Chry000127	화단국
49	텔리마리모	Chry000049	스프레이	128	금방울	Chry000128	화단국
50	텔리팁	Chry000050	스프레이	129	예스모닝	Chry000129	스프레이
51	러브마인	Chry000051	스프레이	130	엘로우캡	Chry000130	스프레이
52	여심	Chry000052	스프레이	131	시크릿핑크	Chry000131	스프레이
53	매직스타	Chry000053	스프레이	132	오렌지엔디	Chry000132	스프레이
54	텔몬트	Chry000054	스프레이	133	브라이트엔디	Chry000133	스프레이
55	씨니엔디	Chry000055	스프레이	134	젬블라엘로우	Chry000134	스프레이
56	바운스엔디	Chry000056	스프레이	135	핑퐁	Chry000135	스탠다드
57	아도스	Chry000057	스프레이	136	큐티엔디	Chry000136	스탠다드
58	아즈마	Chry000058	스프레이	137	메리벨	Chry000137	스프레이
59	사스인엘로우	Chry000059	스프레이	138	텔리아크림	Chry000138	스프레이
60	노스타	Chry000060	스프레이	139	모나리자	Chry000139	스프레이
61	사스인크림	Chry000061	스프레이	140	글로리아	Chry000140	스프레이
62	세이렌느	Chry000062	스프레이	141	글로리핑크	Chry000141	스프레이
63	세이마이러	Chry000063	스프레이	142	텔리바르카	Chry000142	스프레이

64	세이테드	Chry000064	스프레이	143	텔리아라곤	Chry000143	스프레이
65	세이아스트론	Chry000065	스프레이	144	무량루즈	Chry000144	스프레이
66	스위트스노우	Chry000066	스프레이	145	해피엔디	Chry000145	스프레이
67	포드	Chry000067	스프레이	146	보라미 오렌지	Chry000146	스프레이
68	스위트썬	Chry000068	스프레이	147	시저크림	Chry000147	스프레이
69	스윗캔디	Chry000069	스프레이	148	세이리뿌	Chry000148	스프레이
70	핑키	Chry000070	스프레이	149	세이엘자	Chry000149	스프레이
71	아티퍼플레이디	Chry000071	스프레이	150	스위트 봉봉	Chry000150	스프레이
72	아티다크초콜릿	Chry000072	스프레이	151	레오파드	Chry000151	스프레이
73	에스홀릭	Chry000073	스프레이	152	카르텔리	Chry000152	스프레이
74	쨌즈	Chry000074	스프레이	153	아티라이징선	Chry000153	스프레이
75	엘로우드림	Chry000075	스프레이	154	젬블라브라질	Chry000154	스프레이
76	스파이벨리	Chry000076	스프레이	155	큐티핑크	Chry000155	스프레이
77	엘로우마블	Chry000077	스프레이	156	포천구절초	Chry000156	구절초
78	Sei-agness	Chry000078	스프레이	157	아도스	Chry000157	스탠다드
79	엘로우키드	Chry000079	스프레이	158	아도스	Chry000158	스프레이

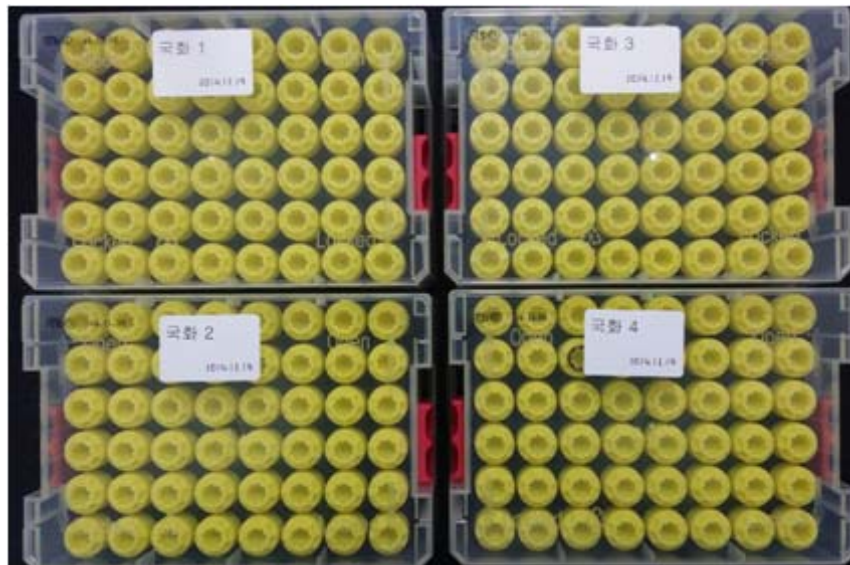


Fig. 1. The DNA-barcode tube of 158 chrysanthemum varieties.

국내에서 수집된 국화 158품종의 DNA를 그림1과 같이 바코드화하고 -80°C 초저온냉동고에 보존하여 안정적인 DNA 보관관리 체계를 구축하였다. 향후 2차 년도에 신규 수집된 37품종에 대해서도 DNA를 분리 후 바코드화 할 예정이다.

2) 장미

국내에서 유통되는 장미 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 경기도농업기술원으로부터 분양받은 26품종과 2차 년도에 경기도농업기술원으로부터 수집된 36품종, 국립종자원 재배시험 품종 79품종을 합하여 총 141품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다. 이중 DNA 바코드화를 위해서 1차 년도에 수집하여 분리한 DNA 26점(Table 2)

을 대상으로 아래와 같이 캡코코리아(주)로부터 구입한 biological resources storage management system의 2D barcode jacket tube sample manager software를 이용하여 DNA 바코드화 작업을 추진하였다.

Table 2. The DNA list of 26 rose varieties collected in korea.

No.	품종명	바코드 No.	꽃색
1	헤라	Rose000001	Pink
2	로즈유미	Rose000002	White
3	럭셔리	Rose000003	Light Pink
4	타라	Rose000004	Yellow
5	뉴앙스	Rose000005	Pink
6	드림랜드	Rose000006	Light Pink
7	탕가벥가	Rose000007	Dark Pink
8	로지타반텔라	Rose000008	Pink
9	나이트 피버	Rose000009	Red
10	마루시아	Rose000010	White
11	오션송	Rose000011	Light Violet
12	시트란	Rose000012	Yellow
13	마리오	Rose000013	Orange
14	딤플	Rose000014	Red
15	이구아나	Rose000015	Light Pink
16	아쿠아	Rose000016	Pink
17	어피니티	Rose000017	Yellow
18	푸에고	Rose000018	Red
19	레드칼립소	Rose000019	Red
20	레카토	Rose000020	Orange
21	부루트	Rose000021	Light Pink
22	레드익스프레스	Rose000022	Red
23	아리스베러	Rose000023	White
24	핑크하트	Rose000024	Pink
25	필립	Rose000025	Red
26	비너스베리	Rose000026	Light Pink

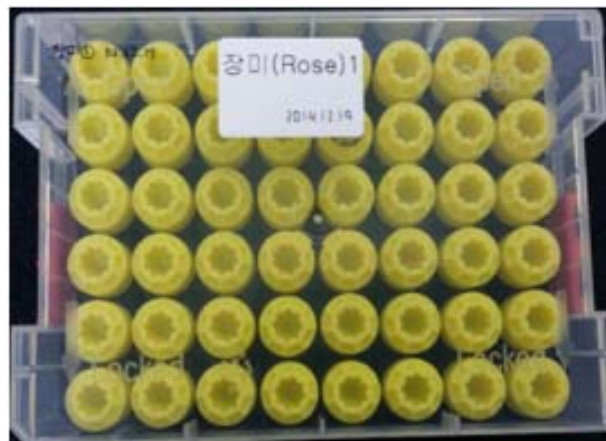


Fig. 2. The DNA-barcode tube of 26 rose varieties.

국내에서 수집된 장미 26품종의 DNA를 그림 2와 같이 바코드화하고 -80℃ 초저온냉동고에 보존하여 안정적인 DNA 보관관리 체계를 구축하였다. 향후 2차 년도에 신규 수집된 115 품종에 대해서도 DNA를 분리 후 바코드화 할 예정이다.

3) 배

국내에서 유통되는 배 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 국립원예특작과학원으로부터 분양받은 87개의 품종(Table 3)을 공시품종으로 선정하였고 DNA 바코드화를 위해서 1차 년도에 수집하여 분리한 DNA 87점을 대상으로 아래와 같이 켈 코코리아(주)로부터 구입한 biological resources storage management system의 2D barcode jacket tube sample manager software를 이용하여 DNA 바코드화 작업을 추진하였다.

Table 3. The DNA list of 87 pear varieties collected in korea.

No.	품종명	바코드 No.	No.	품종명	바코드 No.
1	건착	Pear000001	45	대원홍	Pear000045
2	Passa Crassene	Pear000002	46	수진조생	Pear000046
3	Beze Ligelya	Pear000003	47	신세기	Pear000047
4	공주청실리	Pear000004	48	영리	Pear000048
5	팔리	Pear000005	49	장수	Pear000049
6	Abate fetal	Pear000006	50	취성	Pear000050
7	Bosc	Pear000007	51	추황	Pear000051
8	OPR-264	Pear000008	52	녹수(나-38)	Pear000052
9	P.babauttiagi	Pear000009	53	만황(나-39)	Pear000053
10	P.aromatica	Pear000010	54	수영(나36)	Pear000054
11	P.dimorphophylla	Pear000011	55	스위트스킨	Pear000055
12	P.hondoensis	Pear000012	56	조생적	Pear000056
13	진황	Pear000013	57	길향	Pear000057
14	단배	Pear000014	58	왕추	Pear000058
15	영산배	Pear000015	59	창조(나44)	Pear000059
16	황금	Pear000016	60	금천설리	Pear000060
17	감천배	Pear000017	61	래양자리	Pear000061
18	수황배	Pear000018	62	설화리	Pear000062
19	원황	Pear000019	63	청룽침	Pear000063
20	화산	Pear000020	64	탕산소(당산수)	Pear000064
21	감로	Pear000021	65	대두황리	Pear000065
22	만수	Pear000022	66	만원향	Pear000066
23	신일	Pear000023	67	진수	Pear000067
24	만풍	Pear000024	68	황형장파	Pear000068
25	신천	Pear000025	69	논산콩배	Pear000069
26	조생황금	Pear000026	70	이누나시	Pear000070
27	개량홍리35	Pear000027	71	OPR-265	Pear000071
28	금촌조생	Pear000028	72	암수산리	Pear000072
29	미니배	Pear000029	73	한아름	Pear000073
30	미황	Pear000030	74	조이스킨(나53)	Pear000074
31	꿀배	Pear000031	75	Redspire	Pear000075
32	영목리	Pear000032	76	원교 나-11	Pear000076

33	칭서리	Pear000033	77	국수->진유	Pear000077
34	OPR-113	Pear000034	78	석성조생->조선	Pear000078
35	황실리	Pear000035	79	신무지->명월	Pear000079
36	신고	Pear000036	80	전희천	Pear000080
37	신수	Pear000037	81	정마려	Pear000081
38	풍수	Pear000038	82	팔행	Pear000082
39	행수	Pear000039	83	소담(원교 나-62)	Pear000083
40	금춘추	Pear000040	84	솔미(원교 나-58)	Pear000084
41	만삼길	Pear000041	85	스위트코스트(나-61)	Pear000085
42	이십세기	Pear000042	86	신화(나-46)	Pear000086
43	장삼랑	Pear000043	87	원교나기 후(나-45)	Pear000087
44	군총조생	Pear000044			



Fig. 3. The DNA-barcode tube of 87 pear varieties.

국내에서 수집된 배 87품종의 DNA를 그림 3과 같이 바코드화하고 -80℃ 초저온냉동고에 보존하여 안정적인 DNA 보관관리 체계를 구축하였다.

4) 블루베리

국내에서 유통되는 블루베리 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 1차 년도에 국립원예특작과학원으로부터 13품종을 분양받았고, 국립종자원 서부지원에서 21품종을 수집하여 34품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다. 34품종 중 5품종은 국립원예특작과학원과 서부지원에서 모두 샘플링 되어 공시품종 중 중복된 품종이므로 총 39점(하이부쉬 34, 로우부쉬 1, 래빗아이 3, 하프하이부쉬 1)을 DB 구축을 위한 공시품종으로 활용하였다. DNA 바코드화를 위해서 수집된 공시시료(Table 4)를 대상으로 아래와 같이 캠코코리아(주)로부터 구입한 biological resources storage management system의 2D barcode jacket tube sample manager software를 이용하여 DNA 바코드화 작업을 추진하였다. 39점 중 테라스블루베리치쿠시스바루 품종은 DNA 농도(10ng/μl)가 낮아서 2점을 바코드화 하였다.

Table 4. The DNA list of 40 blueberry varieties collected in Korea.

No.	품종명	바코드 No.	계통구분	시료출처
1	휴론	Blue000001	Highbush	서부지원
2	대로우	Blue000002	Highbush	서부지원
3	탑햇	Blue000003	Lowbush	서부지원
4	스파르탄	Blue000004	Highbush	서부지원
5	스파르탄	Blue000005	Highbush	국립원예특작과학원
6	레가시	Blue000006	Highbush	서부지원
7	스타	Blue000007	Highbush	서부지원
8	리버티	Blue000008	Highbush	서부지원
9	핑크레모네이드	Blue000009	Rabbiteye	서부지원
10	웨이마우스	Blue000010	Highbush	서부지원
11	카멜리아	Blue000011	Highbush	서부지원
12	노스랜드	Blue000012	Highbush	서부지원
13	알라파하	Blue000013	Rabbiteye	서부지원
14	레벨	Blue000014	Highbush	서부지원
15	수지블루	Blue000015	Highbush	서부지원
16	버논	Blue000016	Rabbiteye	서부지원
17	블루크럽	Blue000017	Highbush	서부지원
18	블루크럽	Blue000018	Highbush	국립원예특작과학원
19	테라스블루베리치쿠시스바루1	Blue000019	Half Highbush	서부지원
20	테라스블루베리치쿠시스바루2	Blue000020	Half Highbush	서부지원
21	버클리	Blue000021	Highbush	서부지원
22	드래퍼	Blue000022	Highbush	서부지원
23	오로라	Blue000023	Highbush	서부지원
24	콜린스	Blue000024	Highbush	서부지원
25	엘리자베스	Blue000025	Highbush	서부지원
26	엘리자베스	Blue000026	Highbush	국립원예특작과학원
27	블루타	Blue000027	Highbush	서부지원
28	저지	Blue000028	Highbush	서부지원
29	얼리블루	Blue000029	Highbush	서부지원
30	얼리블루	Blue000030	Highbush	국립원예특작과학원
31	블루제이	Blue000031	Highbush	서부지원
32	블루제이	Blue000032	Highbush	국립원예특작과학원
33	찬들러	Blue000033	Highbush	국립원예특작과학원
34	코빌	Blue000034	Highbush	국립원예특작과학원
35	노스블루	Blue000035	Highbush	국립원예특작과학원
36	블루골드	Blue000036	Highbush	국립원예특작과학원
37	도로	Blue000037	Highbush	국립원예특작과학원
38	넬슨	Blue000038	Highbush	국립원예특작과학원
39	오닐	Blue000039	Highbush	국립원예특작과학원
40	엘리오트	Blue000040	Highbush	국립원예특작과학원



Fig. 4. The DNA-barcode tube of 40 blueberry varieties.

국내에서 수집된 블루베리 39점(테라스블루베리치쿠시스바루 중복시료 포함 40점)의 DNA를 그림 4와 같이 바코드화하고 -80℃ 초저온냉동고에 보존하여 안정적인 DNA 보관관리 체계를 구축하였다.

15. 수확물, 가공품에 대한 DNA 분리기법 개발

<2차년도 수행>

일본에서는 국경무역 시 품종보호 등록품종의 가공품에 대한 DNA 분석이 가능하여 육종가의 권리 침해 시 유전자 분석이 효과적으로 활용될 수 있음을 보고한 바 있다. 구체적인 사례로 보호품종의 가공품에 대한 유전자 분석 가능 작물로 벼(밥), 차(가공차) 등을 소개하였다. 향후 품종보호 등록품종의 수확물 및 가공품에 대한 DNA 분석 기반 구축을 위하여 기존에 종자원에서 사용하고 있는 DNA 분리방법(DNA 분리키트: NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250)을 통하여 과실, 대목, 밥 등에 대한 안정적인 DNA 분리 방법 개발 및 분석 가능성을 탐색하고자 하였다.

Genomic DNA from plant
Protocol-at-a-glance (Rev.09)

NucleoSpin® Plant II	Mini	Mid	Maxi
1 Homogenize samples	100 mg	400 mg	1500 mg
2 Cell lysis	400 µL PL1 10 µL RNase A 65°C, 10 min ALTERNATIVELY 300 µL PL2 10 µL RNase A 65°C, 10 min 75 µL PL3 on ice, 5 min	1.7 mL PL1 25 µL RNase A 65°C, 15 min ALTERNATIVELY 1.5 mL PL2 25 µL RNase A 65°C, 15 min 200 µL PL3 on ice, 5 min	6 mL PL1 100 µL RNase A 65°C, 20 min ALTERNATIVELY 5.3 mL PL2 100 µL RNase A 65°C, 20 min 700 µL PL3 on ice, 5 min
3 Filtration / Clarification of lysate	≥11,000 x g, 2 min	4,500 x g, 10 min	4,500 x g, 10 min
4 Adjust DNA binding conditions	450 µL PC	2.3 mL PC	10 mL PC
5 Bind DNA	≥11,000 x g, 1 min	4,500 x g, 2 min	4,500 x g, 2 min
6 Wash and dry silica membrane	1 st 400 µL PW1 ≥11,000 x g, 1 min 2 nd 700 µL PW2 ≥11,000 x g, 1 min 3 rd 200 µL PW2 ≥11,000 x g, 2 min	1 st 1 mL PW1 4,500 x g, 2 min 2 nd 3 mL PW2 4,500 x g, 2 min 3 rd 1 mL PW2 4,500 x g, 10 min	1 st 4 mL PW1 4,500 x g, 2 min 2 nd 10 mL PW2 4,500 x g, 2 min 3 rd 2 mL PW2 4,500 x g, 10 min
7 Elute DNA	50 µL PE 65°C, 5 min ≥11,000 x g, 1 min Repeat elution step	200 µL PE 65°C, 5 min 4,500 x g, 2 min Repeat elution step	1000 µL PE 65°C, 5 min 4,500 x g, 2 min Repeat elution step

MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG · Neumann-Neander-Str. 6-8 · 52355 Düren · Germany
 Tel.: +49 24 21 969-270 · Fax: +49 24 21 969-199 · tech-bo@mn-net.com · www.mn-net.com



Fig. 1. The protocol of genomic DNA extraction from plant(Rev.09).

1) 사과대목 DNA 분리

사과의 경우 일반적으로 잎을 채취하여 DNA를 분리하나, 대목의 경우 품종육성기관 외에는 잎을 채취하기가 어렵기 때문에 대목에 관련된 종자 분쟁 발생 시 유전자 분석 가능성을 탐색하기 위하여 사과대목을 채취하여 DNA 분리를 실시하였다. 줄기의 표피를 칼로 자른 후 표피조직 안의 하얀~노란색으로 보이는 조직 부분을 자른 후 가위 등을 이용하여 다시 잘게 자른 후 2ml 튜브에 넣고 PL1, PL2 버퍼를 이용하여 세포를 용해시켰다. 그림1의 실험 절차에 따라 DNA를 분리한 후 아가로스 젤에서 DNA 분리 여부를 확인하였다. 확인 결과 DNA는 PL1 버퍼를 사용했을 때는 DNA가 분리되지 않았지만 PL2 버퍼를 사용 시 DNA가 추출되었다. 본 연구를 통해 입증된 DNA 분석 방법을 이용하여 15년도 9월에는 사과 대목의 유통품종에 대한 품종진위 검정을 수행할 수 있었다.



Fig. 2. Check the extraction of apple DNA from understock using agarose gel electrophoresis. The number indicate 1(PL1 buffer), 2(PL2 buffer).

2) 멜론과실 DNA 분리

멜론의 경우 일반적으로 잎을 채취하여 DNA를 분리하나 수확물인 과실 상태에서 품종진위 관련 분쟁이 발생되었을 경우를 대비하여 멜론 과실의 일부를 채취하여 DNA 분리를 실시하였다. 과실의 표면을 칼로 자른 후 표피조직 안의 하얀~노란색으로 보이는 조직 부분을 자르고 가위 등을 이용하여 다시 잘게 자른 후 2ml 튜브에 넣고 PL2 버퍼를 이용하여 세포를 용해시켰다. 그림1의 실험절차에 따라 DNA를 분리한 후 아가로스 젤에서 DNA 분리 여부를 확인하였다. 확인 결과 PL2 버퍼를 이용하였을 때 샘플 2개 모두 DNA가 분리되어 향후 멜론 수확물인 과실과 관련된 종자 분쟁 발생 시 본 분석법을 활용할 수 있을 것으로 사료된다.



Fig. 3. Check the extraction of melon from fruit using agarose gel electrophoresis. The number indicate 1(sample1), 2(sample2).

3) 포도과실 DNA 분리

포도의 경우 일반적으로 잎을 채취하여 DNA를 분리하나 수확물인 과실 상태에서 품종진위 관련 분쟁이 발생되었을 경우를 대비하여 포도과실을 포도껍질, 포도과육, 포도종자로 나누어 조직별 DNA 분리 여부를 검정하고자 하였다. 종자를 제외한 껍질, 과육 조직의 일부를 잘게 자른 후 조직별로 2점을 임의로 채취하여 2ml 튜브에 넣고 PL2 버퍼를 이용하여 세포를 용해시켰다. 그림1의 실험절차에 따라 DNA를 분리한 후 아가로스 젤에서 DNA 분리 여부를 확인하였다. 기존의 작물과 달리 포도의 경우는 DNA 분리가 용이하지 않아 세포용해 시간을 기존작물(평균 30분~1시간) 대비 장시간(3~4시간) 동안 세포 용해를 시켰다. DNA 분

리결과 PL2 버퍼를 이용하였을 때 포도껍질과 포도과육으로 부터는 DNA가 분리되지 않았으나, 포도종자로 부터는 DNA가 분리되어 향후 포도 수확물인 과실과 관련된 종자 분쟁 발생 시 포도과실의 종자를 이용하여 DNA를 분리한다면 품종진위 검정에 활용할 수 있을 것으로 사료된다.

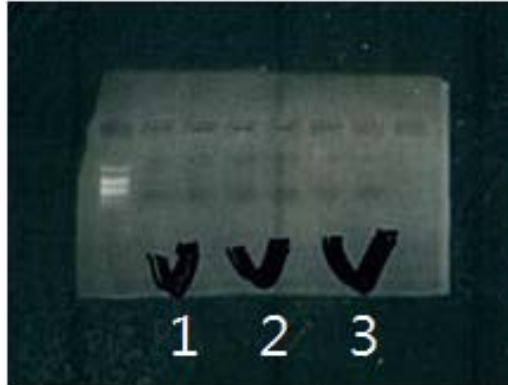


Fig. 4. Check the extraction of grape from fruit and seed using agarose gel electrophoresis. The number indicate 1(grape-skin), 2(grape-pulp), 3(grape seed).

4) 양파구 DNA 분리

양파의 경우 일반적으로 잎을 채취하여 DNA를 분리하나 수확물인 구상태에서 품종진위 관련 분쟁이 발생되어 양파 구로부터 DNA 분리 여부를 검정하고자 하였다. 양파 구 표면의 껍질을 모두 벗긴 후 구의 일부를 잘게 잘라 시료 당 2점을 임의로 채취하여 2ml 튜브에 넣고 PL2 버퍼를 이용하여 세포를 용해시켰다. 참조로 양파 종자로부터 4점(7~8개 종자 / 1점)을 임의로 채취하여 그림1의 실험절차에 따라 DNA를 함께 분리하였다. DNA 분리결과 양파 구와 종자로부터 DNA가 모두 분리되어 본 연구를 통해 확립된 방법은 최근에 발생된 종자 분쟁 관련 품종진위 검정 등에 효과적으로 활용할 수 있었다.

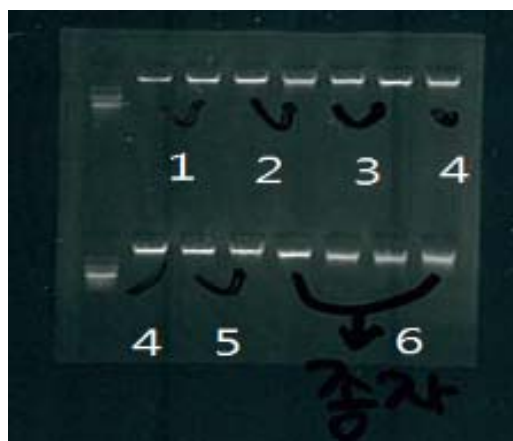


Fig. 5. Check the extraction of onion from and seed using agarose gel electrophoresis. The number indicate 1(bulb sample 1), 2(bulb sample 2), 3(bulb sample 3), 4(bulb sample 4), 5(bulb sample 5), 6(onion seed).

5) 호화된 쌀(밥) DNA 분리

최근 종자 및 농산물의 수출입이 늘어나면서 쌀 가공품 및 부산물에서도 품종을 식별하는 기술이 필요하다. 품종을 식별하는 방법은 분자표지를 이용한 유전자분석 방법을 활용하는 것이 효과적인데, 이를 위하여 쌀 가공품 및 부산물에서 DNA를 안정적으로 추출하는 방법을 확립하고자 하였다.

가. 시료준비

본 시험에서는 시중에서 유통되고 있는 O사의 즉석밥을 구입하여 DNA추출 실험을 진행하였다. 밥의 경우 고온처리 되어있고, 전분이 많으며 DNA 추출에 적합한 가루 형태의 시료로 만들기 어렵기 때문에 내열성 알파아밀라아제를 사용하여(10 μ l/밥 한톨) 호화전분을 분해하고, 밥알을 50~60 $^{\circ}$ C에서 1시간 정도 건조시킨 후 딱딱해진 밥알 한 개를 마쇄하여 시료로 활용하였다.

나. DNA 분리 키트

PCR에 사용되는 DNA의 양은 25~40ng이면 충분하기 때문에 추출되는 양은 적더라도 순도 높은 DNA를 편리하게 분리해낼 수 있는 DNA 분리 키트를 활용하여 분리실험을 수행하되, 키트별로 추출효율에 차이가 있을 수 있어 NucleoSpin $^{\circledR}$ Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740770.250), Accuprep $^{\circledR}$ GMO DNA Extraction Kit(BIONEER K-3031), Powerprep $^{\text{TM}}$ DNA Extraction Kit(Kogenebiotech Cat. E0009) 3종류의 키트를 사용하여 쌀(밥)의 DNA 추출에 가장 적합한 키트를 찾고자 하였다. DNA 분리 절차는 각 키트별로 제공되는 매뉴얼(설명서)에 따라 수행하였고 분리한 DNA는 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 그 결과를 확인하였다.

다. 결과 및 고찰

호화된 쌀에 대하여 3종류의 키트로 DNA 분리 실험을 수행한 결과 젤 사진 상에서 DNA의 흔적을 찾을 수 없었다(Fig 1.). 고온 건조된 시료에서 DNA 추출이 용이하지 않은 것으로 보이며 액체질소로 시료를 극저온에서 얼리는 방식 등 시료 상태를 DNA 추출이 가능한 상태로 만드는 것에 대한 보다 적절한 방법을 개발해야 할 것으로 사료된다.

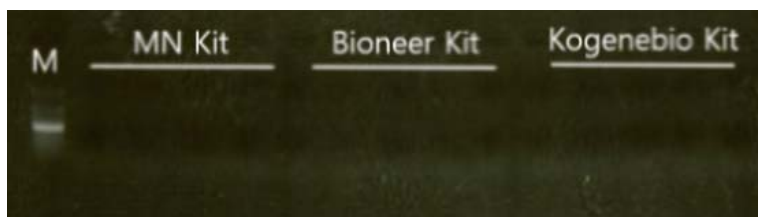


Fig 6. The negative result of DNA extraction in cooked rice.

참 고 자 료

Song, J., 2007. The Reliable DNA Extraction Method from Cooked Rice for the identification of Rice Varieties. Korea patent application number: 10-2007-0039899.

6) 두유 DNA 분리

콩의 경우 생식보다는 다양한 가공식품으로 선호되고 있으며, 두부, 두유, 콩나물, 된장, 간장 등 식품으로의 이용형태가 다양하다. 또한, 유전자변형(GMO) 콩을 원료로 사용한 가공식품의 안정성 문제가 대두되면서 콩의 가공식품에서 DNA를 안정적으로 추출하는 기법을 개발할 필요가 생겼다. 콩의 가공식품에서 DNA를 추출하여 품종을 식별할 수 있다면, 가공식품에 부가가치를 부여할 수 있고, 가공식품에 적합한 품종 및 보다 우량한 신품종 육성이 장려될 것이다. 무엇보다 가공식품의 품종보호권 관련 분쟁이 발생되었을 때, 콩의 품종식별 마커 개발 및 국가표준 품종식별 데이터베이스와 함께 유전분석 방법에 의해 효과적으로 활용될 수 있을 것이다.

가. 시료준비

본 시험에서는 시중에서 유통되고 있는 J사의 “B 두유” 를 구입하여 DNA추출 실험을 진행하였다. 두유는 수분이 많기 때문에, 수분을 제거하기 위하여 두유 1ml을 2ml 마이크로 튜브에 넣고 8,000rpm에서 15분간 원심분리하여 수분과 고형체를 분리한 후, 고형체만을 활용하였다. 또한, DNA 추출에 필요한 충분한 샘플양을 알기 위해 두유 1ml과 2ml을 각각 원심분리하여 샘플양을 다르게 하여 실험을 진행하였다.

나. DNA 분리 키트

PCR에 사용되는 DNA의 양은 25~40ng이면 충분하기 때문에 추출되는 양은 적더라도 순도 높은 DNA를 편리하게 분리해낼 수 있는 DNA 분리 키트를 활용하여 분리실험을 수행하되, 키트별로 추출효율에 차이가 있을 수 있어 NucleoSpin®Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250), Accuprep® GMO DNA Extraction Kit(BIONEER K-3031), Powerprep™ DNA Extraction Kit(Kogenebiotech Cat. E0009) 3종류의 키트를 사용하여 두유 DNA 추출에 가장 적합한 키트를 찾고자 하였다. DNA 분리 절차는 각 키트별로 제공되는 매뉴얼(설명서)에 따라 수행하였고 분리한 DNA는 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 그 결과를 확인하였다.

다. 결과 및 고찰

두유에 대하여 3종류의 키트로 DNA 분리 실험을 수행한 결과 젤 사진 상에서 DNA의 흔적을 찾을 수 없었다(Fig 1). 실험에 사용된 시료가 두유 원액이 아니라 두유원액을 희석한 데다 당류를 비롯하여 다른 첨가물이 많이 들어있어 DNA 분리가 용이하지 않은 것으로 보인다. 따라서 향후에는 시료의 건조 및 첨가물을 배제하여 추출하는 방법을 개발해야 할 것으로 사료된다.

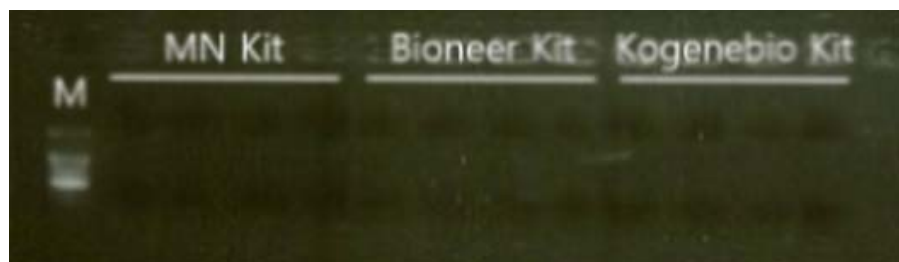


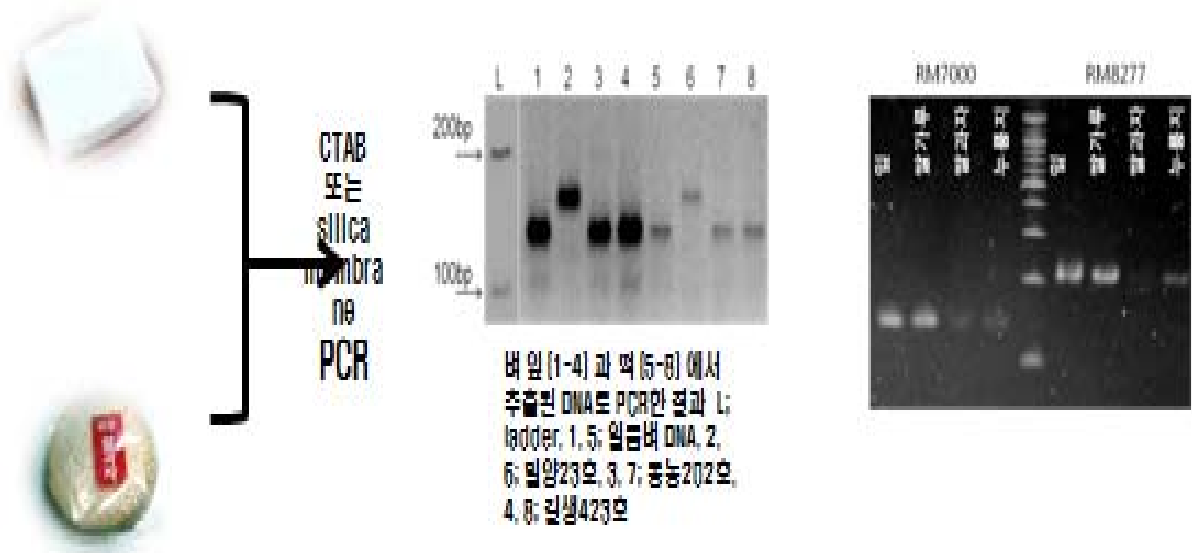
Fig 7. The negative result of DNA extraction in soybean milk.

<3차년도 수행>

쌀 가공품(밥, 누룽지 등)과 콩 가공품(두유, 유부, 분리대두 단백질, 대두유 등)에서의 유전자분석이 가능한 안정적인 DNA추출방법의 확립으로 향후 품종보호 등록품종의 수확물 및 가공품에 대한 DNA 분석 기반 구축을 목적으로 하였다.

1) 쌀 가공품(밥, 누룽지)에서의 DNA추출 방법 정립

쌀 가공품인 밥, 누룽지 등은 다른 농산물 가공품에 비하여 가공과정에서 DNA의 손상이 적은 품목이다. 품종식별을 위한 유전자분석을 위하여 계능 간의 혼합을 방지하는 것이 가장 중요하다. DNA추출을 위한 전처리과정 중 계능 간의 분리를 위하여 깨끗한 물에 1시간 침지하여 각각의 낱알을 조심해서 분리한 후, 통상적으로 사용하는 상업화된 키트인 NucleoSpin®Plant II (Macherey -Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 사용하여 DNA추출을 한다. 가공된 제품이므로 DNA추출시 약한 전기영동상의 밴드를 보이거나 PCR에는 영향이 없음을 확인할 수 있었다.



1) 콩 가공품(두부, 두유, 유부, 분리대두 단백질, 대두유)에서의 DNA추출 방법 정립

콩 가공품은 가공과정에서 DNA의 파쇄가 일어나기에 단편적인 DNA의 확보를 위한 전처리 방법이 안정적인 DNA확보의 주요한 사항이다. 따라서 본 연구에서는 에탄올 침지법과 원심분리법등 다양한 방법을 제시하였으며, 최종적으로 에탄올침지법이 가장 안정적인 DNA 추출을 위한 전처리 방법임을 확인 하였다. 본 연구에서는 (주)코젠바이오텍의 DNA 추출 키트를 사용하였으나, 가공품별로 아래에서 제시하는 전처리 방법을 사용시 상업화된 키트인 NucleoSpin®Plant II (Macherey -Nagel Cat. 740 770.250) 등을 사용하여 DNA추출을 사용하여도 동일한 결과를 얻을 수 있다.

가. 두부

(1) 전처리

두부는 수분이 많은 제품이므로 분쇄하여서 실험하기에 용이하지 않다. 전처리에는 다음과 같은 방법들이 있다

- ① 두부를 파쇄하여 건조기에 건조하여 DNA를 추출하는 방법
- ② 두부를 파쇄하여 원심분리하여 수분을 제거하여 DNA를 추출하는 방법
- ③ 두부를 1차 파쇄하고, -70°C에 30분 반응하고, 동결된 두부를 파쇄하여 DNA를 추출하는 방법. (두부를 가장 곱게 파쇄 가능한 방법)

위 세 방법 모두 DNA 추출 후 농도 및 순도에는 차이가 없다. 제시된 1의 방법의 경우 건조 시 발생하는 냄새와 많은 건조 시간이 소요되는 문제점이 있다. 본 보고서에서는 2번과 3번을 겸하는 방법을 보고하는 바이다. 두부를 1차 파쇄하고, 원심분리를 하여 수분 제거 후, -70°C에서 30분 반응하여 2차 파쇄한다. 그리고 3,000 rpm으로 10분간 원심분리를 하여 여분의 수분을 제거 후 DNA에 이용하는 방법을 이용한다.

(2) DNA 추출 방법

50 ml tube에 전처리 방법으로 분리된 시료 2 g과 lysis buffer A 3 ml와 lysis buffer B 0.3 ml를 넣고 혼합한다. Proteinase K 10 μ l (10 mg/ml)와 RNase 10 μ l (10 mg/ml)를 넣고 혼합하여, 65°C에서 1 시간 반응한다. 65°C에서 반응이 완료된 tube에 5 ml의 chloroform을 넣고, 1분 이상 vortex를 한다. 교반된 시료를 3,000 rpm으로 15 분간 centrifuge 하여 상층액을 얻고, 상층액에 불순물 존재 시 상층액을 분리하여 3번 과정을 반복한다. 상층액 1 ml를 새로운 2 ml tube에 옮기고, 동량의 chloroform 1 ml를 넣고 vortex 하여 (1 분) 13,000 rpm으로 10분 centrifuge한다. 그리고 상층액 500 μ l를 새 tube에 옮긴다. 새로운 tube에 Isopropanol 500 μ l와 DNA binding buffer 500 μ l를 더하여 혼합한다. 혼합물을 DNA binding column에 750 μ l씩 2회에 걸쳐 DNA를 binding 시킨 후, 12,000 rpm에서 1분간 원심분리 한다. DNA binding column을 통과한 여액은 버린다. 75% EtOH을 DNA binding column에 600 μ l 넣고, 12,000 rpm으로 1분간 원심분리하고 75% EtOH을 이용하여 세척과정을 2회 반복한다. 주의 할 점은 Wash 과정에서 75% EtOH가 제거된 빈 컬럼을 12,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 EtOH를 완전히 제거한다. 최종 column에 Elution buffer 또는 DW 100 μ l를 넣고 상온에서 1분 이상 반응 후 8,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 DNA를 분리한다. 분리된 DNA의 농도 및 순도를 측정하여 PCR 반응에 이용한다.

나. 유부

(1) 전처리

유부는 두부를 유당 처리한 제품으로 제품의 종류에 따라 크게 조미간장이 포함된 제품과 조미간장을 포함하지 않은 제품들이 있다. 유부의 전처리 방법은 제품 별로 다음과 같은 방법을 이용한다.

(가) 조미간장을 포함하고 있는 제품의 경우

조미간장을 포함하고 있는 제품의 경우 제품에서 조미간장을 원심분리 및 기타 방법을 이용하여 1차적으로 제거한다. 조미간장이 제거된 제품을 일정한 크기의 통에 넣고 DW를 이용하여 세척한다. 세척된 제품을 두부에서 제시한 동일한 방법을 이용하여 수분을 제거한다.

(나) 조미간장을 포함하고 있지 않은 제품의 경우

조미간장을 포함하지 않은 제품의 경우 시료를 파쇄하여 DNA를 추출한다. 파쇄 방법은 제품 자체를 파쇄하는 방법이 있다. 그러나 -70°C에서 30분간 반응하여 파쇄 시 보다 고운 시료를 얻을 수 있다.

(2) DNA 추출 방법

50 ml tube에 전처리 방법으로 분리된 시료 2 g과 lysis buffer A 3 ml와 lysis buffer B 0.3 ml를 넣고 혼합한다. proK 10 µl (10 mg/ml)와 RNase 10 µl(10 mg/ml)를 넣고 혼합하여, 65°C에서 1 시간 반응한다. 65°C에서 반응이 완료된 tube에 5 ml의 chloroform을 넣고, vortex를 한다(1분 이상). 3,000 rpm 으로 15 분간 centrifuge 하여 supernatant 를 얻는다. 상층액에 불순물 존재 시 상층액을 분리하여 3번 과정을 반복한다. 상층액 1 ml를 새로운 2 ml tube에 옮기고, 동량의 chloroform 1 ml를 넣고 1분간 vortex 하여 13,000 rpm으로 10분 centrifuge한다. 그리고 상층액 500 µl를 새 tube에 옮긴다. sopropanol 500 µl와 DNA binding buffer 500 µl를 더하여 혼합한다. 혼합물을 DNA binding column에 750 µl씩 2회에 걸쳐 DNA를 binding 시킨다. 이때 원심분리 조건은 12,000 rpm, 1분으로 한다. DNA binding column을 통과한 여액은 버린다. 75% EtOH을 DNA binding column에 600 µl 넣고, 12,000 rpm으로 1분간 원심분리한다. DNA binding column을 통과하여 나온 용액을 폐수통에 버린다. 75% EtOH을 이용하여 7, 8번 과정을 반복한다. Wash 과정에서 75% EtOH가 제거된 빈 컬럼을 12,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 EtOH를 완전히 제거한다. Elution buffer 또는 DW 100 µl를 넣고 상온에서 1분이상 반응한다. 반응 후 8,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 DNA를 분리한다.

다. 두유

(1) 전처리

두유는 제품 자체에 고형 성분이 포함된 제품이다. 두유의 경우 다음과 같은 전처리 방법을 이용한다.

① 원심분리를 통한 수분제거 시, 일정량의 두유를 원심분리하여 수분을 제거 후, 고형분을 DNA 추출에 이용하는 방법

② 수분 제거 후 건조 시, 두유를 원심분리하여 수분을 제거한 후 건조하여 시료 1~2g을 DNA 추출에 이용하는 방법

③ EtOH를 이용할 시, 두유 15ml와 99% 이상 순도의 EtOH 35 ml을 혼합하여 3,000 rpm으로 원심분리하여 상층액을 제거 후 고형분을 이용한 DNA 추출 법 (미국의 genetic ID 사 제시 방법)

위 세 방법 모두 DNA 추출 시 DNA의 순도 및 농도에 차이가 없으나, 3번의 방법의 경우 1과 2의 방법에 비하여 시간을 절약하는 장점을 포함하고 있다.

(2) 두유 DNA 추출 방법

50 ml tube에 전처리 방법으로 분리된 시료에 (전처리 1번과 2번은 2g, 전처리 3번 방법은 얻어진 전처리 시료 모두) lysis buffer A 3 ml와 lysis buffer B 0.3 ml를 넣고 혼합한다. proK 10 μ l (10 mg/ml)와 RNase 10 μ l (10 mg/ml)를 넣고 혼합하여, 65°C에서 1 시간 반응한다. 2. 65°C에서 반응이 완료된 tube에 5 ml의 chloroform을 넣고, vortex를 한다. 3. 3,000 rpm 으로 15 분간 centrifuge 하여 supernatant 를 얻는다. 상층액에 불순물 존재 시 상층액을 분리하여 3번 과정을 반복한다. 상층액 1 ml를 새로운 2 ml tube에 옮기고, 동량의 chloroform 1 ml를 넣고 vortex 하여 (1 분) 13,000 rpm으로 10분 centrifuge한다. 상층액 500 μ l를 새 tube에 옮긴다. Isopropanol 500 μ l와 DNA binding buffer 500 μ l를 더하여 혼합한다. 5번의 혼합물을 DNA binding column에 750 μ l씩 2회에 걸쳐 DNA를 binding 시킨다. 이때 원심분리 조건은 12,000 rpm, 1분으로 한다. DNA binding column을 통과한 여액은 버린다. 75% EtOH을 DNA binding column에 600 μ l 넣고, 12,000 rpm으로 1분간 원심분리한다. DNA binding column을 통과하여 나온 용액을 폐수통에 버린다. 75% EtOH을 이용하여 세척 과정을 반복한다. Wash 과정에서 75% EtOH가 제거된 빈 컬럼을 12,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 EtOH를 완전히 제거한다. Elution buffer 또는 DW 100 μ l를 넣고 상온에서 1 분 이상 반응한다. 반응 후 8,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 DNA를 분리한다.

라. ISP (분리대두 단백질)

분리대두 단백질은 거의 모든 시료가 파우더의 형태로 제품이 생산 판매되고 있으므로 시료간의 정확한 샘플링이 실험결과에 가장 큰 영향을 미치게 된다. 따라서 의뢰된 시료의 여러 부위를 선정하여 교반기를 이용하여 교반을 실시하여 정확한 DNA 추출에 사용한다.

(1) DNA 추출 방법

50 ml tube에 전처리 방법으로 분리된 시료에 2 g을 넣고 lysis buffer A 3 ml와 lysis buffer B 0.3 ml를 넣고 혼합한다. proK 10 μ l (???)와 RNase 10 μ l(???)를 넣고 혼합하여, 65°C에서 1 시간 반응한다. 65°C에서 반응이 완료된 tube에 5 ml의 chloroform을 넣고, vortex를 한다. 3. 3,000 rpm 으로 15 분간 centrifuge 하여 supernatant 를 얻는다. 상층액에 불순물 존재 시 상층액을 분리하여 3번 과정을 반복한다. 상층액 1 ml를 새로운 2 ml tube에 옮기고, 동량의 chloroform 1 ml를 넣고 vortex 하여 (1분) 13,000 rpm으로 10분 centrifuge한다. 그리고 상층액 500 μ l를 새 tube에 옮긴다. Isopropanol 500 μ l와 DNA binding buffer 500 μ l를 더하여 혼합한다. 혼합물을 DNA binding column에 750 μ l씩 2회에 걸쳐 DNA를 binding 시킨다. 이때 원심분리 조건은 12,000 rpm, 1분으로 한다. DNA binding column을 통과한 여액은 버린다. 75% EtOH을 DNA binding column에 600 μ l 넣고, 12,000 rpm으로 1분간 원심분리한다. DNA binding column을 통과하여 나온 용액을 폐수통에 버린다.

다. 75% EtOH을 이용하여 7, 8번 과정을 반복한다. Wash 과정에서 75% EtOH가 제거된 빈 컬럼을 12,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 EtOH를 완전히 제거한다. Elution buffer 또는 DW 100 μ l를 넣고 상온에서 1분 이상 반응한다. 반응 후 8,000 rpm으로 3 분간 원심분리하여 DNA를 분리한다. 분리된 DNA의 농도 및 순도를 측정하여 PCR 반응에 이용한다.

마. 분리 대두유

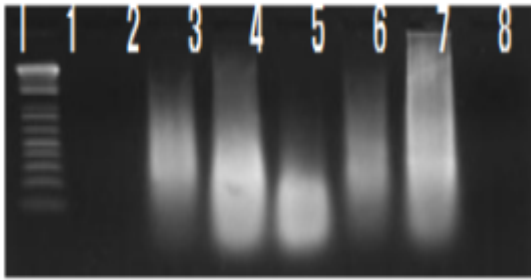
(1) 전처리 방법

기름의 시료의 전처리 방법은 레시틴의 전처리 방법과 유사하지만, 기름유의 경우 레시틴에 비해 정제가 많이 진행 되었다. 따라서 전처리 과정 중 hexen과 혼합과정은 유사하나 이후의 과정이 다르다. 전처리 방법은 다음과 같다.

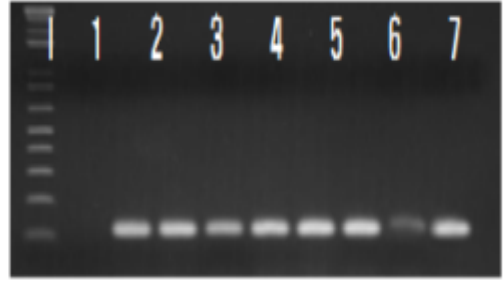
- ① 기름과 hexen의 혼합 비율은 3(최소 기름 450 ml):1(hexen, 150 ml)로 혼합한다.
- ② Nylon membrane filter에 통과 시킨다.
- ③ Nylon membrane filter를 통과한 기름과 hexen의 혼합액은 버린다.
- ④ Nylon membrane filter의 표면을 긁고, Nylon membrane filter를 도구를 이용하여 곱게 자른다.
- ⑤ 절단된 Nylon membrane filter와 표면에서 얻은 시료를 이용하여 DNA를 추출한다.

(2) 분리대두유

전처리 과정에서 준비된 Nylon membrane filter와 표면에서 얻은 시료를 50 ml tube에 넣는다. Lysis buffer A 3ml +lysis buffer B 300 μ l +proK 5 μ l를 65 $^{\circ}$ C water bath 에서 1hr 반응한다. 반응용액에 chloroform을 lysis buffer와 동량인 3 ml를 넣고 vortex 한다. Chloroform을 더 넣어도 실험에 무관하다. Chloroform이 혼합된 상태에서 실험을 중지할 수 있다. 중지된 시료는 4 $^{\circ}$ C에서 일주일간 보관이 가능하다. 시료를 3000rpm 10min centrifuge 한다. 원심분리후 상층액 1ml를 2 ml의 새 tube에 옮기고, chloroform 1ml을 넣고, vortex를 한다. 혼합액을 12,000 rpm으로 10 분간 원심분리한다. 원심분리된 시료에서 상층액 500 μ l를 새 2 ml tube에 옮기고, binding buffer와 isopropanol을 1:1:1 (각 500 μ l)를 넣고 혼합한다. 750 μ l씩을 DNA binding column에 넣고 12,000 rpm으로 1분간 원심분리하여 DNA binding column을 통과한 여액은 버린다. Isopropanol 처리과정을 8번 반복한다. 75% EtOH를 DNA binding column에 600 μ l넣고, 12000rpm 1min centrifuge한다. DNA binding column을 통과한 여액을 버리고, 실험 방법 10을 반복한다. EtOH가 제거된 빈 DNA binding column을 12,000 rpm으로 3분간 원심분리하여 EtOH를 완전히 제거한다. 이때 EtOH가 남아 있으면 PCR 반응 저해요소로 작용한다. DNA binding column을 새 1.5 ml tube로 옮긴다. Elution buffer 또는 DW 100 μ l를 DNA binding column에 넣고, 상온에서 1 분 이상 반응한다. 반응이 완료된 DNA binding column을 8,000 rpm으로 3분간 원심분리하여 DNA를 분리한다.



Silica membrane으로 추출된 DNA의 전기영동 사진.
M. ladder: 1. 대두레시틴; 2. 두부; 3. 유부; 4. 두유(10H 처리); 5. 두유(농업건조);
6. 분리대두단백; 7. 대두유



PCR 결과 사진
M. ladder: 1. 대두레시틴; 2. 두부; 3. 유부; 4. 두유(10H 처리); 5. 두유(농업건조);
6. 분리대두단백; 7. 대두유

마. 결론

콩 가공품(두부, 두유, 유부, 분리대두 단백질, 대두유)에서의 DNA추출 방법을 정립하기 위하여 다양한 전처리 방법을 사용하였으며, 콩 가공품은 가공과정에서 DNA의 파쇄가 일어나기에 단편적인 DNA의 안정적인 확보를 위한 가공품별 전처리 방법을 정립하였으며, 가공과정에서 DNA분쇄가 심각한 대두레시틴을 제외한 두부, 유부, 두유, 분리대두단백, 대두유에서 DNA추출이 가능한 방법을 정립하였으며, 향후 본 연구에서 제시한 DNA분리 방법을 적용하면 수확물 및 가공품에 대한 DNA 분석이 가능하여 품종보호 등록 품종의 가공품에 대한 유전자 분석이 가능할 것으로 사료 된다.

16. 품종간 최소거리 설정을 위한 기준 설정

<3차년도 수행>

품종보호 출원품종의 품종 선정 기준인 DUS 항목에서 구별성 여부는 재배시험을 통하여 판단을 하게 된다. 재배 시험을 통한 품종의 구별성 여부는 대조품종을 선정하여 형태적인 특징의 차이를 특성조사 판정기준에 따라 항목별 조사결과에 따라 판단하게 된다. 재배시험 시 대조품종 선정 및 종자분쟁 등 품종보호를 위하여 유전자분석을 통한 품종간 연관도 분석시, 품종을 선정할 수 있는 유전적 최소거리 설정이 필요하다. 본 연구를 위하여 작물의 형태적 특성과 본 연구에서 개발된 SSR마커를 이용한 유전자분석 데이터의 연관관계를 연구하고, 유전적으로 유사한 품종간 형태적 특성에 대한 구별 가능 여부를 통하여 품종간 최소거리를 설정하고자 한다. 본 과제에서 연구대상 작물은 채소종자를 대표하는 2작물(배추, 고추)와 과수 1작물(블루베리), 형태적 특성이 다양한 화훼류 1작물(장미)를 대상으로 특성과 유전자분석 데이터간의 상관관계를 구하고, 유전적 유사도가 높은 품종의 형태적 특성의 구별 가능 여부를 관련 전문가의 활동 결과를 종합하여 품종 간 최소거리 설정을 위한 기준을 마련하고자 하였다.

1) 배추의 품종간 최소거리 설정을 위한 기준 설정

1세부 과제에서 배추의 형태적 특성조사에 활용된 70품종을 대상으로 SSR마커를 이용한 품종간의 유전적 연관도 분석을 실시하였다. 유전자분석 결과 품종간 연관관계가 80%이상 되는 15품종을 최종 선발하여 품종간 최소거리 설정을 위한 재배시험을 실시하였다. 본 연구에

서 선발된 고추 15품종의 품종별 유전적 유사도는 추월/CR정품은 80%, 남도장군/월동장군은 81%, 추광/휘파람골드는 82%, 케이파워/노랑쌈은 83%, 상장군/청옥은 85%, 케이756/케이758은 87%, 에이치와와/사강은 97%, 이이치와와/사강/와와쌈은 84%의 유전적 유사도를 보여 주었다. 배추15품종에 대한 형태적특성 조사 항목은 표 2에 나타나 있으며 유전분석에 활용된 17개의 SSR마커는 표 3에 적시하였다.

Table 1. Genetic relationships of selected 15 variety in lettuce.

Number	Variety name	Genetic similarity
1	케이파워	83%
2	노랑쌈	
3	추광	82%
4	휘파람골드	
5	남도장군	81%
6	월동장군	
7	에이치와와	97% (84%: [에이치와와 · 사강] / 와와쌈)
8	사강	
9	와와쌈	
10	상장군	85%
11	청옥	
12	케이756	87%
13	케이758	
14	추월	80%
15	CR정품	

Table 2. The list of TG(test guidelines) of 15 variety

번호	특성	표현형태	계급	추월	에이치와와	노랑쌈	추광	상장군	남도장군	휘파람골드	월동장군	청옥	케이756	케이758	CR정품	사강	와와쌈	케이파워		
1 (+) (U)	바깥:자 세	곧추서다	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2		
		약간서다	2																	
		수평이다	3																	
2 (*) (U)	식물 체:키	작다	3	4	4	3	3	3	3	3	4	3	3	4	3	3	3	3	4	
		중간	5																	
		크다	7																	
3 (U)	바깥: 길이	짧다	3	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	6
		중간	5																	
		길다	7																	
4 (U)	바깥: 너비(폭)	좁다	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	2	2	2	2	2	4
		중간	5																	
		넓다	7																	
5 (*) (+) (U)	바깥: 모양	원형	1	3	3	2	2	2	3	2	4	3	2	2	3	2	3	3	3	3
		넓은달걀형	2																	
		거꾸로세운달걀형	3																	
		좁은달걀형	4																	
		긴타원형	5																	
6 (+) (U)	바깥: 선 단	뭉툭한모양	1	2	2	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2
		둥근모양(원두)	2																	
		평평한모양(평두)	3																	

7 (*) ㉔	바깥: 앞: 요: 철	적다	3	5	6	7	5	5	6	5	5	5	6	5	5	5	5
		중간	5														
		많다	7														
8 ㉔	바깥: 앞: 요: 철의 크기	작다	3	5	4	3	5	5	4	5	5	5	4	5	5	5	5
		중간	5														
		크다	7														
9 (*) ㉔	바깥: 앞: 색: 깔	황록색	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
		녹색	2														
		회록색	3														
10 (*) ㉔	바깥: 앞: 색: 깔의 강도(녹색 중만)	열다	3	5	5	5	5	7	5	7	5	5	5	5	5	5	7
		중간	5														
		질다	7														
11 ㉔	바깥: 앞: 토시 아닌 색소	없다	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
		있다	9														
12 ㉔	바깥: 앞: 광: 택	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	7	5	5
		중간	5														
		강하다	7														
13 ㉔	바깥: 앞: 털의 다 소	없거나약하다	1	5	5	5	5	5	5	5	5	7	5	5	7	5	7
		적다	3														
		중간	5														
		많다	7														
		매우많다	9														
14 ㉔	바깥: 앞: 로로 자른 면의 만곡	오목하다	1	2	3	3	2	3	2	2	3	3	3	3	2	3	3
		평평하다	2														
		볼록하다	3														
15 ㉔	바깥: 앞: 가: 장: 자: 물: 결: 모: 양	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
		중간	5														
		심하다	7														
16 ㉔	바깥: 앞: 가: 장: 자: 결: 각	없다	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
		중간	2														
		심하다	3														
17 ㉔	바깥: 앞: 가: 장: 자: 리: 툽: 니: 모: 양	약하다	3	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
		중간	5														
		심하다	7														
18 ㉔	바깥: 앞: 털: 가: 로: 자: 른: 면: 의 모: 양	볼록하다	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
		평평하다	2														
19 ㉔	바깥: 앞: 털: 의 길이	짧다	3	5	5	4	5	4	5	5	5	4	4	5	4	4	4
		중간	5														
		길다	7														
20 ㉔	바깥: 앞: 털: 의 너: 비	좁다	3	6	5	5	5	4	6	4	6	4	5	5	5	5	4
		중간	5														
		넓다	7														

21 ㉔	바깥: 중의 색	흰색	1	2	1	2	2	2	2	2	2	2	1	1	1	2	2	1	2		
		연녹색	2																		
		녹색	3																		
22 ㉔	구:키	작다	3	5	4	3	4	4	3	4	5	4	4	5	3	3	3	3	5		
		중간	5																		
		크다	7																		
23 ㉔	구:너 비	좁다	3	4	4	4	4	4	5	4	5	4	4	5	4	4	4	4	6		
		중간	5																		
		넓다	7																		
24 ㉔	구:세 로로 자른 면의 모양	원형	1	4	2	2	3	3	3	3	2	3	3	3	2	2	3	3			
		타원형	2																		
		달걀형	3																		
		거꾸로세운달걀형	4																		
		장타원형	5																		
		긴장타원형	6																		
25 (*) ㉔	구:결 구형 태	열림	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2		
		반열림	2																		
		닫힘	3																		
26 (*) ㉔	결구 품중: 구:일 접의 정도	약하다	3	5	7	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5		
		중간	5																		
		심하다	7																		
27 ㉔	구:윗 부분 의 색	흰색	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3		
		노랑	2																		
		연두	3																		
		녹색	4																		
28 (*) ㉔	구:윗 부분 이 녹 새 품중: 구:녹 색의 정도(강도)	열다	3	5	5	5	5	3	5	5	5	5	5	3	5	5	3	3			
		중간	5																		
		진하다	7																		
29 ㉔	구:바 깥 의 요 철	없거나약하다	1	7	7	7	7	5	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7		
		약하다	3																		
		중간	5																		
		심하다	7																		
		매우심하다	9																		
30 (*) ㉔	구:속 색 깔	흰색	1	3	2	3	3	2	2	3	2	2	2	2	3	2	2	2	3		
		연한노랑색	2																		
		노랑색	3																		
		진한노랑색	4																		
		주황색	5																		
		연녹색	6																		
31 ㉔	구:단 단 한 정 도	매우약하다	1	5	7	5	5	7	5	5	5	5	7	5	5	7	5	7			
		약하다	3																		
		중간	5																		
		강하다	7																		
		매우강하다	9																		
32 ㉔	구:고 갱이 선단(정단부)의 모양(성숙)	돌기형	1	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	2			
		둥근모양	2																		
		평평한모양	3																		

	기)																
33 (*) ①	수확 성숙 기	매우빠르다	1	5	5	3	5	5	7	5	5	5	3	5	5	5	5
		빠르다	3														
		중간	5														
		늦다	7														
		매우늦다	9														

Table 3. The sequence of 17 SSR marker for this study.

SSR MARKER	FORWARD PRIMER	REVERSE PRIMER	AT(°C)	PIC
KS20851	CTCCTGGAAAGAACACCACA	AAAGCACTTGAGCCAGCTTC	55	0.507
KS30270B	GCAGCAAACCTCTCCCTTT	CCTTCAGAGGTGCGTTTGAC	55	0.465
KS20860	GGGCTCTTCCAACAGGTC	TGTGAGATCGCCGAGAGT	55	0.363
KS10870	CTAAATGCGGCCTTTTTTACA	TAGCCTTCTTGTTCAGCCAC	55	0.542
KS30200	AGCTGCTAAAGAGGTTGTTGAC	AACATCAGCCTGTCAAGAGAAT	55	0.623
KS30930	TGAACCCTCGAAACTGAAAGA	GGACGTTAACGAAGGCAAAA	55	0.645
KS40270	TCAAGCATGTCCTTAAACTCTGA	GCGTTCACGTTTCCCATATC	55	0.683
KS30260	CGATTTGGACAATGACTAGTGG	AACGCCATGGAAACAGAAAC	55	0.709
KS10440	ACGTGGCATTCAATTAACGG	GAAAGAGAGATCCTTCAGCCAA	55	0.498
BRMS43	GCGATGTTTTTTCTTCAGTGTC	TTAATCCCTACCCACAATTTCC	55	0.601
BRMS56	GATCAAGGCTACGGAGAGAGAG	CGTGACGCTAGAGTAATCGAGT	55	0.635
BRMS34	GATCAAATAACGAACGGAGAGA	GAGCCAAGAAAGGACCTAAGAT	55	0.685
BRMS42-2	AGCTCCCGACAGCAACAAAAGA	TTCGCTTCCTTTTCTGGGAATG	55	0.683
KS30270	TCCAAATCCAACCTTTCCCA	CCCCATTTGGAAGATGCTAA	55	0.468
RA2G09	ACAGCAAGGATGTGTTGACG	GATGAGCCTCTGGTTCAAGC	55	0.63
BC48(R2)	CTGGTGATGGAGACGCTATTA	ACTGTCCCAAACCGCCTCTC	55	0.626
8C0022	TACTGAGCTTATTGCGGTGAA	TATAAGGAAGAAGCCAAACTAAAG	55	0.514
BRID90305	GCAAATGTCAAGCAAACCAG	TTTTATCTCCAAATCCACAAGAAA	55	0.462
BRID101051	CCGTCCTTCACCTTGATTTTT	GCGAGAGAGAGAAAGAGATG	55	0.500
8C0400	GGAGGTGGAGGTCAGTG	GGCTTTCCATTCATATCTTTCTCC	55	0.484
BRID90209	CGCTTAAACGGATTAGAGAACC	TCGTCACAATGAATTTGAGA	55	0.372
BRID90059	TTCATGCTTACCGACACTGG	TGGACACCTTGTGTTCTTG	55	0.337
BRID10123	AGCTAAAGAGAAAGGGAAGG	AGAAAAGAAATTGAGAGGGG	55	0.147

선발된 배추 15품종에 대한 유전적 분석과 특성조사 간의 상관 관계를 확인하기 위하여 Mantel test를 실시하였다. Mantel test는 1-Jaccard분석법을 활용한 Dissimilarity값을 구하고 GeneAlex 6.1 프로그램을 사용하여 Tiri distance Matrix, Permutation 값은 999로 분석을 실시하였다. 상관관계 분석결과 R²값이 0.1223으로 높은 상관관계를 나타내지 않았다. (그림 1)

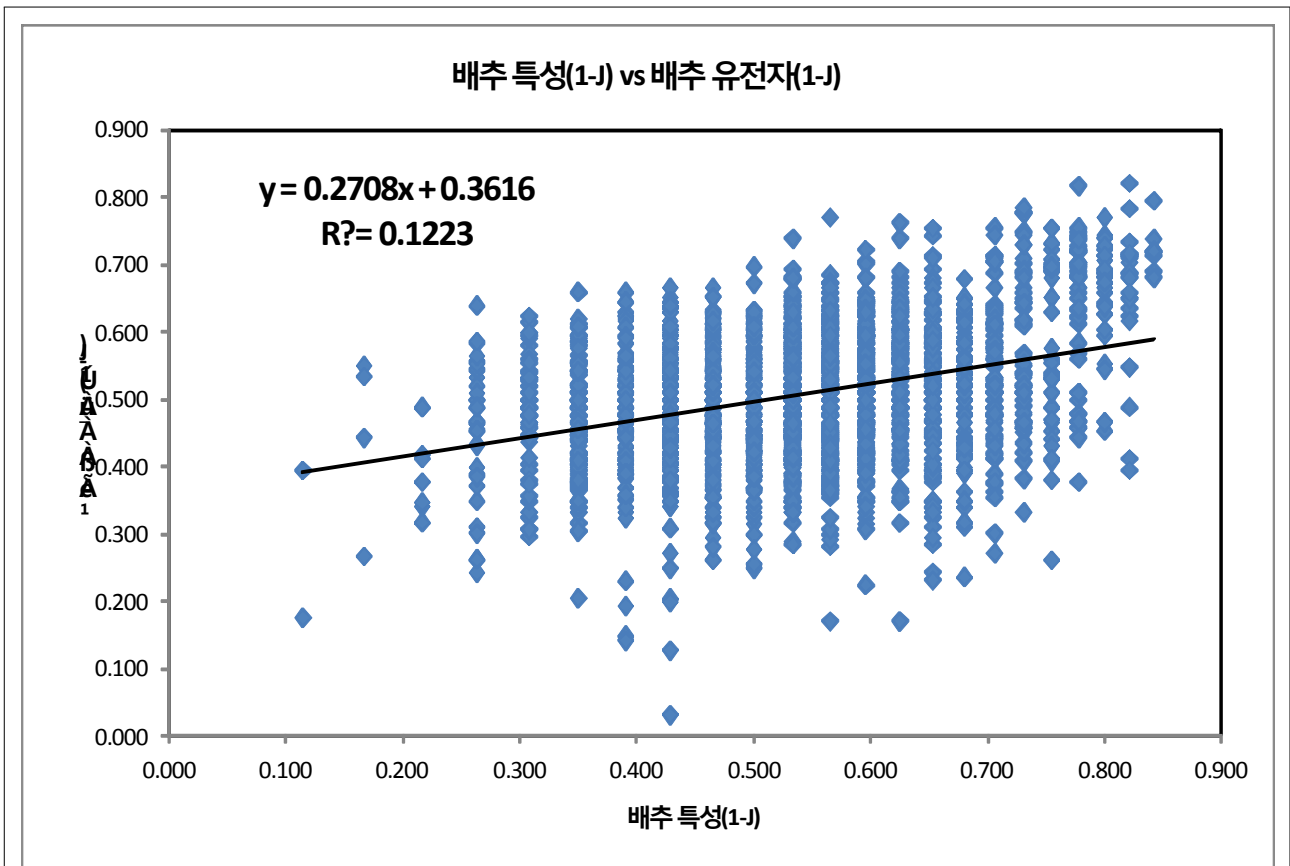


Figure 1. The result of Mantel test of 15 lettuce variety.

특성조사 전문가 집단의 의견을 구하고자 유전적 최소거리 설정을 위한 배추 현장평가 (10.25.)를 실시한 결과, 유전적 유사도 여부와 상관없이 일부 그룹에서는 형태적 특성이 유사한 품종임을 확인할 수 있었으나, 다른 품종들에서는 형태적 특성조사 결과가 유전적 유사도의 상관도가 없음을 확인하였다. 이는 유전적 유사도 분석에 활용한 SSR마커가 품종 구분을 위한 특성조사 항목의 형태적 특성의 표현형을 대변하는 연관마커가 아니고, F1 품종인 배추에서 품종간의 완전한 고정 이루어지지 않아서 이형주 등의 생성으로 기인한 결과로 판단이 된다. 또한 다배체 작물인 배추에서 품종간 다양한 유전자형이 존재함에 따라 상관관계가 낮았을 것이라 사료된다. 향후 품종보호 출원품종 심사, 종자 유통관리의 정확성을 위하여 특성조사 항목의 표현형과 연관이 되는 분자마커의 추가 개발이 요구 된다.

2) 장미의 품종간 최소거리 설정을 위한 기준 설정

7협동 과제에서 장미의 형태적 특성조사에 활용된 62품종을 대상으로 SSR마커를 이용한 유전적 연관도를 확인하고, 품종간 유전적 연관관계가 80%이상 되는 34품종을 최종 선발하여 품종 간 최소거리 설정 목적으로 특성조사를 위한 재배시험을 실시하였다. 품종 간 최소거리 설정을 위하여 선발된 장미 34품종의 품종별 유전적 유사도는 80%에서 92%의 결과를 나타내었다. 장미 34품종에 대한 형태적특성 조사 항목은 표 2에 나타나 있으며 유전분석에 활용된 16개의 SSR마커는 표 3에 적시하였다.

Table 1. Genetic relationships of selected variety in Rose.

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
1	클립니카	15년(2차)	85%
2	레드폴	15년(2차)	
3	페인트볼	15년(2차)	90%
4	레드칼립소	14년(1차)	
5	하트온	15년(2차)	86
6	실루엣	15년(2차)	80
7	마리오	14년(1차)	
8	보르도	15년(2차)	80
9	이구아나	14년(1차)	
10	딜풍	14년(1차)	82
11	핑크하트	14년(1차)	
12	레드크라운	15년(2차)	93
13	포비	15년(2차)	
14	러브레터	15년(2차)	87
15	핑크파티	15년(2차)	86
16	럭셔리	14년(1차)	
17	셀리나	15년(2차)	88
18	레가도	14년(1차)	
19	레드비	15년(2차)	90
20	립그로스	15년(2차)	
21	로지타벤델라	14년(1차)	86
22	아르한도	15년(2차)	88
23	시드란	14년(1차)	
24	군타임	15년(2차)	88
25	오션송	14년(1차)	
26	마릴린먼로	15년(2차)	88
27	드림랜드	14년(1차)	
28	어피니티	14년(1차)	84
29	오로라	15년(2차)	88
30	오네	15년(2차)	
31	부루트	14년(1차)	82
32	피비	14년(1차)	92
33	레드익스프레스	14년(1차)	
34	필립	14년(1차)	83

Table 2. The list of TG(test guidelines) of 34 variety

번호	특 성	전체	딜폴	레드칼립소	나이트피버	레드익스프레스	레드폴	레드크라운	러브레터	레드비	셀리나	클립니카	하트온	레카토	마리오	시드란	어피니티	럭셔리	드림랜드	립그로스	로지타벤델라	오션송	필립	핑크하트	실루엣	포비	페인트볼	
			1	식물체:생장유형	1 2 3 4 5 6	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
2	당굴성 계외:식물체:생장습성	1 3 5 7 9	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
3	식물체:초장	1 3 5 7 9	7	5	7	7	5	7	3	5	5	3	3	5	7	9	7	7	5	3	9	7	7	5	5	3	3	
4	신초:안토시아닌색	1 9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	1	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	1	9	
6	줄기:가시 의수	1	5	3	5	3	1	7	1	5	5	1	5	5	7	5	7	3	3	5	5	5	1	5	5	3	5	

	3 5 7 9	
8 앞:크기	3 5 7	5 5 5 6 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 5 3 5 7 3 5 5 5 7 3 3 3
9 앞:녹색의 정도(표면)	3 5 7	7 5 7 7 3 5 3 3 3 3 5 5 7 7 3 7 7 3 7 5 7 7 3 7 3
10 앞:안토시아닌색	1 9	1 1
11 앞:표면의 광택	1 3 5 7 9	7 5 7 7 7 5 5 5 7 3 5 5 5 5 5 5 7 3 5 5 5 3 5 5 1
12 소엽: 가장자리 의 물결모양	1 3 5 7 9	7 7 3 7 5 5 3 3 3 7 7 5 5 7 7 3 7 3 5 9 9 7 3 3 7
13 정단부소 엽:모양	1 2 3 4	3 2 2 1 2 3 4 2 1 1 2 2 1 2 4 1 2 1 1 2 2 1 4 2 2
14 정단부소 엽:기부의 모양	1 2 3 4	4 2 2 1 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 4 3 2 2 1 2 2 4 3 3
15 정단부소 엽:정부의 모양	1 2 3 4	1 3 3 3 2 2 2 3 2 2 1 3 3 2 2 2 1 2 1 3 2 2 3 3 3
16 개화지:측 지유무	1 9	9 9
21 꽃:형태	1 2 3	3 3
22 꽃:꽃잎의 수	1 3 5 7 9	7 5 5 5 1 3 3 3 1 7 7 5 7 9 9 9 9 3 5 5 5 9 3 7 7
23 꽃:색그룹	1 2 3 4 5 6 7 8 9	10 10 10 10 10 10 10 10 10 10 2 7 7 4 4 8 9 8 9 14 9 8 2 5 5

	10 11 12 13 14 15 16	
25 꽃:꽃잎의 밀도	1 3 5 7	6 5 5 7 5 5 5 5 5 5 5 6 7 5 5 7 7 3 7 7 5 7 3 5 5
26 꽃:직경	1 3 5 7 9	7 5 7 7 5 5 5 5 5 5 5 7 5 7 5 7 7 7 5 7 7 9 5 7 5
27 꽃:모양	1 2 3	2 2 2 1 1 3 2 3 2 3 3 2 3 3 3 3 2 3 2 2 2 1 3 1 3
28 꽃:측면의 윗부분 모양	1 2 3	2 2 2 3 1 1 2 2 2 3 1 2 2 2 2 3 2 3 3 3 1 1 1 2 2
29 꽃:측면의 아랫부분 모양	1 2 3 4	2 3 3 2 2 2 3 2 3 4 2 4 3 3 3 4 3 3 3 4 2 2 2 3 2
30 꽃:향기	1 2 3	1 1 1 1 3 2 2 1 2 1 1 2 2 3 1 2 1 1 2 2 2 2 2 2 3
31 꽃받침잎: 전개 정도	1 3 5 7 9	7 5 1 3 7 5 3 5 3 5 3 9 3 1 5 5 3 3 5 3 7 1 5 3 5
32 꽃잎:한장 씩개화하 는 습성	1 9	1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 9 9 9 9 1 1 1 1 1
33 꽃잎:모양	1 2 3 4 5	5 3 3 1 5 2 1 5 5 5 3 1 5 5 2 2 5 1 2 2 1 1 1 5 1
34 꽃잎:툭니 모양	1 3 5 7 9	1 1 1 1 3 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
35 꽃잎:가장 자리의 말 림	1 3 5 7 9	1 3 3 3 3 3 3 7 5 5 5 1 3 3 1 3 1 5 1 3 1 1 3 3 3
36 꽃잎:물결 모양	1 3	1 1 5 1 1 1 1 1 1 1 1 3 1 1 1 1 1 3 1 3 1 1 1 1

	5 7 9	
37 꽃잎:크기	1 3 5 7 9	5 3 5 7 5 7 5 5 5 5 3 5 5 5 3 5 5 5 5 5 7 5 5 5
38 꽃잎:길이	1 3 5 7 9	3 3 3 7 3 5 3 3 3 3 3 3 3 5 3 5 5 5 3 5 5 7 5 5 5
39 꽃잎:너비	1 3 5 7 9	3 3 5 7 3 5 3 3 3 3 1 3 3 5 3 5 5 3 3 5 5 5 5 5 3

Table 3. The sequence of 16 SSR marker for this study.

No.	Marker name	Repeat Motif	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	CL2845	(AAG) ₁₇	ACAACCCGTAAAACGACCTG	ATATGGTGCCTTTGGTGGAA
2	H22E04	(AAG) ₇	GACATCACCACCACACAAG	AACCAAGGTTTCCAGTTCCA
3	Rw62D8	CT rich	CCTGACTCTAACCTCGTGCT	TCCATCATCAACTTCGTCTG
4	CL2002	(TCAT) ₄	GAAGCAGGGAAGATCCATGA	GGCCAATGCTCACACTAAT
5	H22C01	(TC) ₉	TCATAACCAACCATCTCCATCA	AGGATTTACCCAGAACACG
6	Rh48	(AGG) ₅	GATAGTTTCTCTGTACCCACCTA	TTGACCAGCTGCAACAAAATTAGA
7	Rh93	(TTC) ₉	GCTTTGCTGCATGGTTAGGTTG	TTCTTTTGTCTGTTCTGGGATGTG
8	H1F03	(AGG) ₅	CCCTAGCTCTCTCCCTCTCC	AGCACATTCTTGAGGGTTGG
9	Rw20I17	(TG) ₉	TTCTCTTCTCCTCCCTCGT	AGCAGTTTCTGGCGAGTTA
10	Rw23F13	(CT) ₁₄	TGCATTCATCCCTCTCACTG	TCAAATGCATGCTGAAAGGA
11	CL2980	(AG) ₁₆	CCCTATTCGATTTGAGTGTC	ACTTGGCTCGACGGATACAC
12	H9B07	(AAG) ₆	TGTGGTTTTGCCTCACAAAG	GACAATGACCCTTCAAACATCA
13	Rw14A5	(GAA) ₄	CCCTCAAAACCCCTCTTA	CGTAATAACTGTCCGGTCTC
14	Rw14H21	(GT) ₁₆ (GA) ₁₅	ATCATGTGCAGTCTCCTGGT	AATTGTGGGCTGGAAATATG
15	Rw17I7	(GCC) ₈ (ACC) ₃	CAGGTAATTTGCGGATGAAG	GATCCGCCGTTTCCAGT
16	Rw49N14	(GAT) ₇	AAGCACACAGCCCTATCATC	GGCCTTCTAGGGTTTTCTG

선발된 장미 34품종에 대한 유전적 분석과 특성조사 간의 상관 관계를 확인하기 위하여 Mantel test를 실시하였다. Mantel test는 1-Jaccard분석법을 활용한 Dissimilarity값을 구하고 GeneAlex 6.1 프로그램을 사용하여 Tiri distance Matrix, Permutation 값은 999로 분석을 실시하였다. 상관관계 분석결과 R²값이 0.122으로 배추의 결과와 같이 높은 상관관계를 나타내

지 않았다. (그림 1)

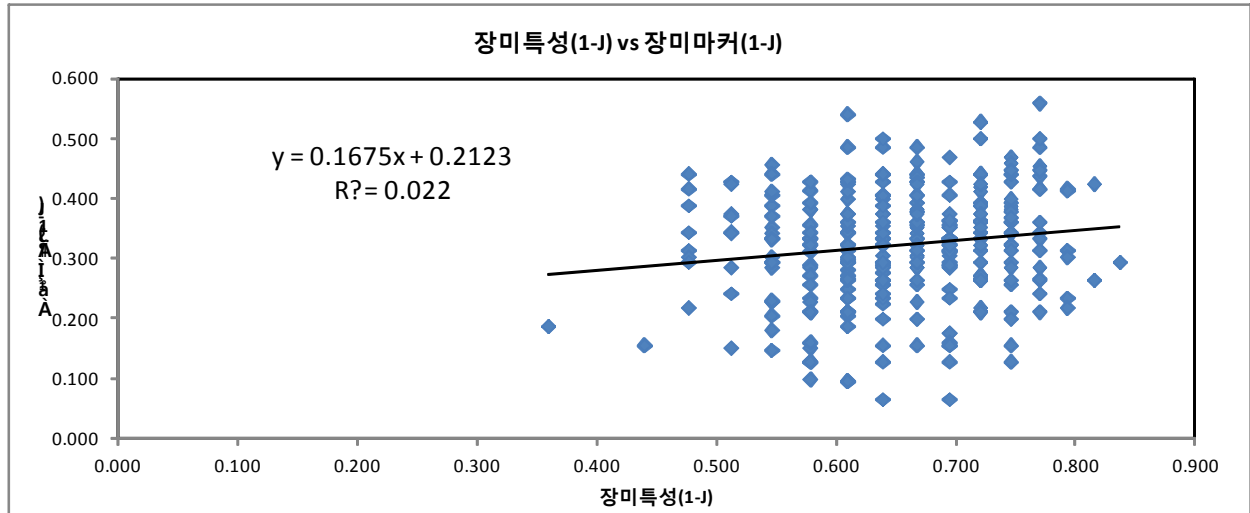


Figure 1. The result of Mantel test of 34 Rose variety.

특성조사 전문가 집단의 의견을 구하고자 유전적 최소거리 설정을 위한 장미 현장평가 (10.12.)를 실시한 결과, 대부분의 품종에서 형태적 특성조사 결과가 유전적 유사도의 상관도가 없음을 확인하였다. 이는 유전적 유사도 분석에 활용한 SSR마커가 품종 구분을 위한 특성조사 항목의 형태적 특성의 표현형을 대변하는 연관마커가 아니고, 장미에서 품종간의 완전한 고정이 이루어지지 않아서 이형주 등의 생성으로 기인한 결과로 판단이 된다. 향후 품종보호 출원품종 심사, 종자 유통관리의 정확성을 위하여 특성조사 항목의 표현형과 연관이 되는 분자마커의 추가 개발이 요구 된다.

2) 블루베리의 품종간 최소거리 설정을 위한 기준 설정

9협동 과제에서 블루베리의 형태적 특성조사와 유전적 연관도 결과 항목이 상호 일치하는 주요 11품종에 대한 품종 간 최소거리 설정을 위한 유전분석 및 특성조사 간의 상관관계를 조사하였다. 블루베리 주요 11품종에 대한 형태적특성 조사 항목은 표 1에 나타나 있으며 유전분석에 활용된 16개의 SSR마커는 표 2에 적시하였다.

Table 1 The list of TG(test guidelines) of 11 variety

품종명	계급치		Blue	Blue	Blue	Colli	Jers	Nels	Nort	Nort	O'N	Rev	Spar	
			crop	gold	jay	ns	ey	on	hblu	hlan	deal	eille	tan	
나무 수세	약하다	3	3			3								
	중간	5	5				5	5			5			
	강하다	7	7		7	7			7			7	7	
생장습성	직립성	1				1								
	반직립성	2	2	2					2		2	2		
	개장성	3	3		3	3	3							
1년생 가치의	짧다	3	3					3		3	3			

마디길이	중간	5	5		5	5	5				5
	길다	7		7					7		
1년생 가지의 색	녹색	1									
	녹색을 띠는 적색	2									
	회색을 띠는 적색	3						3	3		
	적색을 띠는 노란색	4									4
	적색을 띠는 갈색	5			5	5	5			5	
	어두운 적색	6	6	6				6			6
꽃눈 안토시아닌 착색 정도	약하다	3							5		5
	중간	5									
	강하다	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7
화관 크기	작다	3	3	3			3	3	3		
	중간	5						5			5
	크다	7			7	7				7	7
잎 길이	짧다	3									
	중간	5	5	5			5	5	5	5	5
	길다	7			7	7				7	7
잎 너비	좁다	3									
	중간	5	5	5							5
	넓다	7			7	7	7	7	7	7	7
잎 길이/너비 비율	작다	3					3	3	3	3	
	중간	5	5	5	5					5	5
	크다	7									
잎 모양	피침형	1	1					1			1
	난형	2				2			2		
	타원형	3		3	3						
	장타원형	4					4		4		4
잎 선단 가장자리색	노란색	1	1	1	1	1			1	1	1
	녹색	2					2	2			2
잎 가장자리	무딘톱니모양	1	1		1	1				1	1
	톱니모양	2		2			2	2	2		
미숙과 녹색 강도	밝다	3	3	3							
	중간	5			5		5	5	5	5	5
	어둡다	7									7
과실 종단면의모 양	타원형	1									1
	원형	2	2	2	2	2	2	2	2		2
	편원형	3								3	
과실 꽃받침 조각 자세	직립	1		1		1					1
	직립에서 반직립	2						2			
	반직립	3	3		3		3		3	3	
과실 꽃받침 조각 유형	안으로 굽은 수직	1	1	1			1	1	1	1	1
	젖혀진	2			2	2					
과실 꽃받침 분지의 직경	작다	3			3		3		3	3	3
	중간	5	5	5			5			5	
	크다	7									
과실 꽃받침 분지의 길이	얕다	3			3		3	3	3	3	
	중간	5	5	5							5
	깊다	7									
과실 과분의 강도	매우 약하다	1									
	약하다	3				3		3	3	3	3
	중간	5	5	5							5
	강하다	7					7				

Table 2. The sequence of 24 SSR marker for this study.

No.	Primer name	Repeat motif	AT(°C)	Product size(bp)	No. of alleles	PIC value	labelling
1	CA23F	(AGA)6	55	156-168	4	0.587	VIC
2	CA25F	(TG)7	55	246-255	4	0.627	NED
3	CA169	(GAT)4	55	112-130	5	0.779	VIC
4	CA190R	(TGC)5	55	240-246	3	0.639	NED
5	CA214F	(TC)6	55	121-125	3	0.547	FAM
6	CA664F	(AG)6	55	120-124	3	0.487	VIC
7	CA236F	(TG)17	55	223-240	7	0.737	NED
8	CA278F	(CCA)7	55	239-251	5	0.685	FAM
9	NA240	(TC)3	55	101-104	2	0.495	VIC
10	NA961	(TAC)5	55	183-195	5	0.732	NED
11	CA518F	(CAC)6	55	177-186	4	0.346	FAM
12	CA1031F	(CT)10	55	201-245	10	0.814	VIC
13	NA172	(CAT)5	55	293-308	5	0.678	FAM
14	NA222	(TG)8	55	303-307	3	0.556	PET
15	VCC1_H9	(CT)13	55	199-226	11	0.870	VIC
16	VCC1_I8	(TG)8	55	111-161	7	0.706	FAM
17	VCC1_J3	(AAG)15	55	134-164	5	0.615	PET
18	Blue-new92	(CT)8	55	142-220	6	0.684	NED
19	Blue-new97	(TAAT)6	55	313-349	7	0.694	VIC
20	Blue-new98	(AT)7	55	164-198	5	0.476	NED
21	Blue-new101	(TC)5	55	225-259	4	0.569	FAM
22	Blue-new102	(CT)5	55	149-154	2	0.497	PET
23	Blue-new128	(AC)5	55	164-169	3	0.548	VIC
24	Blue-new143	(AT)5	55	281-286	3	0.367	FAM
Total					116	14.735	
Mean					4.8	0.614	

선발된 블루베리 11품종에 대한 유전적 분석과 특성조사 간의 상관 관계를 확인하기 위하여 Mantel test를 실시하였다. Mantel test는 1-Jaccard 분석법을 활용한 Dissimilarity 값을 구하고 GeneAlix 6.1 프로그램을 사용하여 Tiri distance Matrix, Permutation 값은 999로 분석을 실시하였다. 상관관계 분석결과 R² 값이 0.0154으로 배추의 결과와 같이 높은 상관관계를 나타내지 않았다. (그림 1)

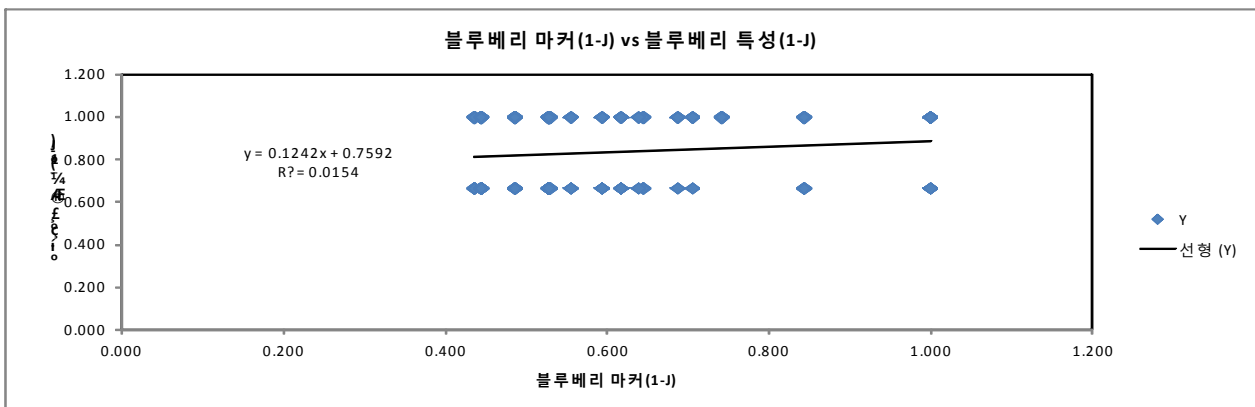


Figure 1. The result of Mantel test of 11 Blueberry variety.

특성조사 전문가 집단의 의견을 구하고자 유전적 최소거리 설정을 위한 블루베리 현장평가(7.4.)를 실시한 결과, 일부 품종에서는 유전적 연관도가 높으면 품종간의 형태적 특성이 유사한 것으로 판단되나 대부분의 품종에서 형태적 특성조사 결과가 유전적 유사도의 상관도가 낮음을 확인하였다. 이는 유전적 유사도 분석에 활용한 SSR마커가 품종 구분을 위한 특성조사 항목의 형태적 특성의 표현형을 대변하는 연관마커가 아니고, 블루베리는 영양번식 작물로 품종간의 완전한 고정 이루어지지 않아서 이형주 등의 생성으로 기인한 결과로 판단이 된다. 향후 품종보호 출원품종 심사, 종자 유통관리의 정확성을 위하여 특성조사 항목의 표현형과 연관이 되는 분자마커의 추가 개발이 요구 된다.

2) 고추의 품종간 최소거리 설정을 위한 기준 설정

5협동 과제에서 3년차 특성조사를 위하여 정식해 놓은 100품종 중 본 과제의 SSR마커를 이용한 유전적 연관도가 100%인 19품종에 대한 품종간 최소거리 설정을 위한 현장평가회를 실시하였다. 19품종은 총 7그룹으로 그룹화가 되었으며, 각 그룹간의 품종은 독주역강/PR새바람/PR선비촌/PR누네띠네, 신마구따 /PR우람찬, PR신명난/서방님/훈민정음/일월산천, 폭탄선언/과죽지세, PR내고향/PR다조은, 백승/슈퍼바이킹, 역강수문장/PR전설/ 불티나플러스 이다. 고추 11품종에 대한 형태적특성 조사 항목은 표 1에 나타나 있으며 유전분석에 활용된 17개의 SSR마커는 표 2에 적시하였다.

Table 1 The list of TG(test guidelines) of 11 variety

번호	특성형질	계급치	독주역강	PR새바람	PR선비촌	PR누네띠네	신마구따	PR우람찬	PR신명난	서방님	훈민정음	일월산천	폭탄선언	과죽지세	PR내고향	PR다조은	백승	슈퍼바이킹	역강수문장	PR전설	불티나플러스
1	하배축안토시아닌	있다	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	없다	9																			
2	단축절간	있다	1																		
	없다	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
3	약안토시아닌	있다	1																		
	없다	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
4	꽃받침 모양	노출형	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	폐쇄형	9																			
5	매운맛	있다	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1				
	없다	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9

Table 2. The sequence of 17 SSR marker for this study.

Marker name	Repeat motif	AT(°C)	PCR product(bp)	Number of allele	PIC	Primer labelling
Hpms1-148	(GA) ₁₄	55	184-196	4	0.610	VIC
Hpms1-106	(AAAAAT) ₁₄	55	156-163	2	0.421	NED

Hpms1-143	(AG) ₁₂	55	223-229	4	0.452	FAM
HpmsE038	(ATGTA) ₃	55	271-286	3	0.498	PET
HpmsF061	(AT) ₁₀	55	181-183	2	0.382	VIC
Hpms2-21	(AT) ₁₁ (AC) ₉ (ATAC) ₁₀	55	286-292	4	0.665	FAM
CAMS-051	(GT) ₃ A(TA) ₄ (TG) ₁₁	55	154-163	3	0.601	VIC
HpmsF037	(TTTC) ₆	55	179-183	2	0.468	NED
HpmsF019	(TC) ₁₆	55	182-188	3	0.502	FAM
HpmsF015	(GCA) ₈	55	238-250	5	0.735	NED
HpmsF053	(CTT) ₁₂	55	185-197	2	0.690	FAM
EPMS-542	(TC) ₁₀	55	170-180	3	0.495	NED
EPMS-426	(AT) ₁₅	55	111-119	4	0.662	FAM
EPMS-441	(AG) ₁₁	55	117-129	2	0.666	PET
CaES5707	ATC	55	146-159	2	0.500	VIC
CaES5733	ATC	55	243-252	3	0.402	PET
CaES5479	GGA	55	113-120	3	0.496	FAM
Total				51		
Mean				3	0.544	

선발된 고추 11품종에 대한 유전적 분석과 특성조사 간의 상관 관계를 확인하기 위하여 Mantel test를 실시하였다. Mantel test는 1-Jaccard분석법을 활용한 Dissimilarity값을 구하고 GeneAlex 6.1 프로그램을 사용하여 Tiri distance Matrix, Permutation 값은 999로 분석을 실시하였다. 상관관계 분석결과 R²값이 0.00154으로 배추의 결과와 같이 높은 상관관계를 나타내지 않았다. (그림 1)

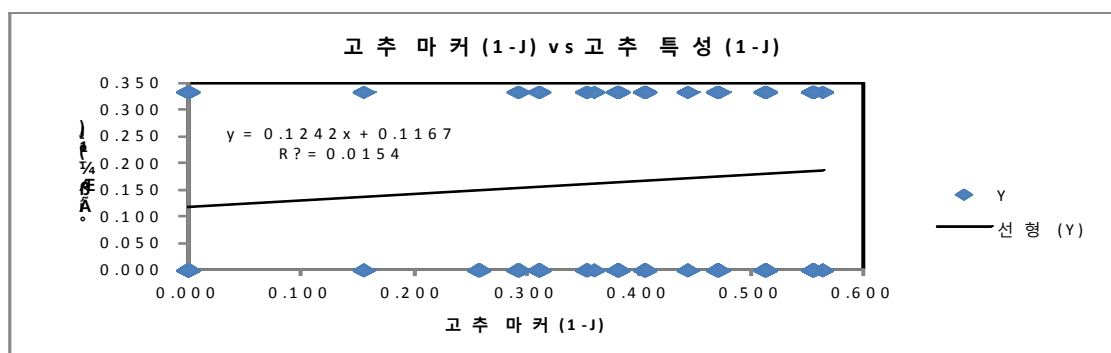


Figure 1. The result of Mantel test of 11 pepper variety.

유전적 최소거리 설정을 위한 고추 현장평가(8.10.) 결과, 유전적 유사도 여부와 상관없이 일부 그룹에서는 형태적 특성이 유사한 품종임을 확인할 수 있었으나, 다른 품종들에서는 형태적 특성조사 결과가 유전적 유사도와 연관이 없음을 조사결과 확인하였다. 이는 유전적 유사도 분석에 활용한 SSR마커가 신품종 구분을 위한 특성조사와 관련한 표현형을 대변하는

연관마커가 아니고, 고추의 경우 F1 작물로 품종간의 완전한 고정이 이루어지지 않아서 이형주 등의 생성으로 기인한 결과로 판단이 된다.

본 연구에 사용된 작물(배추, 고추, 블루베리, 장미)에 대한 품종간 최소거리 설정을 위한 연구결과 고추의 경우 유전적인 유사도에 따른 형태적 특성간의 상관관계가 상대적으로 높은 결과를 보이거나 나머지 작물에서는 서로간의 상관관계가 상대적으로 낮음을 알 수 있었다. 향후 품종보호 등을 위한 특성조사 항목과 연관된 마커의 추가 개발이 요구된다.

제3절 [제1협동과제: 벼 품종의 형태적 특성과 DNA profiling에 의한 품종판별 체계 확립]

1) 서론

FTA와 2012년 품종보호제도(UPOV)의 전면시행 및 ‘생물자원의 접근과 이익 공유에 관한 의정서’ (일명 나고야 의정서)의 발효로 종자산업의 활성화가 시급히 요구되고 있는 실정이다. 현재, 우리나라에는 많은 종류의 벼 품종이 육성되고 있고, 이들의 정확한 모품종 및 분류가 어려운 실정이다. 이에 따라 종자산업을 육성할 때에 국내에 유통되고 있는 벼 품종에 대한 품종 특성 데이터베이스 구축을 통해 신품종을 육성할 때에 중복으로 투자되는 것을 방지할 필요성이 있다. 또한, 국가 기관별, 업체별 서로 다른 품종 식별 마커 개발과 사용에 따른 분쟁이 발생할 소지를 사전에 차단하는 것이 절실히 필요하다.

본 연구는 국내에서 육성한 벼 243개 품종들에 대하여 PIC=0.7 이상의 다형성 가진 SSR 마커를 이용하여 각 품종의 DNA band의 다양한 변이를 분석하고, 품질 관련 유전자, biotic 및 abiotic stress와 깊은 관련이 있는 유전자들에 대하여 유전자 coding region에 존재하는 SNP를 sequencing을 통하여 각 품종의 고유 특성인 DNA profiling 실시하여 얻은 결과와 243개 벼 품종의 형태적 특성들과의 관련성을 분석하고 주성분분석, cluster 분석 등을 실시하여 품종들의 분류와 유연관계를 분석하고 모든 관련 데이터를 종합하여 벼의 국가 표준 database를 구축하여 벼 품종 육성에 종사하는 연구자, 종자를 관리하고 분배하는 개인 및 기관, 그리고, 종자회사 등에서 효율적으로 활용할 수 있도록 정보를 제공하고자 한다.

2) 연구개발 수행 내용 및 방법

1. 공시품종 및 재배법

시험재료는 국내에서 육성된 벼 품종 중 1982년부터 2013년까지 국립종자원을 통하여 보급된 243개 벼 품종이 사용되었으며(Table 1), 충북대학교 시험포장에 이양하여 관찰, 조사하였다. 품종 당 1주 1본씩, 16주/월, 3열로 이양하였으며 물 관리와 비료의 시용 및 병, 해충의 방제는 농촌진흥청 벼 표준재배법에 준하여 수행하였다(RDA 2003b).

Table 1. Rice varieties bred in Korea from 1982 to 2013.

No.	Variety	Type (J/T)*	Year	Cross Combination	No.	Variety	Type (J/T)	Year	Cross Combination
1	Keumyeong	J	2009	Sanbaek/Iksan423//Sangju22	131	Onnuri	J	2005	Milyang165/HR14732-B-67-2-3
2	Durujinmi	J	2010	Suwon478/Odae	132	Wonkwang	J	2000	Seomjin Mutant
3	Manho	J	2002	Singeumo/Iksan423	133	Wonmi	J	2000	Seomjin Mutant

4	Sandeuljinmi	J	2006	Sambaek/Yongseong12	134	Wonhwang	J	1998	Milyang96/Iri390/Milyang5
5	Samcheonbyeo	J	1995	Unbong/Fukei126	135	Yunnongchamssal	J	2008	Dong poor rice/Glutinous rice
6	Unjangbyeo	J	1994	Unbong///Suwon244/Hwasetor amojji/Sangnam	136	Joryeongbyeo	J	1992	Gosihikari/Seonam/Milyang79
7	Wonpyeong	J	1999	Hwaseong Mutant	137	Jongnam	J	2001	Milyang96/YR12734-B-B-22-2
8	Jeokjinju	J	2000	Obong/Obong/Syare	138	Juan1	J	2005	Ilpum/SR18392-HB683-104
9	Josaengheukchal	J	2004	Dongbukna149/Sx864	139	Jungmo1001	J	2004	Cheolwon52/SR21049
10	Joan	J	2003	Jinmi/jinbu10	140	Jungmo1012	J	2007	Sambaek/Ou329
11	Jungmo1011	J	2010	Suwon478/Unbong33	141	Jungmo1014	J	2010	Milyang207/Samgwang
12	Jinbong	J	2000	Jinmi/Unbong SR13330-13-3-5-2-1/Jinbu	142	Jungmo1009	J	2009	YR22207/Iksan2443/Milyang165
13	Taebong	J	2000	10	143	Jungsan	J	2000	Sambaek/Milyang107
14	Taeseong	J	2002	Cheolwon49/Jinbu10	144	Cheongdam	J	2006	SR19200-HB826-34/Juan
15	Hwanggeumbora	J	2006	Jinbu/Odae//Fukei126	145	Cheongho	J	2004	Iri407/Iri417 Milyang165/YR16365Acp13/Iksa
16	Heukseonchal	J	1999	Sanghaehyanghyeolra Mutant	146	Pungmi	J	2004	n438
17	Geurubyeo	J	1997	Suwon313/Cheolwon42	147	Pungmi1	J	2005	YR13616Acp1/Milyang122
18	Geumseong	J	2003	Hajjeubosi/Hyangmi	148	Hangangchal1	T	2006	Hangangchal/YR8208-20 Milyang165/YR16365Acp13/Iksa
19	Dunnaebyeo	J	1992	SR11139-48-1/Suwon320	149	Hanmaeum	J	2004	n438
20	Manna	J	2005	Iksan438/Ilmi	150	Hanareum2	T	2010	Milyang181/Milyang154
21	Manchu	J	2001	Jinmi/Unbong12 Gosihikkari/TR2406-2-1-1//	151	Haepyeong	J	2000	Milyang101/Akichikara
22	Sambaekbyeo	J	1993	Hukkurikku115/Cheolwon29	152	Haepyeongchal	J	2004	Haepeong Natural Mutant
23	Sangsanbyeo	J	1993	Sobaek/Daeseong YR4117-99-1-1-2-4/	153	Hyangnambyeo	J	1995	Iri389/Dohoku144
24	Sangjuchalbyeo	J	1997	YR4200-2-3-2-2	154	Hongjinju	J	2006	SR18164F2/Suwon383
25	Seolbaek	J	2010	Suwon360/Geuru	155	Hwanambyeo	J	1993	Milyang95/Tamjin
26	Sinunbong1	J	2005	Sangju/Unbong17	156	Hwadongbyeo	J	1997	Daejin/SR13345-20-1 Milyang95/Iri390//Milyang101/Iri
27	Ansanbyeo	J	1995	Rax102-123/Seonam	157	Hwabong	J	1998	390
28	Wonhae	J	2007	Dongjin Mutant	158	Hwasambyeo	J	1996	Milyang101/Iri389
29	Wolbaek	J	2010	Milkikwin/Geuru	159	Hwaseonchalbyeo	J	1992	Inabawase/Dongjin
30	Inwol	J	1998	Fukei127/Unbong SR14880-173-3-3-2-2-2/	160	Hwasinbyeo	J	1995	Iri390/Milyang110
31	Joun	J	2009	Unbong20	161	Hwaan	J	2000	Suwon362/SR10778-2-2
32	Jungmo1007	J	2009	Sanbaek/Unbong19	162	Hwajungbyeo	J	1993	SaSanisiki/Cheonma
33	Junghwabyeo	J	1995	Etznan126/Bokgang//Daeseong	163	Heukgawichal	J	2008	Iksan427/Gawichal
34	Cheongbaekchal	J	2010	SR20261-5-4-10/Jinbupal	164	Geonganghongmi	J	2010	Sugary*2/Milyang152 Milyang95//Kimcheon
35	Hyangmibyeo	T	1996	IR841-76-1/Suwon334	165	Goami	J	2000	poor rice/Ilpum
36	Goun	J	2004	Jinbu10/Jinbu17	166	Geuman	J	2002	SR11878-14-4-1/Suwon345 Milyang96//YR6419Acp13/Palgon
37	Namil	J	2002	Ilpum/Namyang7 Milyang110/Milyang110/Yeong	167	Geumobyeo2	J	1996	g
38	Manan	J	1998	deok7	168	Namgangbyeo	J	1997	.Milyang95/Milyang96
39	Munjang	J	1999	Sangsan/Suwon397	169	Nogyang	T	2006	Yongmun/IR67396-16-3-3-1
40	Sangmi	J	1998	Sambaek/Ou316	170	Daeripbyeo1	J	1993	Niheunmasari ms/BG29
41	Saesangju	J	2001	Junghwa/Sambaek	171	Daepyeong	J	2002	HR14028-AC-5/Milyang122
42	Odae1	J	2005	Ilpum/Jinbu10	172	Dongwon	J	2011	- Milyang95//Bukryukbanna/Milyan
43	Undu	J	1998	Odae/Jinbu13	173	Manmi	J	2002	g95 SR24592-HB2319/IR3165-B-6
44	Wonpum	J	2004	Ilpum Mutant	174	Mogyang	J	2010	-1-1
45	Jeokjinjuchal	J	2010	Sangnambat/Jeokjinju HR16683-46-3/HR18129-B	175	Milkikwin	J	2007	Gosihikari Mutant
46	Jopyeong	J	2010	-16	176	Sampyeong	J	2000	Suwon345/SR11340-46-5-4-1 Daeseong/5*Chucheong//Bonggwa
47	Daechan	J	2009	Nonangan/2*Suwon403	177	Saechucheong BIL-3	J	1999	ng/5*Chucheong
48	Jungmo1010	J	2009	SR18390-9-7-2-5/IR66160	178	Seonong15	J	2010	Heukjinju/Floury rice

-5-2-3-2									
49	Heukjinjubyeo	J	1997	Yongjeong4/Segeum	179	Seolhyangchal	J	1999	Miyagaori/2*Suwon357
50	Jakwangchal	J	2007	Jinbuchal/Jagwangdo	180	Seongjochal	J	2008	Wangchal Mutant
51	Hwanggeumchal	J	2007	Sakita/Jinbuchal	181	Suan	J	2010	HR20017-B-19-3-1/Iksan467
52	Daeanbyeo	J	1994	Oseto/Seomjin	182	Sindongjin	J	1999	Hwayeong/YR13604ACP22
53	Seomyeong	J	2009	Kyehwa21/Milyang165	183	Aranghyangchalbyeo	J	1997	Sinseonchal/Tohoku144
54	Seojin	J	1996	Aijji37/Sangpung	184	Onojjinoijji	J	-	
55	Juanbyeo	J	1994	Seolak/Gosihikkari//Samnam	185	Wonchu	J	2001	Chucheong Mutant
56	Hojin	J	2000	Hwayeong//Dongjin/Milyang95	186	Jungan	J	1999	Namyang7/2*Hapcheon1
57	Hwarang	J	2003	Iksan420/YR13616Acp1	187	Jinbo	J	2009	Yeongdeok26/Gosihikari
58	Hwamyongbyeo	J	1997	Hwayeong/SR14779-HB234-32	188	Jinsang	J	2008	Yumetsukushi/Milkykwin
59	Nampyeongbyeo	J	1997	HR11735-82-1-5-5/Milyang95	189	Garak	J	2009	Chucheong/Sinseonchal
60	Naepungbyeo	J	1995	Milyang97//OU316/Iri373	190	Kwangan	J	1998	Namyang7/SR14779-HB234-31
61	Dasan	T	1995	Suwon332/Suwon333	191	Geumtap	J	2008	Sinseonchal//Juan/쌀사래
62	Dasan1	T	2006	Bangal//Yongju/Dasan	192	Noreunjachal	J	2008	Sinseonchal//Juan/쌀사래
63	Daesanbyeo	J	1996	Milyang95/Suwon366	193	Nunbora	J	2006	Iksan433/Miyadanamoji
64	Dongbo	J	2010	Yeongdeok19/Gosihikkari	194	Daeripjami	J	2009	C3GHi/Daerip1
65	Dongan	J	1996	Milyang95/HR5119-12-1-5	195	Dongjin1	J	2001	Hwayeong/HR12800-AC21
66	Dongjin2	J	2005	Milyang165/Iksan438//HR1401	196	Manwol	J	2001	Milyang120/Hwayeong
67	Dongjinchal	J	1998	8-B-1-1/Iksan435	197	Manjong	J	2009	Yeongdeok34/Nampeong
68	Donghaejinmi	J	2006	SR11155-4-2/Doyonisiki//Milyang95	198	Seonong14	J	2008	Heukjinju/Geodae
69	Malgeumi	J	2006	Milyang64/4*Milyang165	199	Sobi	J	1999	Hwayeong/YR13604ACP22
70	Mikwang	J	2009	Hwayeong/Aichi 76	200	Yeongan	J	2001	Milyang122/YR13616 Acp1
71	Mihyang	J	1999	SR15926-10-2-3-3-3/Iksan431	201	Jinpum	J	1999	SR14703-60-5-GH1/Suwon353
72	Baekjinju	J	2001	Seomjin/Dongbuk144//IR392	202	Keunnun	J	2005	Ilpum Mutant
73	Boramchan	J	2009	Ilpum Mutant	203	Keunnunjami	J	2007	Heukjinju/Suwon425
74	Saekyehwa	J	2001	HR21124-B-59/Kyehwa24	204	Hopyeong	J	2003	Hitobebore/Hwajin
75	Seonong10	J	2005	Ilpum//Mangeum/Jyukeoi830	205	Heukkwang	J	2003	Hwajin//Gilrimheukmi/Ilpum
76	Seonong16	J	2010	Hwacheong Mutant	206	Nongho	J	1998	Chukei1016/Milyang79
77	Segyejinmi	T	2009	Seonong8/Saengdongchal	207	Mipum	J	2010	Gosihikari/Kyehwa21/Junam
78	Sujin	J	1999	Milyang160/Yongju	208	Syueojami	J	2009	C3GHi/EM76
79	Woncheong	J	2003	Milyang95//Milyang96/Milyang106	209	Suryeojinmi	J	2010	Milyang182/SR21144-17-3-2
80	Junam	J	2000	Chucheong Mutant	210	Heukhyang	J	2000	Mangeum/SX864
81	Jungmo1013	J	2010	Hwayeong//Sangju/Ilpum	211	Baekjinju1	J	2005	Ilpum(MNU)-10-2-GH1-3/Seoan
82	Cheonga	J	2006	Iksan469//Dongjin1/Iksan474	212	Jungmo1015	J	2010	Sindongjin/Milkikwin
83	Cheonghaejinmi	J	2009	Ginuhikari/Yangju	213	Saenuri	J	2007	Kyehwa/HR14026-B-68-6-1-5
84	Chinnong	J	2010	Samjiyeon/SR14694-57-4-2	214	Yeonghojinmi	J	2009	Hiddeumeaborea/Junam
85	Keunseom	T	2006	-1-3-2-2//Iri402	215	Hiami	J	2009	Jinmi Mutant
86	Pyeongang	J	2003	Iksan450/YR21258-GH3	216	Dacheong	J	2008	Iksan450/YR21258-GH3
87	Hyangmibyelo1	T	1993	Milyang165*3/Gosihikari	217	Daeyabyeo	J	1992	Gwandong PL5/Gwandong
88	Hoan	J	1998	Iksan438/HR15003-69-B-3	218	Deuraechan	J	2008	PL3//Daecheong
89	Hwasin1	J	2005	IR841-76-1/Suwon334	219	Boseok	J	2008	Milyang165//Sindongjin/YR19105
90	Heuknam	J	1997	Kanto149/Milyang95	220	Seogan	J	2002	Acp222
91	Gancheokbyeo	J	1992	HR13185-B-B-100//Iri407/H	221	Unmi	J	2007	Ginuhikari//HR19621AC6/Sobi
92	Gangbaek	J	2006	R14732-B	222	Jungmo1008	J	2010	Hr11752-11-14-4/HR10213
93	Gangchan	J	2010	Tamjin/Sanghaehyanghyeolna	223	Jinbaek	J	2008	-11-3-5
94	Goami2	J	2002	Aichi37/Seomjin	224	Honong	J	2009	Samcheon/HR17870
95	Goami4	J	2009	Suwon345/DV85	225	Hwanggeumnodeul	J	2007	Iksan451/Sangju21
96	Gopumbyeo	J	2004	Suwon464/Daean	226	Honggwang	J	2009	HR15204-38-3//Milyang165/Iksan438

			68/Iri369						
97	Geumnambyeo	J	1994	Jinju/Suwon346 Chukri830//KantoPL5//Milyan	227	Goami3	J	2008	Suwon464/Daeon
98	Geumobyeo1	J	1995	g79/Aichi65	228	Danmi	J	2009	Sugary/Seomjin
99	Namcheonbyeo	T	1995	YR3299-34-2-2/Suwon318	229	Mogwoo	J	2009	Dasan//Suwon431/IR71190-45-2-1
100	Nokwonchalbyeo	J	2007	Nokmi Mutant	230	Baekokchal	J	2009	Dongjinchal/YR19700
101	Nongan	J	1993	SR5204-30-2/Pungsan	231	Boseokheukchal	J	2008	SR18638-B=B-B-18-2/H31
102	Dami	J	2006	Iksan438/Iksan426	232	Joami	J	2008	Yukara/Tonggae112//Sambaek
103	Dasan2	T	2009	Suwon450/SR21356	233	Jungmo1004	J	2007	Sugary/HwayeongAcp33 Milyang165//Seomjin//Iksan438/
104	Daejin	J	1996	Daeseong/Seomjin	234	Jungmo1005	J	2009	Sangju13
105	Deurimi2	J	2009	SNDH-39/Junam	235	Jungmo1006	J	2009	Samgwang/Nakdong Milyang165/YR16195-B-B-B-
106	Manpung	J	2000	Nakdong//Iri390/Milyang111	236	Jinsumi	J	2008	21-1/Milyang169
107	Boseokchal	J	2004	Hwayeong//Tamjin/2*Sinseonc hal	237	Cheongcheongjinmi	T	2009	IR401/Ilpum
108	Samkwang	J	2003	Suwon361/Milyang101	238	Cheongpungheukchal	J	2009	Sindongjin/Heukseonchal
109	Samdeok	J	2002	YR/12733-B-B-5-1/Milyang 101	239	Pyeongwon	J	2007	Jinbu19/Sanjiyeon4
110	Sanggal	J	2007	Ilpum Mutant	240	Handeul	J	2007	Sangju/Tomoemasari//Geuru
111	Sangok	J	2003	□Milyang101/YR8697 Acp 19	241	Haeoreumi	J	2008	Milyang165/Haepyong
112	Seonong12	J	2006	Nampung/EM40/Nampung*2	242	Hoban	J	2007	Hidomebore/Jinbu
113	Seonong6	J	2002	Hwacheong Mutant	243	Cheongnam	J	2009	Ginuhikari/Milyang189
114	Seonong8	J	2005	Hwacheong Mutant					
115	Seonong9	J	2006	Hwacheong Mutant					
116	Seoan1	J	2005	Namyang9/Kyehwa7					
117	Seoeun	J	2008	Hwacheong Mutant					
118	Seopyeong	J	2003	Hwayeong/HR11752 Namyang7/SR11340-30-4-1					
119	Seokjeong	J	2001	-3-2					
120	Seolgaeng	J	2001	Ilpum Mutant					
121	Sura	J	1998	S u w o n 3 4 5 / K a n t o P L 4//Suwon345					
122	Sinmyeongheukchal	J	2006	Heuknam/Milyang153					
123	Sinbaek	J	2010	Iksan469/HR23966-22-1-2					
124	Sintoheukmi	J	2008	Heuknam/Milyang153					
125	Areum	T	1999	YR3299-34-2-2/Suwon318					
126	Anda	T	1998	SR11532-4/SR14502F2 Junam/IR65482-7-216-1-2/					
127	Anmi	J	2010	/3*Junam					
128	Yangjobyeo	J	1994	HR7874-AC77/HR8140/AC59					
129	Yeonghaebyeo	J	1997	Milyang101/Chucheong					
130	Orae	J	2007	Ilpum Mutant					

²J: *Japonica* type, T: *Tongil* type

2. 주요 농업형질 조사

벼의 37개의 형태적 특성 조사를 위하여 각 품종 plot의 양 끝에 심겨진 3개체씩을 배제하고 안쪽에 심겨진 10주를 기준으로 하여 3 반복으로 농촌진흥청 조사기준 및 국립종자원에서 규정한 벼 표준조사방법에 따라 조사하였다(RDA 2003b). 크게 잎, 줄기, 출수기로 나누어 조사하였으며, 질적형질은 육안조사를 실시하였고, 양적형질은 1,000 mm 금속 자와 버니어 캘리퍼(Vernier Caliper)를 이용하여 측량조사를 실시하였다(Table 2). 또한, 벼의 외관 형질은 각각의 벼 품종을 실제 모습으로 비교할 수 있는 중요한 지표가 되므로 동일한 카메라를 사용하여 같은 거리, 같은 각도, 같은 광량을 사용하여 촬영하여 나중에 유사한 벼 품종과 비교할 때에 중요한

평가지표로 활용하고자 하였다. 촬영 대상 외관 형질은 품종 간에 구분이 가능한 모든 특징을 이 미지화 하는 것을 목표로 하였다.

Table 2. Agronomic traits used in the morphological analysis of rice varieties.

Characteristics	Expression index									Stage	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
1 st leaf	Green	Reddish purple	Light purple	Purple							-
Leaf: Intensity of green color			Pale green		Medium green		Dark green				Maximum tiller number stage
Leaf: Distribution of anthocyanin	Absent								Present		
Sheath: Distribution of anthocyanin	Absent									Present	Maximum tiller number stage, Heading stage
Auricle: Distribution of anthocyanin	Absent									Present	
Ligule: Shape	Flat	Sharp	Split								
Ligule: Color	Absent	Green	Reddish purple stripes	Light reddish purple	Reddish purple						
Leaf blade: Length			Short		Medium		Long				
Leaf blade: Width			Narrow		Medium		Broad				
Flag leaf: Heading stage	Erect		Semierect		Horizontal		Refles				Heading stage
Flag leaf: Yellow ripe stage	Erect		Semierect		Horizontal		Refles				Yellow ripe stage
Stem: Shape	Erect		Semierect		Medium		Open form		Crawling		Dough ripe stage, Maturity stage
Time of heading (50% heading of rice)	Very early		Early		Medium		Late				-
Stem: Thickness			Thin		Medium		Thick				Dough ripe stage, Maturity stage
Stem: Length	Very short		Short		Medium		Long		Very long		
Anthocyanin coloration of nodes	Absent									Present	Heading stage
Anthocyanin coloration of internodes	Absent									Present	
Panicle: Length			Short		Medium		Long				Dough ripe stage, Maturity stage
Panicle: Number/Plant			Few		Medium		Many				
Panicle: Distribution of awns	Absent									Present	Milk ripe stage ~ Maturity stage
Panicle: Color of awns	Yellow white	Yellow brown	Brown	Red brown	Dark red	Red	Dark purple	Purple	Black		
Spikelet (Color of tip of lemma)	White	Yellowish	Brown	Red	Purple	Black					Dough ripe stage, Maturity stage
Panicle: Color of longest awns	Yellow white	Yellow brown	Brown	Red brown	Dark red	Red	Dark purple	Purple	Black		Yellow ripe stage
Panicle: Distribution of secondary tiller	Absent									Present	Dough ripe stage, Maturity stage
Panicle: Exsertion	Non exserted		Partly exserted		Medium		Exserted		Well exserted		
Time of maturity	Very early		Early		Medium		Late		Very late		Maturity stage
Leaf: senescence			Early		Medium		Late				Maturity stage
Lemma: Color	White	Yellow brown	Brown	Red brown	Purple	Black					Milk ripe stage ~ Maturity stage

Lemma: Pattern	Absent	Yellow brown	Brown	Red dot	Purple sprite					After harvesting stage
Empty glume: Length			Short		Medium		Long			
Empty glume: Color	White	Yellowish	Red	Purple						
Grain: Weight of 1000 fully developed grain			Low		Medium		High			
Grain: Length			Short		Medium		Long			
Grain: Width			Narrow		Medium		Broad			
Decorticated grain: Length			Short		Medium		Long			
Decorticated grain: Width			Narrow		Medium		Broad			
Decorticated grain: Shape	Round	Semi-round	Half spindle-shaped	Spindle-shaped	Very spindle-shaped					
Decorticated grain: Color	White	Light brown	Variogated brown	Dark brown	Dark red	Red	Variogated purple	Purple	Dark purple	

3. 벼 핵심집단 이용 SSR 마커 선발

벼 243개 품종들 중에서 생태형 등 중요 특성에 따라서 1/10 정도의 핵심집단을 선발하고 이들을 이용하여 선택한 SSR를 가지고 다형성이 PIC=0.7 이상의 다형성이 높은 분석력이 뛰어난 SSR 마커들을 선발하여(Table 3) 243개 벼 품종의 DNA profiling에 사용하였다.

가. DNA 추출

Total DNA 추출은 CTAB(Cetyltrimethyl ammonium bromide)법을 이용하였다. 식물로부터 채취한 0.5 g의 잎은 액체질소를 이용하여 미세하게 분쇄하였고, DNA extraction buffer [100 mM Tris-HCl(pH 8.0), 50 mM EDTA, 500 mM NaCl] 400 μ l가 담긴 1.5 ml 원심분리용 튜브에 갈아진 조직을 넣고 상하로 20회 혼합하였다. 그 후, 2X CTAB buffer [2%(w/v)CTAB, 100 mM Tris-HCl(pH 8.0), 20 mM EDTA, 1.4 M NaCl, 1% pvp-40(polyvinylpyrrolidone)] 200 μ l를 첨가하여 같은 방법으로 혼합하고 10% SDS를 넣고 10회 정도 상하로 섞어 준 후, 65 $^{\circ}$ C 항온수조에 20분간 방치하였다. 5 M potassium acetate(pH 7.5) 200 μ l를 첨가하고 50회 정도로 상하로 섞어준 후, PCI [Phenol/Chloroform/Isoamylalcohol(25:24:1)]를 700 μ l 넣고 30회 정도 상하로 섞어 실온에서 12,000 rpm, 10분간 원심분리하여 단백질을 분리해냈다. 상층액 400 μ l 정도를 새 1.5 ml 튜브로 옮긴 후 동량의 Isopropanol을 첨가하여 -20 $^{\circ}$ C 냉동고에 20분간 보관하였다가 4 $^{\circ}$ C의 12,000 rpm에서 15분간 원심분리하여 DNA를 침전시켰다. 침전된 DNA를 70% ethanol 1 ml를 넣고 세척한 다음 실온에서 완전 건조시키고 RNase(1 mg/ml) 2 μ l가 첨가된 TE buffer [10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH 7.4] 50 μ l에 충분히 녹인 후 37 $^{\circ}$ C에서 1시간 방치하여 사용하였다.

나. PCR 분석

SSR 마커의 PCR 분석은 반응액으로 20 ng의 genomic DNA, 10X PCR buffer, 0.25 μ mol의 primer, 250 μ mol의 dNTP, 50 mM의 KCl, 10 mM Tris-HCl pH 8.3 0.01% gelatin, 1.5 mM MgCl₂와 2.5 unit의 Taq DNA polymerase를 혼합하였다. DNA 증폭은 Thermal Cycler

(Bio-Rad, T100)를 사용하여, Hot step을 94°C에서 5분간 실시하고, 94°C에서 40초간 denaturation, SSR 마커에 따라 52~60°C로 30초간 annealing, 72°C에서 30초간 extension의 과정을 35회 반복하고, 10분 동안 최종 extension을 수행하였다(Table 4).

Table 3. Information of SSR markers used for discrimination of Korean rice varieties.

No.	SSR marker	Linkage group	Repeat motif	Allele No.	PIC	Size range(bp)	Forward primer(5' -3')	Reverse primer(5' -3')	Annealing Temperature (°C)
1	RM493	1	(CTT)9	12	0.87	210-248	TAGCTCCAACAGGATCGACC	GTACGTAAACGCGGAAGGTG	57
2	HsSSR01-52	1	(TTA)	14	0.68	279-306	ACACCATACCAATACGAAGG	ACACCGTACTGTTTATTGGG	55
3	RM580	1	(CTT)19	11	0.82	206-234	GATGAACTCGAATTTGCATCC	CACTCCCATGTTTGGCTCC	52
4	RM48	2	(GA)17	25	0.82	202-216	TGTCCCACTGCTTTCAAGC	CGAGAATGAGGGACAAATAACC	55
5	RM157	3	(CT)11(TC)10	6	0.72	112-134	CCTCCTCTCACGAATCCC GCC	GGGCTTCTTCTCCGCCGGCTTC	55
6	RM307	4	(AT)14(GT)21	7	0.83	124-176	GTACTACCGACCTACCGTTTAC	CTGCTATGCATGAACTGCTC	55
7	RM241	4	(CT)31	12	0.68	126-196	GAGCCAAATAAGATCGCTGA	TGCAAGCAGCAGATTTAGTG	52
8	RM334	5	(CTT)20	7	0.83	146-197	GTTCAGTGTTCAAGTCCACC	GACTTTGATCTTTGGTGGACG	52
9	RM249	5	(AG)5NN(AG)14	13	0.78	125-144	GGCGTAAAGGTTTTGCATGT	GCTGACCTTCATGGCATCAT	55
10	RM204	6	(CT)44	14	0.87	150-185	GTGACTGACTTGGTCATAGGG	GGTACGAGAGCATGGCTAGC	55
11	RM253	6	(GA)25	4	0.48	121-125	TCCTTCAAGAGTGCAAAACC	GCATTGTCATGTCGAAGCC	55
12	RM276	6	(AT)8A3(GA)33	7	0.84	85-153	CTCAACGTTGACACCTCGTG	TCCTCCATCGAGCAGTATCA	55
13	RM1306	7	(AG)18	21	0.84	97-140	TGCCAATTACCTTCCCGTAC	TGCTCCGTATTGCTGCTATG	55
14	RM264	8	(GA)27	5	0.48	155-165	GTTGCGTCTACTGCTACTTCT	GCTAATCATCGACACGGATC	55
15	RM257	9	(CT)24	11	0.80	147-196	CAGTTCGAGCAAGAGTACTC	CATATGCCACGTCGGATCC	55
16	RM333	10	(TAT)19(CTT)19	8	0.83	164-215	GTACGACTACGAGTGTCAACAA	GTCTTCGGATCACTCGC	55
17	RM21	11	(GA)18	9	0.83	124-135	ACAGTATTCCTAGGCACGG	GCTCCATGAGGGTGGTAGAG	55
18	RM224	11	(AAG)8(AG)13	11	0.79	117-155	ATCGATCGATCTTACGAGG	CCCGAATGCCTTTTATAGCA	55
19	RM286	11	(GA)16	6	0.72	99-128	GGCTTCATCTTTGGCGAC	CCGGATTACGAGATAAACTC	50
20	RM117	12	(AG)7	3	0.70	203-307	CGATCCATTCTGCTGCTCGCG	CGCCCCATGCATGAGAAGACG	52

Table 4. Thermocycling conditions for the amplification reactions.

	Stock Sol.n	Vol.(μl)	Final Con.	Temperature(°C)	Time
Template		1	20ng	Pre-denaturation	94 5'
Fw primer	10 p/λ	0.5	0.25 p/λ	Denaturation	94 40"
Rv primer	10 p/λ	0.5	0.25 p/λ	Annealing	- 30"
dNTPs	2.5 mM	0.3	0.0375 mM	Elongation	72 30"
Buffer	10 X	2.5	1.25 X	Post-elongation	72 10'
Taq. Pol.	2.5 u/λ	0.3	0.0375 unit	Store	12 ∞
DW	Up to 20 μl	14.9		Cycle number	35

다. Polyacrylamide gel electrophoresis

5 μ l의 PCR 증폭산물을 1% agarose gel에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 후 6% polyacrylamide sequencing gel에서 전기영동을 실시하였으며, 전기영동 조건은 1600V, 50 mM, 75 W로 30분간 pre-run한 다음 3X STR용액과 PCR 산물을 섞어 3분간 denature한 용액을 5 μ l씩 loading하여 전기영동을 실시하였다. Gel의 염색은 Silver staining을 하였으며, 전기영동이 끝난 gel을 10% Acetic acid에 담가 30분간 Fix/Stop 용액에 gel plate를 약하게 흔들어 DNA를 고정시키고, 2분간 3회에 걸쳐 2차 증류수로 세척하였다. 세척이 끝난 gel은 2 L의 3차 증류수에 37% Formaldehyde 3 ml과 Silver nitrate(AgNO₃) 2 g을 혼합한 용액에 30분간 gel plate를 침지하고 3차 증류수에서 5초간 세척하였다. Developing은 1.5 L의 3차 증류수에 Sodium carbonate 45 g, 37% Formaldehyde 2.25 ml, Sodium thiosulfate(3 mg/ml) 300 μ l를 혼합한 용액을 미리 냉각시킨 후 사용하였다. 그 다음 Fix/Stop 용액에서 5분간 약하게 흔들어 주면서 고정시킨 다음, 3차 증류수로 2분간 세척 후 건조하였다.

라. Genotyping

SSR마커 중 일부 마커에 대한 PCR 증폭산물은 Fragment capillary gel electrophoresis system (Fragment analyzer, USA)을 이용하여 전기영동하였으며, 각 마커에 대한 fragment의 사이즈 및 scoring은 PROSize 2.0 software (Fragment analyzer, USA)를 이용하여 실시하였다. Bph18(t)에 대한 증폭은 EcoTM Real-Time PCR System (Illumina, San Diego, California, USA)을 이용하여 수행하였다.

마. 통계분석

통계프로그램 SAS version 9.2 (SAS Institute Inc.)과 Multibase program (<http://www.numericaldynamics.com>)을 이용하였으며 2014년도와 2015년도에 243개 품종으로부터 얻어진 데이터를 분산분석을 통해 유의성을 검정하였으며, 비 243개 품종들간의 형태적 특성에 기초한 품종군을 분류하고자 시각적으로 가장 두드러지는 형태적 특성인 출수기를 비롯하여 초장, 간장, 수장, 분얼수 및 잎몸의 너비와 길이 등 총 7개의 형질을 이용하여 주 성분 분석과 군집분석을 수행하였다.

바. 품종판별을 위한 SSR마커 선발

품종판별을 위해 20개의 마커 중 다양성이 높은 4개의 마커를 먼저 선발하였고, 판별되지 않은 품종들을 확인하여 효율적으로 판별할 수 있는 마커(RM1306, RM21, HsSSR01-52)를 추가로 선발하였다. 1단계에서 가장 다양성이 높은 RM333과 RM257로, 2단계에서 그 다음으로 다양성이 높은 RM157를 추가하여 판별하였고, 3단계에서 2단계의 마커와 RM580로, 4단계에서 3단계의 마커와 RM1306로, 5단계에서는 4단계의 마커와 RM21로, 6단계에서는 5단계의 마커와 HsSSR01-52로 판별하였다.

3) 연구개발 결과

1. 공시품종 및 형태적 특성 조사

가. 잎의 형태적 특성

벼 243 품종의 잎의 형태적 특성을 비교 분석하기 위하여 유묘기의 제1엽색, 잎의 녹색 정도, 안토시아닌 유무, 잎허의 모양과 색, 잎몸의 길이 및 너비 등을 조사하였다.

잎몸 길이에서 조생종은 월백이 23.44 cm로 가장 짧았고 중모1012가 47.88 cm로 가장 길었으며 평균은 30.96 cm를 나타내었다. 중생종은 큰섬이 21.76 cm로 가장 짧았고 소비가 59.10 cm로 가장 길었으며 평균은 39.74 cm로 나타났으며, 만생종은 흑향이 40.6 cm로 가장 짧았으며 백진주1호가 56.44 cm로 가장 길었고 평균은 46.98 cm를 나타내었다.

잎몸 너비는 조생종에서 운장벼가 0.86 cm로 가장 좁게 나타났고 흑가위찰이 1.74 cm로 가장 넓은 잎몸 너비를 가진 것으로 나타났고 평균은 1.27 cm로 관찰되었다. 중생종은 금남벼가 1.02 cm로 최소치를, 성조찰이 2.54 cm로 최대치를 나타냈고 평균은 1.38 cm로 나타났으며, 만생종은 신토흑미가 1.08 cm로 가장 좁게 나타났고 목우가 1.80 cm로 넓게 나타났으며 평균은 1.46 cm로 세 품종군 중에서 가장 넓게 관찰되었다.

Table 5. Variation of leaf lengths and widths in three groups of rice varieties in terms of flowering time.

Characteristic	Min	Max	Mean	SD	F	p-value
Leaf length(cm)					53.67 ^{***}	<0.001
Early *	23.44	47.88	30.96	±4.55		
Medium	21.76	59.10	39.74	±7.18		
Late	40.6	56.44	46.98	±6.08		
Leaf width(cm)					9.12 ^{***}	<0.001
Early	0.86	1.74	1.27	±0.17		
Medium	1.02	2.54	1.38	±0.20		
Late	1.08	1.8	1.46	±0.26		

* Early = Early flowering rice varieties; Medium = Medium flowering rice varieties; Late = Late flowering rice varieties.

공시한 243개 품종 중에서 제1엽색이 녹색을 띠는 품종은 235개 품종에서 관찰되었고, 자색을 띠는 품종은 총 9개 품종으로 조사되었다(Figure 1 & 2, Table 6).

잎과 잎허에서 안토시아닌색소의 유무를 조사한 결과 주로 흑미로 분류되는 조생흑찰, 보석흑찰, 신토흑미 등에서 나타났고 대부분의 벼 품종에서는 나타나지 않았다.

벼 품종의 최고분얼기에 잎의 녹색정도와 잎에 포함된 안토시아닌색소의 유무를 조사하였고, 잎의 녹색정도는 연녹색, 중간녹색, 진녹색으로 분류하여 관찰하였다. 조사결과 잎이 연녹색을 나타내는 품종은 전체 품종의 0.82%를 차지하였고, 중간녹색은 182개 품종으로 75.31%, 진녹색은 59개 품종으로 23.87%의 비율로서 대부분의 품종인 75.31%의 품종이 중간녹색을 나타냈다 (Table 7).



Figure 1. Morphological appearance of anthocyanin-pigmented leaf blade in two weeks-old seedlings.

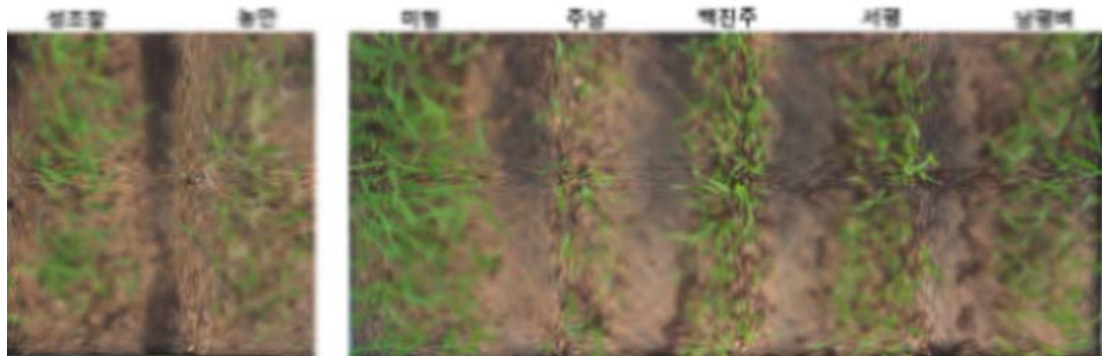


Figure 2. Morphological appearance and growth characteristics in two weeks-old seedlings.

Table 6. The investigation of existence of rice varieties showing anthocyanin pigmentation in 1st leaf, leaf blade and ligule.

Distribution of anthocyanin	NO. OF VARIETY		
	1 st leaf	Leaf blade	Ligule
Absent	235	239	237
Present	8	4	6

공시한 243개 품종 중에서 뾰족한 형태의 잎혀를 가진 품종은 총 8개 품종으로 나타났고, 대부분의 235개 품종은 갈라진 잎혀의 모양으로 나타났다(Table 7).

Table 7. Number of rice varieties with different green color intensity of leaf blades and with ligule shapes.

Pale green	2	Split	235
Medium green	182	Sharp	8
Dark green	59		

나. 줄기의 형태적 특성

공시한 243개 품종 중에서 조생종은 설백이 62.42 cm로 가장 작았고, 자광찰이 105.42 cm로 가장 컸으며 평균 76.86 cm로 나타났고, 중생종은 주안1호가 60.71 cm로 가장 작았고 서농8호가 84.60 cm로 가장 컸으며, 평균 78.20 cm로 3가지 품종군 중에서 가장 크게 나타났다. 만생종은 흑향이 61.16 cm로 가장 작았고 목우가 84.60 cm로 가장 컸으나 평균은 74.32 cm로 가장 작게 나타나서 생태형별로 차이를 보이지 않았다(Table 8).

벼의 분얼수는 조생종에서 대찬과 황금보라가 6.8개로 가장 적었고 보석이 16.0개로 가장 많았으며 평균 10.9개로 나타났다. 중생종은 목양이 5.6개로 243개 품종 중 최소치로 나타났고 보석찰이 18.8개로 243개 품종 중 최대치를 나타냈으며 평균 11.0개로 품종군 중 가장 높게 나타났다. 만생종은 목우가 7.4개로 가장 적었고 서농16이 10.4개로 가장 많았으며 평균은 8.9개로 나타나서 생태형별로 차이를 보여 만생종이 가장 적었다.

Table 8. Variation of culm lengths and panicles per plants in three rice varieties groups in terms of flowering time.

Characteristics	Min	Max	Mean	SD	F	p-value
Culm length(cm)					1.62 ^{ns}	0.20
Early*	62.42	105.42	76.86	±6.62		
Medium	60.72	104.60	78.20	±8.07		
Late	61.16	84.60	74.32	±7.93		
Panicles per plant (no.)					3.84*	0.02
Early	6.8	16.0	10.9	±1.97		
Medium	5.6	18.8	11.0	±2.28		
Late	7.4	10.4	8.9	±1.15		

* Early = Early flowering rice varieties; Medium = Medium flowering rice varieties; Late = Late flowering rice varieties.

지엽의 경우 출수기와 황숙기로 나누어 조사를 하였으며, 이삭을 기준으로 지엽의 각도가 0-20°는 직립형, 35-50°는 반직립형, 50° 이상의 각도를 보이는 것은 수평형으로 나누어 구분하였다(Figure 3).

그 결과 출수기에는 222개 품종이 직립형으로 나타났고, 품미 1호, 두루진미, 운장벼, 오대1호 벼 등 36개 품종이 반직립형으로 나타났으며, 수평형을 나타내는 품종은 없었다. 황숙기에는 190개 품종이 직립형, 45개 품종이 반직립형으로 나타났고, 오대1호, 큰눈자미, 청백찰, 홍광, 운두, 대립벼1호, 흑진주, 호반 총 8개 품종이 수평형을 나타내었다. 일부 벼 품종을 제외하고는 출수기와 황숙기에 동일한 형태를 띠었으며 대체로 직립형이 많았고, 수평은 극히 일부에 불과하였다. 가장 대표적인 수평형 품종은 큰눈자미이며, 반직립형 품종은 삼천벼로 나타났다(Table 9).

벼의 호숙기 및 성숙기에 줄기 모양을 비교한 결과, 205개 품종이 직립형을 나타냈고, 설백, 남일, 만호, 조아미를 포함한 총 8개 품종이 보통 개형, 29개 품종이 반직립형으로 대부분의 벼

품종이 직립의 형태를 보였다. 줄기의 굵기는 24개 품종이 가는 굵기, 164개 품종이 보통 굵기, 55품종이 굵은 줄기로 대부분이 보통의 줄기 굵기를 나타내었다(Table 10).

Table 9. Number of flag leaf angle at heading stage and yellow ripe stage in 243 rice varieties.

Flag leaf attitude	No. of variety	
	Heading stage	Yellow ripe stage
Erect	222	190
Semierect	21	45
Medium	0	8

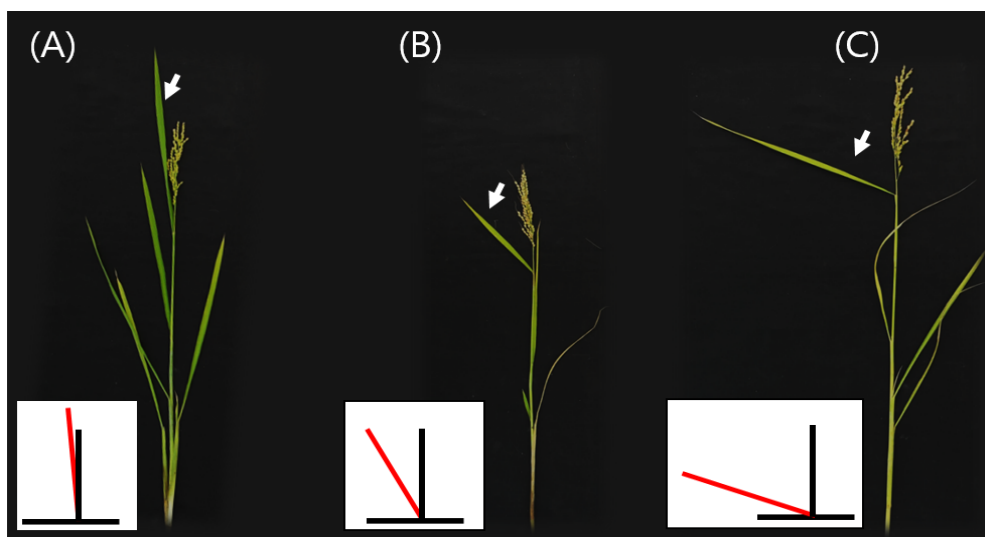


Figure 3. Morphological appearance of selected rice varieties exhibiting different flag leaf angle. (A) Erect(0° - 20°); Donganbyeo, (B) Semierect(35° - 50°); Samcheonbyeo, (C) Horizontal ($>50^{\circ}$); Keunnunjami.

Table 10. Number of culm thickness and attitude in 243 rice varieties.

Thickness	No. of variety	Attitude	No. of variety
Thin	24	Erect	205
Medium	164	Semierect	29
Thick	55	Medium	8

다. 이삭의 형태적 특성

벼의 이삭은 1차 지경으로 구성되거나 2차 지경이 함께 구성되어지는 경우로 분류할 수 있다. 공시한 243개 품종의 2차 지경 유무를 조사한 결과, 2차 지경이 없는 품종은 55개 품종, 2차 지경이 존재하는 품종은 188개 품종으로 대부분의 품종에서 2차 지경을 관찰할 수 있었으

며, 대체로 1차 지경수는 7~14개, 2차 지경수는 12개에서 많게는 40개 정도로 조사되었다 (Figure 4).

까락이 존재하는 품종은 화동벼를 포함하여 24개 품종으로 조사되었고, 까락이 없는 품종은 광안벼를 포함하여 219개 품종으로 나타났다. 까락이 있는 24개 품종 중 18개 품종은 황백색의 까락을, 6개 품종은 흑색의 까락을 가지고 있었으며, 출수기와 황숙기의 까락색은 동일하게 유지됨을 관찰할 수 있었다.



Figure 4. Morphological appearance of panicles and branching characteristic types.

라. 종실의 형태적 특성

수확 후에는 달관조사를 통하여 벼 품종의 정조 및 현미의 외형을 조사하였다. 243개 품종 중 대부분의 품종이 정조 및 현미가 황백색을 나타냈으며, 건장홍미와 가락벼와 같이 현미가 적색을 나타내거나 흑남, 대립자미, 흑향, 보석흑찰과 같이 현미가 흑색을 나타내는 품종도 관찰되었으며 찰벼의 경우 현미가 특유의 불투명한 형태를 나타내는 것이 관찰되었다(Figure 5).

정조의 장폭비는 버니어캘리퍼를 이용하여 측정하였으며 천립중은 미세저울을 이용하여 측량을 실시하였다. 장폭비가 1.1 이하는 원형, 2.3 이하는 단원형, 3.0 이하는 중원형, 3.0 이상은 세장형으로 구분하여 조사를 실시하였다. 조사한 243개 품종 중에서 대부분인 226 품종이 단원형을 나타내었고 17 품종이 중원형으로 관찰되었다. 천립중은 24 g 이하는 소립, 28 g 이하는 중립, 28 g 이상은 대립으로 분류하여 조사하였는데, 그 결과 154 품종이 중립으로 관찰되었고, 57 품종이 소립, 32 품종이 대립으로 조사되었다(Figure 6).



Figure 5. Decorticated rice characteristic types in selected varieties.

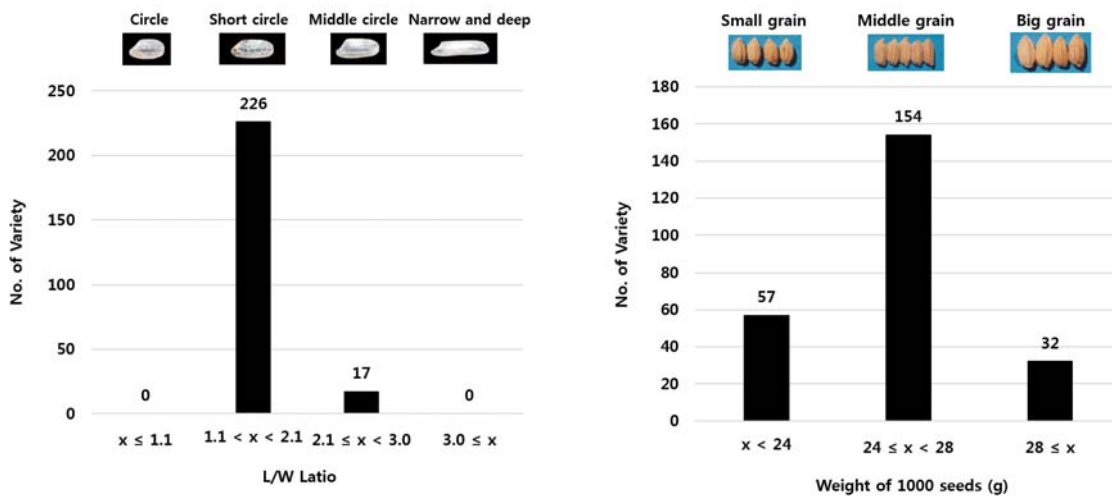


Figure 6. Length to width ratio of grain size and weight of 1000 seeds in grams.

마. 출수기에 따른 분류

출수기는 조사 개체의 50%가 출수하였을 때를 기준으로 하여 조사하였으며, 이양 후 일수에 따라 구분하였다. 이양 후 70일 이전에 출수한 품종은 조생종, 70일에서 90일 사이에 출수한 품종은 중생종, 90일 이후에 출수한 품종은 만생종으로 분류하였다(Figure 7).

이양 후 70일에 사진 촬영을 한 결과, 중생종인 삼광벼와 만생종인 수려진미는 아직 개화되지 않았음에도 불구하고, 두루진미, 그루벼, 청백찰, 윤장벼 등 조생종 품종은 이미 개화를 마치고 종자가 익어가고 있는 것을 관찰할 수 있었다(Figure 8, 9).

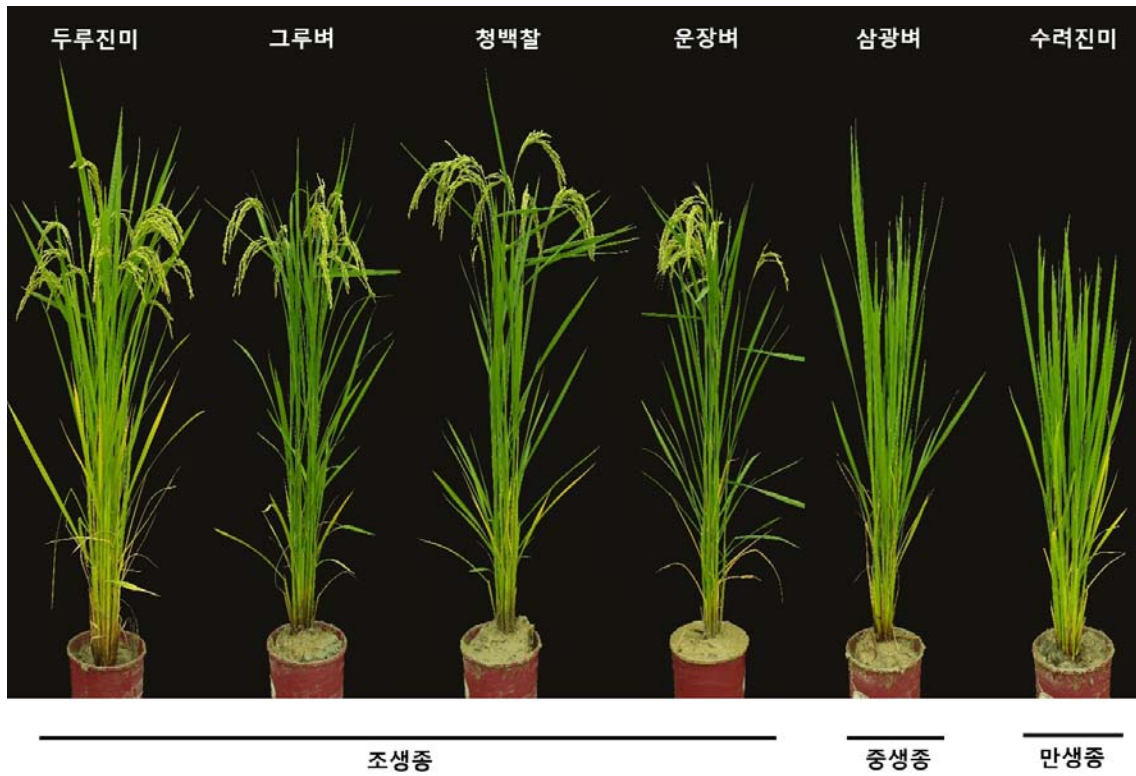


Figure 7. Phenotype of early, intermediate and late flowering rice varieties at 70 days after transplanting.

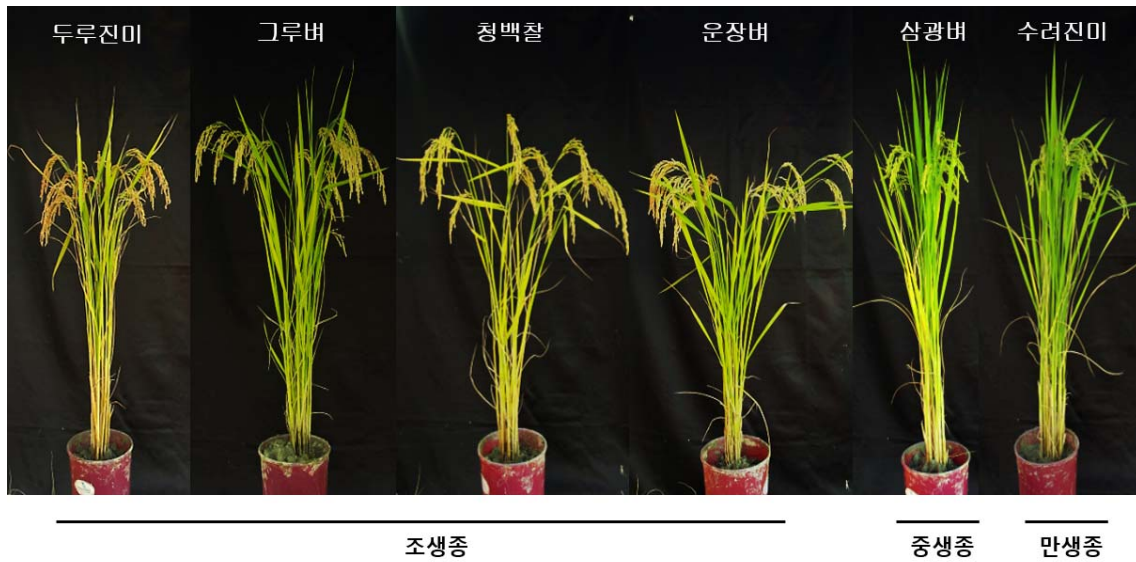


Figure 8. Phenotype of early, intermediate and late flowering rice varieties at 104 days after transplanting.

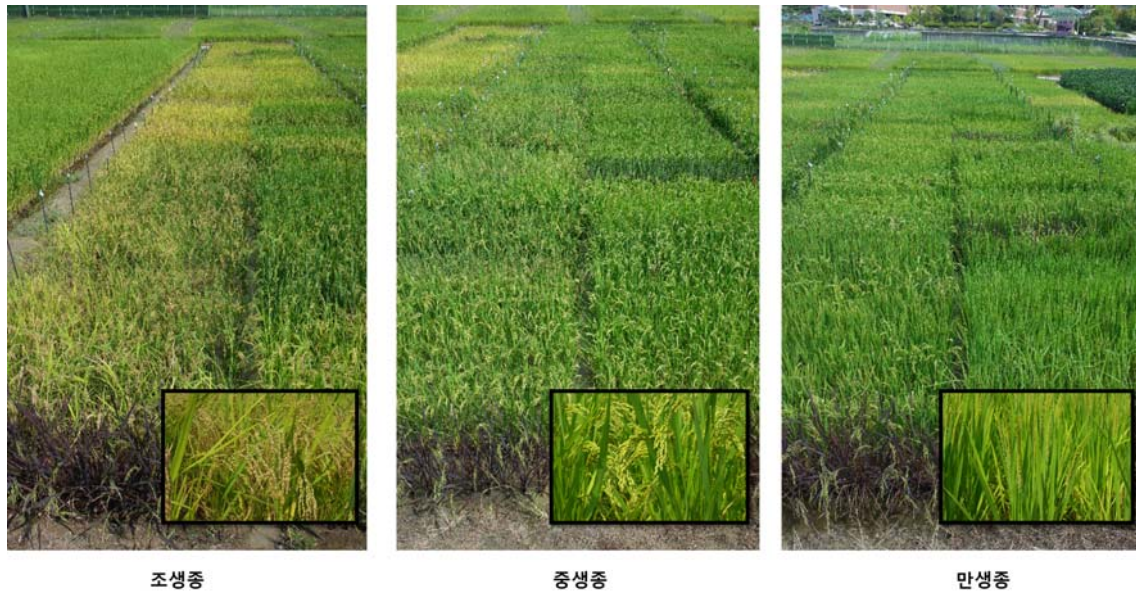


Figure 9. Early- and intermediate, late flowering phenotype of rice varieties in the field.

바. 다변량 분석에 의한 품종 분류

벼 243개 품종을 대상으로 출수기 및 초장, 간장, 수장, 분얼수, 잎몸너비, 잎몸길이 등 총 7가지 형질을 이용하여 통계프로그램 SAS 9.2의 PRINCOMP procedure로 주성분분석을 수행하였다.

분석결과 고유치와 기여도에서 각각 제1주성분은 고유치가 2.2로 나타났으며 전체 분산 중 31.7%를 설명할 수 있었고, 제2주성분은 1.73에 24.8%, 제3주성분은 1.24에 17.6%, 제4주성분은 0.78에 11.1%, 제5주성분은 0.58에 8.2%, 제6주성분은 0.34에 4.8%, 제7성분은 0.12에 1.7%로 각각 설명할 수 있었다. 본 연구에서는 고유값 1이상을 기준으로 3개의 주성분을 사용하여 전체 자료 변동의 74%를 설명할 수 있었는데, 이는 3개의 주성분을 통해 7개 형질에서 측정된 전체 분산의 74%를 설명할 수 있어 벼 243개 품종의 출수기 및 주요 수량구성요소에 따른 분류가 가능하다는 것을 알 수 있었다(Table 11).

Table 11. Eigenvalues and cumulative proportion of the first 7 principal components in 243 rice varieties.

Principal component	Eigen value	Difference	Proportion	Cumulative
1	2.22194685	0.48697278	0.3174	0.3174
2	1.73497407	0.499865537	0.2479	0.5653
3	1.2351087	0.45826783	0.1764	0.7417
4	0.77684087	0.2008556	0.111	0.8527
5	0.57598527	0.23700687	0.0823	0.935
6	0.3389784	0.22281256	0.0484	0.9834
7	0.11616584		0.0166	1

벼 243개 품종의 7개 형질을 이용하여 주성분분석을 수행한 후 그래프상의 품종들의 배열로 분류관계를 파악하고자 하였으며, 전체 변이의 74%를 설명할 수 있는 제3주성분까지의 주성분 점수를 이용하여 군집분석을 실시하였다(Figure 10).

군집분석을 수행한 결과, 0.9에서 4개 군으로 분류되었다(Table 10).

제I군은 벼 82개 품종이 속하였는데, 그 중 조생종 품종이 60개, 중생종 품종이 22개로 나타났다. 전체적으로 잎몸의 길이 및 너비가 다른 군에 비해 길고 짧지만 많은 분얼수를 가지는 것으로 나타났고, 특이적으로 조생종인 홍광의 출수기가 이앙 후 40일로 월등히 빠른 것으로 나타났다.

제II군은 중생종 품종 114개, 만생종 품종 2개 등 총 116개의 품종이 속하였는데, 다른 군에 비해 잎몸의 길이 및 너비가 긴 특성을 보였다.

제III군은 중생종 24개 품종, 만생종 7개 품종이 속하였으며, III군의 31개 품종은 다른 품종들에 비해 초장과 간장의 길이가 긴 특성을 보이고 있었다.

제IV군은 조생종 품종 6개, 중생종 품종 8개 총 14개 품종이 속하였다. 분얼수는 많지 않으나 초장과 간장의 길이가 월등히 길었으며, 중생종인 성조찰의 잎몸 너비가 2.54 cm로 가장 넓게 나타났다.

본 연구에서는 국내 243개 벼 품종에 대하여 형태적 변이의 범위를 이해하고, 이들의 효율적 관리와 유용한 신품종의 발굴을 위한 기초연구로서 형태적 특성조사 결과를 바탕으로 주성분 분석 및 군집 분석을 수행하였다. 출수기를 포함한 초장, 간장, 수장, 분얼수, 잎몸너비, 잎몸길이 등 총 7가지 특성을 이용하여 군집분석을 실시한 결과, 총 4개의 품종군으로 분류되었다(Figure 11, Table 12).

제 I 군과 제 II 군은 출수기가 중요한 표현형으로 나타났으며 제 III 군과 제 IV 군은 특이적으로 우월한 표현형 위주의 분류군으로 나타났다. 주성분분석과 군집분석 결과 크게 4개 군집, 조생종, 중생종 및 만생종, 그리고, 혼합된 군집 경향으로 분류되어 동일한 결과를 보였다. 품종간의 뚜렷한 군집 현상이 관찰되지 않았고, 한 개의 군집내에 숙기에 따른 많은 품종들이 속해 있는 결과는 서로 간에 유사한 표현형을 가지고 있는 유전적 유사도가 높은 교배친이 교배모본으로 이용된 데서 기인한 것이라 생각된다.

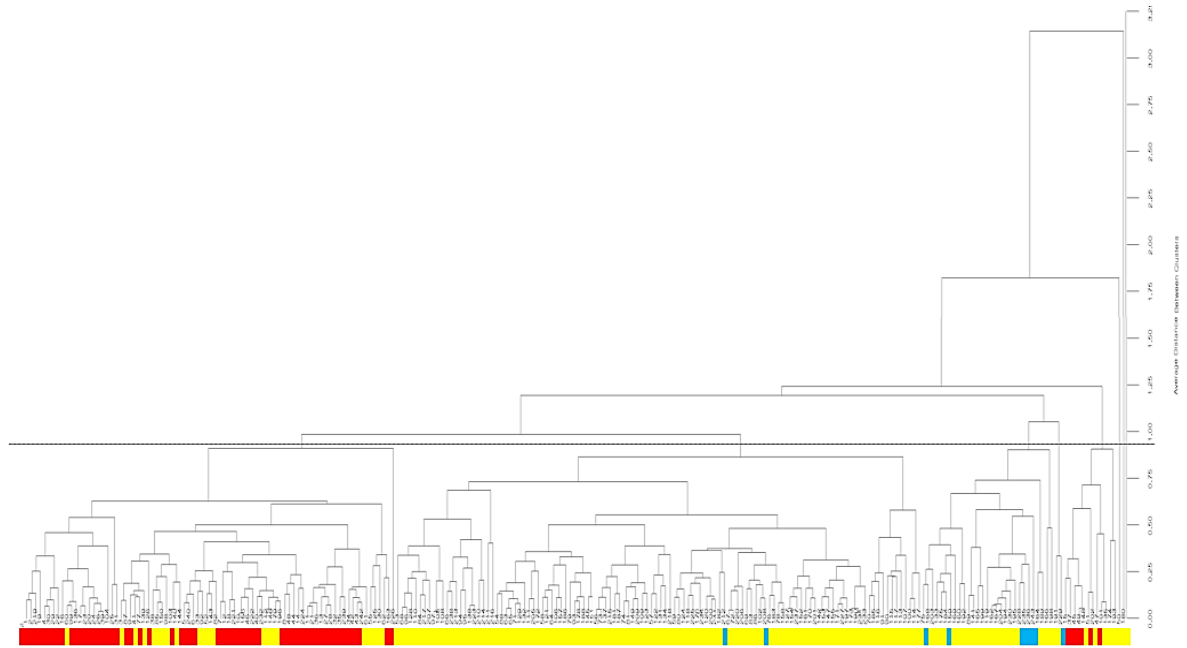


Figure 10. Cluster dendrogram generated by flowering time and phenotypic characters for the 243 rice accessions. *Red: early flowering variety, Yellow: medium flowering variety, Blue: late flowering variety.

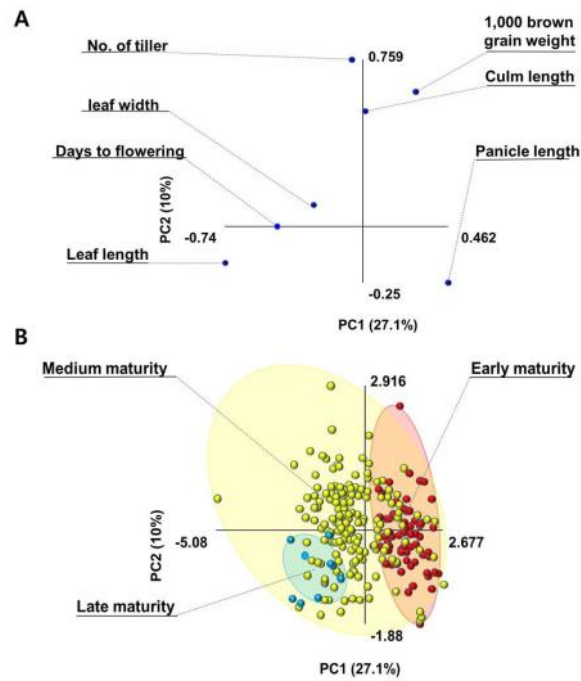


Figure 11. Principal component analysis (PCA) on the seven morphological traits of the 243 Korean rice varieties. PC1 and PC2 refer to the first and second principal components, respectively.

Table 12. Varietal composition of each group classified by the cluster analysis using the first four principal component scores.

Group	No.	Maturity	Variety name
I	82	Early ⁺ (60)	Geumyeong, Durujinmi, Boseok, Dunnae, Sandeuljinmi, Inwol, Wolbaek, Sambaek, Heukseonchal, Naepungbyeol, Joryeongbyeol, Geurubyeol, Sangsanbyeol, Manna, Sangjuchalbyeol, Sinunbong1, Munjang, Daejin, Seolbaek, Joun, Manho, Josaengheukchal, Saesangju, Jungmo1001, Manan, Jungmo1012, Samcheonbyeol, Handeul, Unjangbyeol, Junghwabyeol, Wonpyeong, Jinbong, Geumseong, Unmi, Joan, Hwadongbyeol, Jopyeong, Jungmo1008, Sangmi, Joami, Jeokjinju, Jungmo1010, Wonpum, Taeseong, Honong, Jungmo1011, Manchu, Goun, Taebong, Ansanbyeol, Wonhae, Jungmo1007, Hyangmibyeol2, Pyeongwon, Cheongbaekchal, Odael, Undu, Hoban, Heukgawichal, Honggwang
		Medium (22)	Namcheonbyeol, Hyangmibyeol1, Segyejinmi, Anda, Keunseom, Hanareum2, Geumbyeol1, Dasan2ho, Cheongdam, Gangbaek, Daeanbyeol, Jungsan, Cheonga, Seonong12, Pungmi, Seolhyangchal, Manwol, Dasan, Juanbyeol, Areum, Orae, Dasan1
II	116	Medium (114)	Seomyeong, Donghaejinmi, Gopum, Yangjobyel, Sanggol, Chinnong, Daeyabyeol, Mipung, Geumnabyeol, Deurimi2, Samgwang, Dongjin2, Cheongpungheukchal, Saenuri, Goami2, Goami4, Juan1, Jinbaek, Anmi, Jungmo1006, Jinsumi, Cheongnam, Seojin, Hoan, Daesanbyeol, Dongan, Mihyeong, Yeonghaebyeol, Wongwang, Sangok, Heukgwang, Dongwon, Hwamyongbyeol, Sura, Dongbo, Manpung, Hwabong, Jungan, Wongcheong, Gangchan, Seonong15, Jinsang, Cheongho, Haepyeong, Hojin, Boramchan, Jongnam, Haiami, Suan, Jinbo, Saegyehwa, Jungmo1013, Hanmaeum, Suryeojinmi, Samdeok, Sinbaek, Hwarang, Sinmyeongheukchal, Onnuri, Wonhwang, Deuraechan, Nampyeongbyeol, Junam, Onojjinoiji, Seopyeong, Hwanggeumnodeul, Sampyeong, Jungmo1005, Seolgaeng, Yeongan, Haeoreumi, Sindongjin, Dongjinchal, Baekjinju, Seogan, Nongho, Malgeumi, Cheonghaejinmi, Pyeongan, Dami, Seonong10, Aranghyangchalbyeol, Sujin, Hwasambyeol, Anmi, Hongjinju, Cheongcheongjinmi, Haepyeongchal, Hwaan, Daeripbyeol, Jinpum, Jungmo1009, Hyangnambyeol, Pungmi1, Hwanambyeol, Daepyeong, Goami3, Manjong, Manmi, Gwangan, Boseokheukchal, Jungmo1004, Migawng, Wonchu, Seoan1, Gancheokbyeol, Heuknam, Seonong9, Seoeun, Seonong6, Boseokchal, Nokwonchal, Seonong8, Saechucheong BIL-3
		Late (2)	Jungmo1015, Syupeojami
		Medium (24)	Neomgeongbyeol, Keunnunjami, Wonmi, Milkikwin, Hwaseonchalbyeol, Nokyang, Hwasinbyeol, Noreunjachal, Hwasin1, Jungmo1013, Goami, Sobi, Seokjeong, Hwajungbyeol, Geumbyeol2, Hopyeong, Daeripjami, Baekokchal, Dongjin1, Geonganghongmi, Garak, Geuman, Seonong14, Geumtap
III	31	Late (7)	Seonong16, Sintoheukmi, Heukhyang, Yeonghojinmi, Baekjinju1, Dacheong, Moku
		Early (6)	Hwanggeumbora, Namil, Jeokjinjuchal, Heukjinjubyeol, Hwanggeumchal, Daechan
IV	14	Medium (8)	Hangangchall, Keunnunjami, Nongan, Yunnongchamssal, Mokyang, Nunbora, Jagwangchal, Seongiochal

*Early = Early flowering rice varieties; Medium = Medium flowering rice varieties; Late = Late flowering rice varieties

사. 농업형질조사

243 품종의 농업형질조사를 위하여 초장, 간장, 수장 및 분얼수와 천립중을 각 품종당 5반복으로 조사한 결과, 품종에 따른 차이가 큰 것으로 나타났다(Table 13).

Table 13. Agronomic traits of 243 rice varieties.

Variety name	DAT ^z	Plant height(cm)	Culm length(cm)	Panicle length(cm)	Panicles per plan	1000-grain weigh(grain)
Geumyeong	61	93.9±3.27	75.26±1.44	20.76±1.06	14±1.58	24.13±0.66
Durujinmi	55	101.0±1.22	73.3±1.82	20±1.11	14±0.85	27.2±0.25
Manho	61	104.1±1.77	82.46±4.52	20.76±0.66	10.2±1.64	24.33±0.5
Sandeuljinmi	61	91.48±1.91	71.9±2.46	19.22±0.7	13±1.3	24.67±0.52

Samcheonbyeo	61	96.96±2.38	75.66±2.65	21.48±0.76	11.8±1.3	26.47±0.25
Unjangbyeo	55	96.28±2.74	75.96±2.26	21.8±1.63	10.4±1.67	25.53±0.9
Wonpyeong	61	99.78±4.29	79.14±1.45	22.82±0.79	12.6±1.34	24.53±0.09
Jeokjinju	61	102.08±3.83	82.52±3.34	23.3±1.46	10.4±1.34	26.93±0.25
Josaengheukchal	61	102.88±3.65	74.42±1.37	22.54±1.36	11.2±2.77	24.27±0.5
Joan	55	102.9±3.9	74.54±1.81	21±1.62	10.6±1.95	25.13±0.09
Jungmo1011	61	95.98±2.31	75.1±3.47	22.84±1.14	10.8±0.84	27.8±0.59
Jinbong	61	98.82±1.56	80.1±3.22	21.56±0.71	11.6±2.07	25.2±0.43
Taebong	55	100.44±4.07	68.3±2.59	22±2.57	11±1.58	25.73±1.33
Taeseong	61	105.82±4.63	82.6±7.61	20.98±1.64	11.4±1.52	26.47±0.5
Hwanggeumbora	61	106.44±1.93	81.76±5.54	22.38±1.06	6.8±1.92	28.2±0.28
Heukseonchal	61	90.76±3.24	67.86±1.46	21.38±1.2	11.6±2.51	26±0.16
Geurubyeo	61	93.28±2.14	72.92±1.5	21.94±0.93	10.6±0.89	25.13±0.5
Geumseong	61	103.84±1.57	82.9±3.52	20.32±0.92	11.2±1.92	25.73±0.52
Dunnaebyeo	55	92.96±7.1	74.4±4.39	19.72±0.65	12.2±0.84	26.07±0.25
Manna	61	94.4±4.1	73.08±2.93	19.46±0.68	10±1.22	23.67±0.66
Manchu	61	96±3.08	78.28±3.77	21.78±2.77	11.2±1.3	23.47±0.41
Sanbaekbyeo	61	89.4±3.73	68.08±4.2	20.64±1.38	13.4±1.14	20.67±0.09
Sangsanbyeo	61	89.8±1.96	75.72±3.61	20.7±1.01	12.2±1.64	22.6±1.4
Sangjuchalbyeo	61	93.9±1.75	72.98±1.63	19.68±0.73	11.4±2.3	25.33±0.25
Seolbaek	55	87.76±6.07	62.42±3.26	21.68±0.77	10.2±0.84	21.53±0.41
Sinunbong1	55	91.14±0.96	74.52±4.3	19.38±0.64	10.2±1.1	24.4±0.43
Ansanbyeo	61	95.44±2.73	73.4±3.81	22.74±0.81	10.8±0.84	23±0.28
Wonhae	61	100.8±3.63	72.36±3.88	21.42±1.78	9.4±1.67	25.53±0.41
Wolbaek	61	87.4±2.82	73.1±4.64	18.98±1.16	12±2.74	24.67±0.81
Inwol	61	89±1.92	71.68±3.12	20.88±1.17	14±1	26.13±0.19
Joun	55	86.96±1.64	68.68±2.31	22.14±0.22	10.4±1.14	25.4±0.28
Jungmo1007	61	94.28±4.79	74.82±5.02	22.08±0.63	12.2±2.68	21.33±0.52
Junghwabyeo	61	98.6±2.03	74.2±0.72	20.14±0.88	10.4±1.14	25.73±0.38
Cheongbaekchal	55	97.78±3.87	79.4±1.79	22.4±0.7	8±0.71	24.93±0.25
Hyangmibyeo2	61	100.34±1.93	73.36±2.64	25±2.3	11.8±2.07	26.47±0.77
Goun	55	98.04±4.38	76.48±3	21.58±0.67	10.2±1.3	27.4±0.16
Namil	61	106.74±4.65	81.54±0.9	25.18±2.19	8±1.22	27.93±1.05
Manan	61	100.54±6.15	81.96±4.36	17.72±0.29	7.8±0.84	25.6±0.65
Munjang	61	91.22±1.82	73.82±2.59	20.14±0.58	11.4±1.52	24.93±0.5
Sangmi	61	104.18±2.25	77.72±3.33	20.2±0.79	11.6±2.19	21.93±0.41
Saesangju	61	103.44±4.48	79.26±5.93	20.34±1.26	9±1.22	24.53±0.47
Odae1	55	100.9±1.85	75.46±2.58	22.6±0.81	7.6±1.82	25.33±0.77
Undu	55	99.36±1.11	73.58±3.64	23.8±3.55	7.4±1.14	28.07±0.66
Wonpum	61	108.26±2.78	83.12±4.51	22.64±1.65	11±2.12	24.27±0.38
Jeokjinjuchal	61	113.84±0.9	88.66±4.36	23.84±1.61	8.2±1.92	21.07±0.94
Jopyeong	61	99.38±1.5	80.54±2.41	21.36±0.96	10.6±2.7	26.13±0.25
Daechan	61	105.26±3.27	73.66±3.84	23.58±2.67	6.8±0.84	29.08±0.38
Jungmo1010	61	107.12±2.58	79.62±2.95	21.82±2.77	11.4±1.52	25.77±0.5
Heukjinjubyeo	55	110.14±1.75	83.34±5.64	25.8±0.91	9±1.41	22.37±0.42
Jakwangchal	55	135.8±10.16	105.42±3.57	24.28±4.51	14.8±1.64	26.81±0.43
Hwanggeumchal	55	114.14±2.08	97.04±1.5	19.3±1.08	7.4±1.14	25.01±0.5
Daeanbyeo	79	102.18±2.43	76.22±1.45	21.7±1.1	12.6±1.14	28.67±0.25
Seomyeong	79	92.5±2.97	62.52±6.22	19.38±1.29	12±0.71	26.8±0.43
Seojin	79	106.96±3.34	77.1±3.01	18.64±0.53	10.8±1.79	29.4±0.71
Juanbyeo	71	97.86±1.66	66.42±2.89	23.2±1.34	9.4±0.89	25.2±0.75
Hojin	88	91.22±44.8	75±1.84	20.16±1.58	11.2±1.64	26.93±0.25
Hwarang	88	99.24±3.35	72.04±3.44	20.12±0.55	8.2±1.64	25.27±0.94
Hwamyongbyeo	79	103.42±2.63	76.42±3.72	19.98±0.49	10.2±2.39	25.33±0.34
Nampyeongbyeo	88	104.6±4.41	76.76±1.05	19.48±1.1	9.4±1.67	26.53±0.66
Naepungbyeo	61	90.12±2.52	70.6±3.32	18.66±0.47	10.2±2.05	23.93±0.34
Dasan	79	98.5±5.43	71.42±2.46	25.56±2.63	11.4±4.28	30.4±0.57
Dasan1	71	97.08±1.68	67.1±1.75	23.7±2.28	11±3.81	27.4±0.28
Daesanbyeo	88	107.48±3.97	74.74±4.04	18.8±2.25	11.4±1.67	24.47±0.25
Dongbo	79	104.7±5.83	75.8±3.83	19.56±0.71	12.2±1.92	27.4±0.16
Dongan	88	106.16±4.35	74.5±3.67	20.14±1.95	13±3.54	27.53±0.34
Dongjin2	88	95.52±3.94	66.8±3.21	19.36±2.36	12.2±2.05	26.87±0.25
Dongjinchal	88	108.2±4.92	70.2±2.51	19.04±1.73	12±1.41	25.07±0.25
Donghaejinmi	88	96.78±4.8	68.6±3.15	18.32±0.46	12.4±3.13	27.33±0.62

Malgeumi	88	108±4.18	77.1±5.16	18.52±1.32	9.4±3.36	25.73±1.05
Migwang	79	103.64±3.46	77.4±2.16	19.92±1.57	15.4±1.92	23.13±0.34
Mihyeong	88	104.08±2.73	75.22±1.82	19.28±1.04	10.8±1.64	23.33±0.34
Baekjinju	88	104.28±3.08	70.66±3.02	20±1.11	11±0.71	23.2±0.28
Boramchan	88	96.4±2.55	73.1±1.62	19.88±0.45	11±1.3	26.33±0.9
Saegyehwa	79	99.14±2.55	76.04±2.35	19.94±0.78	11±2.35	23.53±0.41
Seonong10	88	114.82±2.21	85.6±1.33	21.4±1.11	12.2±1.92	18.47±0.34
Seonong16	97	104.88±3.47	81.02±1.69	18.88±0.95	10.4±1.52	17.07±0.25
Segyejinmi	79	105.38±4.08	74.42±2.68	22±1.59	9±0.71	28.47±0.38
Sujin	88	110.88±3.69	79.1±1.95	19.94±1.16	11.2±0.84	23.93±0.52
Woncheong	88	102.2±2.17	67.42±2.38	20.9±1.02	15±1.79	23.8±0.28
Junam	88	104.24±4.13	71.3±2.33	21.52±0.99	11.6±2.19	25.13±0.25
Jungmo1013	88	99.1±2.43	71.24±3.67	21.88±3.28	11.8±1.92	22.07±0.09
Cheonga	71	106.78±2.17	79.26±6.06	19.02±1	11.6±1.67	27.2±0.43
Cheonghaejinmi	88	109.46±2.13	79±4.6	19.36±1.06	10±1.22	26.27±1.09
Chinnong	88	95.6±3.85	71.06±5.47	17.86±1.71	12.8±2.05	23.33±0.34
Keunseom	88	100.8±3.81	74±2.24	22.12±1.11	11±1.58	26.93±0.19
Pyeongan	88	108.36±4.02	81.32±3.19	16.96±2.03	11.8±1.79	29.33±0.19
Hyangmibyeol	71	108.14±3.21	78±3.41	22±2.32	12±3	25.33±0.09
Hoan	88	105.06±1.35	77.9±2.19	18.34±3.39	11.8±1.3	23.2±0.16
Hwasin1	88	114.24±4.29	84.98±5.37	18.18±1.62	13.4±2.51	27.07±0.09
Heuknam	88	107.76±5.44	72±2.45	18.3±1.8	15±1.87	26.87±0.19
Gancheokbyeol	71	101.24±2.49	74.3±1.6	19.92±1.09	16.4±1.52	25.3±0.16
Gangbaek	71	100.6±0.96	68.54±2.49	22.2±1.89	16±1.58	24.4±0.23
Gangchan	79	101.76±6.07	71±2.65	19.38±1.2	9.6±4.16	25.5±0.25
Goami2	88	98.5±2.55	63.4±1.14	19.1±1.34	12±2.55	18.6±0.81
Goami4	88	101.5±4.58	65.4±2.7	19.36±2.87	9.4±3.05	21.3±0.09
Gopum	79	96.46±3.87	67.8±5.22	16.94±0.85	11.8±2.17	25±0.25
Geumnambyeol	79	102.2±5.97	71.36±3.37	16.52±3.28	11.4±2.19	24.5±0.38
Geumobyeol	71	103.4±3.13	73.96±3.42	19.98±1.6	12.4±2.07	24.3±0.52
Namcheonbyeol	71	91.24±3.84	68.4±4.9	19.04±1.28	11±2.65	24.3±0.28
Nokwonchal	88	109.2±3.7	86.52±3.04	17.3±1.79	13.8±2.39	25.01±0.25
Nongan	71	112.62±3.35	82.24±4.02	24.62±1.59	7.2±2.17	22.22±0.28
Dami	88	106.3±3.8	77.5±3.39	16.42±3.67	8.2±0.84	31.19±0.75
Dasan2	71	102.7±8.21	79.3±9.17	18.84±4.39	8.8±2.28	30.29±2.06
Daejin	61	94.54±1.57	70.82±3.8	17.42±1.7	10±1.87	30.5±0.77
Deurimi2	88	100.9±2.3	71.22±2.02	17.6±1.39	12.2±2	25.73±0.26
Manpung	71	107.14±2.2	82.64±3.92	17.32±4.28	11.6±2.07	25.42±0.86
Boseokchal	79	103.56±2.63	79.34±3.01	17.24±1.72	18.8±1.48	27.53±0.19
Samgwang	79	106.06±2.67	74.96±3.54	15.74±2.13	12.8±2.59	25.51±0.23
Samdeok	79	101.6±2.84	72.94±5.72	20.16±4.64	12.2±1.64	24.07±0.25
Sanggol	79	97.1±4.2	62.8±4.78	18.62±1.75	14.6±2.88	26.27±0.81
Sangok	79	109.4±1.71	75.4±4.72	21.76±3.52	15.6±3.65	24.33±0.09
Seonong12	71	105.72±2.17	75.68±2.74	23.32±1.19	12.8±2.05	17.17±0.74
Seonong6	88	101.6±2.27	71.74±5.09	21.1±3.6	17.8±3.77	20.87±0.25
Seonong8	88	115.3±4.02	84.6±6.2	16.7±0.76	13.4±1.82	21.83±0.49
Seonong9	88	107.7±9.86	77.7±3.42	16.3±0.84	15±1.22	19.23±0.56
Seoan1	79	104.4±2.41	72.5±3.61	18.6±1.08	14±2.12	26.13±0.52
Seoeun	88	105.6±2.61	79.1±1.75	19.1±1.95	15±3.85	22.67±0.34
Seopyeong	88	104.3±2.8	78.8±1.82	21.6±0.74	11±1.95	24.37±0.12
Seokjeong	88	120.9±2.36	84±3.08	23.2±1.35	10.4±1.14	26.87±0.77
Seolgaeng	88	109.4±4.92	76.8±1.96	21.2±1.99	11.2±1.92	24.27±0.77
Sura	79	105±2.74	77.8±2.75	20.94±1.46	11.8±2.39	25.47±0.47
Sinmyeongheukchal	88	103.1±4.44	64.4±3.31	24.2±1.75	9.6±2.41	24.67±0.19
Sinbaek	79	99.4±1.98	77.2±2.82	19.6±1.67	10±1.58	26.17±3.87
Sintoheukmi	97	102.8±3.17	76.2±3.33	21.6±1.08	8.4±1.14	22.67±0.52
Areum	71	100.4±3.21	70.5±1.66	22.8±1.3	9.4±2.41	27.13±0.93
Anda	88	110.2±3.09	78.8±4.72	24±1.54	9.4±3.91	31.27±0.66
Anmi	88	107.5±4.43	78.2±2.49	21.9±1.29	11±3.08	24.87±0.82
Yangjobyeol	88	91.4±4.41	69.2±2.05	18.4±0.96	11.4±1.52	27.23±1.16
Yeonghaebyeol	88	101.7±2.51	76.9±3.31	19.2±0.57	11.8±1.48	26.93±0.41
Orae	71	92.6±1.78	68.1±1.52	21.5±1	9.8±2.17	24.8±0.33
Onnuri	88	95.68±2.52	70.54±3.05	19.28±1.3	8.4±1.14	24.3±0.24
Wongwang	88	110.12±4.85	67.2±33.24	18.82±1.35	12.4±0.89	26.13±0.09

Wonmi	71	113.08±2.01	88.66±2.57	19.06±1.3	12±0.71	27.73±0.09
Wonhwang	88	97.06±2.77	73.82±3.91	19.18±0.75	9±1.58	24.33±1.23
Yoonnongchamssal	71	107.7±2.6	79±3.81	29.06±0.9	6.4±1.34	25.8±0.99
Joryeongbyeo	61	89.72±1.92	71.08±2.85	19.26±1.32	10.8±1.3	24.6±0.16
Jongnam	88	99.24±5.17	73.82±3.03	19.66±1.59	11±1.41	29.93±1.11
Juan1	88	100.06±2.76	60.72±29.89	20.2±1.01	9.4±1.52	24.47±0.52
Jungmo1001	61	105.74±2.8	74.72±1.16	23.1±0.68	9.4±1.14	28.8±1.18
Jungmo1012	61	100.72±3.47	75.78±2.69	23.04±1.13	10.6±2.07	24.87±0.19
Jungmo1014	88	109.86±1.15	84.82±2.42	18.28±0.77	11±0	24.33±0.75
Jungmo1009	88	111.6±2.31	87.64±2.74	18.38±0.78	10.8±0.84	24.2±0.16
Jungsan	71	103±3.66	73.6±4.79	20.3±1.97	13.8±2.86	23.53±0.34
Cheongdam	71	103.32±1.56	71.64±2.86	20.48±1.96	9±1.87	27.33±0.5
Cheongho	79	105.86±5.17	74.36±8.17	18.76±1.68	14±2.74	27.13±1
Pungmi	61	107.48±2.34	77.04±2.78	20.84±2.83	12±2.83	23.67±0.09
Pungmil	88	114.16±3.47	82.34±3.77	20.38±0.86	12.4±0.89	26.2±0.16
Hangangchall	71	114.68±2.95	82.42±3.16	25.96±0.84	9.2±1.92	30.13±0.47
Hanmaeum	79	101.26±1.59	75.76±3.98	20.24±0.81	11.8±1.3	34.4±0.99
Hanareum2	79	102.1±2.56	73.88±1.76	20.94±0.68	12±2	27.07±0.47
Haepyeong	79	101.98±1.03	75.86±3.6	19.82±1.88	14±2.45	24.8±0.65
Haepyeongchal	79	107.0826±1.78	75.84±3.35	22.26±2.32	12.6±1.82	25.47±0.38
Hyangnambyeo	88	117.26±5.28	81.68±2	20.62±1.16	11±2.24	23.33±0.38
Hongjinju	79	112.04±4.67	76.5±1.84	20.46±2.17	11.4±1.14	24.33±0.34
Hwanambyeo	88	117.32±3.82	80.12±5.43	19.2±2.46	12.8±1.48	23.53±0.9
Hwadongbyeo	61	100.32±0.85	75.8±2.56	22.06±1.83	10.4±2.7	25.87±0.19
Hwabong	79	105±4.53	78.9±3.9	19.46±1.12	13.6±1.82	25.4±0.43
Hwasambyeo	88	114.26±2.9	80.02±3.15	18.5±0.94	10.6±2.07	22.67±0.38
Hwaseonchalbyeo	71	117±6.03	86.9±4.67	22.24±0.56	13.2±3.27	25.8±0.28
Hwasinbyeo	88	117.62±2.71	92.26±3.56	20.16±0.96	14.4±2.3	24.4±0.43
Hwaan	79	116.86±2.59	79.04±3.18	21.7±1.14	9.6±2.41	30.67±0.77
Hwajungbyeo	79	119.04±1.9	88.64±3.19	19.6±1.35	9.2±2.49	26.4±0.91
Heukgawichal	61	95.44±2.22	69.38±4.46	20.1±0.79	9.6±3.36	28.65±0.77
Geonganghongmi	88	128.14±2.59	99.52±3.67	21.38±0.76	12.8±1.48	23.07±0.25
Goami	88	123.02±3.22	90.96±4.37	18.54±1.77	11.2±2.95	23.07±0.09
Geuman	79	130.1±3.45	94.34±1.7	22.32±1.95	9.4±0.89	20.47±0.09
Geumobyeo2	88	121.1±6.22	88.22±4.2	18.72±2.12	7.2±4.38	29.2±0.65
Neongeongbyeo	79	116.44±3.18	91.3±1.24	19.14±0.55	11.4±1.14	26.6±0.28
Nokyangbyeo	71	118.5±1.16	93.28±1.81	21.02±0.77	12±3.08	23.73±0.09
Daeripbyeo1	79	107.86±4.16	82.68±4.33	19.84±0.92	9.6±2.88	23.07±0.25
Daepyeong	79	114.7±2.55	84.46±1.61	19.2436±2.55	10.6±1.34	24.73±0.25
Dongwon	79	109.36±1.96	76.84±1.61	17.98±1.45	12±2.12	27.33±1.73
Manmi	79	112.8±2.57	82.14±1.62	19.14±1.06	8.4±1.67	26±2.16
Mokyang	88	127.94±3.52	83.76±2.13	29.64±1.51	5.6±1.34	27.4±2.69
Milkikwin	71	114.38±2.3	90.94±3.07	19.76±2.19	10.6±3.13	25.73±2.74
Sampyeong	79	114.2±3.51	74.76±3.22	19.6±0.65	9.2±1.48	29.73±1.27
Saechucheong BIL-3	88	108.7±0.87	83.1±2.01	17.9±1.02	14.2±2.68	24.6±0.16
Seonong15	79	98.52±2.69	76.9±2.97	19.08±4.38	10.6±1.67	16.93±0.09
Seolhyangchal	71	97.64±2.48	82.28±3.03	20.34±0.79	10.6±1.14	24.6±0.28
Seongiochal	71	112.24±3.09	85.1±2.8	28.38±0.7	8±1.58	25.73±0.41
Suan	79	95.4±1.75	69.1±2.53	18.3±1.35	10.6±2.07	28.13±1.06
Sindongjin	88	108.4±4.29	75.4±2.19	19.7±2.49	8.2±2.49	30.93±0.19
Aranghyangchalbyeo	88	110.4±4.04	77.9±3.17	18.6±1.98	10.2±2.51	20.6±0.85
Onojjinoijji	71	120±4.78	87.6±6.18	19.3±3.07	9.6±2.45	33.27±0.62
Wonchu	71	102.5±2.45	78.9±8.44	19.1±1.02	13.4±1.82	25.27±0.96
Jungan	71	111.5±5.41	76.5±6.16	20.9±1.52	10±2.07	26.27±0.41
Jinbo	79	100.7±3.99	69.2±3.11	17.8±1.35	8.8±1.3	25.2±0.33
Jinsang	79	105.1±3.91	72.8±6.1	17±1.58	8.8±1.48	24±0.16
Garak	88	132.8±5.22	95.1±5.98	19.7±1.79	13.6±2.07	24.67±0.66
Gwangan	79	114.7±3.17	81.2±5.02	19±2	8.2±0.84	27.4±0.33
Geumtap	88	127.3±5.43	89.4±3.85	22.6±1.52	9±2	26.27±0.52
Noreunjachal	79	127.9±2.61	87.8±5.26	20.8±2.86	16.8±3.35	24.87±0.09
Nunbora	79	117.2±9.04	85.4±2.41	23.6±3.51	8±1.41	30.93±0.19
Daeripjami	88	121.9±9.72	87.6±6.58	18.7±2.14	8.8±2.05	31±0.16
Dongjin1	79	119.6±7.47	88.4±2.7	17.5±1.5	9.8±1.3	26.73±0.96

Manwol	71	103.26±2.48	80.26±3.23	19.22±1.17	10.4±3.29	28.93±0.68
Manjong	79	114.84±2.01	83.52±5.16	21.94±0.68	10.8±2.59	22.47±0.09
Seonong14	79	138.1±6.21	104.6±4.72	22.26±0.49	10.2±2.17	21.2±0.33
Sobi	88	121.44±6.71	85.4±4.57	20.16±1.56	12.8±1.3	23.73±0.38
Yeongan	79	105.16±4.8	79.6±1.14	18.56±1.46	10±3.54	19.53±0.09
Jinpum	79	110.8±3.01	82.5±2.78	19.86±0.79	11.6±3.44	29±0.16
Keunnun	79	120.58±3.7	90.48±4	20.2±1.42	8.4±1.14	23.87±0.19
Keunnunjami	79	110.98±3.76	90.9±2.14	18.4±2.15	14.2±2.59	23.33±0.09
Hopyeong	88	123.14±0.97	86.16±2.99	20.92±1.49	7.4±1.52	31.13±0.34
Heukgwang	79	106.6±2.95	84±1.44	18.52±0.61	11.8±1.64	26±0
Nongho	88	100.16±1.57	73.22±1.38	18.68±0.79	10.4±2.51	21.5±0.75
Mipung	88	96.32±2.86	66.4±1.75	18.02±0.79	10.6±1.52	24.12±0.34
Syupeojami	97	113.6±3.39	74.68±3.7	16.66±1.46	8.2±1.1	28.32±0.34
Suryeojinmi	79	105.78±4.17	71.52±1.63	21.66±2.46	9.2±1.92	22.53±0.54
Heukhyang	97	85.58±1.37	61.16±0.81	17.9±0.55	10.2±1.92	25.37±0.57
Baekjinju1	97	93.4±4.38	68.52±2.36	17.94±2.91	7.8±1.64	23.63±0.46
Jungmo1015	97	112.1±2.92	81.3±3.63	20.14±0.86	8.2±1.92	24.87±0.46
Saenuri	88	95.48±1.86	64.12±1.99	19.78±1.47	7.2±0.84	26.93±0.34
Yeonghojinmi	97	88.56±5.56	64.94±3.15	17.7±1	10±1.58	25.87±0.4
Haiami	79	95.56±4	71.42±3.4	19.62±0.84	7.2±0.45	26.87±0.09
Dacheong	97	101.42±4.01	76.5±1.25	17.74±0.72	9.8±2.59	24.77±0.34
Daeyabyeo	79	98.5±2.75	72.34±2.69	17.56±0.67	10.2±1.3	27.4±0.16
Deuraechan	88	103.52±1.22	71.36±1.74	23.36±1.37	7.8±1.92	30±0
Boseok	55	97.6±3.78	73.9±2.33	20.5±1.37	16±1.87	24.7±0.22
Seogan	79	101.54±0.92	74.58±3.79	17.66±1.55	10.8±1.3	26.87±0.09
Unmi	55	105.6±4.04	81.1±3.19	22.4±1.29	12.6±2.49	23.7±0.36
Jungmo1008	55	106.5±3.64	76±2.32	21.4±1.39	10.2±2.12	25.3±0.09
Jinbaek	88	96.22±2.29	70.32±1.16	16.18±7.96	8.8±1.64	23.6±0.65
Honong	61	110.4±4.79	82.2±2.41	22.3±0.57	12.4±3.32	27.73±0.39
Hwanggeumnodeul	88	107.96±3.38	76.88±5.09	20.5±0.6	9.6±1.14	27.53±1.23
Honggwang	40	110.2±6.86	92.2±6.32	21.1±0.65	12.4±2.3	24.87±0.39
Goami3	79	117.88±1.53	83.98±3.78	19.72±1.35	10±2.35	18.83±0.41
Danmi	88	119.5±2.66	98.04±2.78	19.46±1.67	7.8±0.84	21.17±0.61
Moku	104	128.08±2.8	84.6±2.88	21.7±4.8	7.4±2.07	26.3±0.33
Baekokchal	88	121.08±2.83	91.34±2.89	20.24±0.78	8±1	27.7±0.64
Boseokheukchal	79	109.8±4.25	83.5±2.87	19.64±1.04	8±0.71	22.7±0.51
Joami	61	99.1±3.78	79.6±2.68	22.7±1.82	15±4.38	24.03±0.21
Jungmo1004	88	113.32±4.71	87.14±6.27	19.52±0.77	8.2±2.28	26.78±0.21
Jungmo1005	79	105.72±2.35	81.74±2.55	19.32±0.31	8.6±1.34	26.6±0.47
Jungmo1006	79	125.68±4.28	97.46±3.46	18.44±1.29	8.8±2.77	25.8±0.65
Jinsumi	88	120.96±2.65	93.6±2.7	18.68±0.84	9.4±3.21	26.4±0.38
Cheongcheongjinmi	79	106.68±1.78	80.38±3.04	19.8±0.62	9.8±0.84	25.1±0.42
Cheongpungheukchal	88	99.6±4.17	66.5±4.18	19.8±0.54	7.6±1.95	29.6±0.38
Pyeongwon	55	97.9±3.36	77.2±2.84	23.3±1.68	13.2±3.27	26.77±0.38
Handeul	61	98.3±3.46	76.5±2.32	22.1±0.22	14±2.49	24.43±0.48
Haeoreumi	79	105.96±5.73	76.7±4.02	20.08±1.22	8.6±1.67	26.53±0.53
Hoban	55	104.3±3.96	73.7±2.02	22.2±1.64	9.4±2.83	25.17±0.42
Cheongnam	79	114.82±2.15	82.92±1.49	21.94±2.59	8.2±0.84	26.47±0.38

²DAT: Day after transplanting

2. 품종별 주요 형태적 특성 이미지 촬영

벼의 외관 형질은 각각의 벼 품종을 실제 모습으로 비교할 수 있는 중요한 지표가 되므로 동일한 카메라를 사용하여 같은 거리, 같은 각도, 같은 광량을 사용하여 촬영하여 나중에 유사한 벼 품종과 비교할 때에 중요한 평가지표로 활용하고자 하였다. 촬영 대상 외관 형질은 품종 간에 구분이 가능한 모든 특징을 이미지화 하는 것을 목표로 하였다 (Figure 12 & 13, Supplementary Table 1- 79 쪽).

가. 식물체

<반직립형>



<직립형>



<수평형>

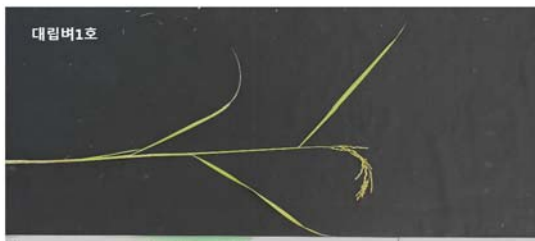


Figure 12. Morphological appearance of selected rice varieties exhibiting different phenotype.

나. 마디

<마디수 4개>



<마디수 5개>

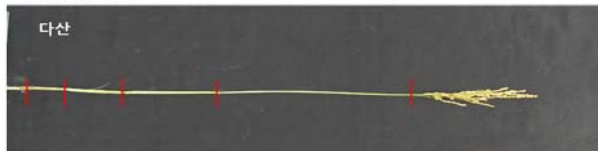
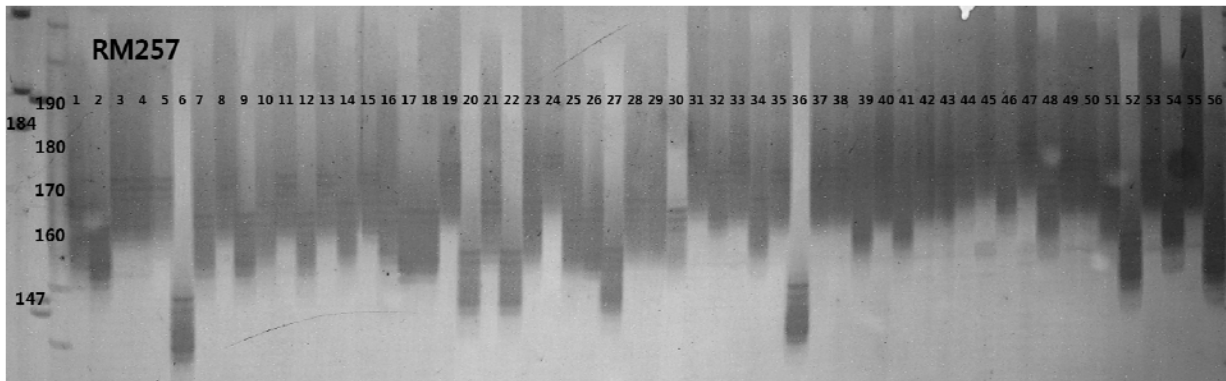
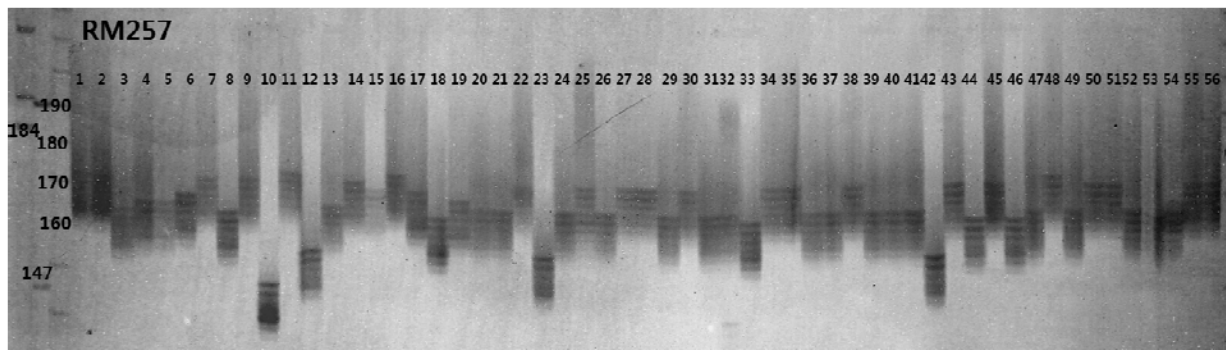
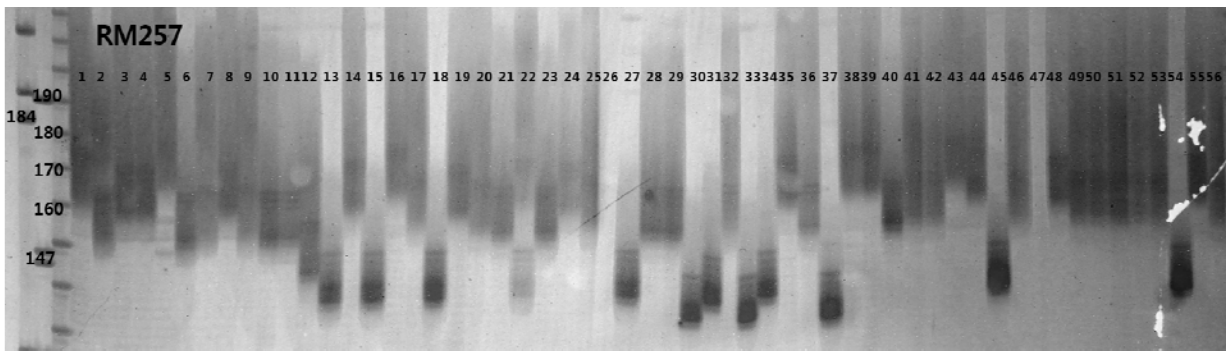
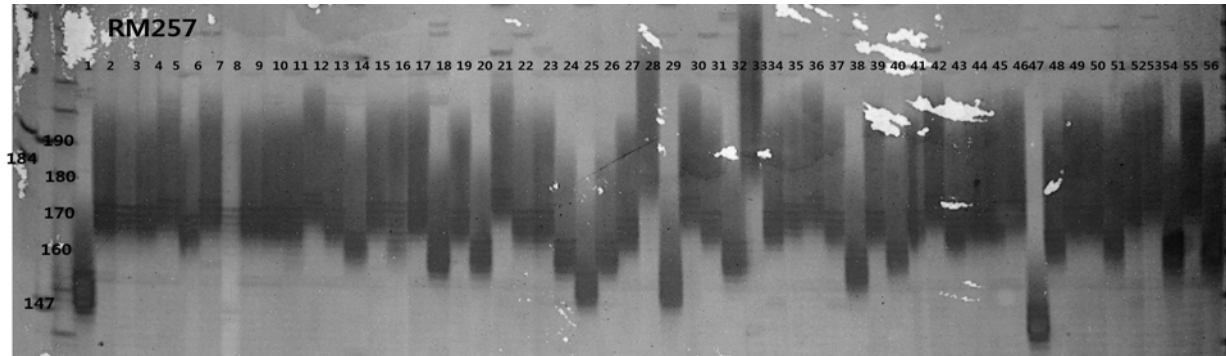


Figure 13. Morphological appearance of selected rice varieties exhibiting different the number of node.

3. Genotyping

선행연구결과를 통해 얻어진 마커 7개(Cho et al. 2009)를 포함하여 다형성지수를 고려한 13개 마커를 선발하여 총 20개 마커를 분석에 사용하였으며 일부 품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는지를 확인하였다. 밴드의 패턴에 차이가 있고 재현성이 나타나는 것으로 확인되었다.

(1) RM257



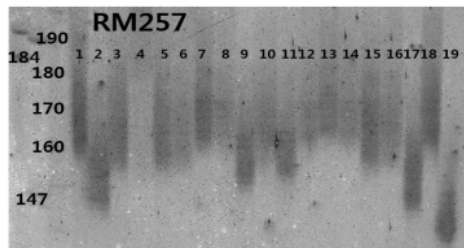


Figure 14. 6% acrylamide gel picture showing alleles of the RM257 SSR marker in Korean rice varieties.

(2) RM21

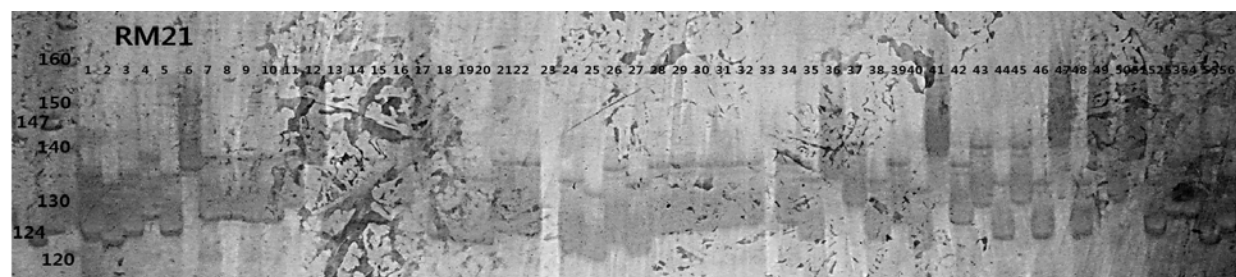
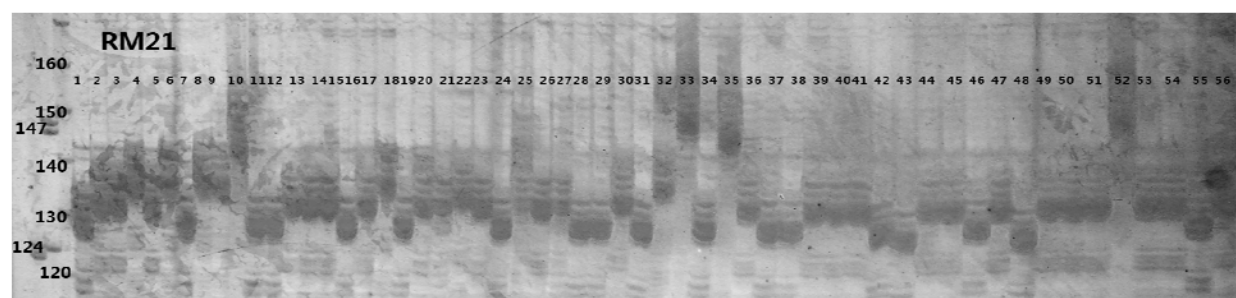
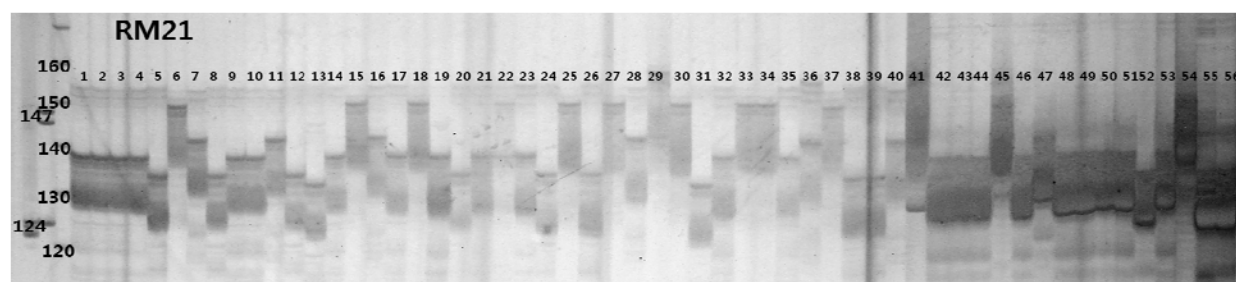
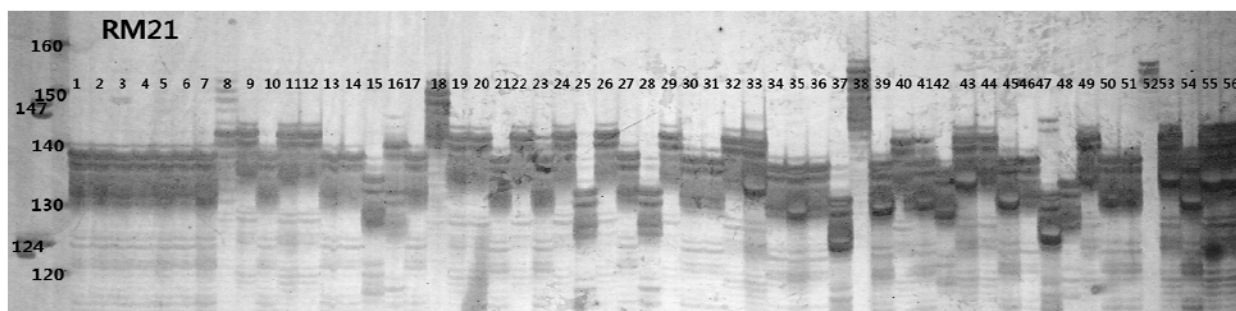


Figure 15. 6% acrylamide gel picture showing alleles of the RM21 SSR marker in Korean rice varieties.

(3) RM249

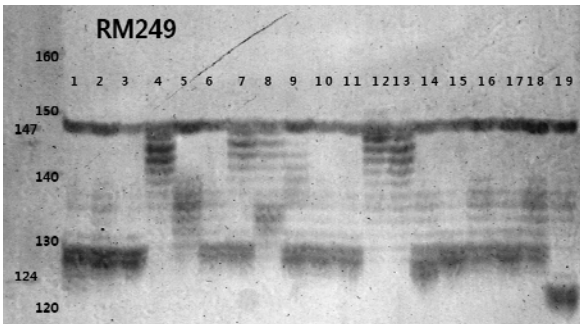
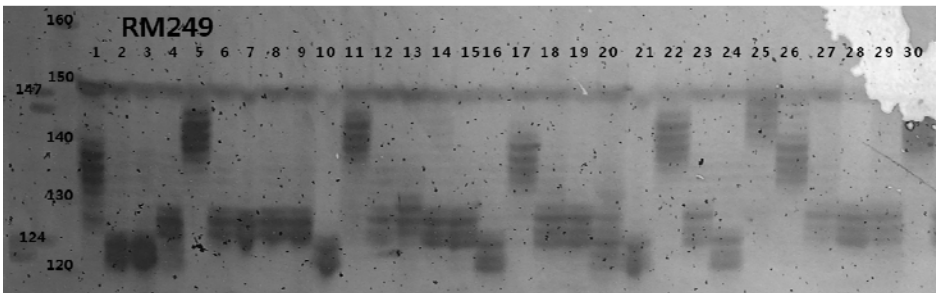
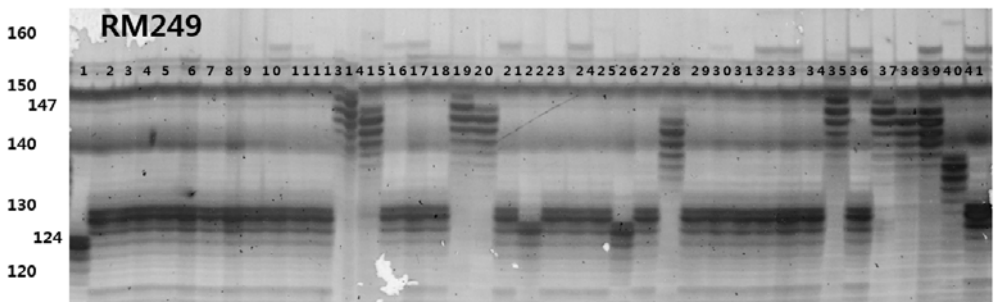
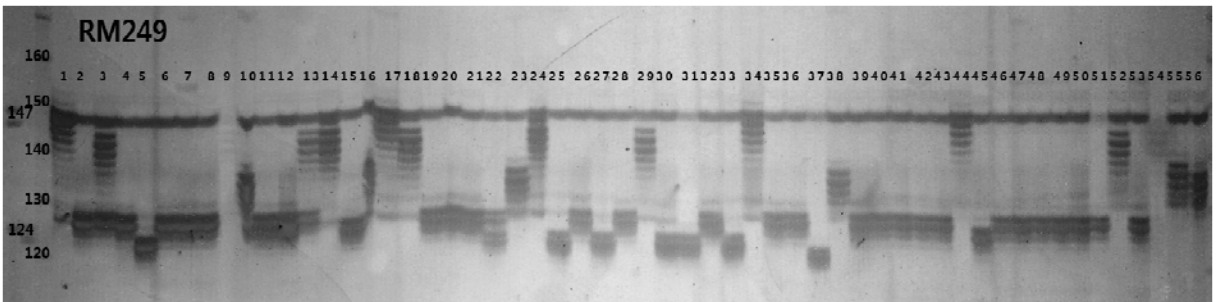
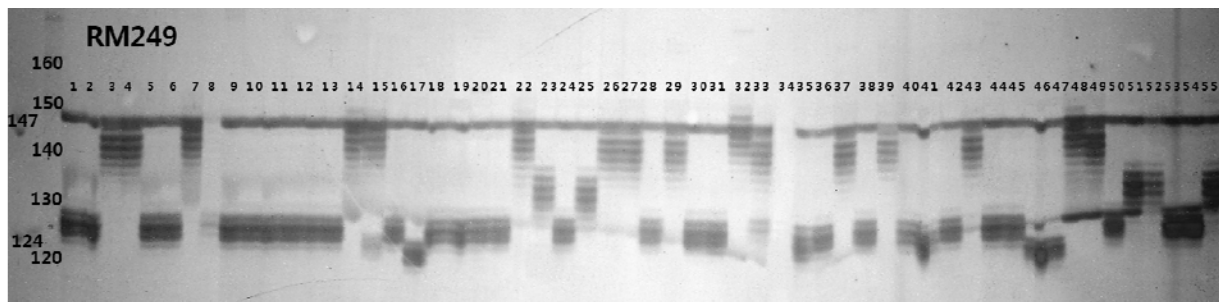


Figure 16. 6% acrylamide gel picture showing alleles of the RM249 SSR marker in Korean rice varieties.

(4) RM253

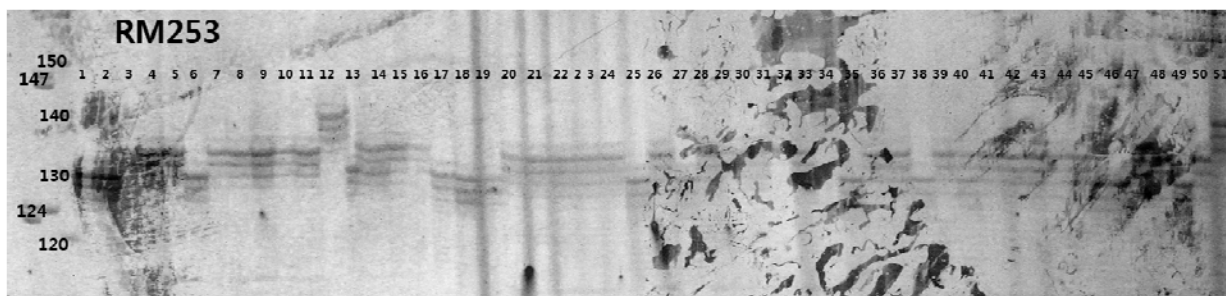
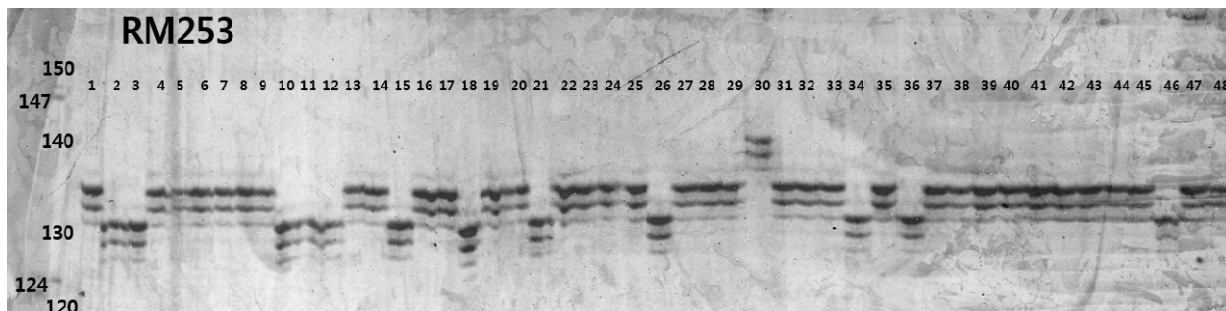
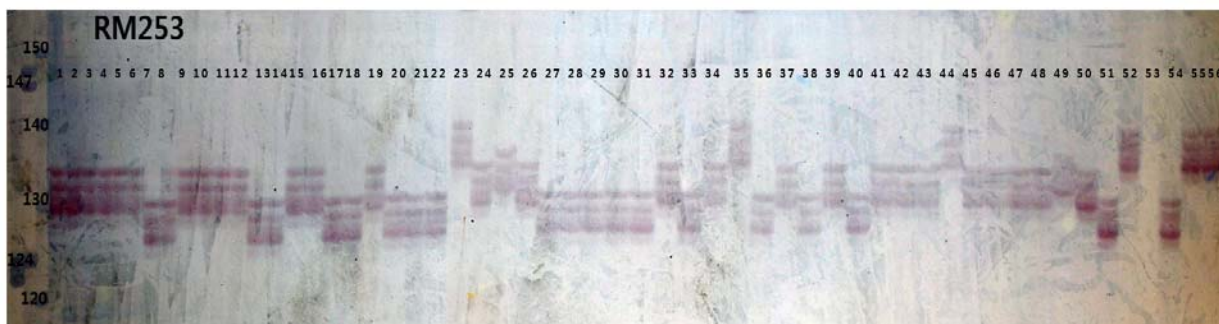
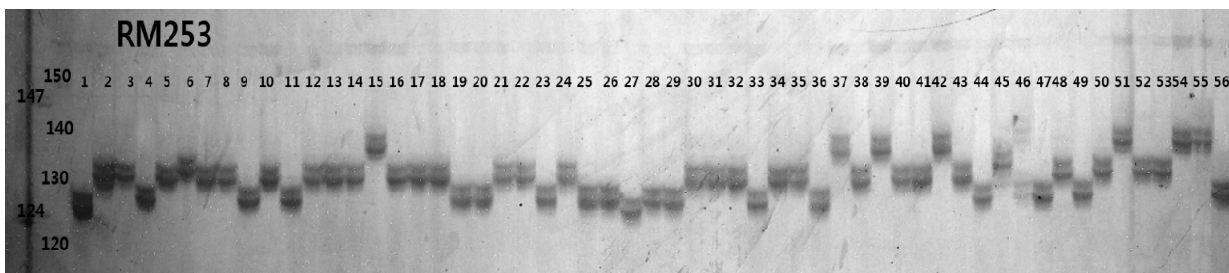
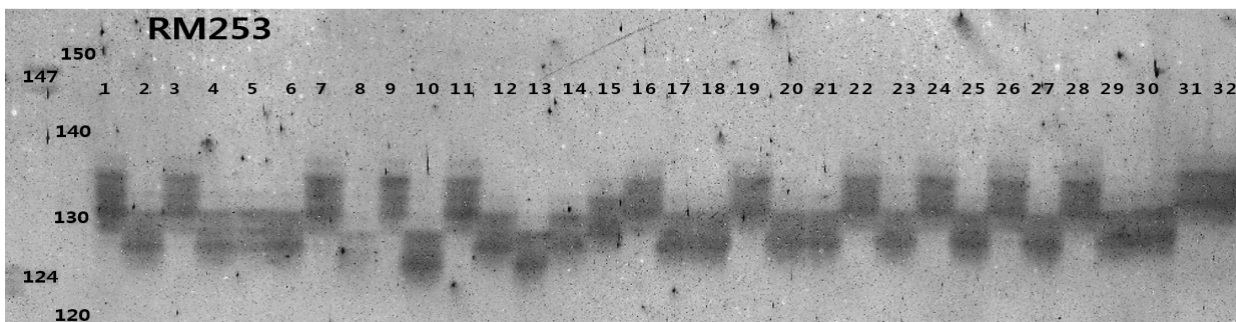


Figure 17. 6% acrylamide gel picture showing alleles of the RM253 SSR marker in Korean rice varieties.

(가) Scoring

Table 14. Number and frequency of simple sequence repeat (SSR) alleles observed in RM257.

Variety	No.	RM257																
		220	180	178	176	174	172	170	168	166	164	162	160	156	154	148	146	144
Honggwang	1														0			
Joun	2							0										
Seolbaek	3							0										
Sinunbong1	4							0										
Dunnaebyeo	5						0											
Unjangbyeo	6								0									
Cheongbaekchal	7						0											
Goun	8							0										
Undu	9							0										
Taebong	10							0										
Odae1	11							0										
Durujinmi	12					0												
Joan	13							0										
Heukjinjubyeo	14									0								
Hwanggeumchal	15						0											
Jagwangchal	16						0											
Boseok	17						0											
Pyeongwon	18									0								
Hoban	19							0										
Unmi	20									0								
Jungmo1008	21				0													
Wolbaek	22							0										
Inwol	23							0										
Sambaekbyeo	24									0								
Joryeongbyeo	25														0			
Sangsanyeo	26									0								
Naepungbyeo	27								0									
Heukseonchal	28	0																
Munjang	29														0			
Sandeuljinmi	30					0												
Geurubyeo	31							0										
Geumyeong	32									0								
Sangjuchalbyeo	33	0																
Jungmo1007	34							0										
Manna	35						0											
Daejin	36					0												
Ansanbyeo	37							0										
Heukgawichal	38									0								
Jungmo1011	39							0										
Manchu	40									0								
Samcheonbyeo	41							0										
Junghwabyeo	42				0													
Jinbong	43							0										
Jopyeong	44							0										
Wonpyeong	45							0										
Hwadongbyeo	46						0											
Hyangmibyeo2	47															0		
Manan	48								0									
Jungmo1012	49						0											
Wonhae	50						0											
Jeokjinju	51								0									
Josaengheukchal	52				0													
Saesangju	53				0													
Geumseong	54									0								
Manho	55				0													
Sangmi	56									0								

Daechan	57	0							
Jungmo1001	58				0				
Taeseong	59			0					
Hwanggeumbora	60			0					
Namil	61	0							
Jungmo1010	62					0			
Pungmi	63				0				
Wonpum	64			0					
Jeokjinjuchal	65					0			
Handeul	66					0			
Joami	67					0			
Honong	68						0		
Namcheonbyeo	69							0	
Orae	70			0					
Dasan1	71							0	
Seolhyangchal	72	0							
Juanbyeo	73					0			
Areum	74							0	
Gangbaek	75			0					
Gancheokbyeo	76					0			
Wonchu	77					0			
Dasan2	78							0	
Jungsan	79					0			
Manwol	80			0					
Cheongdam	81					0			
Geumbyeo1	82								
Seonong12	83							0	
Cheonga	84					0			
Manpung	85					0			
Yoonnongchamssal	86								0
Hyangmibyelo	87							0	
Jungan	88					0			
Seongjochal	89								0
Nongan	90							0	
Wonmi	91			0					
Milkikwin	92					0			
Hangangchal1	93								0
Hwaseonchalbyeo	94	0							
Nokyang	95	0							
Onojiinoijji	96					0			
Seomyeong	97			0					
Suan	98			0					
Gopum	99	0							
Sanggal	100		0						
Dasan	101							0	
Seonong15	102			0					
Saegyehwa	103								
Sinbaek	104			0					
Jinbo	105			0					
Hanmaeum	106			0					
Samdeok	107			0					
Gangchan	108			0					
Haepyeong	109			0					
Hanareum2	110							0	
Daeanbyeo	111	0							
Geumnambyeo	112			0					
Hwamyongbyeo	113			0					
Boseokchal	114			0					
Migwang	115						0		
Seoan1	116					0			
Dongbo	117					0			
Sura	118			0					
Hwabong	119			0					

Jinsang	120				0		
Yeongan	121		0				
Segyejinmi	122						0
Suryeojimi	123		0				
Cheongho	124					0	
Samgwang	125			0			
Heukgwang	126		0				
Seojin	127			0			
Haepyeongchal	128		0				
Daeripbyeol	129			0			
Dongwon	130				0		
Sangok	131			0			
Jinpum	132				0		
Keunnunjami	133				0		
Hongjinju	134		0				
Manmi	135						0
Sampyeong	136				0		
Daepyeong	137		0				
Gwangan	138				0		
Manjong	139		0				
Neongeongbyeol	140		0				
Hwaan	141					0	
Nunbora	142		0				
Hwajungbyeol	143					0	
Dongjin1	144					0	
Keunnun	145						0
Noreunjachal	146		0				
Geuman	147		0				
Seonong14	148			0			
Haiami	149			0			
Daeyabyeol	150		0				
Seogan	151			0			
Jungmo1005	152			0			
Haeoreumi	153			0			
Cheongcheongjimi	154						0
Boseokheukchal	155		0				
Cheongnam	156					0	
Goami3	157		0				
Jungmo1006	158					0	
Hojin	159						0
Yangjobyeol	160		0				
Dongjin2	161						0
Chinnong	162		0				
Onnuri	163		0				
Mipung	164			0			
Boramchan	165						
Donghaejinmi	166						0
Wonhwang	167		0				
Goami2	168		0				
Jungmo1013	169			0			
Hwarang	170				0		
Jongnam	171		0				
Juan1	172		0				
Nongho	173		0				
Keunseom	174						0
Deurimi2	175				0		
Goami4	176		0				
Seonong6	177				0		
Yeonghaebyeol	178			0			
Woncheong	179		0				
Sinmyeongheukchal	180				0		
Mihyeong	181		0				
Junam	182			0			

Baekjinju	183			0				
Seopyeong	184				0			
Nampyeongbyeo	185					0		
Hoan	186					0		
Seoeun	187		0					
Dongan	188							0
Dami	189					0		
Deasanbyeo	190							0
Anmi	191				0			
Seonong9	192		0					
Heuknam	193					0		
Malgeumi	194					0		
Dongjinchal	195							0
Pyeongan	196				0			
Sindongjin	197				0			
Saechucheong BIL-3	198						0	
Nokwonchal	199		0					
Seolgaeng	200			0				
Cheonghaejinmi	201		0					
Jungmo1014	202				0			
Wongwang	203			0				
Anda	204							0
Aranghyangchalbyeo	205			0				
Sujin	206			0				
Jungmo1009	207				0			
Pungmi1	208			0				
Hwasin1	209				0			
Hwasambyeo	210			0				
Seonong10	211			0				
Seonong8	212		0					
Hyangnambyeo	213		0					
Hyanambyeo	214			0				
Hwasinbyeo	215		0					
Seokjeong	216				0			
Geumbye2	217			0				
Sobi	218			0				
Daeripjami	219				0			
Goami	220							0
Hopyeong	221			0				
Geumtap	222					0		
Mokyang	223			0				
Geonganghongmi	224							0
Garak	225		0					
Saenuri	226							0
Jinbaek	227			0				
Cheongpungheukchal	228	0						
Deuraechan	229			0				
Hwanggeumnodeul	230		0					
Jungmo1004	231	0						
Danmi	232			0				
Jinsumi	233						0	
Baekokchal	234		0					
Heukhyang	235			0				
Baekjinju1	236		0					
Sintoheukmi	237	0						
Seonong16	238			0				
Jungmo1015	239			0				
Syupeojami	240		0					
Yeonghojinmi	241						0	
Dacheong	242	0						
Moku	243							0

Table 15. Number and frequency of simple sequence repeat (SSR) alleles observed in RM21 and RM249.

Variety	No.	RM21							RM249								
		Alleles(bp)							Alleles(bp)								
		156	150	142	140	138	136	134	132	148	146	142	140	136	130	128	124
Honggwang	1					0									0		
Joun	2					0									0		
Seolbaek	3					0				0							
Sinunbong1	4					0				0							
Dunnaebyeo	5					0									0		
Unjangbyeo	6					0									0		
Cheongbaekchal	7					0				0							
Goun	8		0												0		
Undu	9		0												0		
Taebong	10					0									0		
Odae1	11			0											0		
Durujinmi	12			0											0		
Joan	13					0									0		
Heukjinjubyeo	14					0									0		
Hwanggeumchal	15							0		0							
Jagwangchal	16				0					0							
Boseok	17					0									0		
Pyeongwon	18	0															0
Hoban	19		0												0		
Unmi	20		0												0		
Jungmo1008	21					0									0		
Wolbaek	22		0												0		
Inwol	23					0				0							
Sambaekbyeo	24		0										0				
Joryeongbyeo	25							0							0		
Sangsanyeo	26		0										0				
Naepungbyeo	27					0				0							
Heukseonchal	28							0		0							
Munjang	29		0												0		
Sandeuljinmi	30					0				0							
Geurubyeo	31					0									0		
Geumyeong	32		0												0		
Sangiuchalbyeo	33		0							0							
Jungmo1007	34					0				0							
Manna	35					0											
Daejin	36					0									0		
Ansanbyeo	37							0							0		
Heukgawichal	38	0								0							
Jungmo1011	39					0							0				
Manchu	40		0							0							
Samcheonbyeo	41		0												0		
Junghwabyeo	42						0										0
Jinbong	43		0												0		
Jopyeong	44		0							0							
Wonpyeong	45					0									0		
Hwadongbyeo	46					0									0		
Hyangmibyeo2	47							0									0
Manan	48							0									0
Jungmo1012	49		0							0							
Wonhae	50					0				0							
Jeokjinju	51					0									0		
Josaengheukchal	52	0											0				
Saesangju	53		0										0				
Geumseong	54					0									0		
Manho	55		0												0		
Sangmi	56		0										0				

Daechan	57		0		0				
Jungmo1001	58		0					0	
Taeseong	59		0			0			
Hwanggeumbora	60		0					0	
Namil	61			0					0
Jungmo1010	62	0						0	
Pungmi	63		0					0	
Wonpum	64			0				0	
Jeokjinjuchal	65		0						
Handeul	66		0			0			
Joami	67		0					0	
Honong	68			0				0	
Namcheonbyeo	69				0				
Orae	70		0			0			
Dasan1	71	0						0	
Seolhyangchal	72		0				0		
Juanbyeo	73			0		0			
Areum	74	0				0			
Gangbaek	75		0					0	
Gancheokbyeo	76			0				0	
Wonchu	77		0					0	
Dasan2	78	0						0	
Jungsan	79		0				0		
Manwol	80			0		0			
Cheongdam	81	0							0
Geumbyeo1	82			0				0	
Seonong12	83	0							0
Cheonga	84		0					0	
Manpung	85	0				0			
Yoonnongchamssal	86	0							0
Hyangmibyelo	87				0				0
Jungan	88			0				0	
Seongjochal	89	0							0
Nongan	90	0				0			
Wonmi	91		0					0	
Milkikwin	92		0					0	
Hangangchal1	93	0							0
Hwaseonchalbyeo	94			0			0		
Nokyang	95			0					
Onojiioijji	96		0					0	
Seomyeong	97	0						0	
Suan	98		0					0	
Gopum	99		0					0	
Sanggol	100		0			0			
Dasan	101	0							0
Seonong15	102		0					0	
Saegyehwa	103		0					0	
Sinbaek	104		0					0	
Jinbo	105		0					0	
Hanmaeum	106		0					0	
Samdeok	107		0					0	
Gangchan	108			0			0		
Haepyeong	109		0					0	
Hanareum2	110	0							
Daeanbyeo	111			0			0		
Geumnabyeo	112			0			0		
Hwamyongbyeo	113			0				0	
Boseokchal	114		0					0	
Migwang	115		0					0	
Seoan1	116		0			0			
Dongbo	117			0				0	
Sura	118		0					0	
Hwabong	119			0			0		

Jinsang	120		0				0	
Yeongan	121		0			0		
Segyejinmi	122	0						0
Suryeojimi	123				0			0
Cheongho	124				0			0
Samgwang	125			0				0
Heukgwang	126			0				0
Seojin	127			0				0
Haepyeongchal	128				0			0
Daeripbyeol	129			0				0
Dongwon	130		0					0
Sangok	131				0			0
Jinpum	132			0				0
Keunnunjami	133			0				0
Hongjinju	134		0		0			
Manmi	135			0		0		
Sampyeong	136				0			0
Daepyeong	137			0				0
Gwangan	138			0				0
Manjong	139			0		0		
Neongeongbyeol	140				0			0
Hwaan	141				0			0
Nunbora	142			0				0
Hwajungbyeol	143				0			0
Dongjin1	144		0					0
Keunnun	145	0						0
Noreunjachal	146				0			0
Geuman	147	0						0
Seonong14	148			0		0		
Haami	149				0			0
Daeyabyeol	150				0			0
Seogan	151			0				0
Jungmo1005	152			0				0
Haeoreumi	153			0				0
Cheongcheongjimi	154				0			0
Boseokheukchal	155				0			0
Cheongnam	156			0				0
Goami3	157			0		0		
Jungmo1006	158				0			0
Hojin	159			0		0		
Yangjobyeol	160				0		0	
Dongjin2	161			0				0
Chinnong	162			0				0
Onnuri	163			0				0
Mipung	164	0						0
Boramchan	165			0				0
Donghaejinmi	166			0				0
Wonhwang	167				0			0
Goami2	168			0		0		
Jungmo1013	169				0		0	
Hwarang	170				0		0	
Jongnam	171			0				0
Juan1	172		0		0			
Nongho	173			0		0		
Keunseom	174	0				0		
Deurimi2	175			0				0
Goami4	176			0				0
Seonong6	177			0				0
Yeonghaebyeol	178			0				0
Woncheong	179		0			0		
Sinmyeongheukchal	180	0				0		
Mihyeong	181				0			0
Junam	182			0				0

Baekjinju	183		0				0
Seopyeong	184	0					0
Nampyeongbyeo	185	0			0		
Hoan	186			0	0		
Seoeun	187			0		0	
Dongan	188			0		0	
Dami	189		0		0		
Deasanbyeo	190		0		0		
Anmi	191						0
Seonong9	192			0			0
Heuknam	193				0	0	
Malgeumi	194		0				0
Dongjinchal	195			0	0		
Pyeongang	196		0				0
Sindongjin	197		0				0
Saechucheong BIL-3	198		0				0
Nokwonchal	199		0			0	
Seolgaeng	200		0		0		
Cheonghaejinmi	201						0
Jungmo1014	202		0				0
Wongwang	203			0	0		
Anda	204	0					0
Aranghyangchalbyeo	205		0				0
Sujin	206			0			0
Jungmo1009	207		0				0
Pungmil	208			0		0	
Hwasin1	209	0					0
Hwasambyeo	210		0				0
Seonong10	211		0				0
Seonong8	212			0			0
Hyangnambyeo	213		0				0
Hyanambyeo	214			0	0		
Hwasinbyeo	215	0					0
Seokjeong	216			0			0
Geumbyeo2	217	0					0
Sobi	218		0				0
Daeripjami	219	0					0
Goami	220			0	0		
Hopyeong	221		0				0
Geumtap	222		0				0
Mokyang	223				0		0
Geonganghongmi	224			0		0	
Garak	225		0				0
Saenuri	226		0				0
Jinbaek	227		0				0
Cheongpungheukchal	228		0		0		
Deuraechan	229					0	
Hwanggeumnodeul	230			0			0
Jungmo1004	231				0		
Danmi	232		0			0	
Jinsumi	233		0				0
Baekokchal	234		0				0
Heukhyang	235	0					0
Baekjinju1	236		0		0		
Sintoheukmi	237		0		0		
Seonong16	238		0				0
Jungmo1015	239						0
Syupeojami	240		0				0
Yeonghojinmi	241		0				0
Dacheong	242		0				0
Moku	243		0				0

Table 16. Number and frequency of simple sequence repeat (SSR) alleles observed in RM253.

Variety	No.	RM253							
		Alleles(bp)							
		141	139	137	135	133	131	129	127
Honggwang	1				0				
Joun	2						0		
Seolbaek	3				0				
Sinunbong1	4						0		
Dunnaebyeo	5						0		
Unjangbyeo	6						0		
Cheongbaekchal	7				0				
Goun	8							0	
Undu	9				0				
Taebong	10							0	
Odae1	11				0				
Durujinmi	12						0		
Joan	13							0	
Heukjinjubyeo	14						0		
Hwanggeumchal	15					0			
Jagwangchal	16				0				
Boseok	17						0		
Pyeongwon	18						0		
Hoban	19				0				
Unmi	20						0		
Jungmo1008	21						0		
Wolbaek	22				0				
Inwol	23						0		
Sambaekbyeo	24				0				
Joryeongbyeo	25						0		
Sangsanyeo	26				0				
Naepungbyeo	27						0		
Heukseonchal	28				0				
Munjang	29						0		
Sandeuljinmi	30						0		
Geurubyeo	31				0				
Geumyeong	32				0				
Sangjuchalbyeo	33							0	
Jungmo1007	34				0				
Manna	35				0				
Daejin	36							0	
Ansanbyeo	37				0				
Heukgawichal	38			0					
Jungmo1011	39				0				
Manchu	40				0				
Samcheonbyeo	41							0	
Junghwabyeo	42				0				
Jinbong	43							0	
Jopyeong	44				0				
Wonpyeong	45				0				
Hwadongbyeo	46				0				
Hyangmibyeo2	47	0							
Manan	48				0				
Jungmo1012	49				0				
Wonhae	50				0				
Jeokjinju	51							0	
Josaengheukchal	52							0	
Saesangju	53				0				
Geumseong	54				0				
Manho	55							0	
Sangmi	56				0				
Daechan	57							0	

Jungmo1001	58				0	
Taeseong	59					0
Hwanggeumbora	60				0	
Namil	61				0	
Jungmo1010	62			0		
Pungmi	63			0		
Wonpum	64			0		
Jeokjinjuchal	65				0	
Handeul	66			0		
Joami	67			0		
Honong	68				0	
Namcheonbyeo	69	0				
Orae	70			0		
Dasan1	71	0				
Seolhyangchal	72			0		
Juanbyeo	73			0		
Areum	74	0				
Gangbaek	75			0		
Gancheokbyeo	76				0	
Wonchu	77		0			
Dasan2	78	0				
Jungsan	79				0	
Manwol	80			0		
Cheongdam	81				0	
Geumobyeo1	82			0		
Seonong12	83	0				
Cheonga	84			0		
Manpung	85			0		
Yoonnongchamssal	86	0				
Hyangmibyeo1	87	0				
Jungan	88				0	
Seongjochal	89	0				
Nongan	90	0				
Wonmi	91				0	
Milkikwin	92					
Hangangchal1	93	0				
Hwaseonchalbyeo	94				0	
Nokyang	95			0		
Onojiinoijji	96		0			
Seomyeong	97			0		
Suan	98			0		
Gopum	99			0		
Sanggol	100			0		
Dasan	101	0				
Seonong15	102			0		
Saegyehwa	103			0		
Sinbaek	104			0		
Jinbo	105				0	
Hanmaeum	106			0		
Samdeok	107				0	
Gangchan	108			0		
Haepyeong	109				0	
Hanareum2	110	0				
Daeanbyeo	111			0		
Geumnambyeo	112				0	
Hwamyongbyeo	113			0		
Boseokchal	114				0	
Migwang	115				0	
Seoan1	116				0	
Dongbo	117				0	
Sura	118				0	
Hwabong	119			0		
Jinsang	120		0			

Yeongan	121	0	
Segyejinmi	122	0	
Suryeojimi	123		0
Cheongho	124		0
Samgwang	125		0
Heukgwang	126	0	
Seojin	127		0
Haepyeongchal	128		0
Daeripbyeol	129	0	
Dongwon	130	0	
Sangok	131		0
Jinpum	132		0
Keunnunjami	133	0	
Hongjinju	134	0	
Manmi	135	0	
Sampyeong	136	0	
Daepyeong	137		0
Gwangan	138		0
Manjong	139	0	
Neongeongbyeol	140	0	
Hwaan	141	0	
Nunbora	142	0	
Hwajungbyeol	143	0	
Dongjin1	144	0	
Keunnun	145	0	
Noreunjachal	146		0
Geuman	147		0
Seonong14	148	0	
Haiami	149	0	
Daeyabyeol	150	0	
Seogan	151	0	
Jungmo1005	152	0	
Haeoreumi	153	0	
Cheongcheongjimi	154		0
Boseokheukchal	155		0
Cheongnam	156		0
Goami3	157	0	
Jungmo1006	158	0	
Hojin	159		0
Yangjobyeol	160	0	
Dongjin2	161	0	
Chinnong	162		0
Onnuri	163	0	
Mipung	164	0	
Boramchan	165		0
Donghaejinmi	166	0	
Wonhwang	167	0	
Goami2	168	0	
Jungmo1013	169	0	
Hwarang	170		0
Jongnam	171	0	
Juan1	172	0	
Nongho	173	0	
Keunseom	174	0	
Deurimi2	175	0	
Goami4	176	0	
Seonong6	177	0	
Yeonghaebyeol	178		0
Woncheong	179	0	
Sinmyeongheukchal	180		0
Mihyeong	181	0	
Junam	182	0	
Baekjinju	183	0	

Seopyeong	184	0	
Nambyeongbyeo	185	0	
Hoan	186	0	
Seoeun	187	0	
Dongan	188	0	
Dami	189	0	
Deasanbyeo	190		0
Anmi	191	0	
Seonong9	192	0	
Heuknam	193		0
Malgeumi	194		0
Dongjinchal	195	0	
Pyeonggan	196	0	
Sindongjin	197	0	
Saechucheong BIL-3	198		0
Nokwonchal	199	0	
Seolgaeng	200	0	
Cheonghaejinmi	201	0	
Jungmo1014	202	0	
Wongwang	203	0	
Anda	204	0	
Aranghyangchalbyeo	205		0
Sujin	206	0	
Jungmo1009	207	0	
Pungmi1	208	0	
Hwasin1	209		0
Hwasambyeo	210		0
Seonong10	211		0
Seonong8	212	0	
Hyangnambyeo	213	0	
Hyanambyeo	214	0	
Hwasinbyeo	215	0	
Seokjeong	216	0	
Geumbyeo2	217	0	
Sobi	218		0
Daeripami	219	0	
Goami	220		0
Hopyeong	221	0	
Geumtap	222	0	
Mokyang	223	0	
Geonganghongmi	224	0	
Garak	225	0	
Saenuri	226		0
Jinbaek	227	0	
Cheongpungheukchal	228	0	
Deuraechan	229	0	
Hwanggeumnodeul	230		0
Jungmo1004	231	0	
Danmi	232	0	
Jinsumi	233	0	
Baekokchal	234	0	
Heukhyang	235	0	
Baekjinju1	236	0	
Sintoheukmi	237	0	
Seonong16	238		0
Jungmo1015	239	0	
Syupeojami	240	0	
Yeonghojinmi	241		0
Dacheong	242	0	
Moku	243	0	

(5) HsSSR01-52

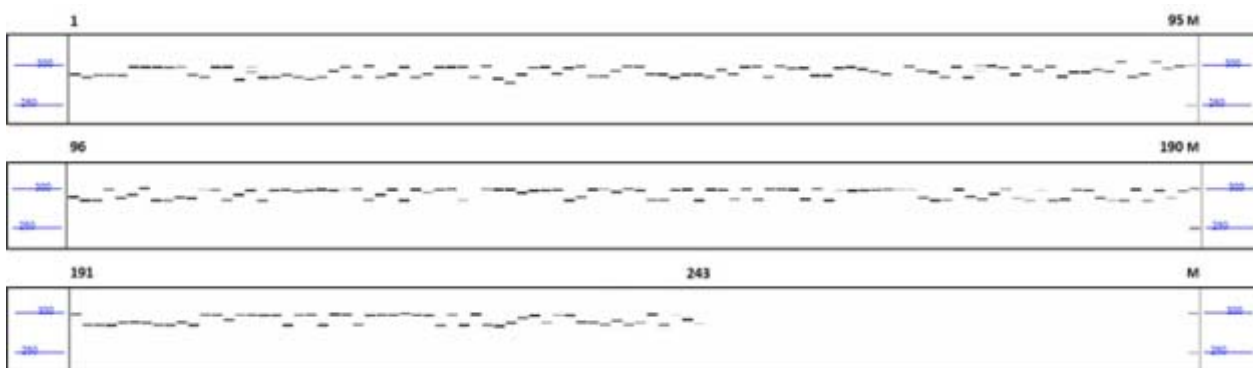


Figure 18. PCR amplification patterns of HsSSR01-52 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(6) RM580

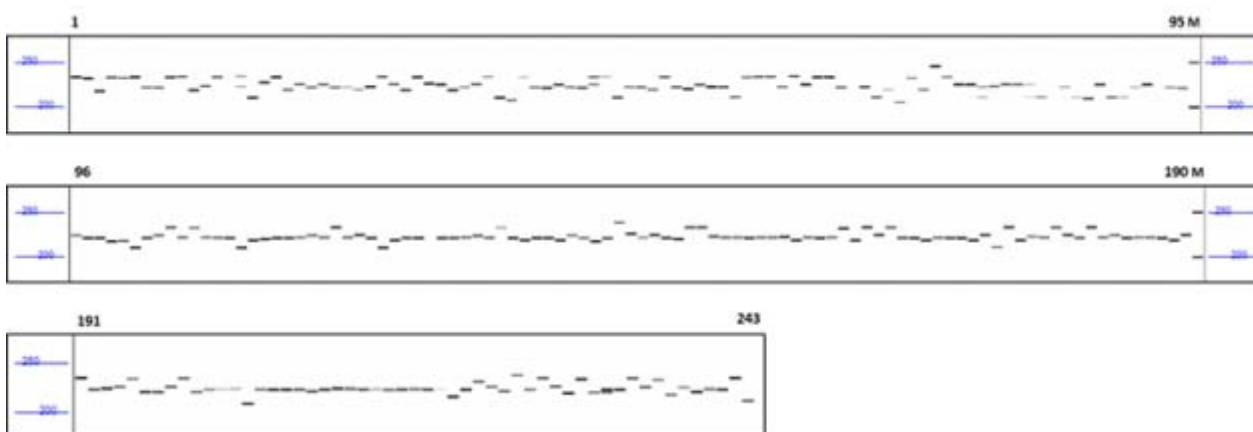


Figure 19. PCR amplification patterns of RM580 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(7) RM333



Figure 20. PCR amplification patterns of RM333 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(8) RM286

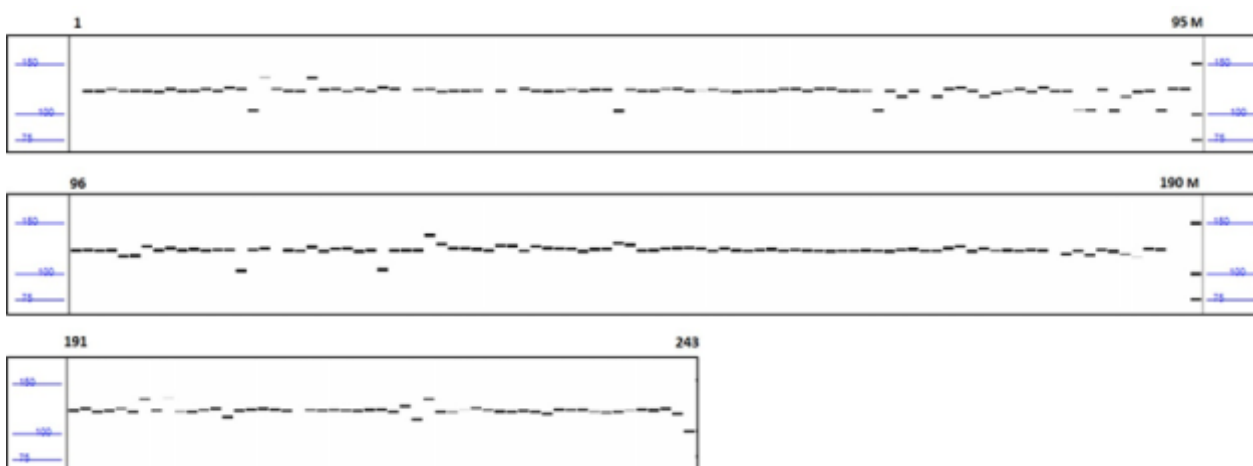


Figure 21. PCR amplification patterns of RM286 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(9) RM48

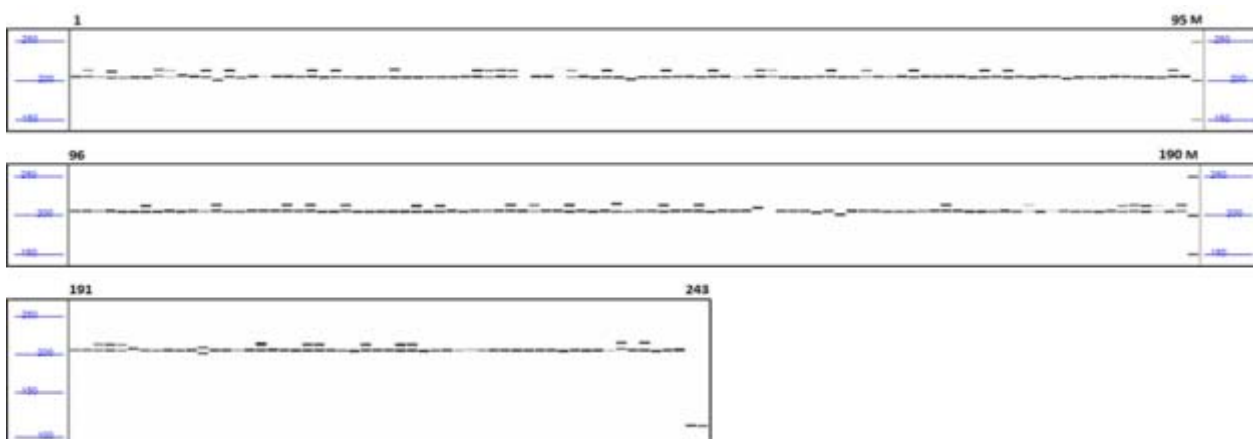


Figure 22. PCR amplification patterns of RM48 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(10) RM117

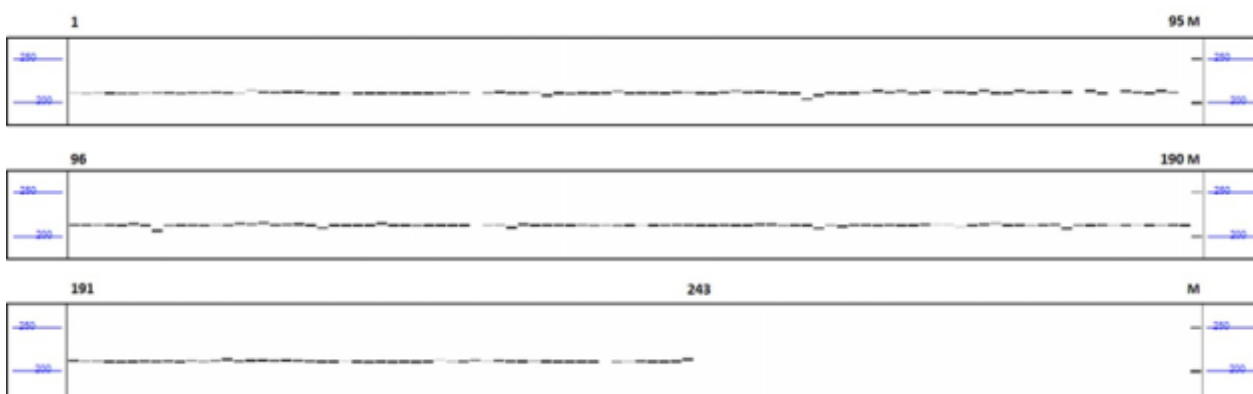


Figure 23. PCR amplification patterns of RM117 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(11) RM157

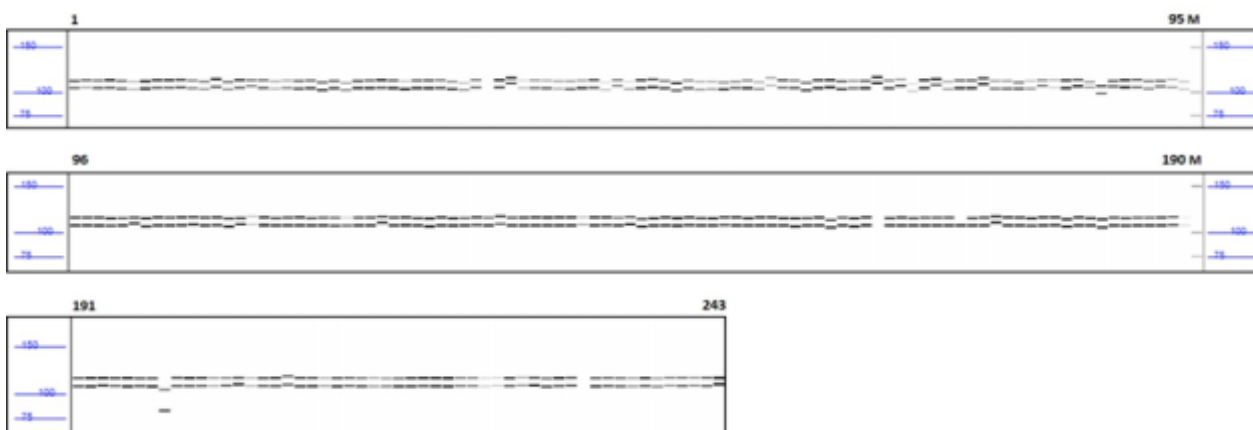


Figure 24. PCR amplification patterns of RM157 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(12) RM204

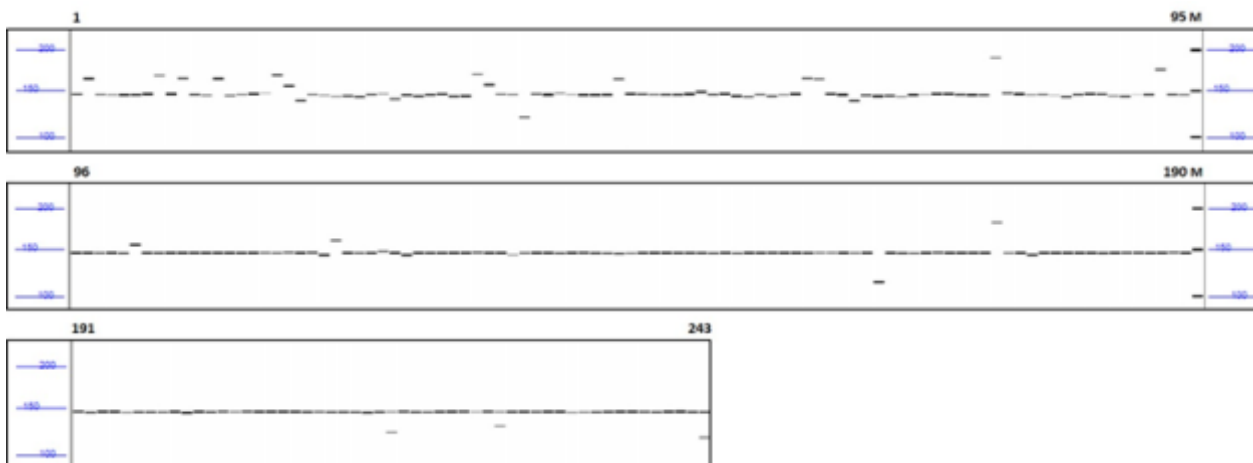


Figure 25. PCR amplification patterns of RM204 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(13) RM276

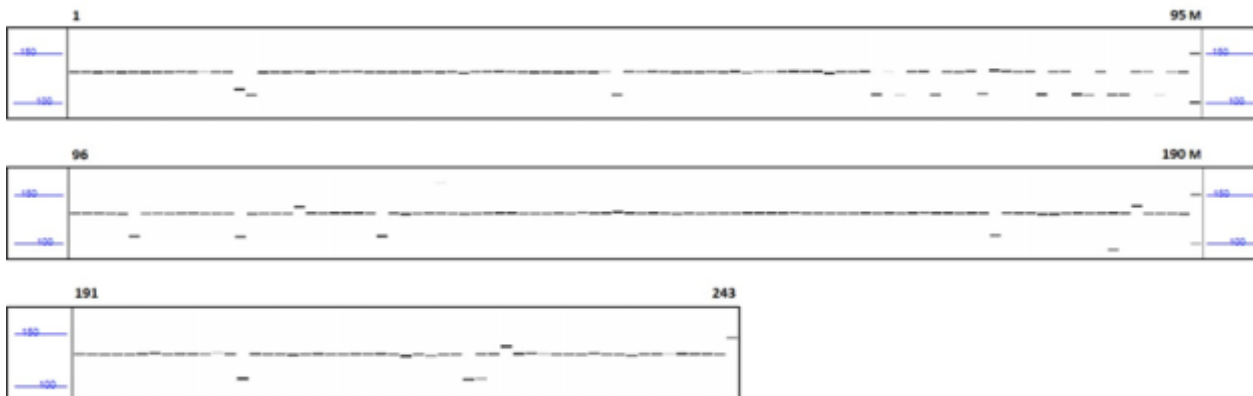


Figure 26. PCR amplification patterns of RM276 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(14) RM493

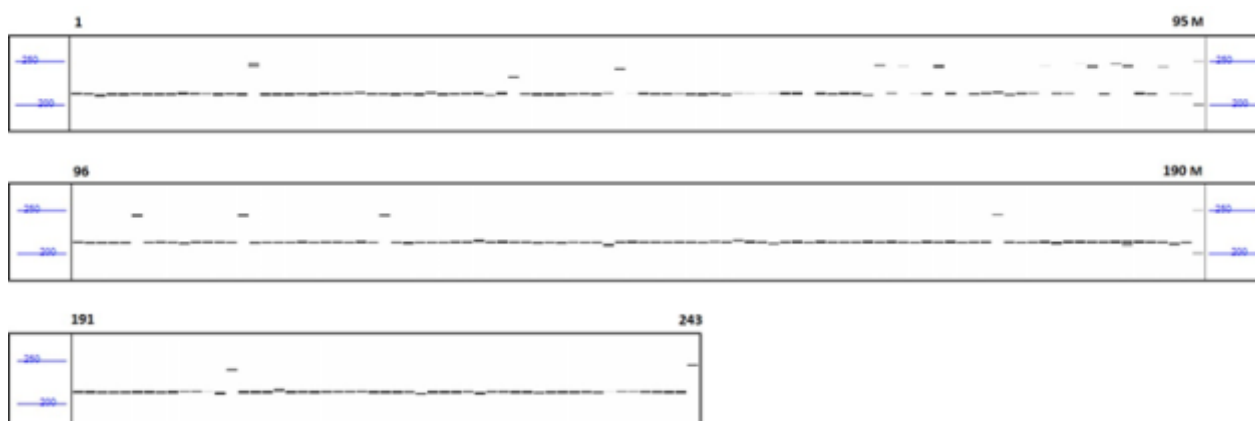


Figure 27. PCR amplification patterns of RM493 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(15) RM334

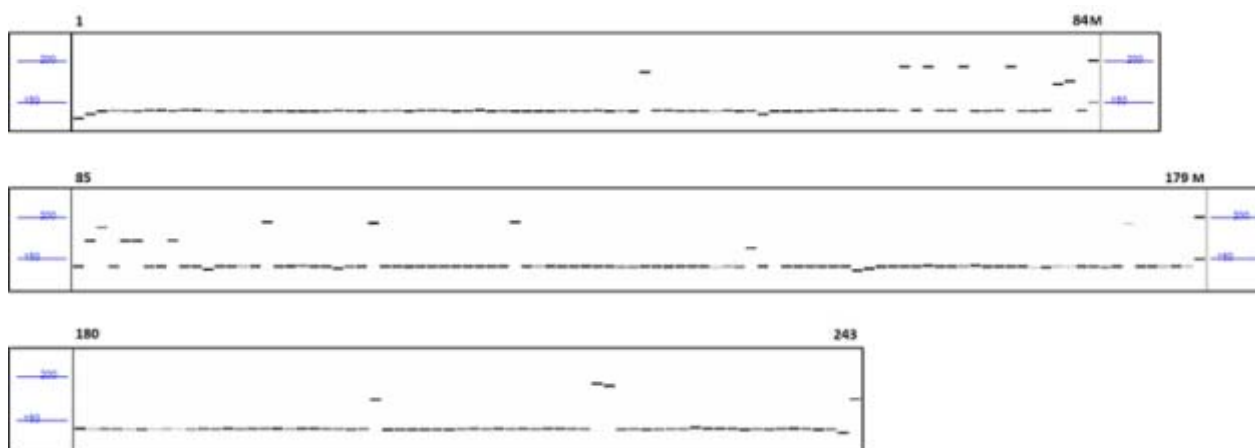


Figure 28. PCR amplification patterns of RM334 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(16) RM1306

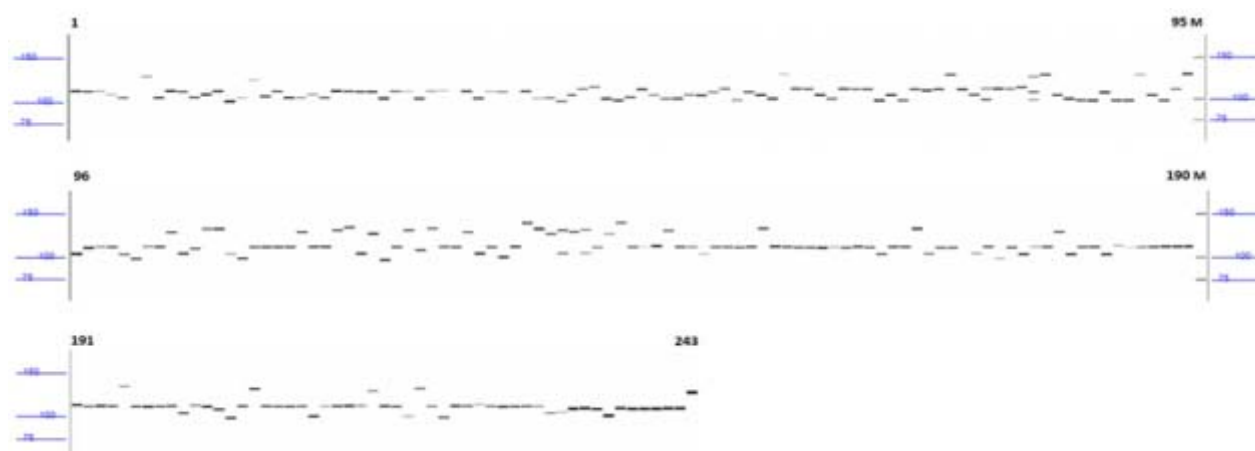


Figure 29. PCR amplification patterns of RM1306 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(17) RM241

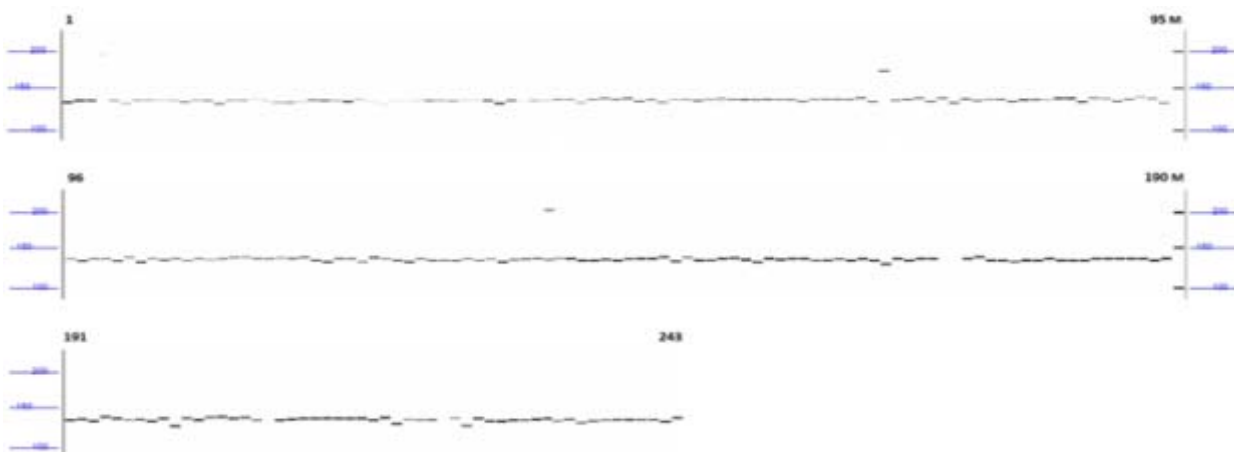


Figure 30. PCR amplification patterns of RM241 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(18) RM307

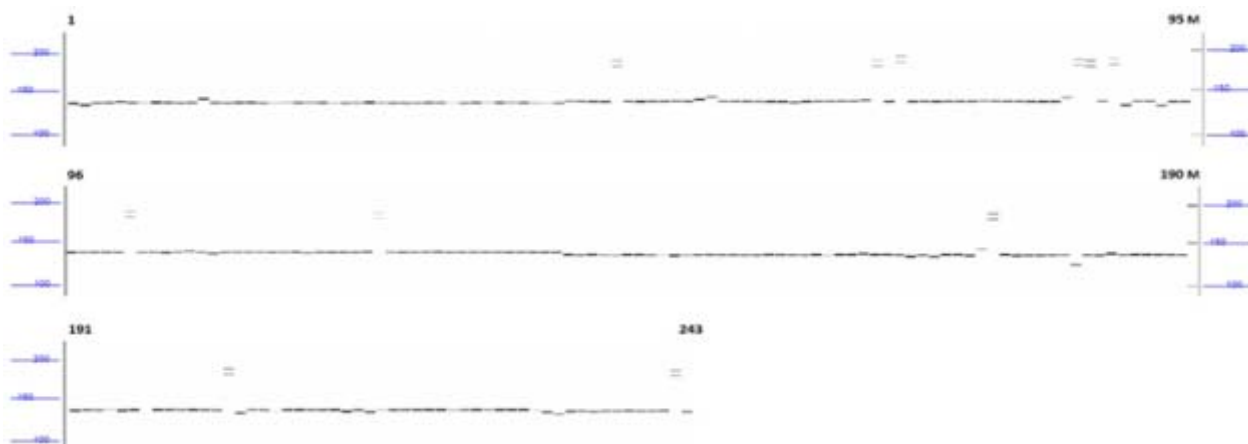


Figure 31. PCR amplification patterns of RM307 marker in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis.

(가) Scoring

Table 17. Number and frequency of simple sequence repeat (SSR) alleles observed in 243 Korean rice varieties using 10 SSR markers.

Variety	RM21	RM249	RM257	RM253	RM224	RM264	RM204	RM493	HsSSR01-52	RM307
Honggwang	138/138	128/128	154/154	136/136	128/128	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Joun	138/138	128/128	170/170	132/132	122/122	168/168	165/165	212/212	285/285	136/136
Seolbaek	138/138	146/146	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	210/210	289/289	137/137
Sinunbong1	138/138	146/146	170/170	132/132	132/132	168/168	147/147	212/212	289/289	137/137
Dunnaebyeo	138/138	128/128	172/172	132/132	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	139/139
Unjangbyeo	138/138	128/128	168/168	132/132	132/132	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Cheongbaekchal	138/138	146/146	172/172	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Goun	142/142	128/128	170/170	130/130	122/122	168/168	169/169	212/212	299/299	139/139
Undu	142/142	128/128	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Taebong	138/138	128/128	170/170	130/130	122/122	160/160	165/165	214/214	299/299	137/137
Odae1	142/142	128/128	170/170	134/134	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Durujinmi	142/142	128/128	174/174	132/132	137/137	160/160	145/145	214/214	287/287	142/142
Joan	138/138	128/128	170/170	130/130	122/122	168/168	165/165	212/212	299/299	137/137
Heukjinjubyeo	138/138	128/128	164/164	132/132	122/122	192/192	145/145	212/212	299/299	137/137
Hwanggeumchal	134/134	146/146	172/172	134/134	137/137	160/160	147/147	212/212	283/283	137/137

Jagwangchal	140/140	146/146	172/172	136/136	155/155	174/174	147/147	246/248	293/299	139/139
Boseok	138/138	128/128	172/172	132/132	122/122	160/160	147/147	212/212	285/285	137/137
Pyeongwon	150/150	124/124	164/164	132/132	122/122	160/160	169/169	212/212	285/285	137/137
Hoban	142/142	128/128	170/170	136/136	122/122	160/160	157/157	212/212	289/289	139/139
Unmi	142/142	128/128	164/164	132/132	122/122	160/160	139/139	212/212	287/287	137/137
Jungmo1008	138/138	128/128	176/176	132/132	137/137	162/162	147/147	212/212	283/283	139/139
Wolbaek	142/142	128/128	170/170	136/136	122/122	168/168	145/145	214/214	287/287	137/137
Inwol	138/138	146/146	170/170	132/132	132/132	160/160	145/145	214/214	293/293	137/137
Sambaekbye	142/142	136/136	164/164	136/136	122/122	168/168	145/145	214/214	299/299	137/137
Joryeongbye	134/134	128/128	154/154	132/132	122/122	168/168	145/145	214/214	287/287	137/137
Sangsanye	142/142	136/136	164/164	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	299/299	139/139
Naepungbye	138/138	146/146	168/168	132/132	122/122	168/168	147/147	212/212	287/287	137/137
Heukseonchal	134/134	146/146	180/180	136/136	136/136	160/160	141/141	212/212	289/289	137/137
Munjang	142/142	128/128	154/154	132/132	137/137	168/168	145/145	214/214	299/299	137/137
Sandeujiinmi	138/138	146/146	174/174	132/132	122/122	168/168	145/145	212/212	285/285	137/137
Geurubyee	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	289/289	137/137
Geumyeong	142/142	128/128	164/164	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Sangjuchalbye	142/142	146/146	180/180	130/130	128/128	160/160	145/145	212/212	299/299	137/137
Jungmo1007	138/138	146/146	170/170	136/136	122/122	168/168	145/145	214/214	299/299	137/137
Manna	138/138	146/146	172/172	136/136	155/155	168/168	171/171	214/214	287/287	137/137
Daejin	138/138	128/128	174/174	130/130	132/132	160/160	158/158	212/212	299/299	139/139
Ansanbye	132/132	128/128	170/170	136/136	132/132	168/168	147/147	214/214	285/285	137/137
Heuggawichal	156/156	146/146	164/164	137/137	122/122	170/170	147/147	232/232	279/279	139/139
Jungmo1011	138/138	136/136	170/170	136/136	128/128	168/168	122/122	212/212	289/289	137/137
Manchu	142/142	146/146	164/164	136/136	155/155	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Sancheonbye	142/142	128/128	170/170	130/130	132/132	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Junghwabyee	136/136	124/124	176/176	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	291/291	137/137
Jinbong	142/142	128/128	170/170	130/130	122/122	168/168	147/147	212/212	298/298	137/137
Jopyeong	142/142	146/146	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Wonpyeong	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	287/287	137/137
Hwadongbye	138/138	128/128	172/172	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	287/287	137/137
Hyangmibyeo2	132/132	124/124	148/148	141/141	122/122	170/170	165/165	241/241	293/293	180/187
Manan	134/134	124/124	168/168	136/136	137/137	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Jungmo1012	142/142	146/146	172/172	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	299/299	137/137
Wonhae	138/138	146/146	172/172	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Jeokjinju	138/138	128/128	168/168	130/130	122/122	168/168	147/147	212/212	289/289	137/137
Josaengheukchal	156/156	136/136	176/176	130/130	122/122	192/192	147/147	214/214	285/285	137/137
Saesangu	142/142	136/136	176/176	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Geumseong	138/138	128/128	164/164	136/136	122/122	168/168	149/149	212/212	289/289	139/139
Manho	142/142	128/128	176/176	130/130	137/137	160/160	147/147	214/214	287/287	142/142
Sangmi	142/142	136/136	164/164	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	295/295	137/137
Daechan	138/138	148/148	176/176	130/130	122/122	162/162	145/145	214/214	289/289	137/137
Jungmo1001	138/138	128/128	164/164	130/130	122/122	168/168	145/145	214/214	299/299	137/137
Taeseong	138/138	142/142	170/170	128/128	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Hwanggeumbora	138/138	128/128	170/170	130/130	122/122	162/162	145/145	214/214	287/287	137/137
Namil	134/134	124/124	178/178	130/130	122/122	168/168	147/147	214/214	299/299	137/137
Jungmo1010	150/150	128/128	164/164	136/136	137/137	168/168	147/147	214/214	298/298	137/137
Pungmi	142/142	128/128	166/166	136/136	122/122	162/162	165/165	212/212	298/298	137/137
Wonpum	134/134	128/128	172/172	136/136	122/122	162/162	165/165	214/214	289/289	137/137
Jeokjinjuchal	138/138	136/136	164/164	130/130	122/122	164/164	147/147	212/212	289/289	137/137
Handeul	138/138	136/136	164/164	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	298/298	137/137
Joami	142/142	128/128	164/164	136/136	122/122	168/168	139/139	214/214	299/299	137/137
Honong	134/134	128/128	156/156	130/130	122/122	162/162	145/145	212/212	295/295	139/139
Namcheonbye	132/132	142/142	148/148	141/141	143/143	164/164	145/145	246/246	293/293	180/187
Orae	138/138	142/142	172/172	136/136	122/122	162/162	145/145	214/214	289/289	137/137
Dasan1	150/150	128/128	148/148	141/141	155/155	170/170	145/145	246/246	?	185/192
Seolhyangchal	142/142	136/136	176/176	136/136	137/137	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Juanbye	138/138	148/148	166/166	136/136	155/155	168/168	147/147	214/214	295/295	137/137
Areum	150/150	142/142	148/148	141/141	155/155	174/174	147/147	246/246	293/293	137/137
Gangbaek	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	287/287	137/137
Gancheokbye	134/134	128/128	166/166	130/130	137/137	164/164	147/147	212/212	299/299	137/137
Wonchu	138/138	128/128	164/164	137/137	122/122	168/168	145/145	212/212	285/285	137/137
Dasan2	150/150	128/128	148/148	141/141	137/137	170/170	145/145	214/214	293/293	139/139
Jungsan	138/138	136/136	164/164	130/130	122/122	168/168	190/190	214/214	299/299	137/137
Manwol	134/134	148/148	170/170	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137

Cheongdam	150/150	124/124	164/164	130/130	122/122	164/164	147/147	214/214	289/289	137/137
Geumobyeo1	134/134	128/128	172/172	136/136	137/137	168/168	147/147	214/214	299/299	137/137
Seonong12	150/150	124/124	148/148	141/141	132/132	168/168	147/147	246/246	295/295	137/137
Cheonga	142/142	128/128	164/164	136/136	122/122	162/162	145/145	214/214	299/299	137/137
Manpung	156/156	142/142	164/164	136/136	122/122	164/164	145/145	214/214	287/287	141/141
Yoonnongchamssal	150/150	124/124	144/144	141/141	155/155	174/174	147/147	248/248	293/293	182/189
Hyangmibyeo1	132/132	124/124	148/148	141/141	155/155	174/174	147/147	244/244	293/293	180/187
Jungan	138/138	128/128	164/164	132/132	122/122	164/164	147/147	212/212	295/295	137/137
Seongjochal	150/150	124/124	144/144	139/139	155/155	174/174	145/145	248/248	293/293	182/189
Nongan	150/150	148/148	148/148	139/139	122/122	168/168	145/145	246/246	306/306	134/134
Wonmi	138/138	128/128	170/170	132/132	122/122	168/168	147/147	214/214	287/287	137/137
Milkikwin	142/142	128/128	164/164	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	289/289	137/137
Hangangchal1	150/150	120/120	144/144	139/139	155/155	174/174	177/177	244/244	306/306	134/134
Hwaseonchalbyeo	134/134	136/136	176/176	132/132	137/137	162/162	147/147	214/214	298/298	137/137
Nokyang	134/134	128/128	176/176	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Onojinoijji	142/142	128/128	164/164	137/137	122/122	162/162	147/147	212/212	291/291	137/137
Seomyeong	150/150	128/128	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Suan	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Gopum	138/138	128/128	178/178	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Sanggol	138/138	148/148	174/174	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	289/289	137/137
Dasan	150/150	124/124	148/148	139/139	132/132	170/170	157/157	244/244	293/293	182/189
Seonong15	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	301/301	137/137
Saegyehwa	142/142	128/128	172/172	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Sinbaek	138/138	128/128	172/172	136/136	122/122	164/164	147/147	212/212	287/287	137/137
Jinbo	138/138	128/128	170/170	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	289/289	137/137
Hanmaeum	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	289/289	139/139
Samdeok	138/138	128/128	170/170	132/132	122/122	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Gangchan	134/134	142/142	170/170	136/136	122/122	164/164	147/147	212/212	299/299	137/137
Haepyeong	138/138	128/128	170/170	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Hanareum2	150/150	136/136	148/148	141/141	155/155	174/174	147/147	244/244	293/293	137/137
Daeanbyeo	134/134	136/136	176/176	136/136	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Geumnabyeo	134/134	136/136	170/170	132/132	137/137	162/162	147/147	212/212	285/285	137/137
Hwamyongbyeo	134/134	128/128	172/172	136/136	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Boseokchal	138/138	128/128	172/172	132/132	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Migwang	138/138	128/128	162/162	132/132	122/122	162/162	147/147	214/214	298/298	139/139
Seoan1	140/140	148/148	166/166	132/132	137/137	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Dongbo	138/138	128/128	166/166	132/132	122/122	162/162	145/145	212/212	299/299	137/137
Sura	140/140	128/128	168/168	132/132	155/155	162/162	162/162	212/212	299/299	137/137
Hwabong	134/134	136/136	170/170	136/136	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Jinsang	140/140	128/128	162/162	137/137	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Yeongan	140/140	136/136	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	139/139
Segyejinmi	150/150	120/120	148/148	141/141	155/155	164/164	148/148	244/244	293/293	180/187
Suryeojimi	134/134	128/128	172/172	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Cheongho	134/134	128/128	156/156	132/132	137/137	164/164	145/145	212/212	287/287	137/137
Samgwang	138/138	128/128	166/166	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Heukgwang	138/138	128/128	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	298/298	137/137
Seojin	138/138	128/128	168/168	132/132	122/122	164/164	147/147	212/212	299/299	139/139
Haepyeongchal	134/134	128/128	172/172	132/132	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Daeripbyeo1	138/138	128/128	168/168	136/136	155/155	166/166	147/147	212/212	287/287	137/137
Dongwon	140/140	128/128	162/162	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	287/287	137/137
Sangok	134/134	128/128	166/166	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Jinpum	138/138	128/128	164/164	132/132	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Keunnunjami	138/138	128/128	164/164	136/136	122/122	168/168	145/145	212/212	299/299	137/137
Hongjinju	140/140	148/148	170/170	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	295/295	137/137
Manmi	138/138	146/146	154/154	136/136	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Sampyeong	134/134	128/128	164/164	136/136	122/122	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Daepyeong	138/138	128/128	170/170	132/132	137/137	168/168	147/147	212/212	299/299	137/137
Gwangan	138/138	128/128	164/164	132/132	122/122	166/166	147/147	212/212	287/287	137/137
Manjong	138/138	148/148	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	291/291	137/137
Neongeongbyeo	134/134	146/146	170/170	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Hwaan	134/134	128/128	162/162	136/136	122/122	168/168	147/147	210/210	299/299	137/137
Nunbora	138/138	120/120	170/170	136/136	132/132	152/152	147/147	212/212	298/298	137/137
Hwajungbyeo	134/134	128/128	162/162	136/136	122/122	166/166	147/147	214/214	301/301	137/137
Dongjin1	140/140	128/128	162/162	136/136	122/122	148/148	147/147	212/212	299/299	137/137
Keunnun	156/156	128/128	160/160	136/136	137/137	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137

Noreunjachal	134/134	120/120	170/170	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Geuman	150/150	128/128	170/170	132/132	122/122	164/164	147/147	212/212	299/299	137/137
Seonong14	138/138	140/140	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Haiami	134/134	128/128	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Daeyabyeo	134/134	128/128	170/170	136/136	122/122	164/164	147/147	214/214	299/299	137/137
Seogan	138/138	128/128	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Jungmo1005	138/138	128/128	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	287/287	137/137
Haoreumi	138/138	128/128	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Cheongcheongiimi	134/134	128/128	154/154	132/132	137/137	164/164	147/147	212/212	287/287	137/137
Boseokheukchal	134/134	148/148	172/172	132/132	122/122	166/166	147/147	212/212	299/299	137/137
Cheongnam	138/138	128/128	162/162	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Goami3	138/138	148/148	172/172	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Jungmo1006	134/134	146/146	162/162	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Hojin	138/138	146/146	154/154	132/132	122/122	162/162	147/147	214/214	301/301	137/137
Yangjobyeyo	134/134	136/136	174/174	136/136	155/155	162/162	147/147	212/212	287/287	137/137
Dongjin2	138/138	128/128	154/154	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Chinnong	138/138	128/128	172/172	132/132	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Onnuri	138/138	128/128	172/172	136/136	122/122	164/164	147/147	214/214	299/299	139/139
Mipung	156/156	128/128	166/166	136/136	122/122	162/162	116/116	212/212	299/299	137/137
Boramchan	138/138	128/128	172/172	132/132	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Donghaejinmi	138/138	128/128	154/154	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	299/299	137/137
Wonhwang	134/134	128/128	172/172	136/136	137/137	162/162	147/147	212/212	299/299	136/136
Goami2	138/138	146/146	172/172	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	289/289	137/137
Jungmo1013	136/136	130/130	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	212/212	287/287	136/136
Hwarang	134/134	140/140	164/164	132/132	122/122	164/164	147/147	214/214	287/287	137/137
Jongnam	136/136	130/130	170/170	136/136	137/137	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Juan1	140/140	148/148	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	291/291	137/137
Nongho	136/136	146/146	170/170	136/136	137/137	160/160	147/147	212/212	287/287	143/143
Keunseom	150/150	146/146	146/146	141/141	122/122	162/162	183/183	246/246	295/295	182/189
Deurimi2	140/140	130/130	164/164	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Goami4	140/140	146/146	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Seonong6	140/140	130/130	164/164	136/136	122/122	166/166	145/145	212/212	287/287	137/137
Yeonghaebyeoyeo	140/140	130/130	166/166	132/132	137/137	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Woncheong	142/142	146/146	170/170	136/136	155/155	164/164	147/147	212/212	287/287	137/137
Sinmyeongheukchal	156/156	146/146	164/164	132/132	137/137	160/160	147/147	214/214	287/287	137/137
Mihyeong	136/136	130/130	170/170	136/136	137/137	162/162	147/147	214/214	299/299	125/125
Junam	140/140	130/130	166/166	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Baekjinju	140/140	130/130	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Seopyeong	142/142	130/130	166/166	136/136	137/137	160/160	147/147	214/214	287/287	139/139
Nampyeongbyeoyeo	156/156	146/146	164/164	136/136	137/137	160/160	147/147	210/214	287/287	137/137
Hoan	136/136	146/146	164/164	136/136	122/122	166/166	147/147	214/214	299/299	137/137
Seoeun	136/136	136/136	174/174	136/136	122/122	166/166	147/147	212/212	285/285	137/137
Dongan	136/136	136/136	154/154	136/136	137/137	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Dami	140/140	146/146	164/164	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Deasanbyeoyeo	140/140	146/146	154/154	132/132	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Anmi	140/140	130/130	166/166	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Seonong9	136/136	130/130	174/174	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	287/287	137/137
Heuknam	134/134	148/148	164/164	132/132	122/122	160/160	147/147	212/212	287/287	137/137
Malgeumi	140/140	130/130	164/164	132/132	122/122	168/168	147/147	212/212	285/285	137/137
Dongjinchal	136/136	148/148	154/154	136/136	137/137	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Pyeongang	140/140	130/130	166/166	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Sindongjin	140/140	130/130	166/166	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	??
Saechucheong BIL-3	140/140	130/130	162/162	132/132	122/122	168/168	147/147	212/212	287/287	137/137
Nokwonchal	140/140	140/140	174/174	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	285/285	137/137
Seolgaeng	140/140	148/148	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Cheonghaejinmi	140/140	128/128	174/174	136/136	155/155	160/160	147/147	214/214	285/285	137/137
Jungmo1014	140/140	130/130	166/166	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Wongwang	136/136	146/146	170/170	136/136	137/137	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Anda	150/150	128/128	146/146	141/141	132/132	170/170	147/147	239/239	293/293	182/189
Aranghyangchalbyeoyeo	142/142	130/130	170/170	132/132	137/137	160/160	147/147	214/214	299/299	134/134
Sujin	136/136	130/130	170/170	136/136	137/137	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Jungmo1009	140/140	130/130	166/166	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Pungmi1	136/136	140/140	170/170	136/136	137/137	164/164	147/147	216/216	299/299	136/136
Hwasin1	156/156	128/128	166/166	132/132	122/122	162/162	147/147	214/214	285/285	137/137
Hwasambyeoyeo	140/140	130/130	170/170	132/132	122/122	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137

Seonong10	142/142	130/130	170/170	132/132	122/122	168/168	147/147	214/214	299/299	137/137
Seonong8	136/136	130/130	172/172	136/136	122/122	168/168	147/147	214/214	285/285	137/137
Hyangnambyeo	142/142	130/130	174/174	136/136	137/137	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Hyanambyeo	136/136	146/146	170/170	136/136	137/137	160/160	147/147	214/214	299/299	136/136
Hwasinbyeo	156/156	128/128	174/174	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	287/287	137/137
Seokjeong	136/136	130/130	166/166	136/136	122/122	164/164	147/147	214/214	299/299	136/136
Geumobyeo2	156/156	130/130	170/170	136/136	122/122	168/168	125/147	214/214	299/299	137/137
Sobi	142/142	130/130	170/170	132/132	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Daeripjami	156/156	130/130	166/166	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Goami	136/136	146/146	156/156	132/132	137/137	164/164	147/147	212/212	299/299	137/137
Hopyeong	140/140	130/130	170/170	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	297/297	137/137
Geumtap	140/140	128/128	164/164	136/136	155/155	160/160	147/147	214/214	285/285	137/137
Mokyang	134/134	128/128	170/170	136/136	155/155	170/170	147/147	214/214	299/299	137/137
Geonganghongmi	136/136	140/140	156/156	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	285/285	137/137
Garak	136/136	128/128	176/176	136/136	122/122	166/166	147/147	212/212	299/299	137/137
Saenuri	134/134	128/128	156/156	132/132	122/122	160/160	132/147	214/214	287/287	137/137
Jimbaek	138/138	128/128	172/172	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	285/285	137/137
Cheongpungheukchal	132/132	148/148	220/220	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Deuraechan	138/138	136/136	174/174	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	295/295	137/137
Hwanggeumnodeul	138/138	128/128	176/176	132/132	122/122	160/160	147/147	212/212	299/299	137/137
Jungmo1004	142/142	148/148	180/180	136/136	122/122	166/166	147/147	212/212	289/289	136/136
Danmi	142/142	136/136	172/172	136/136	122/122	166/166	147/147	212/212	299/299	134/134
Jinsumi	138/138	128/128	160/160	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	299/299	137/137
Baekokchal	138/138	128/128	176/176	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Heukhyang	156/156	128/128	174/174	136/136	122/122	160/160	147/147	212/212	289/289	137/137
Baekjinju1	138/138	148/148	178/178	136/136	122/122	166/166	147/147	214/214	287/287	137/137
Sintoheukmi	132/132	148/148	180/180	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	291/291	137/137
Seonong16	134/134	128/128	172/172	132/132	137/137	166/166	147/147	214/214	287/287	137/137
Jungmo1015	142/142	128/128	174/174	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	289/289	137/137
Syupeojami	152/152	128/128	176/176	136/136	122/122	162/162	147/147	214/214	299/299	137/137
Yeonghojinmi	134/134	128/128	156/156	132/132	122/122	160/160	147/147	214/214	287/287	137/137
Dacheong	138/138	128/128	180/180	136/136	122/122	160/160	147/147	214/214	299/299	182/189
Moku	170/170	124/124	148/148	141/141	143/143	172/172	119/147	246/246	293/293	137/137

Table 18. Number and frequency of simple sequence repeat (SSR) alleles observed in 243 Korean rice varieties using 10 SSR markers.

Variety	RM276	RM333	RM117	RM580	RM241	RM334	RM48	RM1306	RM157	RM286
Honggwang	132/132	196/196	213/213	234/234	134/134	142/142	206/206	114/114	106/114	??
Joun	132/132	186/186	211/211	234/234	136/136	142/142	206/214	114/114	106/114	124/124
Seolbaek	132/132	188/188	213/213	218/218	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	124/124
Sinunbong1	132/132	210/210	213/213	234/234	196/196	142/142	206/212	110/110	106/114	126/126
Dunnaebyeo	132/132	212/212	211/211	234/234	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Unjangbyeo	132/132	186/186	211/211	234/234	132/132	142/142	206/206	??	104/114	124/124
Cheongbaekchal	132/132	186/186	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	130/130	106/114	124/124
Goun	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	142/142	208/2214	106/106	106/114	124/124
Undu	132/132	210/210	213/213	234/234	136/136	142/142	206/213	114/114	106/114	126/126
Taebong	132/132	222/222	211/211	234/234	136/136	142/142	208/208	114/114	106/116	124/124
Odae1	130/130	186/186	211/211	220/220	134/134	141/141	206/206	106/106	105/114	124/124
Durujinmi	132/132	190/190	213/213	224/224	136/136	142/142	206/213	110/110	106/114	126/126
Joan	132/132	212/212	213/213	234/234	136/136	142/142	202/202	114/114	108/116	124/124
Heukjinjubyeo	132/132	173/173	213/213	??	132/132	142/142	206/213	102/102	104/112	128/128
Hwanggeumchal	114/114	210/210	213/213	224/236	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	126/126
Jagwangchal	108/108	186/186	215/215	212/212	136/136	142/142	206/206	126/126	108/114	104/104
Boseok	132/132	190/190	213/213	228/228	138/138	142/142	206/206	108/108	106/114	137/137
Pyeongwon	132/132	188/188	213/213	234/234	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	126/126
Hoban	132/132	188/188	213/213	220/220	134/134	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Unmi	132/132	222/222	213/213	226/226	134/134	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Jungmo1008	132/132	188/188	213/213	224/224	134/134	142/142	206/214	110/110	106/114	136/136
Wolbaek	132/132	186/186	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	106/106	104/112	126/126
Inwol	132/132	186/186	213/213	224/224	136/136	142/142	206/213	114/114	106/114	126/126
Sambaekbyeo	132/132	222/222	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	104/112	124/124
Joryeongbyeo	132/132	222/222	211/211	220/220	134/134	142/142	206/206	114/114	106/114	126/126
Sangsanyeo	132/132	222/222	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	114/114	106/114	124/124

Naepungbyeo	132/132	186/186	211/211	234/234	134/134	142/142	206/206	106/106	106/114	128/128
Heukseonchal	132/132	200/200	213/213	226/226	132/132	142/142	206/215	114/114	106/114	126/126
Munjang	132/132	222/222	213/213	220/220	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	??
Sandeujiinmi	132/132	186/186	213/213	234/234	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	126/126
Geurubyeo	132/132	186/186	213/213	228/228	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	126/126
Geumyeong	132/132	220/220	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	124/124
Sangjuchalbyeo	132/132	228/228	213/213	220/220	136/136	142/142	206/206	??	106/114	124/124
Jungmo1007	130/130	222/222	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	104/112	124/124
Manna	132/132	190/190	??	226/226	136/136	142/142	206/214	106/106	106/114	124/124
Daejin	132/132	186/186	213/213	234/234	136/136	142/142	206/213	114/114	??	??
Ansanbyeo	132/132	200/200	213/213	212/212	136/136	142/142	206/214	112/112	106/114	124/124
Heukgawichal	132/132	204/204	213/213	208/208	132/132	142/142	206/213	??	110/118	??
Jungmo1011	132/132	220/220	213/213	234/234	136/136	142/142	??	114/114	106/114	126/126
Manchu	132/132	186/210	213/213	224/224	134/134	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Samcheonbyeo	132/132	186/186	209/209	222/222	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Junghwabyeo	132/132	186/186	213/213	226/226	136/136	142/142	206/216	102/102	106/114	124/124
Jimbong	132/132	186/186	211/211	224/224	136/136	142/142	206/213	106/106	106/114	126/126
Jopyeong	132/132	210/210	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	112/112	106/114	124/124
Wonpyeong	132/132	186/186	211/211	226/234	132/132	142/142	206/206	116/116	106/114	126/126
Hwadongbyeo	132/132	186/186	213/213	234/234	136/136	142/142	206/213	100/100	104/112	126/126
Hyangmibyeo2	108/108	182/182	213/213	212/212	138/138	187/187	206/206	98/98	108/114	104/104
Manan	132/132	208/208	213/213	224/224	136/136	142/142	202/202	104/104	106/114	126/126
Jungmo1012	132/132	222/222	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	112/112	106/114	124/124
Wonhae	132/132	190/190	213/213	220/220	134/134	142/142	206/206	106/106	106/116	124/124
Jeokjinju	132/132	186/186	211/211	234/234	136/136	142/142	206/213	100/100	106/114	126/126
Josaengheukchal	132/132	173/173	213/213	224/224	134/134	142/142	206/206	102/102	104/112	126/126
Saesangju	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Geumseong	132/132	222/222	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	106/106	104/114	124/124
Manho	132/132	188/188	211/211	224/224	134/134	142/142	206/213	108/108	106/114	126/126
Sangmi	132/132	222/222	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	104/112	124/124
Daechan	132/132	186/186	215/215	212/212	134/138	138/138	206/206	98/98	106/114	124/124
Jungmo1001	132/132	186/186	213/213	234/234	136/136	142/142	206/206	110/110	106/114	124/124
Taeseong	132/132	224/224	213/213	234/234	136/136	142/142	206/214	106/106	106/112	124/124
Hwanggeumbora	132/132	168/168	213/213	234/234	136/136	142/142	206/214	102/102	108/118	124/124
Namil	132/132	204/204	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	130/130	106/114	126/126
Jungmo1010	132/132	228/228	213/213	236/236	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	126/126
Pungni	132/132	220/220	205/205	226/226	136/136	142/142	206/206	112/112	104/112	124/124
Wonpum	132/132	173/173	209/209	234/234	134/134	142/142	206/206	106/106	106/114	126/126
Jeokjinjuchal	130/130	182/182	213/213	234/234	136/136	142/142	206/214	100/100	106/114	126/126
Handeul	132/132	228/228	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	112/112	106/114	124/124
Joami	132/132	222/222	213/213	??	136/136	142/142	206/206	112/112	106/114	124/124
Honong	132/132	220/220	213/213	224/224	136/136	142/142	206/213	112/112	106/114	124/124
Namcheonbyeo	108/108	188/188	215/215	212/212	138/138	194/194	206/206	98/98	112/118	104/104
Orae	132/132	190/190	213/213	220/220	134/134	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Dasan1	108/108	184/184	215/215	206/206	173/173	194/194	206/206	98/98	108/116	118/118
Seolhyangchal	132/132	173/173	213/213	234/234	136/136	142/142	206/213	112/112	102/110	124/124
Juanbyeo	132/132	190/190	213/213	220/220	136/136	142/142	206/206	112/112	106/114	??
Areum	108/108	184/184	215/215	246/246	138/138	194/194	206/206	112/112	110/116	118/118
Gangbaek	132/132	186/186	213/213	234/234	134/134	142/142	206/206	130/130	106/114	126/126
Gancheokbyeo	132/132	173/173	213/213	226/226	138/138	142/142	206/206	112/112	106/114	128/128
Wonchu	132/132	216/216	213/213	226/226	132/132	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Dasan2	108/108	184/184	215/215	212/224	136/136	194/194	206/214	114/114	110/116	118/118
Jungsan	134/134	224/224	213/213	224/224	134/134	142/142	206/206	114/114	106/114	122/122
Manwol	132/132	186/186	213/213	226/226	136/136	142/142	206/213	114/114	106/114	124/124
Cheongdam	132/132	228/228	215/215	226/226	136/136	142/142	206/206	114/114	106/112	126/126
Geumbyeol	132/132	184/222	213/213	212/226	134/134	172/172	206/206	110/128	106/114	124/124
Seonong12	108/108	200/200	213/213	212/212	136/136	176/176	206/206	130/130	108/114	128/128
Cheonga	132/132	186/186	213/213	??	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Manpung	132/132	190/190	213/213	224/224	136/136	142/142	204/204	100/100	106/114	124/124
Yoonnongchamssal	108/108	186/186	??	212/212	138/138	172/172	206/206	98/98	108/116	106/106
Hyangmibyeol	108/108	??	215/215	210/210	138/138	187/187	206/206	98/98	106/112	106/106
Jungan	132/132	188/188	211/211	226/226	134/134	142/142	206/206	108/108	100/108	126/126
Seongiochal	108/108	184/184	??	212/212	138/138	172/172	206/206	98/98	108/114	104/104

Nongan	108/108	192/192	213/213	212/212	138/138	172/172	206/206	98/98	106/114	118/118
Wonmi	132/132	206/206	213/213	224/224	134/134	142/142	206/206	130/130	106/116	124/124
Milikkwin	132/132	224/224	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	106/106	106/114	124/124
Hangangchal	108/108	192/192	215/215	212/212	140/140	174/174	206/206	98/98	108/114	106/106
Hwaseonchalbyeo	132/132	173/173	213/213	224/224	138/138	142/142	206/214	112/112	106/116	126/126
Nokyang	132/132	186/186	??	222/222	132/132	142/142	206/206	130/130	104/114	126/126
Onojinojiji	132/132	222/222	215/215	226/226	136/136	140/140	206/206	106/106	108/116	124/124
Seomyeong	132/132	222/222	215/215	222/222	134/134	142/142	206/206	112/112	108/116	124/124
Suan	132/132	220/220	215/215	222/222	136/136	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Gopum	132/132	224/224	215/215	218/218	136/136	142/142	206/206	112/112	108/116	124/124
Sanggal	132/132	190/190	213/213	220/220	134/134	142/142	206/206	104/104	108/116	118/118
Dasan	108/108	176/176	215/215	212/212	138/138	194/194	206/206	98/98	110/116	118/118
Seonong15	132/132	173/173	213/213	222/222	132/132	142/142	206/213	114/114	108/116	128/128
Saegyehewa	132/132	192/192	207/207	226/226	136/136	142/142	206/206	114/114	108/118	124/124
Sinbaek	132/132	188/188	213/213	234/234	134/134	144/144	206/206	130/130	108/116	126/126
Jimbo	132/132	228/228	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	106/106	110/118	124/124
Hanmaeum	132/132	220/220	213/213	234/234	134/134	142/142	206/206	112/112	110/118	126/126
Samdeok	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	140/140	206/206	134/134	108/116	124/124
Gangchan	132/132	188/188	215/215	222/222	136/136	142/142	206/214	134/134	110/118	124/124
Haepyong	132/132	188/188	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	106/106	108/116	124/124
Hanareum2	108/108	184/184	215/215	212/212	138/138	194/194	206/206	100/100	110/116	104/104
Daeanbyeo	132/132	173/173	215/215	220/220	138/138	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Geumnabyeo	132/132	224/224	217/217	220/220	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	126/126
Hwamyongbyeo	132/132	173/173	215/215	222/222	136/136	142/142	208/208	112/112	108/116	??
Boseokchal	132/132	220/220	215/215	222/222	138/138	142/142	206/214	112/112	108/116	124/124
Migwang	138/138	196/196	215/215	222/222	136/136	142/142	206/206	130/130	108/118	124/124
Seoan1	132/132	173/173	213/213	226/226	138/138	142/142	206/214	114/114	108/116	128/128
Dongbo	132/132	220/220	211/211	222/222	134/134	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Sura	132/132	190/190	213/213	234/234	132/132	142/142	206/206	132/132	108/116	126/126
Hwabong	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	142/142	206/214	136/136	108/116	126/126
Jinsang	132/132	188/188	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	106/106	108/116	124/124
Yeongan	132/132	173/173	213/213	222/222	132/132	142/142	206/206	128/128	108/116	124/124
Segyejinmi	108/108	184/188	215/215	212/212	138/138	194/194	206/206	98/98	112/118	106/106
Suryeojimi	132/132	220/220	213/213	220/220	136/136	142/142	206/206	112/112	108/116	124/124
Cheongho	132/132	210/210	213/213	222/222	134/134	142/142	206/206	132/132	110/118	124/124
Samgwang	132/132	222/222	213/213	222/222	132/132	142/142	206/213	110/110	108/116	124/124
Heukgwang	132/132	220/220	213/213	??	136/136	142/142	206/206	134/134	108/116	139/139
Seojin	132/165	206/206	213/213	222/222	134/134	142/142	206/213	114/114	108/118	130/130
Haepyongchal	132/132	186/186	213/213	222/222	134/134	142/142	206/206	112/112	108/116	126/126
Daeripbyeol	132/132	188/188	213/213	222/222	134/134	142/142	206/206	130/130	108/116	126/126
Dongwon	132/132	190/190	??	224/224	136/136	142/142	206/206	106/106	110/118	126/126
Sangok	132/132	216/216	213/213	222/222	134/134	142/142	206/206	112/112	108/116	124/124
Jinpum	132/132	222/222	215/215	234/234	136/136	142/142	206/206	102/102	110/118	128/128
Keunnunjami	132/132	173/173	211/211	222/222	132/132	142/142	206/214	114/114	108/116	128/128
Hongjinju	132/132	182/182	215/215	220/220	136/136	142/142	206/206	140/140	108/116	124/124
Manmi	132/132	224/224	213/213	222/222	136/136	142/142	206/214	134/134	108/118	128/128
Sampyeong	132/132	188/188	215/215	222/222	136/136	142/142	206/206	128/128	108/116	126/126
Daepyong	132/132	222/222	215/215	220/220	136/201	142/142	206/206	106/132	108/118	126/126
Gwangan	132/132	206/206	213/213	226/226	138/138	142/142	206/213	130/130	108/118	126/126
Manjong	132/132	190/190	215/215	222/222	136/136	142/142	206/206	132/132	110/118	124/124
Neomgeongbyeo	132/132	224/224	213/213	218/218	136/136	142/142	206/206	112/112	108/118	126/126
Hwaan	132/132	206/206	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	128/128	110/118	126/126
Nunbora	134/134	212/212	213/213	239/239	136/136	164/164	206/215	140/140	108/116	132/132
Hwajungbyeo	132/132	206/206	213/213	226/226	134/134	142/142	206/206	114/114	110/118	130/130
Dongjin1	132/132	224/224	213/213	222/222	136/136	??	206/206	114/114	108/116	124/124
Keunnun	132/132	190/190	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Noreunjachal	132/132	206/206	213/213	222/222	138/138	142/142	206/213	132/132	108/118	126/126
Geuman	132/132	194/194	215/215	220/220	138/138	142/142	206/206	114/114	108/116	126/126
Seonong14	132/132	204/204	215/215	234/234	134/134	142/142	208/208	114/114	110/118	126/126
Haiami	132/132	173/173	213/213	234/234	138/138	142/142	206/214	106/106	108/116	126/126
Daeyabyeo	132/132	206/206	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Seogan	132/132	220/220	215/215	222/222	136/136	138/138	206/206	114/114	110/118	126/126
Jungmo1005	132/132	226/226	213/213	222/222	136/136	140/140	206/206	112/112	108/118	124/124

Haeoreumi	132/132	188/188	213/213	222/222	138/138	142/142	208/208	114/114	108/116	124/124
Cheongcheongiimi	132/132	210/210	215/215	222/222	136/136	142/142	210/210	134/134	108/118	124/124
Boseokheukchal	132/132	173/173	215/215	222/222	134/134	142/142	??	114/114	108/118	126/126
Cheongnam	132/132	190/190	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Goami3	132/132	192/192	213/213	220/220	136/136	144/144	206/206	112/112	108/116	124/124
Jungmo1006	132/132	224/224	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	112/112	108/116	124/124
Hojin	132/132	222/222	211/211	222/222	136/136	142/142	204/204	112/112	108/116	124/124
Yangjobyeo	132/132	224/224	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	114/114	106/114	124/124
Dongjin2	132/132	220/220	213/213	232/232	136/136	144/144	202/202	112/112	108/116	124/124
Chinnong	132/132	220/220	215/215	220/220	136/136	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Onnuri	132/132	222/222	215/215	234/234	134/134	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Mipung	132/132	218/218	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	106/106	??	124/124
Boramchan	132/132	220/220	215/215	234/234	134/134	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Donghaejinmi	132/132	220/220	213/213	222/222	130/130	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Wonhwang	132/132	224/224	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	134/134	108/116	126/126
Goami2	132/132	190/190	215/215	220/220	134/134	142/142	206/206	106/106	108/116	124/124
Jungmo1013	132/132	224/224	215/215	222/222	138/138	142/142	208/208	112/112	108/116	124/124
Hwarang	132/132	222/222	215/215	222/222	136/136	142/142	206/214	112/112	108/116	126/126
Jongnam	132/132	220/220	213/213	222/222	??	142/142	206/206	??	108/500	128/128
Juan1	132/132	190/190	213/213	220/220	??	142/142	206/206	106/106	108/116	124/124
Nongho	132/132	220/220	215/215	226/226	136/136	142/142	206/206	114/114	108/116	126/126
Keunseom	108/108	186/186	215/215	212/212	140/140	192/192	206/206	100/100	112/118	124/124
Deurimi2	132/132	222/222	213/213	234/234	136/136	142/142	206/206	112/112	108/118	124/124
Goami4	132/132	190/190	215/215	220/220	136/136	142/142	206/206	106/106	108/116	124/124
Seonong6	132/132	216/216	213/213	224/224	134/134	142/142	206/214	114/114	108/116	124/124
Yeonghaebyeo	132/132	222/222	215/215	222/222	136/136	142/142	206/206	114/114	108/118	124/124
Woncheong	132/132	188/188	215/215	234/234	136/136	142/142	206/206	130/130	110/118	??
Sinmyeongheukchal	132/132	204/204	211/211	226/226	136/136	142/142	206/206	104/104	108/116	??
Mihyeong	132/132	208/208	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	114/114	108/118	124/124
Junam	132/132	??	213/213	234/234	134/134	142/142	206/206	114/114	108/116	120/120
Baekjinju	132/132	190/190	215/215	222/222	136/136	142/142	206/206	106/106	106/116	124/124
Seopyeong	132/132	194/194	213/213	226/226	136/136	142/142	206/206	114/114	108/116	124/124
Nampyeongbyeo	132/132	190/190	213/213	222/222	136/136	142/142	206/213	112/112	108/116	120/120
Hoan	138/138	224/224	215/215	222/222	138/138	142/142	206/214	114/114	108/116	118/118
Seoeun	132/132	224/224	213/213	222/222	138/138	142/142	206/213	114/114	108/116	126/126
Dongan	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	142/142	206/213	114/114	108/116	126/126
Dami	132/132	220/220	215/215	220/220	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	??
Deasanbyeo	132/132	224/224	213/213	226/226	138/138	142/142	206/214	114/114	108/116	??
Anmi	132/132	186/186	213/213	236/236	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Seonong9	132/132	224/224	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	126/126
Heuknam	132/132	202/202	213/213	226/226	134/134	142/142	206/214	114/114	110/118	124/124
Malgeumi	132/132	??	213/213	228/228	140/140	142/142	206/214	114/114	110/118	124/124
Dongjinchal	132/132	224/224	211/211	236/236	138/138	142/142	206/213	136/136	110/118	126/126
Pyeonggan	132/132	224/224	213/213	222/222	136/136	142/142	208/208	112/112	110/118	124/124
Sindongjin	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	136/136
Saechucheong BIL-3	132/132	226/226	213/213	228/228	134/134	142/142	206/206	112/112	84/106	124/124
Nokwonchal	132/132	208/208	213/213	236/236	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	136/136
Seolgaeng	132/132	190/190	211/211	222/222	128/128	142/142	206/206	106/106	110/118	124/124
Cheonghaejinmi	132/132	224/224	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Jungmo1014	134/134	222/222	213/213	224/224	136/136	142/142	202/209	112/112	110/118	124/124
Wongwang	132/132	173/173	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	110/110	110/118	126/126
Anda	108/108	186/186	215/215	210/210	138/138	174/174	206/206	100/100	112/118	118/118
Aranghyangchalbyeo	132/132	173/173	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Sujin	132/132	224/224	213/213	224/224	138/138	142/142	208/208	132/132	110/118	126/126
Jungmo1009	132/132	222/222	213/213	224/224	136/136	142/142	206/214	114/114	110/118	126/126
Pungmi1	132/132	220/220	213/213	224/224	??	142/142	208/208	112/112	112/119	126/126
Hwasin1	132/132	224/226	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Hwasambyeo	132/132	220/220	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	??
Seonong10	132/132	206/206	213/213	226/226	138/138	142/142	206/214	102/102	110/118	124/124
Seonong8	132/132	224/224	213/213	224/224	138/138	142/142	206/214	114/114	110/118	124/124
Hyangnambyeo	132/132	222/222	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Hyanambyeo	132/132	224/224	213/213	224/224	138/138	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Hwasinbyeo	132/132	210/210	211/211	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124

Seokjeong	132/132	186/186	211/211	224/224	138/138	142/142	206/214	130/130	110/118	124/124
Geumobyeo2	130/130	224/224	211/211	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	126/126
Sobi	132/132	224/224	211/211	224/224	138/138	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Daeripjami	130/130	192/192	211/211	224/224	130/130	142/142	206/213	102/102	110/118	128/128
Goami	132/132	224/224	211/211	217/217	136/136	142/142	206/214	134/134	110/118	116/116
Hopyeong	132/132	220/220	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	136/136
Geumtap	108/108	206/206	213/213	232/232	136/136	192/192	206/206	100/100	110/118	124/124
Mokyang	108/132	206/206	213/213	228/228	??	190/190	206/206	114/114	110/118	122/122
Geonganghongmi	132/132	184/184	213/213	222/222	138/138	142/142	206/206	114/114	110/118	126/126
Garak	138/138	224/224	213/213	238/238	128/128	142/142	208/208	116/116	110/118	126/126
Saenuri	132/132	194/194	213/213	224/224	136/136	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Jimbaek	132/132	188/188	213/213	236/236	134/134	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Cheongpungheukchal	132/132	204/206	213/213	228/228	134/134	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Deuraechan	132/132	190/190	213/213	220/220	134/134	142/142	206/206	114/114	110/118	124/124
Hwanggeumnodeul	132/132	224/224	213/213	236/236	136/136	144/144	206/206	114/114	110/118	124/124
Jungmo1004	132/132	190/190	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	106/106	110/118	122/122
Danmi	132/132	190/210	211/211	222/224	138/138	142/142	206/206	106/106	??	126/126
Jinsumi	132/132	220/220	211/211	224/224	134/134	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Baekokchal	132/132	224/224	213/213	236/236	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Heukhyang	130/130	186/186	211/211	228/228	132/132	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Baekjinju1	132/132	188/188	??	234/234	134/134	142/142	206/206	104/104	110/118	122/122
Sintoheukmi	132/132	110/204	211/211	220/220	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	124/124
Seonong16	132/132	??	213/213	226/226	136/136	142/142	208/216	112/112	110/118	124/124
Jungmo1015	132/132	220/220	213/213	222/222	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	126/126
Syupoejami	132/132	173/173	213/213	224/224	136/136	142/142	206/216	112/112	110/118	124/124
Yeonghojinmi	132/132	194/194	211/211	224/224	136/136	142/142	206/206	112/112	110/118	126/126
Dacheong	132/132	220/220	213/213	236/236	134/134	138/138	206/206	112/112	110/118	122/122
Moku	147/147	??	215/215	214/214	138/138	176/176	208/208	130/130	112/118	104/104

Table 19. PowerMarker® Summary statistics output for the selected 20 SSR markers across 243 Korean rice varieties.

Marker	Major Allele Frquency	No. of Allele	Gene Diversity	PIC
RM21	0.3333	10.0000	0.8113	0.7894
RM249	0.4733	9.0000	0.7265	0.7025
RM257	0.2593	17.0000	0.8700	0.8584
RM253	0.5761	8.0000	0.5955	0.5461
RM224	0.6831	7.0000	0.4954	0.4595
RM264	0.2881	11.0000	0.7791	0.7456
RM204	0.8930	20.0000	0.2015	0.1999
RM493	0.9218	9.0000	0.1490	0.1468
HsSSR01-52	0.4403	14.0000	0.7170	0.6790
RM307	0.8848	12.0000	0.2152	0.2121
RM276	0.9012	6.0000	0.1815	0.1714
RM333	0.2222	32.0000	0.8759	0.8651
RM117	0.4856	7.0000	0.5756	0.4859
RM580	0.3374	18.0000	0.8163	0.7969
RM241	0.6584	11.0000	0.5274	0.4931
RM334	0.8765	13.0000	0.2300	0.2275
RM48	0.7243	11.0000	0.4499	0.4229
RM1306	0.5103	23.0000	0.7036	0.6842
RM157	0.2922	16.0000	0.7805	0.7482
RM286	0.7654	15.0000	0.4072	0.3990
Mean	0.5763	13.4500	0.5554	0.5317

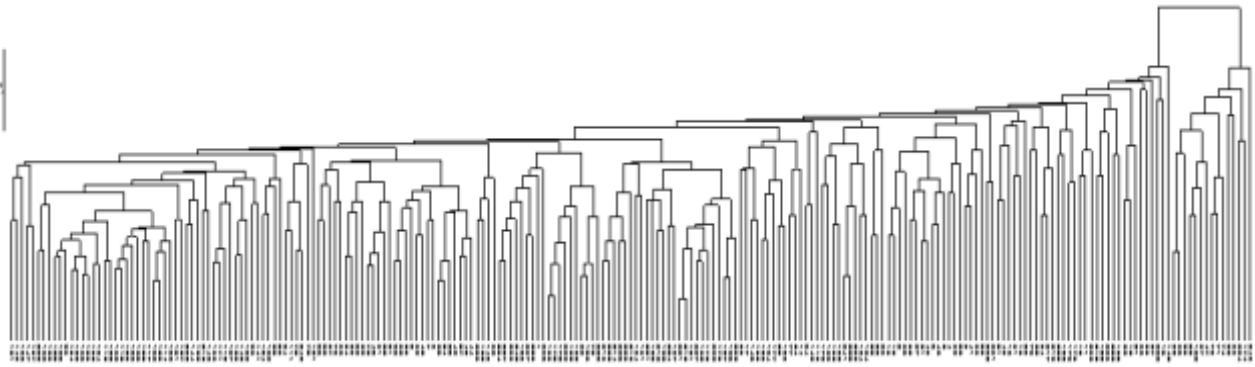


Figure 32. UPCMA dendrogram of 243 Korean rice varieties genotypes based on 20 SSR markers.

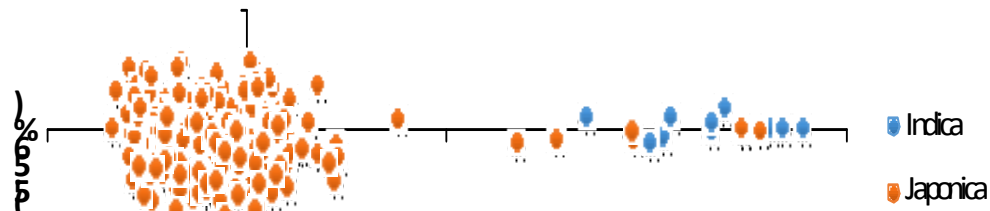


Figure 33. Principal component analysis (PCA) on two main subspecies of Asian cultivated rice (*Oryza sativa* L.) of the 243 Korean rice varieties. PC1 and PC2 refer to the first and second principal components, respectively.

Table 20. Varietal composition of each group classified by the cluster analysis using the principal component scores.

GroupNo.	Maturity	Variety name
I	17 Medium†(17)	Baekokchal, Hwanggeumnodeul, Dongjinchal, Jinbaek, Garak, Goami, Cheonghaejinmi, Wonchal, Seonong8, Geonganghongmi, Hoan, Dongjin1, Seo Eun, Daesanbyeo, Malgeumi, Dami, Geumtap
	Early(8)	Joan, Taebong, Jungmo1007, Taeseong, Heukjinjubyeo, Cheongbaekchal, Namil, Manan Suan, Haepyeong, Heukgwang, Samdeok, Jongnam, Hwabong, Mihyeong, Seogan, Dongbo, Haeoreumi, Dongan, Donghaejinmi, Seojin, Samgwang, Keunnunjami, Seonong15, Manmi, Jinsumi, Dongjin2, Suryeojinmi, Boseokchal, Goami3, Boramchan, Chinnong, Daepyeong, Jungsan, Cheongnam, Deurimi2, Onnuri, Jinpum, Mokyang, Daeyabyeo, Manwol, Geuman, Seonong10, Hwanambyeo, Sujin, Geumobyeo2, Sobi, Arangyangchalbyeo, Wongwang, Pungmil, Hopyeong, Hwasambyeo, Junam, Seoan1, Anmi, Jungmo1009, Jungmo1014, Yeonghaebyeo, Seonong14, Sura, Mipung, Jinsang, Haepyeongchal, Hwamyeongbyeo, Boseokheukchal, Wonhwang, Geumobyeo1, Gancheokbyeo, Sangok, Sampyeong, Gangchan, Hwaan, Neomgeongbyeo, Geumnambyeo, Gopum, Daeanbyeo, Seolhyangchal, Hwaseonchalbyeo, Seokjeong, Nokyang
II	82 Medium(72)	
	Late(2)	Syupeojami, Dacheong
III	33 Early(24)	Goun, Undu, Odae1, Pyeongwon, Hoban, Unmi, Wolbaek, Sambaekbyeo, Joryeongbyeo, Sangsanbyeo, Munjang, Geumyeong, Sangjuchalbyeo, Manchu, Samcheonbyeo, Jinbong, Jopyeong, Jungmo1012, Saesangju, Geumseong, Sangmi, jungmo1010, Handeul, Joami
	Medium(9)	Cheongdam, Cheonga, Jungan, Milkikwin, Onojjinoijji, Wonchu, Hyangnambyeo, Jungmo1004, Danmi
IV	49 Early(24)	Honggwang, Joun, Seolbaek, Sinunbong1, Dunnaebyeo, Unjangbyeo, Hwanggeumchal, Boseok, Inwol, Naepungbyeo, Sandeuljinmi, Geurubyeo, Manna, Daejin, Jungmo1011, Wonpyeong, Hwadongbyeo, Wonhae, Jeokjinju, Daechan, Jungmo1001, Hwanggeumbora, Wonpung, Jeokjinjuchal
	Medium(24)	Orae, Juanbyeo, Gangbaek, Wonmi, Sanggol, Sinbaek, Jinbo, Hanmaeum, Migwang, Yeongan, Daeripbyeo1, Dongwon, Hongjinju, Gwangan, Manjong, Nunbora, Haiami, Goami2, Juan1, Goami4, Woncheong, Baekjinju, Seolgaeng, Deuraechan

	Late(1)	Baekjinju1
V	Early(10)	Jungmo1008, Wolbaek, Heukseonchal, Ansanbyeo, Heukgawichal, Junghwabyeo, Josaengheukchal, Manho, Pungmi, Honong
	Medium(29)	Manpung, Seomyeong, Saegyeohwa, Cheongho, Hwajungbyeo, Keunnun, Noreunjachal, Jungmo1005, Cheongcheongjinmi, Jungmo1006, Hojin, Yangjobyeo, Jungmo1013, Hwarang, Nongho, Seong6, Sinmyeongheukchal, Seopyeong, Nampyeongbyeo, Seong9, Heuknam, Pyeongan, Sindongjin, Saechucheong BIL-3, Hwasin1, Hwasinbyeo, Daeripjami, Saenuri, Cheongpungheukchal
	Late(5)	Heukhyang, Sintoheukmi, Seong16, Jungmo1015, Yeonghojinmi
VI	Early(2)	Jagwangchal, Hyangmibyeo2
	Medium(15)	Namcheonbyeo, Dasan1, Areum, Dasan2, Seong12, Yoonnongchamssal, Hyangmibyeo1, Seongiochal, Nongan, Hangangchal1, Dasan, Hanareum2, Segyejinmi, Keunseom, Anda
	Late(1)	Moku

[†]Early = Early flowering rice varieties; Medium = Medium flowering rice varieties; Late = Late flowering rice varieties

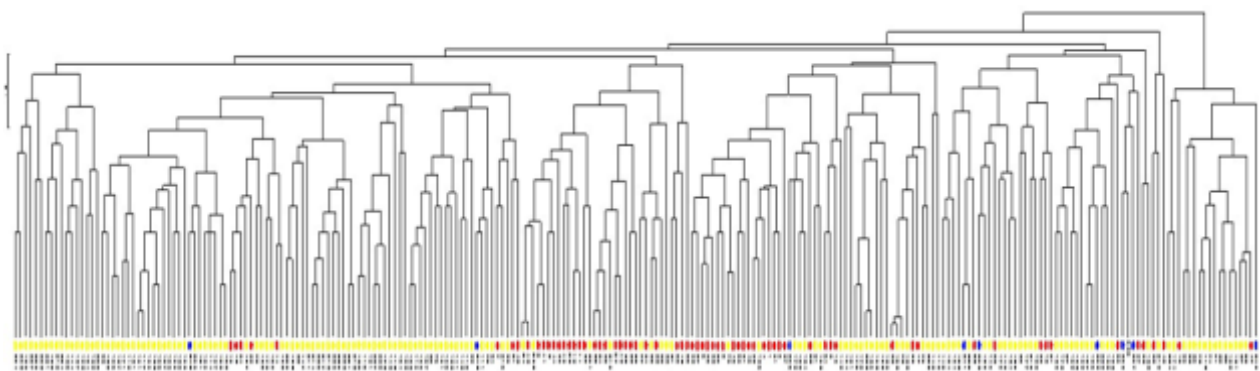


Figure 34. Cluster dendrogram generated by flowering time and phenotypic characters for the 243 rice accessions. *Red: early flowering variety, Yellow: medium flowering variety, Blue: late flowering variety.

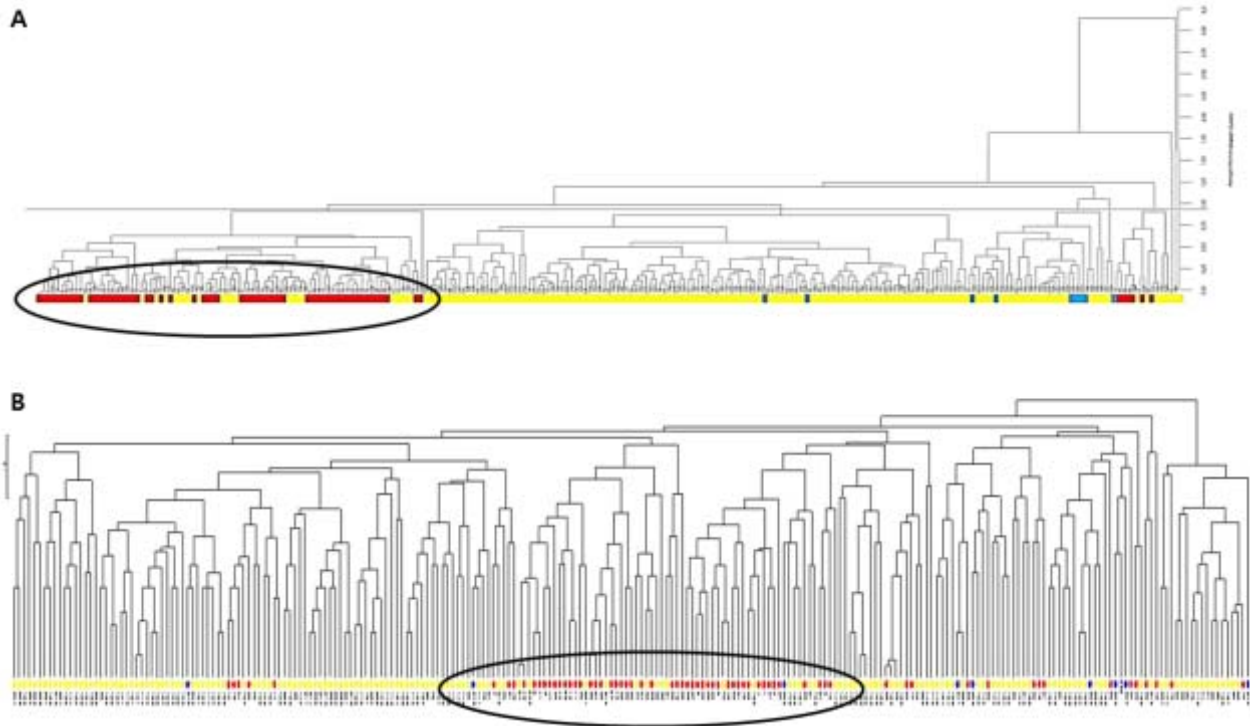


Figure 35. Cluster dendrogram generated by flowering time, phenotypic characters and SSR markers for the 243 rice varieties. *Red: early flowering variety, Yellow: medium flowering variety, Blue: late flowering variety.

4. 벼 핵심집단 이용 병해충 저항성 유전자 연관 SSR & SNP 마커 선발

선행연구결과를 통해 얻어진 마커 7개 (Cho et al. 2009)중 RM257, RM21, RM249 및 RM253을 이용하여 일부 품종에서 다형성이 있고 재현성이 있는지를 확인하였다. 밴드의 패턴에 차이가 있고 재현성이 나타나는 것으로 확인되었으며, 243개 품종들의 병해충 저항성 관련 마커들을 이용하여 이들의 다양성을 추가적으로 분석하였다 (Fig. 36, 37, 38, 39, 40 & 41).

Table 21. List of markers used for analysis of various diseases and pest resistance.

No.	Disease/Insect	Gene	Marker	Type	Primer sequence (5' →3')	Expected Size (bp)	Reference
1		<i>Xa3</i>	BB3-Su	Fw	CGGAGCGACACAGCTATCAT	743	Hur et al. 2013
				Rv	CGTGAGGTTCCCTATGGCGATT		
2			BB3-Re	Fw	CCACAATGCCATGTCAGGTGGCATCCCTGCA	255	
				Rv	AGGTGTTGGAGGATTGGCAT		
3	Bacterial blight (BB)	<i>Xa4</i>	RM224	Fw	ATCGATCGATCTTCACGAGG	150/120	Chen et al. 1997; McCouch et al. 2002
				Rv	TGCTATAAAAGGCATTCGGG		
4		<i>xa5</i>	RM122	Fw	GCACTGCAACCATCAATGAATC	236/232	Chen et al. 1997
				Rv	CCTAGGAGAACTAGCCGTCCA		
5		<i>xa13</i>	xa13 prom	Fw	GGCCATGGCTCAGTGTTTAT	1000/520	Zhang et al. 1996; Singh et al. 2011
				Rv	GAGCTCCAGCTCTCCAAATG		
6		<i>Xa21</i>	pTA248	Fw	AGACGCGAAGGGTGGTTCCCGGA	1000/750	Huang et al. 1997
				Rv	AGACGCGTAATCGAAAGATGAAA		
7	BPH	<i>Bph18(t)</i>	SNP23	Fw	CGATGGATTACCCTATCACCTCAA	110	Developed in this study
				SNP24	Rv		

(1) Xa4

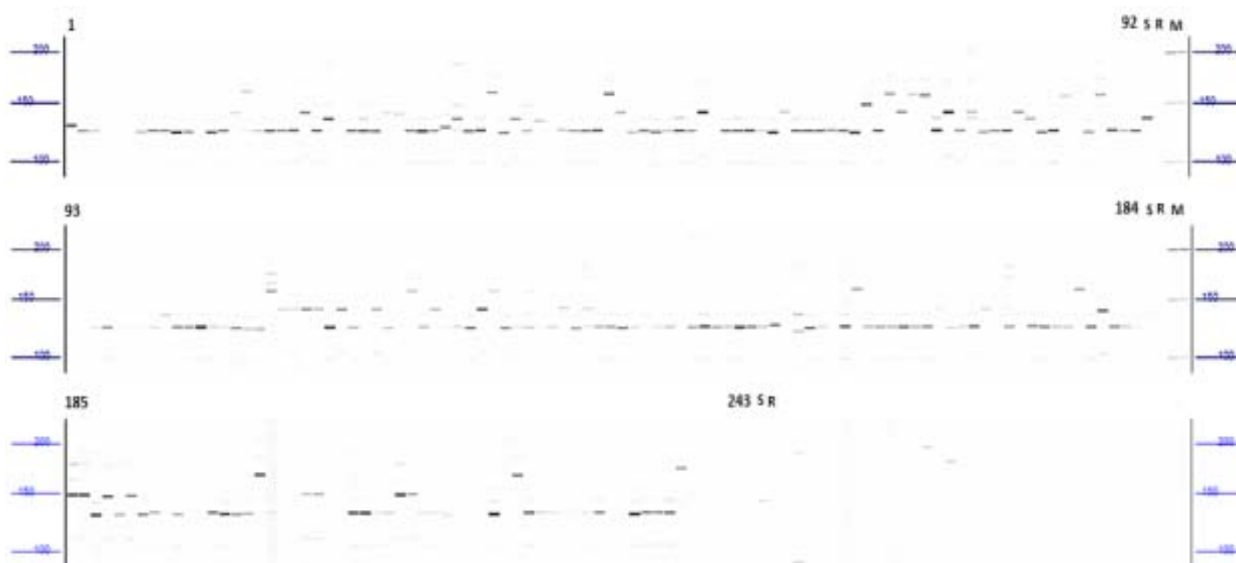


Figure 36. PCR amplification patterns of *Xa4* marker that discriminates bacterial blight resistance gene in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis. R and S indicate resistant and susceptible control variety.

(2) xa5

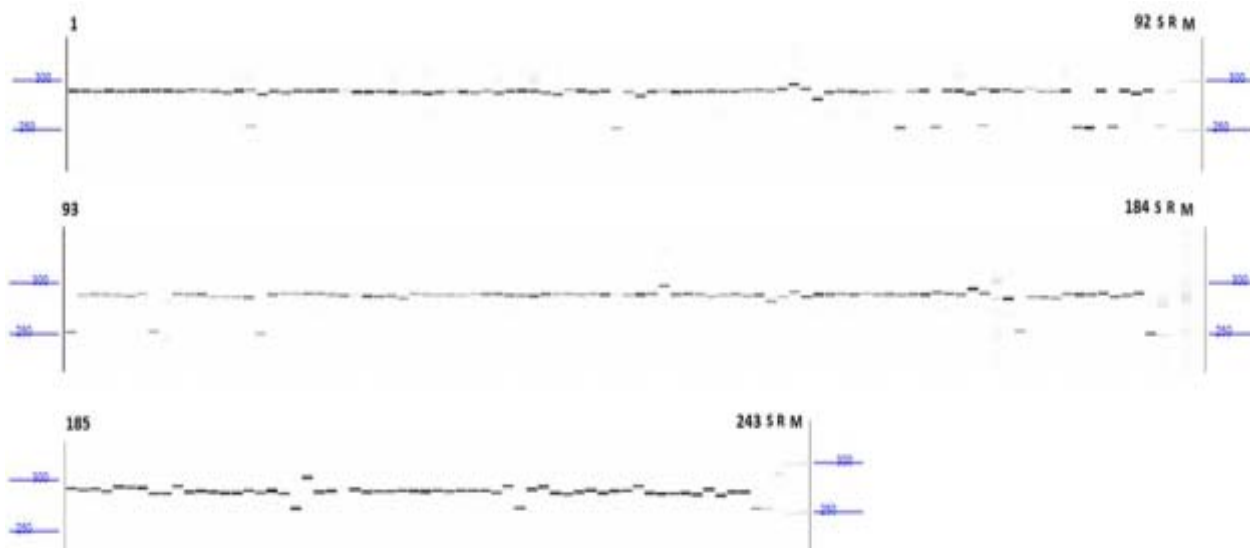


Figure 37. PCR amplification patterns of *xa5* marker that discriminates bacterial blight resistance gene in 243 Korean rice varieties. Band patterns indicate the size differentiation by fragment analyzer gel electrophoresis. R and S indicate resistant and susceptible control variety.

(3) *Xa3*-R/*Xa3*-S

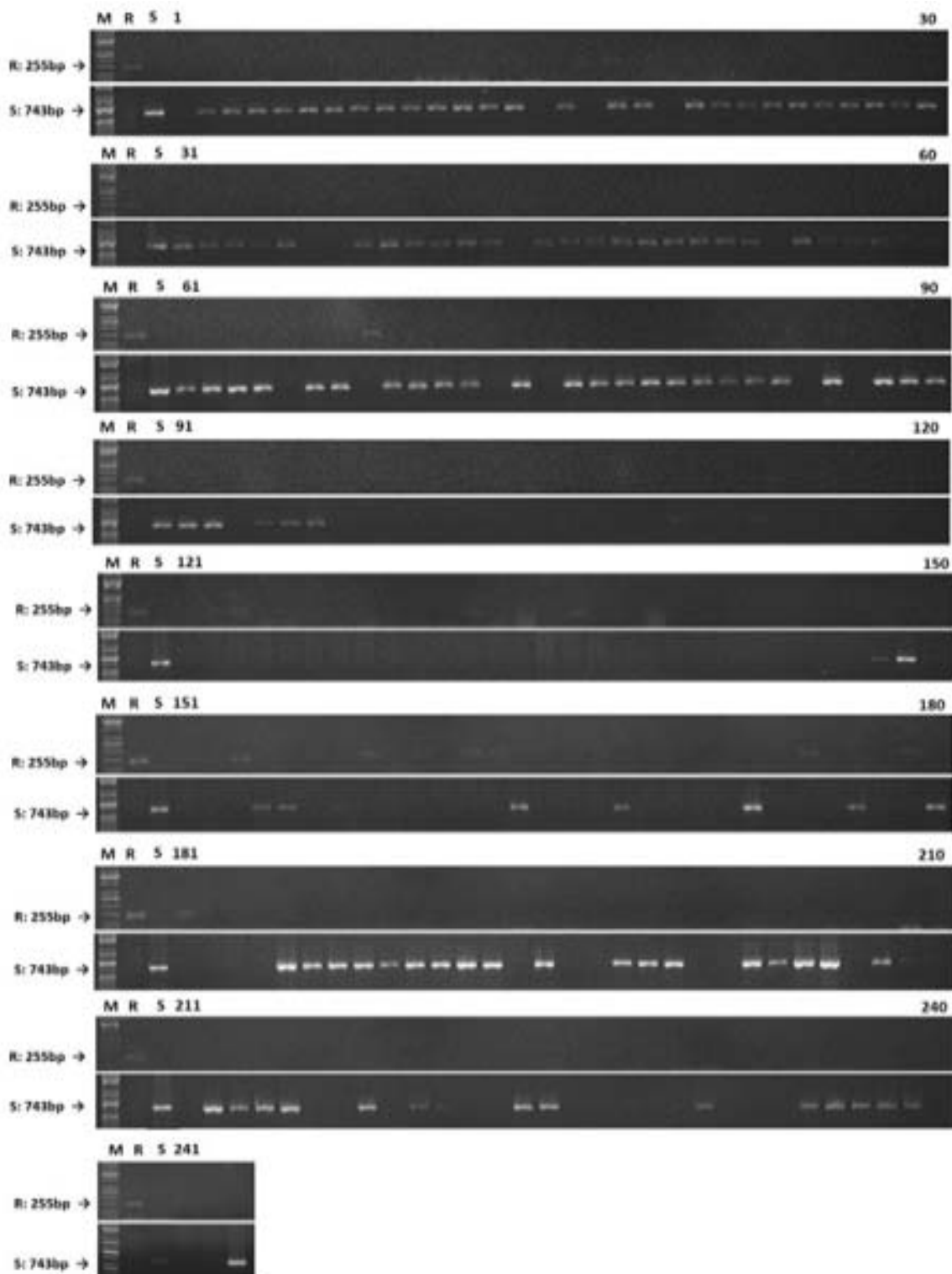


Figure 38. PCR amplification patterns of *Xa3* marker that discriminates bacterial blight resistance gene in 243 Korean rice varieties. *Xa3* shows the band patterns for BB resistance specific primer on gel electrophoresis. R and S in second and third lanes indicate resistant and susceptible control variety.

(4) *Xa13*

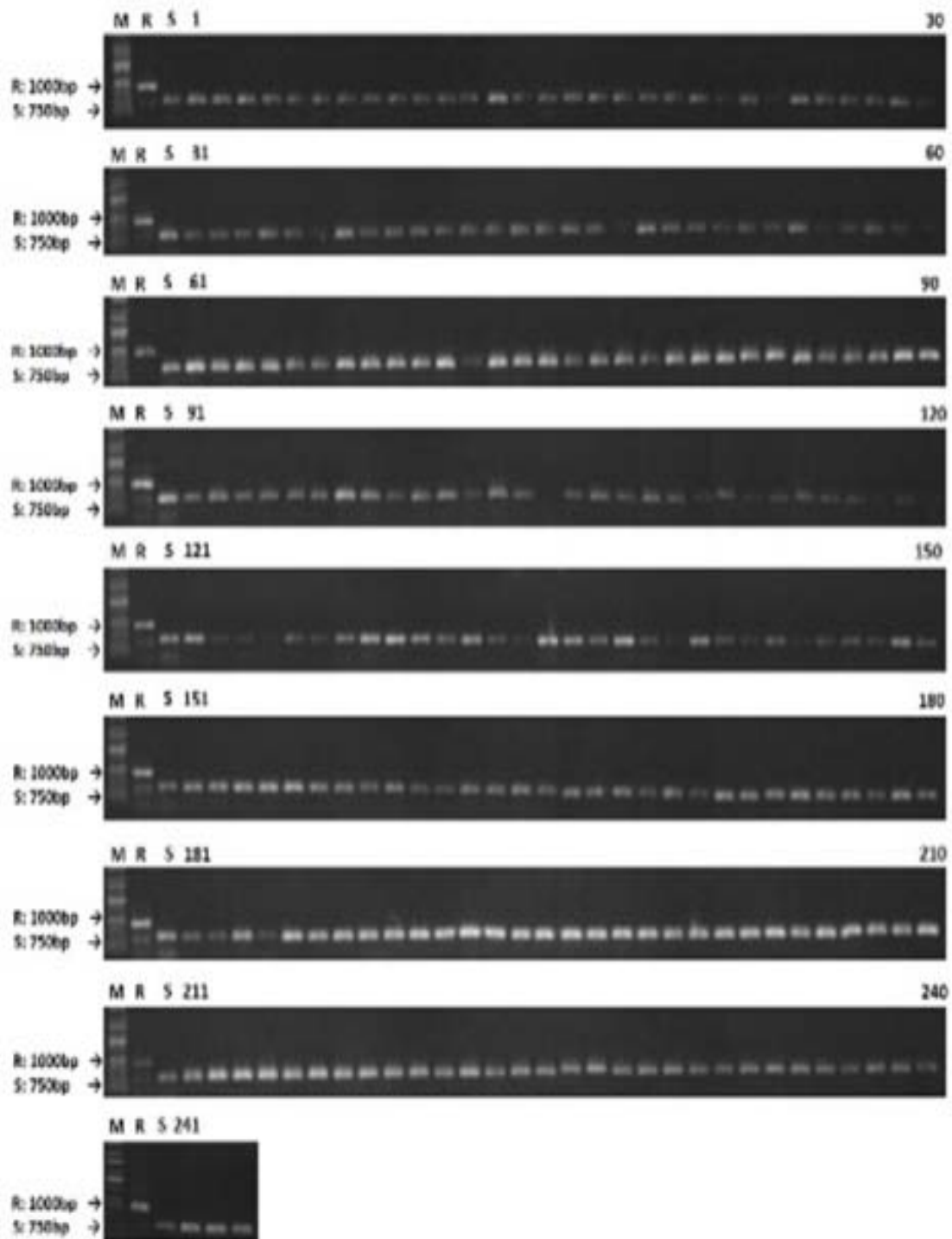


Figure 39. PCR amplification patterns of *Xa13* marker that discriminates bacterial blight resistance gene in 243 Korean rice varieties. *Xa13* shows the band patterns for BB resistance specific primer on gel electrophoresis. R and S in second and third lanes indicate resistant and susceptible control variety.

(5) *Xa21*

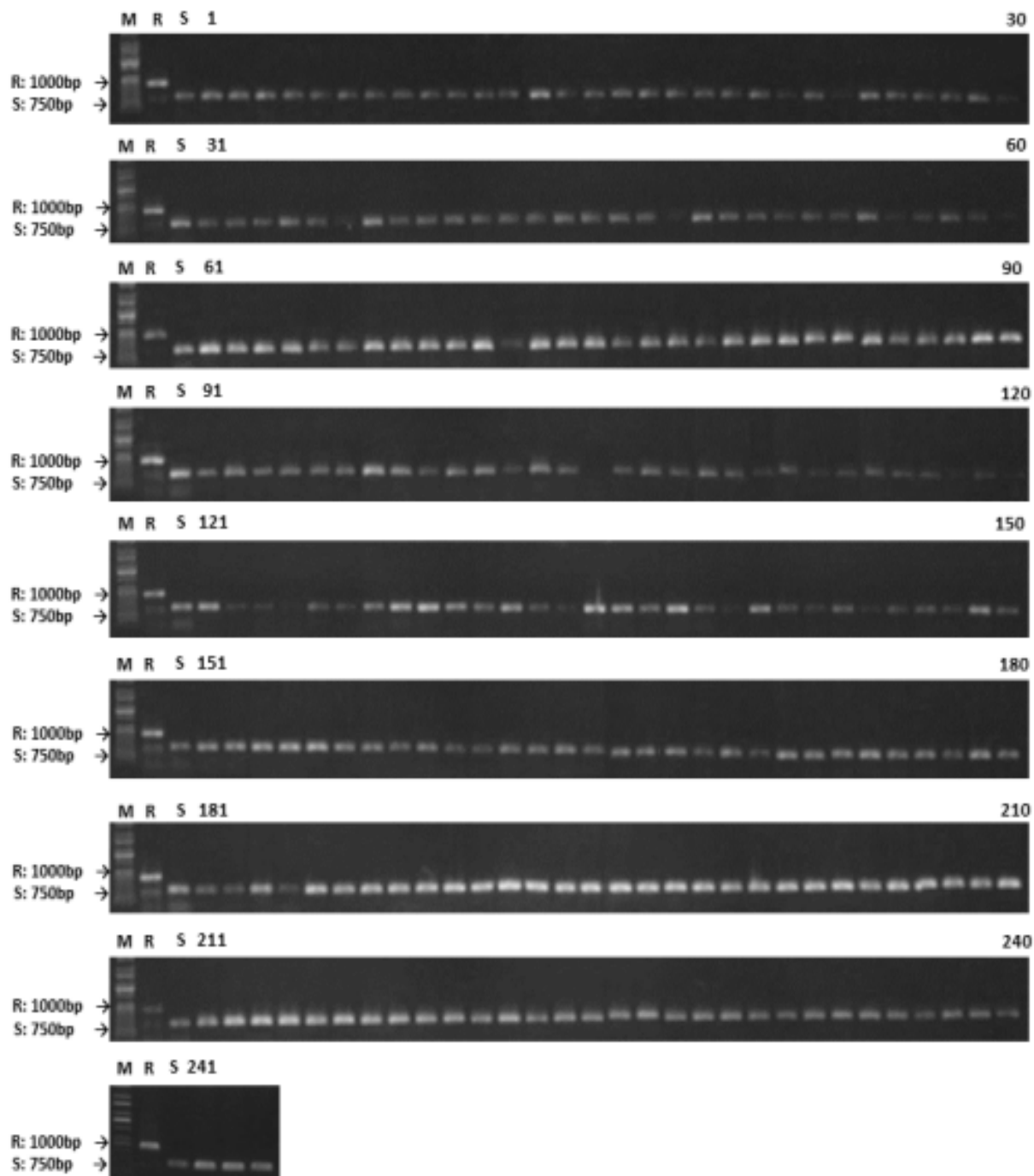


Figure 40. PCR amplification patterns of *Xa21* marker that discriminates bacterial blight resistance gene in 243 Korean rice varieties. *Xa21* shows the band patterns for BB resistance specific primer on gel electrophoresis. R and S in second and third lanes indicate resistant and susceptible control variety.

(6) *Bph18(t)*

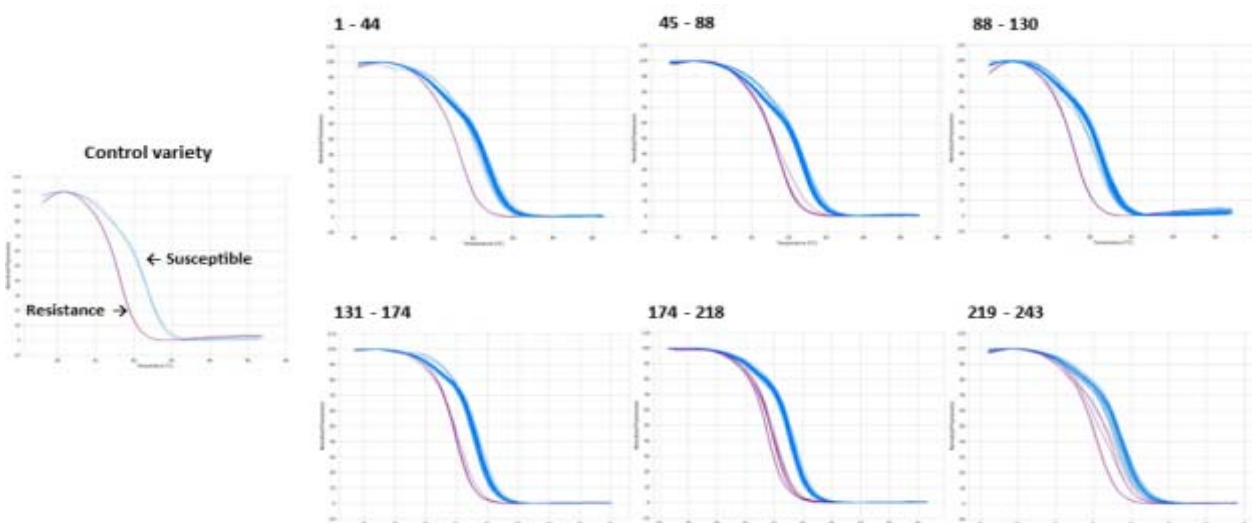


Figure 41. PCR amplification patterns for *Bph18(t)* using specific primers on fragment analyzer gel electrophoresis.

Table 22. Varieties classified by HRM curve profiles of *Bph18(t)* specific primer in 243 Korean rice varieties.

Group	No.	Classification	Variety name
I	15	Resistance	Dasan2, Seonong12, Yoonnongchamssal, Seongjochal, Jungmo1006, Chinnong, Deurimi2, Seooun, Anmi, Seonong9, Anda, Seonong8, Goami, Yeonghojinmi, Dacheong
VI	228	Susceptibility	Honggwang, Joun, Seolbaek, Sinunbong1, Dunnaebyeo, Unjangbyeo, Cheongbaekchal, Goun, Undu, Taebong, Odae1, Durujinmi, Joan, Heukjinjubyeo, Hwanggeumchal, Jagwangchal, Boseok, Pyeongwon, Hoban, Unmi, Jungmo1008, Wolbaek, Inwol, Sambaekbyeo, Joryeongbyeo, Sangsanyeo, Naepungbyeo, Heukseonchal, Munjang, Sandeuljinmi, Geurubyeo, Geumyeong, Sangjuchalbyeo, Jungmo1007, Manna, Daejin, Ansanbyeo, Heukgawichal, Jungmo1011, Manchu, Samcheonbyeo, Junghwabyeo, Jinbong, Jopyeong, Wonpyeong, Hwadongbyeo, Hyangmibyeo2, Manan, Jungmo1012, Wonhae, Jeokjinju, Josaengheukchal, Saesangu, Geumseong, Manho, Sangmi, Daechan, Jungmo1001, Taeseong, Hwanggeumbora, Namil, Jungmo1010, Pungmi, Wonpum, Jeokjinjuchal, Handeul, Joami, Honong, Namcheonbyeo, Orae, Dasan1, Seolhyangchal, Juanbyeo, Areum, Gangbaek, Gancheokbyeo, Wonchu, Jungsan, Manwol, Cheongdam, Geumobyeo1, Cheonga, Manpung, Hyangmibyeo1, Jungan, Nongan, Wonmi, Milkikwin, Hangangchal1, Hwaseonchalbyeo, Nokyang, Onojinoijji, Seomyeong, Suan, Gopum, Sanggol, Dasan, Seonong15, Saegyeohwa, Sinbaek, Jinbo, Hanmaeum, Samdeok, Gangchan, Haepyeong, Hanareum2, Daeanbyeo, Geumnambyeo, Hwamyongbyeo, Boseokchal, Migwang, Seoan1, Dongbo, Sura, Hwabong, Jinsang, Yeongan, Segyejjinmi, Suryeojimi, Cheongho, Samgwang, Heukgwang, Seojin, Haepyeongchal, Daeripbyeo1, Dongwon, Sangok, Jinpum, Keunnunjami, Hongjinju, Manmi, Sampyeong, Daepyeong, Gwangan, Manjong, Neomgeongbyeo, Hwaan, Nunbora, Hwajungbyeo, Dongjin1, Keunnun, Noreunjachal, Geuman, Seonong14, Haiami, Daeyabyeo, Seogan, Jungmo1005, Haeoreumi, Cheongcheongjimi, Boseokheukchal, Cheongnam, Goami3, Hojin, Yangjobyeo, Dongjin2, Onnuri, Mipung, Boramchan, Donghaejinmi, Wonhwang, Goami2, Jungmo1013, Hwarang, Jongnam, Juan1, Nongho, Keunseom, Goami4, Seonong6, Yeonghaebyeo, Woncheong, Sinmyeongheukchal, Mihyeong, Junam, Baekjinju, Seopyeong, Nampyeongbyeo, Hoan, Dongan, Dami, Deasanbyeo, Heuknam, Malgeumi, Dongjinchal, Pyeongan, Sindongjin, Saechucheong BIL-3, Nokwonchal, Seolgaeng, Cheonghaejinmi, Jungmo1014, Wongwang, Aranghyangchalbyeo, Sujin, Jungmo1009, Pungmil, Hwasin1, Hwasambyeo, Seonong10, Hyangnambyeo, Hyanambyeo, Hwasinbyeo, Seokjeong, Geumobyeo2, Sobi, Daeripjami, Hopyeong, Geumtap, Mokyang, Geonganghongmi, Garak, Saenuri, Jinbaek, Cheongpungheukchal, Deuraechan, Hwanggeumnodeul, Jungmo1004, Danmi, Jinsumi, Baekokchal, Heukhyang, Baekjinju1, Sintoheukmi, Seonong16, Jungmo1015, Syupeojami, Moku

5. 벼 243 품종의 SSR 마커 조합에 의한 품종 판별

국내 육성 품종 243개에 대한 유전적 다양성 연구에 이용된 20개의 SSR 마커 중에서 품종 판별에 사용된 마커는 Table 23과 같다. 다양성이 높은 RM333, RM257, RM157 및 RM580의 4개 마커와 RM1306, RM21 그리고 다양성이 가장 낮았던 HsSSR01-52 3개 마커를 이용하여 6단계로 품종 판별을 한 결과는 Figure 42 및 Table 21와 같다.

품종 판별은 1단계에서 다양성이 가장 높은 마커와 각 단계별로 다양성이 다음으로 높았던 마커를 하나씩 추가로 조합하여 판별하였다. 1단계로 대립인자수가 가장 많고, 다양성지수가 가장 높았던 RM333과 RM257을 사용하여 판별한 결과 홍광, 둔내벼, 흑진주벼를 포함한 68개(29%)의 품종이 판별되었고, 175개의 품종이 판별되지 않았다. 2단계에서 다음으로 다양성이 높았던 RM157을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않았던 175개 품종 중에서 운장벼, 청백찰, 태봉 등 67개(28%)의 품종이 판별되었고, 3단계에서 RM580을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않은 108개의 품종 중에서 설백, 고은, 조안, 보석 등 61개(25%)의 품종이 판별되었다. 4단계에서 RM1306을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않은 47개의 품종 중에서 조운, 신운봉1호, 운두, 운미 등 35개(14%)의 품종이 판별되었고, 5단계에서 RM21을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않은 12개의 품종 중에서 조령벼, 문장, 동해진미, 동안, 화남벼, 금오벼2호 총 6개(2%)의 품종이 판별되었다. 마지막으로 6단계에서 HsSSR01-52를 조합하여 삼백벼, 상미, 주안1호, 고아미4호, 화삼벼, 호평 총 6개(2%)의 품종이 판별됨으로써 243개 국내 육성 품종이 모두 판별되었다.

Table 23. PowerMarker® Summary statistics output for the selected 7 SSR markers across 243 Korean rice varieties.

Marker	Major Allele Frquency	No. of Allele	Gene Diversity	PIC
RM21	0.3333	10.0000	0.8113	0.7894
RM257	0.2593	17.0000	0.8700	0.8584
HsSSR01-52	0.4403	14.0000	0.7170	0.6790
RM333	0.2222	32.0000	0.8759	0.8651
RM580	0.3374	18.0000	0.8163	0.7969
RM1306	0.5103	23.0000	0.7036	0.6842
RM157	0.2922	16.0000	0.7805	0.7482

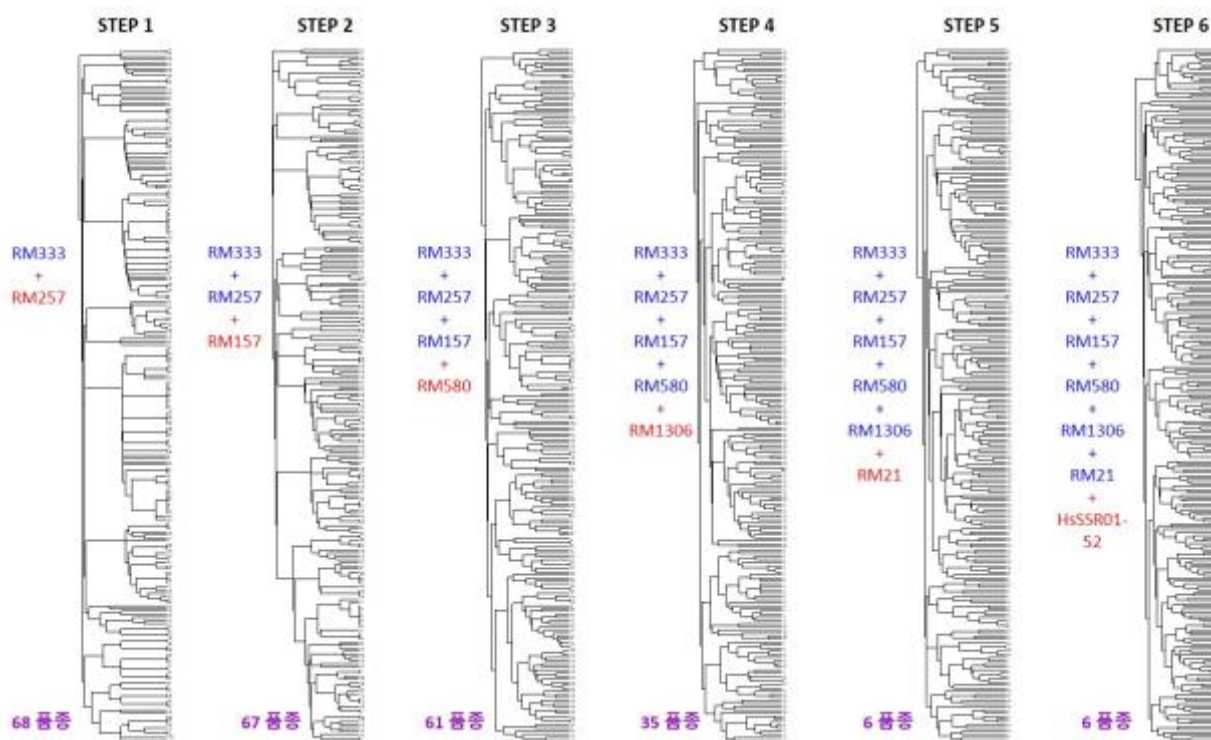


Figure 42. Diagrammatic display of variety identification at each step by UPGMA dendrogram using seven SSR markers in 243 Korean rice varieties.

Table 24. Varieties identified at each step using seven SSR markers in 243 Korean rice varieties.





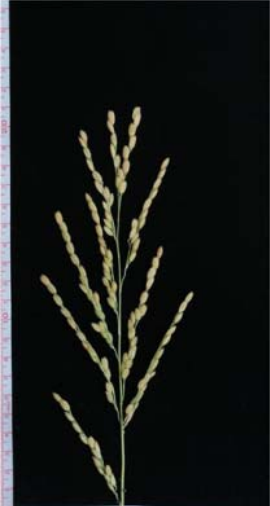




Step	Marker	Identified varieties	No. of identified varieties	Percentage of identified varieties
Step 1	RM333 + RM257	Honggwang, Dunnaebyeo, Heukjinjubyeo, Hwanggeumchal, Heukseonchal, Sangjuchalbyeo, Ansanbyeo, Manchu, Manan, Saesangju, Hwanggeumbora, Namil, Jeokjinjuchal, Honong, Namcheonbyeo, Seolhyangchal, Geumobyeo1, Seonong12, Yoonnongchamssal, Seongjochal, Hangangchall, Suan, Sanggol, Seonong15, Hanmaeum, Gangchan, Hanareum2, Daeanbyeo, Boseokchal, Seoan1, Sura, Hwabong, Jinsang, Cheongho, Haepyeongchal, Dongwon, Jinpum, Hongjinju, Sampyeong, Keunnun, Geuman, Jungmo1005, Haeoreumi, Cheongcheongjinmi, Cheongnam, Goami3, Mipung, Wonhwang, Mihyeong, Seopyeong, Heuknam, Saechucheong BIL-3, Hwasin1, Seonong8, Hyangnambyeo, Hwasinbyeo, Daeripjami, Goami, Geonganghongmi, Jinbaek, Cheongpungheukchal, Jungmo1004, Danmi, Jinsumi, Baekjinju1, Sintoheukmi, Jungmo1015, Dacheong	68	29 %
Step 2	Step1 + RM157	Unjangbyeo, Cheongbaekchal, Taebong, Odae1, Durujinmi, Jagwangchal, Pyeongwon, Wolbaek, Sandeuljinmi, Geumyeong, Jungmo1007, Heukgawichal, Hwadongbyeo, Hyangmibyeo2, Jungmo1012, Wonhae, Josaengheukchal, Geumseong, Taeseong, Pungmi, Wonpum, Dasan1, Juanbyeo, Gancheokbyeo, Wonchu, Cheongdam, Manpung, Hyangmibyeo1, Jungan, Nongan, Wonmi, Hwaseonchalbyeo, Nokyang, Sinbaek, Yeongan, Samgwang, Daepyeong, Gwangan, Neomgeongbyeo, Noreunjachal, Seonong14, Haiami, Daeyabyeo, Seogan, Boseokheukchal, Hojin, Yangjobyeo, Goami2, Jungmo1013, Jongnam, Deurimi2, Seonong6, Yeonghaebyeo, Woncheong, Sinmyeongheukchal, Baekjinju, Nampyeongbyeo, Hoan, Seo Eun, Daesanbyeo,	67	28 %





Dongjinchal, Pyeongan, Pungmil, Geumtap, Mokyang, Syupeojami			
Step 3	Step 2 +RM580	Seolbaek, Goun, Joan, Boseok, Hoban, Inwol, Sangsanbyeo, Geurubyeo, Manna, Jungmo1011, Samcheonbyeo, Junghwabyeo, Jinbong, Jopyeong, Wonpyeong, Daechan, Jungmo1010, Handeul, Orae, Areum, Dasan2, Jungsan, Manwol, Milkikwin, Onojjinoijji, Seomyeong, Gopum, Dasan, Saegyehwa, Jinbo, Samdeok, Haepyeong, Geumnambyeo, Hwamyongbyeo, Migwang, Dongbo, Segyejinmi, Seojin, Daeripbyeo1, Sangok, Keunnunjami, Manmi, Hwaan, Nunbora, Hwajungbyeo, Dongjin2, Onnuri, Boramchan, Hwaranag, Nongho, Keunseom, Dami, Anmi, Malgeumi, Sindongjin, Nokwonchal, Anda, Seonong10, Seokjeong, Garak, Heukhyang, Seonong16, Moku	61 25 %
Step 4	Step 3 +RM1306	Joun, Sinunbong1, Undu, Unmi, Jungmo1008, Naepungbyeo, Daejin, Jeokjinju, Manho, Jungmo1001, Joami, Gangbaek, Cheonga, Suryeojinmi, Heukgwang, Manjong, Dongjin1, Jungmo1006, Chinnong, Junam, Seonong9, Seolgaeng, Cheonghaejinmi, Jungmo1014, Wongwang, Aranghyangchalbyeo, Sujin, Jungmo1009, Sobi, Saenuri, Hwanggeumnodeul, Baekokchal, Yeonghojinmi	35 14 %
Step 5	Step 4 +RM21	Joryeongbyeo, Munjang, Donghaejinmi, Dongan, Hwanambyeo, Geumobyeo2	6 2 %
Step 6	Step 5 +HsSSR01 -52	Sambaekbyeo, Sangmi, Juan1, Goami4, Hwasambyeo, Hopyeong	6 2 %

Supplementary Figure 1. Morphological traits, plant type, panicle, and grain type for 243 Korean rice varieties.

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Anda	안다			
Anmi	안미			
Ansanbyeo	안산벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Aranghyangchalbyeo	아랑향찰벼			
Areum	아름			
Baekjinju	백진주			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Baekjinjul	백진주1호			
Baekokchal	백옥찰			
Boramchan	보람찬			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Boseok	보석			
Boseokchal	보석찰			
Boseokheukcha 1	보석흑찰			










Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Cheonga	청아			
Cheongbaekchal	청백찰			
Cheongcheongjinmi	청청진미			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Cheongdam	청담			
Cheonghaejimi	청해진미			
Cheongho	청호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Cheongnam	청남			
Cheongpungheukchal	청풍흑찰			
Chinnong	친농			

Variety Name	Phenotype	Panicle	Brown rice	
Dacheong	다청			
Daeanbyeo	대안벼			
Daechan	대찬			



Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Daejin	대진			
Daepyong	대평			
Daeripbyeol	대립벼1호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Daeripjami	대립자미			
Daesanbyeo	대산벼			
Daeyabyeo	대야벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Dami	다미			
Danmi	단미			
Dasan	다산			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Dasan1	다산1호			
Dasan2	다산2호			
Deuraechan	드래찬			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Deurimi2	드리미2			
Dongan	동안			
Dongbo	동보			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Donghaejinmi	동해진미			
Dongjin1	동진1호			
Dongjin2	동진2			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Dongjinchal	동진찰			
Dongwon	동원			
Dunnaebyeo	둔내벼			


Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Durujinmi	두루진미			
Gancheokbyeo	간척벼			
Gangbaek	강백			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Gangchan	강찬			
Garak	가락			
Geonganghong mi	건강홍미			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Geuman	금안			
Geumnambyeo	금남벼			
Geumbyeol	금오벼1호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Geumbyeo2	금오벼2호			
Geumseong	금성			
Geumtap	금탑			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Geumyeong	금영			
Geurubyeo	그루벼			
Goami	고아미			










Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Goami2	고아미2호			
Goami3	고아미3호			
Goami4	고아미4			



Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Gopum	고품			
Goun	고운			
Gwangan	광안			


Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Haeoreumi	해오르미			
Haepyeong	해평			
Haepyeongchal	해평찰			

Variety Name	Phenotype	Panicle	Brown rice
Hanareum2 한아름2			
Handeul 한들			
Hangangchall 한강찰1호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hanmaeum	한마음			
Heukgwang	흑광			
Heukhyang	흑향			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Heukjinju	흑진주벼			
Heukkawichal	흑가위찰			
Heuknam	흑남			










Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Heukseonchal	흑선찰			
Hiami	하리아미			
Hoan	호안			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hoban	호반			
Hojin	호진			
Honggwang	홍광			




Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hongjinju	홍진주			
Honong	호농			
Hopyeong	호평			






Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hwaan	화안			
Hwabong	화봉			
Hwadongbyeo	화동벼			






Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hwajungbyeo	화중벼			
Hwamyongbyeo	화명벼			
Hwanambyeo	화남벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hwangeumbora	황금보라			
Hwangeumchal	황금찰			
Hwangeummod eul	황금모들			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hwarang	화랑			
Hwasambyeo	화삼벼			
Hwaseonchalbye O	화선찰벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hwasin1	화신1호			
Hwasinbyeo	화신벼			
Hyangmibyeol	향미벼1호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Hyangmibyeo2	향미벼2호			
Hyangnambyeo	향남벼			
Inwol	인월			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jagwangchal	자광찰			
Jeokjinju	적진주			
Jeokjinjuchal	적진주찰			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jinbaek	진백			
Jinbo	진보			
Jinbong	진봉			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jingsang	진상			
Jinpum	진품			
Jinsumi	진수미			


Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Joami	조아미			
Joan	조안			
Jongnam	종남			



Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jopyeong	조평			
Joryeongbyeo	조령벼			
Josaengheukcha	조생흑찰			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Joun	조운			
Juan1	주안1호			
Juanbyeo	주안벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Junam	주남			
Jungan	중안			
Junghwabyeo	중화벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jungmo1001	중모1001			
Jungmo1004	중모1004			
Jungmo1005	중모1005			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jungmo1006	중모1006			
Jungmo1007	중모1007			
Jungmo1008	중모1008			



Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jungmo1009	중미1009			
Jungmo1010	중모1010			
Jungmo1011	중모1011			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jungmo1012	중모1012			
Jungmo1013	중모1013			
Jungmo1014	중모1014			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Jungmo1015	중모1015			
Jungsan	중산			
Keunnun	큰눈			






Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Keunnunjami	큰눈자미			
Keunseom	큰섬			
Malgeumi	말그미			



Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Manan	만안			
Manchu	만추			
Manho	만호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Manjong	만중			
Manmi	만미			
Manna	만나			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Manpung	만풍			
Manwol	만월			
Migwang	미광			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Mihyeong	미형			
Milkikwin	밀키윈			
Mipung	미풍			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Moku	목우			
Mokyang	목양			
Munjang	문장			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Naepungbyeo	내풍벼			
Namcheonbyeo	남천벼			
Namil	남일			


Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Nampyeongbyeo	남평벼			
Neongeongbyeo	넝경벼			
Nokwongchal	녹원찰			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Nokyang	녹양			
Nongan	농안			
Nongho	농호			










Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Noreunjachal	노른자찰			
Nunbora	눈보라			
Odae1	오대1호			


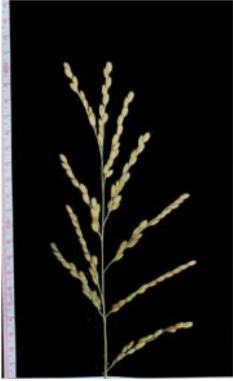







Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Onnuri	은누리			
Onojjinoijji	오노찌노이찌			
Orae	오래			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Pungmi	풍미			
Pungmil	풍미1호			
Pyeongan	평안			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Saenuri	새누리			
Saesangju	새상주			
Sambaekbyeo	삼백벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Samcheonbyeo	삼천벼			
Samgwang	삼광			
Sampyeong	삼평			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Sandeok	삼덕			
Sandeuljinmi	산들진미			
Sanggal	상골			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Sangjuchalbyeo	상주찰벼			
Sangmi	상미			
Sangok	상옥			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Sangsanbyeo	상산벼			
Segyejinmi	세계진미			
Seoan1	서안1호			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Seoeun	서은			
Seogan	서간			
Seojin	서진			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Seokjeong	석정			
Seolbaek	설백			
Seolgaeng	설강			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Seolhyangchal	설향찰			
Seomyeong	서명			
Seongjochal	성조찰			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Seonong10	서농10호			
Seonong12	서농12호			
Seonong14	서농14			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Seonong15	서농15			
Seonong16	서농16			
Seonong6	서농6호			










Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Seonong8	서농8호			
Seonong9	서농9호			
Seopyeong	서평			










Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Sinbaek	신백			
Sindongiin	신동진			
Sinmyeongheukchal	신명혹찰			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Sintoheukmi	신토흑미			
Sinunbong1	신훈봉1호			
Sobi	소비			


Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Suan	수안			
Sujin	수진			
Sura	수라			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Suryeojinmi	수려진미			
Syupeojami	슈퍼자미			
Taejong	태봉			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Taeseong	태성			
Undu	운두			
Unjangbyeo	운장벼			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Unmi	운미			
Wolbaek	월백			
Woncheong	원청			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Wonchu	원추			
Wongwang	원광			
Wonhae	원해			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Wonhwang	원황			
Wonmi	원미			
Wonpum	원품			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Wonpyeong	원평			
Yangjobyeo	양조벼			
Yeongan	영안			

Variety Name		Phenotype	Panicle	Brown rice
Yeonghaebyeo	영해벼			
Yeonghojinmi	영호진미			
Yoonnongchamsal	윤농참쌀			

제4절 [제2협동과제: 콩 품종의 형태적 특성 조사 및 SSR마커 이용 DNA 분석]

1) 재료 및 방법

1. 형태적 특성

시험품종은 1913년부터 한국에서 육성된 콩 육성품종 172품종(국립종자원 등록 121품종과 미등록 국내 51품종)과 국립종자원에 등록된 중국 1품종의 총 173품종 (Table 1으로 1980년대 이전에 육성된 18품종, 1980년대에 육성된 17품종, 1990년대에 육성된 43품종 및 2000년 이후(2000년 ~ 2013년)에 육성된 95품종이 이용되었다. 육성기관별로는 농촌진흥청 국립식량과학원에서 139품종, 농업기술원(경기도농업기술원, 강원도농업기술원)에서 12품종, 대학(경북대학교, 경상대학교, 영남대학교, 서울대학교)에서 13품종, 연구소(한국원자력연구원)에서 3품종 및 회사(소이벤처)에서 5품종이 육성되었으며, 1품종은 중국에서 육성되었다. 2014년 5월 29일 충북대학교 농업생명환경대학 전작포장에 파종하였다. 재식밀도는 비닐멀칭을 하여 휴폭을 70cm, 주간을 15cm로 1주 2~3립씩 파종하여 초생엽 전개시에 1주당 2개체씩만 남기고 솟아 주었다. 시비는 콩 복비 50kg/10a(N : P₂O₅ : K₂O = 3 : 3 : 3.4kg/10a)을 전량기비로 하였으며, 기타 재배관리는 콩 표준재배에 준하였다. 시험구배치는 난괴법 2반복으로 하였다. 조사항목은 형태적 특성으로는 배 축색, 화색, 모용색 및 성숙협색 4개형질, 생육특성은 신육형, 개화일수, 성숙일수, 생육 일수, 엽장, 엽폭, 엽장폭비, 엽면적, 엽두께, 엽모양, 경장, 주경절수 및 분지수 13개 형질을 조사하였다. 수량구성형질은 주당협수, 주당립수, 주당종실중량 및 100립중 4개 형질을 조사하였고, 종실 형질은 종실모양, 종피색, 종피의 광택, 종실의 자엽색, 종실의 배꼽색, 종실 배꼽의 주병색, 종실폭, 종실길이, 종실두께, 종실장폭비 및 종실장두께비 11개 형질을 조사하였으며, 총 33형질을 조사하였고, 반복당 5개체씩 조사하였다.

개화일수는 파종으로부터 개화기까지의 일수, 성숙일수는 개화기에서 성숙기까지의 일수, 생육일수는 파종으로부터 성숙기까지의 일수로 계산하였다. 엽관련 형질인 엽장과 엽폭, 엽장폭비, 엽면적 및 엽두께는 정엽이 완전 전개된 R5 시기에 주경선단의 상위 첫째 마디와 둘째 마디 복엽의 중앙 소엽과 오른쪽 측소엽을 측정하여 평균치를 구하였다.

엽면적은 LI-3100(LI-COR,U.S.A)를 이용하여 측정하였고, 엽두께는 Digimatic thickness gage(ID-C112)를 이용하여 측정하였다. 기타 특성 조사항목은 국립종자원 콩 특성조사 매뉴얼(2010)과 농촌진흥청 유전자원 평가기준(2006)에 준하여 조사하였다.

Table 1. Soybean varieties classified by year of released and breeding classification based on this experiment.

육성기관	1980년 이전	1980년대	1990년대	2000년 이후	계
농촌진흥청	광고, 육우3호, 힐, 셀비, 장단백목, 충북백, 익산, 부석, 함안, 금강대립, 금강소립, 광고 봉의, 강립, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 동북태	황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩	진을, 다장콩, 금강콩, 한남콩, 일품검정콩, 검정올콩, 장미콩, 두유콩, 부광콩, 소백나물콩, 일미콩, 새울콩, 명주나물콩, 소원콩, 대황콩, 익산나물콩, 알찬콩, 풍산나물, 신파달콩2호, 검정콩1호, 단백콩, 광안콩, 푸른콩, 다원콩, 대원콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 진품콩, 소명콩, 소담콩, 선흑콩, 팔도콩, 송학콩, 도레미콩, 소호콩, 만리콩, 신파달콩, 대광콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩	장원, 새별콩, 청자, 선녹콩, 신록콩, 검정콩3호, 소록콩, 검정콩4호, 진미콩, 안평콩, 대풍, 다채, 다을, 단미, 서남, 다기, 호장, 신기, 청두1호, 대망, 다진, 청자2호, 소진, 보석, 청자3호, 선유, 검정새울, 소강, 녹채, 대망2호, 미랑, 단미2호, 일품검정2호, 원황, 장기, 흑미, 소청, 녹원, 만수, 풍원, 조남, 남풍, 상원, 대양, 대흑, 원광콩, 호서콩, 신화콩, 흑성콩, 대하1호, 천상, 갈채, 소황, 대하콩, 검정콩5호, 원흑, 소청2호, 청엽1호, 한을, 소흑콩, 우람, 새단백, 장연콩, 늘찬	140
기관			화성꽃콩, 흑청, 갈미콩	호반콩, 청아콩, 대왕콩, 강일콩, 만풍콩, 기풍, 연풍콩, 원울콩, 원현콩, 조생서리, 햇살	14
대학				아가1호, 아가2호, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 진양, 폴무흑채, 폴무지기	10
국외				중황13호	1
회사				영양, 소영, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 아가 10호, 경상1호	8
계	18	17	44	94	173

2. 다변량분석에 의한 품종군 분류

조사된 형질 중에서 생육형질인 개화일수, 성숙일수, 생육일수, 엽면적, 엽장폭비, 경장, 주경절수 및 분지수 8형질과 수량구성형질인 주당협수, 주당립수, 주당종실중 및 100립 중 4형질 의 총 12개의 양적형질을 통계프로그램 SAS(v. 9.2)를 이용하여 주성분 분석 (principal component analysis, PCA)를 수행하였고, 제 1-4주성분까지의 주성분점수를 이용하여 Average Linkage Cluster 방법으로 군집분석을 수행하였다.

3. 콩 품종의 이미지화

173개 콩 품종들의 이미지를 DB화하기 위하여 복엽, 초형, 종실의 3개특성을 이미지 촬영을 하였다. 복엽은 정엽이 완전 전개된 R5시기에, 초형은 성숙기에, 종실은 성숙기 이후에 173품종 모두 이미지를 촬영하였다.

4. SSR마커에 의한 국내육성 콩 품종의 유연관계 분석 및 품종판별

가. SSR마커에 의한 유연관계 분석

1) DNA 추출 및 SSR 분석

시험품종의 DNA는 CTAB방법(Kim et al. 1988)을 이용하여 추출하였다. 시료는 콩 어린잎을 액체질소에 동결시켜 2mm Bead를 넣고 Vortexing하여 곱게 분쇄하였고, CTAB buffer[2% CTAB, 1.4M NaCl, 100mM Tris-Cl pH8.0, 20mM EDTA / 500ml] 1ml를 첨가하여 혼합한 다음 65°C 의 항온수조에 넣고, 10분 동안 Invert 해 주며 30분간 반응시켜 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 하였다. 분리된 상등액 800ul를 새 tube에 옮긴 후 500ul Chloroform : isoamylalcohol(24 : 1)을 넣고, 혼합해 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 하였다. 상등액 500ul를 새 tube에 옮긴 다음 Isopropanol 300ul를 넣어 부드럽게 섞어주고, 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 하였다.

원심분리한 튜브에 액체를 버리고 70% EtOH 500ul 넣어 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 후 15분간 풍건하였다. 풍건된 DNA는 RNase(20ng/ml)를 첨가한 TE -buffer 100ml 넣고 펠릿을 완전히 녹인 후 37°C 에서 30분간 반응시켰다. 추출된 DNA는 분광광도계(Nanodrop ND-1000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l당 20ng의 농도를 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

SSR 마커 선발은 콩 연관군과 다형성지수를 고려하여(Hwang et al. 2008, Jang et al. 2010)에 근거하여 다형성이 높은 primer 20개를 선발하여 분석에 사용하였다. (Table 39)

PCR반응은 콩 잎에서 추출한 genomic DNA 20ng, 10mM dNTP mixture, 10X PCR buffer, Taq polymerase 1unit, 1nM primer(Bioneer, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 20 μ l로 맞추었다. PCR(MG96G, Longgene scientific, China)은 pre-denaturation을 94°C 에서 5분간 하였고, denaturation은 94°C 에서 30초, annealing은 마커에 따라 47~57°C 에서 30초, extension은 72°C 에서 1분간의 과정을 35회 반복하였고, 10분 동안 final-extension을 수행하였다.

5 μ l의 PCR 증폭산물을 1.5% agarose gel에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한

후 4% polyacrylamide sequencing gel에서 전기영동을 실시하였으며, 전기영동 조건은 1600V, 50mA, 75W로 40분간 pre-run한 다음 3X STR용액과 PCR 산물을 섞어 3분간 denature한 용액을 5 µl씩 Loading하여 전기영동을 실시하였다. Gel의 염색은 silver staining(Panaud et al. 1996)을 하였으며, 전기영동이 끝난 gel을 10% acetic acid에 담가 30분간 fix/stop 용액에 gel plate를 약하게 흔들어 DNA를 고정시키고, 2분간 3회에 걸쳐 2차 증류수로 세척 하였다. 세척이 끝난 gel은 2L의 3차 증류수에 37% formaldehyde 3ml와 silver nitrate(AgNO₃) 2g을 혼합한 용액에 30분간 gel plate를 침지하고 3차 증류수에서 5초간 세척하였다. Developing은 1.5L의 3차 증류수에 sodium carbanate 45g, 37% formaldehyde 2.25ml, sodium thiosulfate(3mg/ml) 300ul를 혼합한 용액을 미리 냉각시킨 후 사용하였다. 그 다음 fix/stop 용액에서 5분간 약하게 흔들어 주면서 고정시킨 다음, 3차 증류수로 2분간 세척 후 건조하였다.

Table 39. Information of 20 markers used for SSR analysis.

No.	Marker	Linkage group	Chro. No.	Repeat motif	AT*(°C)	Sequence(5' to 3')
1	Sat_374	A1	05	(AT)23	57	F : GCGTTGAAACCGTTATAAACCAACTCA R : GCGCTTTATTGGCAATACTTTTAACTCACAT
2	AW13240 2	A2	08	(AT)17	54	F : GCGCCTCCCTCCTCCTTTCTT R : GCGTTTCCCACATATTCTATCATTTGTT
3	Satt197	B1	11	(ATT)20	49	F : CACTGCTTTTTCCCTCTCT R : AAGATACCCCAACATTATTTGTAA
4	Sat_342	B2	14	(AT)11	53	F : GCGACTCTGGGGAAAATTAGTTT R : GCGGAGTCGGGGGAGCACTACTTGTC
5	Satt164	C1	04	(ATT)16	47	F : CACCAATGGCTAAAGTACATAT R : AGGAGAAGAAAAATCACATAAAATATC
6	Sat_076	C2	06	(AT)40	47	F : GCGTAATTAACACCAATATATGACATG R : GCGGGGTTAAAAATTCAAAATGT
7	Satt179	D1a	01	(ATT)25	48	F : GGGATTAGGTTTATGGAAGTTTATTAT R : GGGTCATTAACGATCAGTAAGA
8	Satt216	D1b	02	(ATT)19	47	F : TACCCTTAATCACCGGACAA R : AGGGAACAAACACATTTAATCATCA
9	Sat_022	D2	17	(AT)27	47	F : GCGGCCTTTTCTGACTGTAA R : GCGCAGTGACTAAAACCTACTAT
10	Satt185	E	15	(ATT)29	49	F : GCGCATATGAATAGGTAAGTTGCACTAA R : GCGTTTTCTACAATAATTTTCAT
11	Sat_417	F	13	(AT)16	54	F : GCGAATATGGCGTTGAAAATAGTGAT R : GCGACCCAGATTCTGTGCTAAGA
12	Sat_210	G	18	(AT)35	52	F : GCGCCAGCAACAAAGTTCTGACAAA R : GCGCATGCAAATGAAATAATAA
13	Satt434	H	12	(ATT)32	48	F : GCGTTCCGATATACTATATAATCCTAAT R : GCGGGGTTAGTCTTTTATTTAACTTAA
14	Sat_105	I	20	(AT)30	47	F : TTCCATACAAGATATCAAGTGAATTG R : GCTCCCTACATTGGTAGTAAA
15	Sat_151	J	16	(AT)13	50	F : GCTGCATCAGATCACCCATCCTTC R : CATGCCATGTTGTATGTATGT
16	Sat_043	K	09	(AT)23	53	F : GCGGTCGGTCAATGAATATTAATTAATA R : GCGAAAGCGGCAGAGAGAAAAGGT
17	Sat_245	L	19	(AT)27	55	F : GCGAGCCTACTTTTACTAGAACGTCACAAG R : GCGAAAAATTCACCTCCCTTTAATAGATTC
18	Sat_391	M	07	(AT)37	52	F : GCGTAGGCATCGGTCAATATTTT R : GCGTTAGCGAGTGGATCAAGATCA

19	Satt339	N	03	(ATT)26	49	F : TAATATGCTTTAAGTGGTGTGGTTATG R : GTTAAGCAGTTCCTCTCATCACG
20	Sat_190	O	10	(AT)9	51	F : GCGTGGAAAATATTTTAAAGATTAGGA R : GCGTGTGTACATTTAGTCTACTTGAGAA

*Annealing Temperature

2) SSR 마커 DATA 분석

다양성 및 PIC value의 분석은 PCR에 의해 증폭된 산물을 4% polyacrylamide sequencing gel에서 분리한 후 분자량 확인용 10bp와 100bp DNA ladder band를 기준으로 하여 각 SSR 마커의 정확한 band 위치를 확인한 후 각 품종별로 분자량을 측정하여 이용하였으며, 대립유전자의 유무에 따라 band가 있는 것을 '1' 없는 것을 '0' 으로 기록하여 data matrix를 작성하였다. SSR 마커의 다형성은 PIC

$$P_{ij} = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2 \quad (\text{P}_{ij} \text{는 마커 } i \text{의 band들 중에서 } j \text{ 번째 band의 확률})$$

의 식으로 산출하였다. 유전적 다양성과 유전적 거리 및 유연관계는 Power marker software를 이용하여 Nei의 방법에 따라 유전적 거리를 구하였으며, UPGMA 방법으로 dendrogram을 작성하여 그룹분류와 유연관계를 비교하였다.

나. SSR마커에 의한 품종판별

한국에서 육성된 콩 육성품종 172품종(국립종자원 등록 121품종과 미등록 국내 51 품종) 및 중국 등록 1품종의 총 173품종에 대하여 다양성이 높은 4개의 마커 (Sat_076, Sat_417, Sat_043, Satt197)를 먼저 선발하였고, 판별되지 않은 품종들을 확인하여 효율적으로 판별할 수 있는 마커(Satt434, Satt179)를 추가로 선발 하였다. 1단계에서 가장 다양성이 높은 Sat_076로, 2단계에서 그 다음으로 다양성이 높은 Sat_417를 추가하여 판별하였고, 3단계에서 2단계의 마커와 Sat_043로, 4단계에서 3 단계의 마커와 Satt197로, 5단계에서는 4단계의 마커와 Satt434로, 6단계에서는 5단계의 마커와 Satt179로 판별하였다.

5. 국내 보급품종의 유연관계 분석 및 품종판별

가. DNA 추출

DNA 추출은 Gwak(2015)이 사용한 방법에 따라 파종 후 2주 이내의 어린잎을 채취 하여 -80°C에서 동결 보존하였고, 보존된 잎을 2ml Tube에 2mm Bead와 함께 넣고 액체질소에 동결시켜 Vortexing하여 곱게 분쇄하였다. 그 다음 CTAB buffer[2% CTAB, 1.4 M NaCl, 100 mM Tris-Cl pH8.0, 20 mM EDTA / 500ml] 1ml를 첨가 하여 혼합한 다음 65°C의 항온수조에 넣고, 10분 동안 Invert 해주며 30분간 반응시켜 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 하였다. 분리된 상등액 800ul를 새 tube에 옮긴 후 500ul Chloroform : isoamylalcohol(24 : 1)을 넣고, 혼합해 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 하였다. 상등액 500ul를 새 tube에 옮긴 다음 Isopropanol 300ul를 넣어 부드럽게 섞어주고, 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 하였다. 원심분리 한 튜브에 액체를 버리고 70% EtOH 500ul 넣어 4°C, 12000rpm에서 15분간 원심분리 후 15분간 풍건하였다. 풍건된 DNA는 RNase(20ng/ml)를 첨가한 TE buffer

100 μ l를 넣고 펠릿을 완전히 녹인 후 37°C에서 30분간 반응시켰다. 추출된 DNA는 분광광도계(Nanodrop ND-1000, Thermo Scientific, USA)를 활용하여 DNA 농도를 확인한 후 μ l 당 30ng의 농도를 맞추어 PCR 분석에 사용하였다.

나. SSR 마커 분석

SSR 마커 선발은 콩 연관군과 다형성지수를 고려하여(Hwang et al. 2008) 각 연관군 마다 다형성이 높은 primer 1개를 선발하여 총 20개를 분석에 사용하였다(Table 40).

PCR 반응은 Gwak(2015)이 사용한 방법을 이용하였다. 콩 잎에서 추출한 genomic DNA 20ng, 10mM dNTP mixture, 10X PCR buffer, Taq polymerase unit, 10pM primer(Bioneer, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 20ul로 맞추었다. PCR(MG96G, Longgene scientific, China)은 Hot start를 94°C에서 5분간 하였고, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 마커에 따라 47~57°C에서 30초, extension은 72°C에서 1분간의 과정을 35회 반복하였고, 10분 동안 final-extension을 수행하였다.

5 μ l의 PCR 증폭산물을 1.5% agarose gel에서 전기영동 하여 증폭 여부를 확인한 후 4% polyacrylamide sequencing gel에서 전기영동을 실시하였으며, 전기영동 조건은 1600V, 50mA, 75W로 40분간 pre-run한 다음 3X STR용액과 PCR 산물을 섞어 3분간 denature한 용액을 5ul씩 Loading하여 전기영동을 실시하였다. Gel의 염색은 silver staining(Panaud et al. 1996)을 하였으며, 전기영동이 끝난 gel을 10% acetic acid에 담가 30분간 fix/stop 용액에 gel plate를 약하게 흔들어 DNA를 고정시키고, 2분간 3회에 걸쳐 2차 증류수로 세척 하였다. 세척이 끝난 gel은 2L의 3차 증류수에 37% formaldehyde 3ml와 silver nitrate(AgNO₃) 2g을 혼합한 용액에 30분간 gel plate를 침지하고 3차 증류수에서 5초간 세척하였다. Developing은 1.5L의 3차 증류수에 sodium carbonate 45g, 37% formaldehyde 2.25ml, sodium thiosulfate(3 mg/ml) 300ul를 혼합한 용액을 미리 냉각시킨 후 사용하였다. 그 다음 fix/stop 용액에서 5분간 약하게 흔들어 주면서 고정시킨 다음, 3차 증류수로 2분간 세척 후 건조하였다.

Table 40. Information of 20 markers used for SSR analysis.

No.	Marker	Linkage group	Chro* No.	Repeat motif	AT** (°C)	Sequence(5' to 3')
1	Sat_374	A1	05	(AT)23	57	F : GCGTTGAAACCGTTATAAACCAACTCA R : GCGCTTTATTGGCAATACTTTAACTCACAT
2	AW132402	A2	08	(AT)17	54	F : GCGCCTCCCTCCTCTCCTTTCTT R : GCGTTTCCCACATATTCTATCATTGTGTT
3	Satt197	B1	11	(ATT)20	49	F : CACTGCTTTTTCCCCTCTCT R : AAGATACCCCAACATTATTTGTAA
4	Sat_342	B2	14	(AT)11	53	F : GCGACTCTGGGAAAATTAGTTTAG R : GCGGAGTCGGGAGCACTACTTGTC
5	Satt164	C1	04	(ATT)16	47	F : CACCAATGGCTAAAGGTACATAT R : AGGAGAAGAAAAATCACATAAAATATC
6	Sat_076	C2	06	(AT)40	47	F : GCGTAATTAACACCAATATATGCATG R : GCGGGGTTAAAAATTCAAATGT
7	Satt179	D1a	01	(ATT)25	48	F : GGGATTAGGTTTATGGAAGTTTATTAT R : GGGTCATTAACGATCAGTAAGA
8	Satt216	D1b	02	(ATT)19	47	F : TACCCTTAATCACCGGACAA R : AGGGAACAAACATTTAATCATCA
9	Sat_022	D2	17	(AT)27	47	F : GCGGCCTTTTCTGACTGTAA

10	Satt185	E	15	(ATT)29	49	R : GCGCAGTGAATAAACTTACTAT F : GCGCATATGAATAGGTAAGTTGCACTAA R : GCGTTTTCTACAATAATATTTTCAT
----	---------	---	----	---------	----	---

*Chromosome, **Annealing temperature

Table 40. Continued

No.	Marker	Linkage group	Chro*. No.	Repeat motif	AT** (°C)	Sequence(5' to 3')
11	Sat_417	F	13	(AT)16	54	F : GCGAATATGGCGTTGAAAATAGTGAT R : GCGACCCAGATTCTGTGCTAAGA
12	Sat_210	G	18	(AT)35	52	F : GCGCCAGCAACAAAGTTCCTGACAAA R : GCGCATGCAAATGAAATAATAA
13	Satt434	H	12	(ATT)32	48	F : GCGTTCCGATATACTATATAATCCTAAT R : GCGGGGTTAGTCTTTTTATTTAACTTAA
14	Sat_105	I	20	(AT)30	47	F : TTCCATACAAGATATCAAGTGAATTG R : GCTCCCCTACATTGGTAGTAAA
15	Sat_151	J	16	(AT)13	50	F : GCTGCATCAGATCACCCATCCTTC R : CATGCCATGTTGTATGTATGT
16	Sat_043	K	09	(AT)23	53	F : GCGGTCCGTCAATGAATATTTAAATTTAAA R : GCGAAAGCGGCAGAGAGAGAAAGGT
17	Sat_245	L	19	(AT)27	55	F : GCGAGCCTACTTTTACTAGAACGTCAACAAG R : GCGAAAAATTCAACTCCCCTTTAATAGATTC
18	Sat_391	M	07	(AT)37	52	F : GCGTAGGCATCGGTCAATATTTT R : GCGTTAGCGAGTGGATCAAGATCA
19	Satt339	N	03	(ATT)26	49	F : TAATATGCTTTAAGTGGTGTGGTTATG R : GTTAAGCAGTTCCTCTCATCAGC
20	Sat_190	O	10	(AT)9	51	F : GCGTGGAAAATATTTTAAAGATTAGGA R : GCGTGTGTACATTTAGTCTACTTGAGAA

*Chromosome, **Annealing temperature

다. 유전적 다양성 및 유연관계분석

대립인자수 및 PIC value의 분석은 PCR에 의해 증폭된 산물을 4% polyacrylamide sequencing gel에서 분리한 후 분자량 확인용 10bp와 100bp의 DNA ladder band와 Williams82의 band를 기준으로 품종에 따른 각 SSR 마커의 정확한 band 위치를 확인한 후 이용하였다. SSR 마커의 다양성은 Power marker software를 사용하여 구하였다. Nei(1973)의 방법에 따라 유전적 거리를 구하였으며, UPGMA 방법으로 dendrogram을 작성하여 시험품종들을 군집분류 하였고, 유연관계를 비교하였다.

라. SSR 마커에 의한 품종판별

품종판별을 위해 20개의 마커 중 대립인자수와 다양성이 가장 높은 1개의 마커 (Sat_245)를 선발 하였다. 1단계에서 대립인자수와 다양성이 가장 높은 Sat_245로 판별을 한 후 2단계에서 나머지 19개 마커들을 각각 추가하여 판별 여부를 확인 하였다.

2) 결과 및 고찰

1. 형태적 특성

가. 품종의 형태적 및 생육 특성

1) 형태적 특성

가) 배축색

173개 콩 품종의 배축색에 의한 분류는 Fig. 1, Table 2와 같다. 배축색이 녹색인 품종은 57품종(33%), 자색이 약한 품종은 25품종(14%), 자색이 중간인 품종은 45품종(26%), 자색이 강한 품종은 46품종(27%)으로서 배축색이 녹색인 품종이 가장 많았다. 녹색인 품종은 화성꽃콩, 청아, 만풍, 청두1호, 대망, 대망2호, 다장콩, 금강콩, 두유콩, 부광콩, 새울, 대황, 새별, 선녹, 대풍, 단미, 다진, 단미2호, 소칭, 녹원, 상원, 대하1호, 천상, 소칭2호, 청엽1호, 익산나물콩, 신팔달콩2호, 검정콩1호, 푸른콩, 대원, 선후, 송학, 소호, 호장, 소강, 녹채, 풍원, 풀무흑채, 충북백, 부석, 광두, 강림, 백천, 장백콩, 밀양콩, 방사콩, 단원콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 대하, 한울, 소후, 우람, 새단백, 장연콩, 늘찬

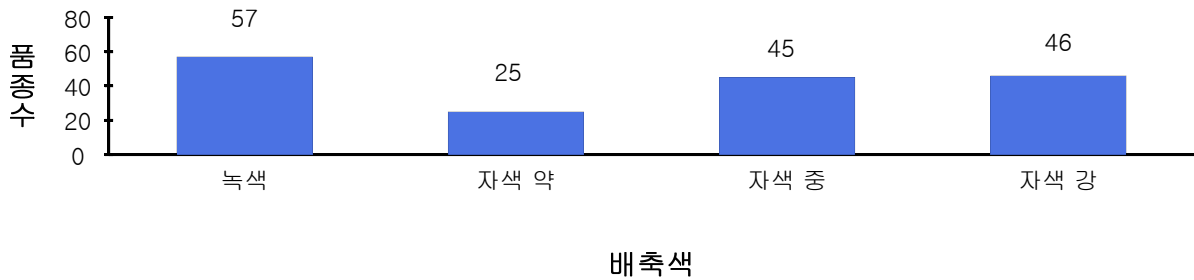


Fig. 1. Frequency distribution of hypocotyl color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 2. Varietal group classified by hypocotyl color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

배축색	품종명
녹색	화성꽃콩, 청아, 만풍, 청두1호, 대망, 대망2호, 다장콩, 금강콩, 두유콩, 부광콩, 새울, 대황, 새별, 선녹, 대풍, 단미, 다진, 단미2호, 소칭, 녹원, 상원, 대하1호, 천상, 소칭2호, 청엽1호, 익산나물콩, 신팔달콩2호, 검정콩1호, 푸른콩, 대원, 선후, 송학, 소호, 호장, 소강, 녹채, 풍원, 풀무흑채, 충북백, 부석, 광두, 강림, 백천, 장백콩, 밀양콩, 방사콩, 단원콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 대하, 한울, 소후, 우람, 새단백, 장연콩, 늘찬
자색 약	청자3호 미랑, 한남콩, 소원, 소록, 다울, 소진, 남풍, 검정5호, 단백콩, 다원콩, 도레미, 서남, 다기, 보석, 영양, 아가10호, 힐콩, 셀비, 단엽콩, 단경콩, 신팔달콩, 원광콩, 호서
자색 중	아가1호, 아가2호, 개척1호, 개척2호, 진농1호, 일품검정콩, 소백나물, 검정콩4호, 다채, 청자2호, 일품검정2호, 흑미, 대양, 흑성, 원후, 알찬콩, 풍산나물콩, 광안콩, 진품콩, 소명, 팔도, 진미, 장기, 조남, 갈채, 소황, 소영, 풀무지기, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 중황13, 갈미, 조생서리, 원현, 장단백목, 익산, 광교, 황금콩, 덕유콩, 백운콩, 팔달콩, 장수콩, 기풍
자색 강	흑청, 호반, 대왕, 강일, 연풍, 경상2호, 경상3호, 진양, 진울, 검정콩3호, 안평, 신기, 검정울콩, 장비콩, 일미, 명주나물콩, 장원, 청자, 신록, 선유, 검정새울, 만수, 대후, 진품콩2호, 검정콩2호, 소담, 원황, 경상1호, 원울, 함안, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 봉의, 동북태, 장엽콩, 남천콩, 새알콩, 보광콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 만리콩, 태광콩, 신화

나) 화색

173개 콩 품종의 화색에 의한 분류는 Fig. 2, Table 3과 같다. 화색이 백색인 품종이 65품종(38%), 담자색인 품종이 6품종(3%), 자색인 품종이 102품종(59%) 이었다.

자색인 품종이 가장 많았고, 담자색인 품종이 가장 적었다. 백색인 품종이 청아, 햇살, 만풍, 대망, 미랑 등 65품종, 종이 흑청, 진양, 장원 담자색인 품종, 장단백목, 금강대립, 새알콩 6품종, 자색인 품종이 소담, 소명, 진품콩, 영양, 광고 등 102 품종이었다.

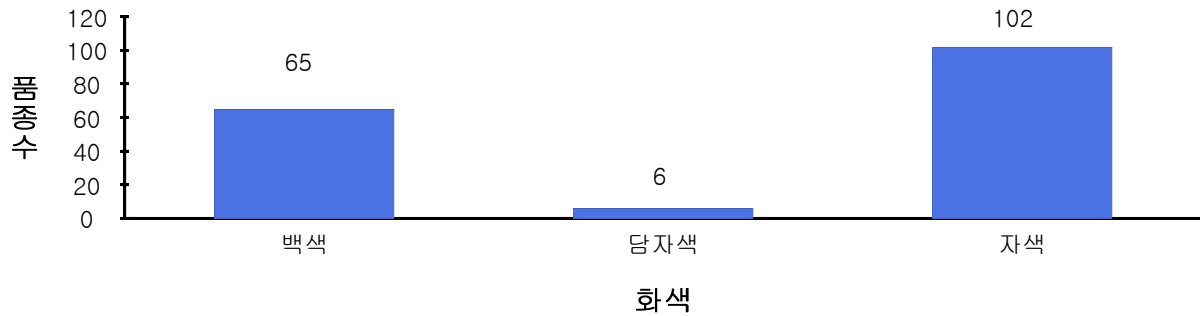


Fig. 2. Frequency distribution of flower color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 3. Varietal group classified by flower color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

구분	품종명
백색	화성꽃콩, 청아, 햇살, 만풍, 청두1호, 대망, 대망2호, 미랑, 다장콩, 금강콩, 두유콩, 부광콩, 새울, 대황, 새별, 선녹, 대풍, 다울, 단미, 다진, 단미2호, 소청, 녹원, 남풍, 상원, 대하1호, 천상, 소청2호, 청엽1호, 익산나물콩, 신팔달콩2호, 검정콩1호, 푸른콩, 대원, 선홍, 송학, 도레미, 소호, 호장, 소강, 녹채, 풍원, 소황, 풀무흑채, 충북백, 부석, 광두, 힐콩, 강림, 백천, 장백콩, 단경콩, 단원콩, 신팔달콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 대하, 한울, 소흑, 우람, 새단백, 장연콩, 늘찬
담자색	흑청, 진양, 장원, 장단백목, 금강대립, 새알콩
농자색	호반, 대왕, 강일, 연풍, 아가1호, 아가2호, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 진울, 검정콩3호, 안평, 신기, 청자3호, 한남콩, 일품검정콩, 검정울콩, 장미콩, 소백나물, 일미, 명주나물콩, 소원, 청자, 신록, 소록, 검정콩4호, 다채, 청자2호, 소진, 선유, 검정새울, 일품검정2호, 흑미, 만수, 대양, 대흑, 흑성, 검정5호, 원흑, 알찬콩, 풍산나물콩, 단백콩, 광안콩, 다원콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 진품콩, 소명, 소담, 팔도, 진미, 서남, 다기, 보석, 원황, 장기, 조남, 갈채, 영양, 소영, 풀무지기, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 중황13, 경상1호, 갈미, 조생서리, 원울, 원현, 익산, 함안, 금강소립, 육우3호, 셀비, 광고, 봉의, 동북태, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 팔달콩, 보광콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 만리콩, 태광콩, 원광콩, 호서, 신화, 기풍

다) 모용색

173개 콩 품종의 모용색에 따른 분류는 Fig. 3, Table 4와 같다. 모용색은 회색이 71

품종(41%), 갈색이 102품종(59%)으로 비율로 회색보다 많았다. 모용색이 회색인 품종은 화성꽃콩, 청아, 만풍, 연풍, 안평 등 71품종, 갈색인 품종은 흑청, 아가1호, 경상2호, 청자3호, 일품검정콩 등 102품종이었다.

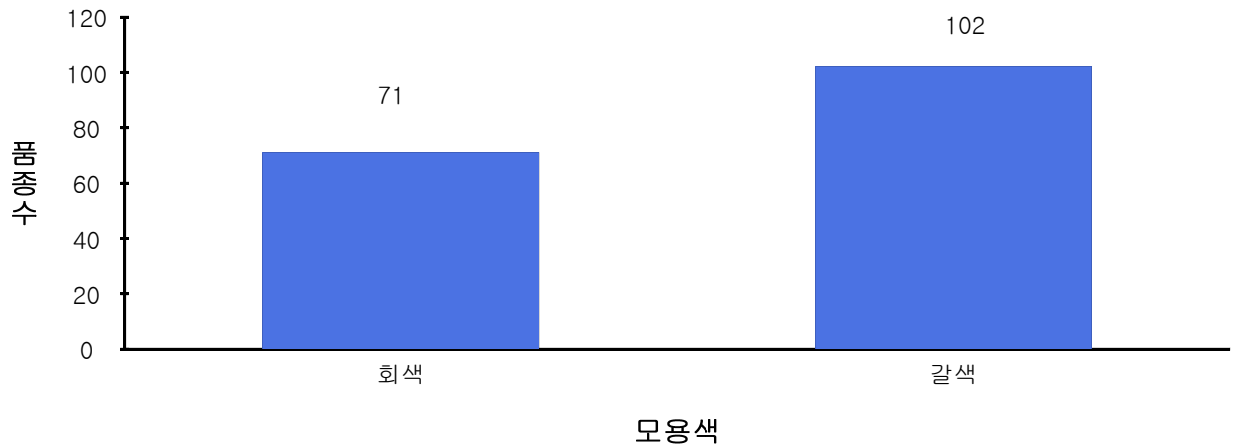


Fig. 3. Frequency distribution of hair color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 4. Varietal group classified by hair color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

모용색	품종명
회색	화성꽃콩, 청아, 대왕, 강일, 만풍, 연풍, 안평, 신기, 대망, 대망2호, 한남콩, 장미콩, 부광콩, 소백나물, 새울, 소원, 대황, 소진, 선유, 단미2호, 녹원, 상원, 대하1호, 익산나물콩, 풍산나물콩, 단백콩, 광안콩, 대원, 소호, 진미, 서남, 호장, 소강, 원황, 장기, 풀무지기, 아가3호, 아가8호, 중황13, 장단백목, 익산, 금강대립, 금강소립, 부석, 광고, 봉의, 강립, 동북태, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 새알콩, 보광콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 만리콩, 화엄꽃콩, 원광콩, 호서, 대하, 한울, 우람, 새단백, 기풍, 늘찬
갈색	흑청, 호반, 햇살, 아가1호, 아가2호, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 진양, 진을, 검정콩3호, 청두1호, 청자3호, 미량, 다장콩, 금강콩, 일품검정콩, 검정울콩, 두유콩, 일미, 명주나물콩, 장원, 새별, 청자, 선늑, 신록, 소록, 검정콩4호, 대풍, 다채, 다을, 단미, 다진, 청자2호, 검정새울, 일품검정2호, 흑미, 소청, 만수, 남풍, 대양, 대흑, 흑성, 천상, 검정5호, 원흑, 소청2호, 청엽1호, 알찬콩, 신팔달콩2호, 검정콩1호, 푸른콩, 다원콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 진품콩, 소명, 소담, 선흑, 팔도, 송학, 도레미, 다기, 보석, 녹채, 풍원, 조남, 갈채, 소황, 영양, 소영, 풀무흑채, 아가4호, 아가9호, 아가10호, 경상1호, 갈미, 조생서리, 원을, 원현, 충북백, 함안, 육우3호, 광두, 힐콩, 셀비, 백천, 단엽콩, 남천콩, 방사콩, 팔달콩, 단경콩, 단원콩, 신팔달콩, 태광콩, 삼남콩, 소양콩, 신화, 소흑, 장연콩

라) 성숙협색

173개 콩 품종의 성숙협색에 의한 분류는 Fig. 4, Table 5와 같다. 성숙협색이 담갈색인 품종은 11품종(6.4%), 갈색인 품종은 90품종(52%), 농갈색인 품종은 61품종(35.3%), 회색인 품종은 2품종(1.1%), 흑색인 품종은 9품종(5.2%)이었다. 성숙협색이 갈색인 품종이 90품종으로 가장 많았고, 회색인 품종이 2품종으로 가장 적었다. 갈색인 품종은 화성꽃콩, 청아, 햇살, 아가1호, 아가2호 등 90품종이 있고, 회색인 품종은 부광콩, 신록 2품종이었다.

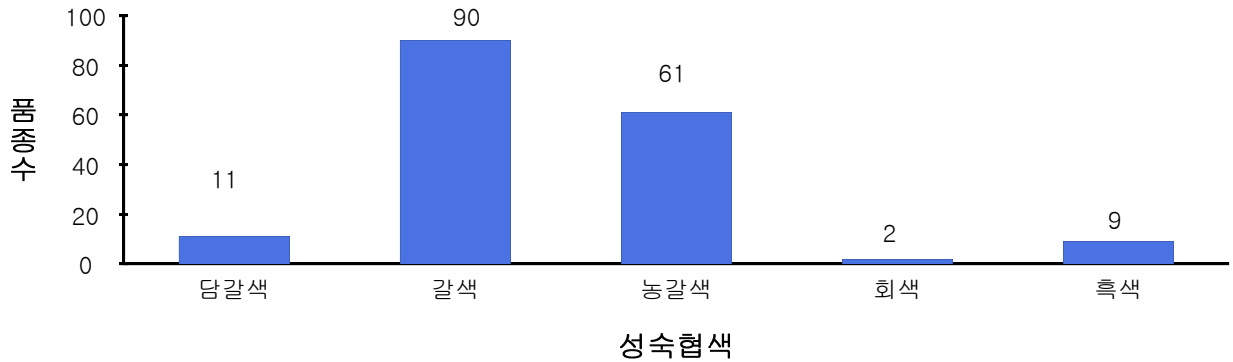


Fig. 4. Frequency distribution of pod color at maturity among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 5. Varietal group classified by pod color at maturity among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

배축색	품종명
담갈색	장미콩, 익산나물콩, 소강, 원황, 장기, 조남, 함안, 안평, 아가4호, 아가8호, 원광콩
갈색	화성꽃콩, 청아, 햇살, 아가1호, 아가2호, 한남콩, 일품검정콩, 소백나물, 다채, 다울, 단미, 청자2호, 소진, 선유, 흑미, 소청, 청엽1호, 알찬콩, 단백콩, 광안콩, 다원콩, 대원, 호장, 보석, 풍원, 갈채, 소황, 영양, 소영, 원현, 장단백목, 충북백, 익산, 부석, 광두, 힐콩, 셀비, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장수콩, 우람, 새단백, 연풍콩, 만풍콩, 진농1호, 대망, 새울, 명주나물콩, 소원, 대황, 새별, 선늑, 소록, 대풍, 상원, 대양, 대흑, 흑성, 대하1호, 검정5호, 원흑, 소명, 소담, 팔도, 도레미, 소호, 다기, 풀무흑채, 아가3호, 중황13, 조생서리, 광고, 동북태, 단엽콩, 덕유콩, 만리콩, 태광콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 호서, 신화, 대하
농갈색	흑청, 호반, 대왕, 강일, 대망2호, 미랑, 다장콩, 금강콩, 두유콩, 다진, 검정새울, 단미2호, 풍산나물콩, 신팔달콩2호, 푸른콩, 진품콩2호, 녹색, 금강소립, 장경콩, 단원콩, 소흑, 장연콩, 연천9호, 늘찬, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진양, 진율, 검정콩3호, 청두1호, 청자3호, 장원, 청자, 검정콩4호, 녹원, 만수, 남풍, 천상, 소청2호, 검정콩2호, 진품콩, 선흑, 진미, 서남, 풀무지기, 아가9호, 아가10호, 경상1호, 갈미, 원울, 봉의, 강림, 백천, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 밀양콩, 신팔달콩, 한울
회색	부광콩, 신록
흑색	경상2호, 검정올콩, 일미, 일품검정2호, 금강대립, 육우3호, 신기, 송학

마) 신육형

173개 콩 품종의 신육형에 따른 분류는 Fig. 5, Table 6과 같다. 유한신육형153품종(88%), 중간형이 13품종(8%), 무한신육형이 7품종(4%)이었다. 유한신육형은 흑청콩, 화성꽃콩, 안평, 장미, 개척1호 등 153품종, 중간형은 아가1호, 아가2호, 한남콩, 보석 등 13품종, 무한신육형은 푸른콩, 아가3호, 아가8호, 아가10호, 무한콩 등 7품종이었다.

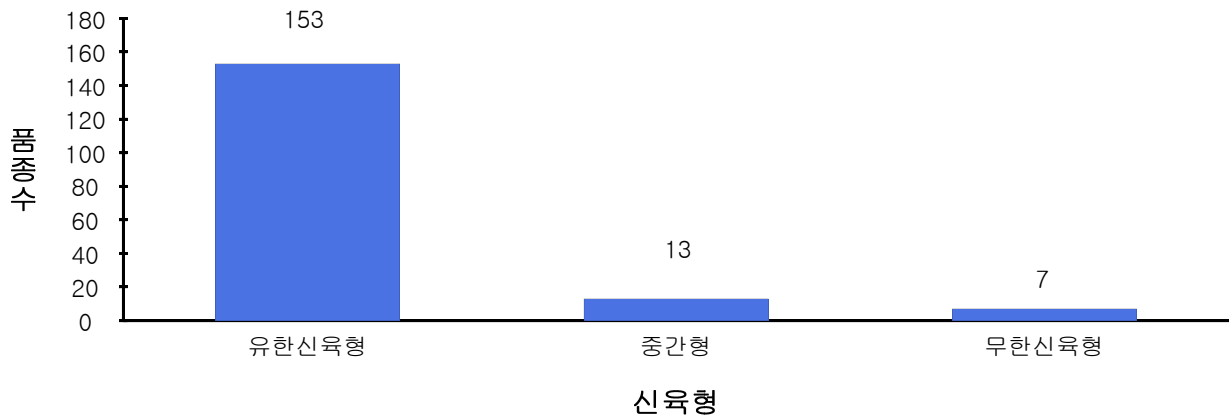


Fig. 5. Frequency distribution of growth types among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 6. Varietal group classified by growth types among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

신육형	품종명
유한신육형	화성꽃콩, 흑청콩, 호반, 청아, 대왕, 강일, 햇살, 만풍, 연풍, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 진양, 진을콩, 검정콩3호, 안평, 신기, 청두1호, 대망, 청자3호, 대망2호, 미량, 다장콩, 금강콩, 일품검정콩, 검정울콩, 장미콩, 두유콩, 부광콩, 소백나물콩, 새울콩, 명주나물콩, 소원콩, 대황콩, 장원콩, 새별콩, 청자콩, 선녹콩, 신희콩, 소록콩, 검정콩4호, 대풍, 다채, 다울, 단미, 다진, 청자2호, 소진, 선유, 검정새울, 단미2호, 일품검정2호, 흑미, 소청, 녹원, 만수, 남풍, 상원, 대양, 대흑, 흑성, 대하1호, 천상, 검정5호, 원흑, 소청2호, 청엽1호, 익산나물콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 신평달콩2호, 검정콩1호, 단백콩, 광안콩, 다원콩, 대원콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 진품콩, 소명콩, 소담콩, 선흑콩, 팔도콩, 송학콩, 도레미콩, 소호콩, 진미콩, 서남, 다기, 호장, 소강, 녹채, 원황, 장기, 풍원, 조남, 갈채, 소황, 영양, 소영, 중황13, 경상1호, 갈미콩, 조생서리, 원울, 원현, 장단백목, 충북백, 익산, 함안, 금강대립, 금강소립, 부석, 육우3호, 광두, 셀비, 광고, 봉의, 강림, 동북태, 백천, 장엽콩, 황금콩, 남천콩, 덕유콩, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 남해콩, 장경콩, 단원콩, 만리콩, 신평달콩, 태광콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 원광, 호서, 신화, 대하, 한울, 우람, 새단백, 장연콩, 기풍, 늘찬
중간형	아가1호, 아가2호, 한남콩, 일미콩, 보석, 풀무흑채, 풀무지기, 힐콩, 단엽콩, 장백콩, 밀양콩, 장수콩, 소흑
무한신육형	푸른콩, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 무한콩

2) 생육단계별 일수

가) 개화일수

173개 콩 품종의 개화일수에 따른 분류는 Fig. 6, Table 7과 같다. 개화일수가 47일 이하인 품종은 57품종(33%), 48~55일인 품종은 33품종(19%), 56~63일인 품종은 80품종(46%), 64일 이상인 품종은 3품종(2%)이었다. 개화일수가 56~63일인 품종이 가장 많았고, 64일 이상인 품종이 가장 적었다. 개화일수가 47일 이하인 품종은 다울, 화성꽃콩, 호반, 강일, 햇살등 57품종, 48~55일인 품종은 검정올콩, 녹원, 남풍, 천상, 대원콩 등 33품종, 56~63일인 품종은 진올콩, 검정콩3호, 안평, 신기, 청두1호 등 80품종, 64일 이상인 품종은 청엽1호, 아가3호, 아가4호로 3품종이었다.

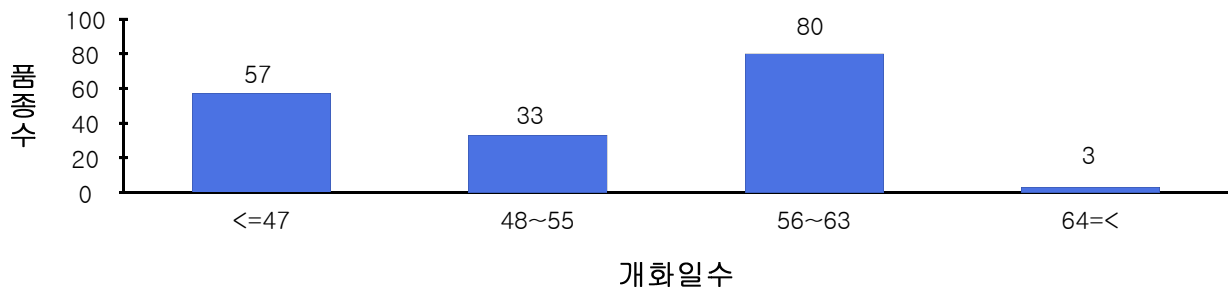


Fig. 6. Frequency distribution of days from planting to flowering among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 7. Varietal group classified by days from planting to flowering among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

개화일수	품종명
<=47	다울, 화성꽃콩, 호반, 강일, 햇살, 만풍, 연풍, 개척2호, 대망, 대망2호, 미랑, 다장콩, 금강콩, 일미콩, 새올콩, 장원콩, 선녹콩, 신록콩, 대풍, 단미, 다진, 선유, 검정새올, 단미2호, 흑미, 상원, 대흑, 흑성, 검정5호, 신팔달콩2호, 검정콩1호, 푸른콩, 다원콩, 녹채, 원황, 조남, 중황13, 금강대립, 금강소립, 동북태, 장엽콩, 황금콩, 남천콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 단원콩, 만리콩, 신팔달콩, 태광콩, 화업꽃콩, 소양콩, 대하, 한울, 장연콩, 기풍, 늘찬
48~55	검정올콩, 녹원, 남풍, 천상, 대원콩, 소담콩, 선흑콩, 진미콩, 다기, 호장, 남해콩, 장경콩, 흑청콩, 청아, 대왕, 소청, 소호콩, 경상1호, 장단백목, 충북백, 은하콩, 아가1호, 아가2호, 경상2호, 개척1호, 일품검정콩, 청자콩, 팔도콩, 서남, 광두, 광고, 단엽콩, 장수콩
56~63	진올콩, 검정콩3호, 안평, 신기, 청두1호, 한남콩, 두유콩, 명주나물콩, 소원콩, 대황콩, 새별콩, 검정콩4호, 다채, 청자2호, 소진, 일품검정2호, 만수, 대양, 대하1호, 알찬콩, 단백콩, 진품콩2호, 진품콩, 소강, 갈미콩, 조생서리, 부석, 육우3호, 셀비, 봉의, 백천, 덕유콩, 방사콩, 새알콩, 삼남콩, 원광, 경상3호, 진양, 청자3호, 장미콩, 부광콩, 소백나물콩, 소록콩, 원흑, 소청2호, 익산나물콩, 풍산나물콩, 검정콩2호, 소명콩, 송학콩, 도레미콩, 풍원, 갈채, 소황, 소영, 풀무흑채, 풀무지기, 원울, 원현, 익산, 함안, 힐콩, 강림, 장백콩, 밀양콩, 무한콩, 호서, 신화, 소흑, 우람, 새단백, 진농1호, 광안콩, 보석, 장기, 영양, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 백운콩
66=<	청엽1호, 아가3호, 아가4호

나) 성숙일수

173개 콩 품종의 성숙일수에 따른 분류는 Fig. 7, Table 8과 같다. 성숙일수가 60일 이하인 품종은 12품종(7%), 61~70일인 품종은 30품종(17.3%), 71일 이상인 품종은 131품종(75.7%)이었다. 성숙일수가 71일 이상인 품종이 131품종으로 가장 많았고, 60일 이하인 품종이 12품종으로 가장 적었다. 성숙일수가 60일 이하인 품종은 신팔달콩2호, 화엄꽃콩, 화성꽃콩, 한남콩 등 12품종, 61~70일인 품종은 광고, 새알콩, 광안콩, 일품검정콩, 도레미콩, 새별콩 등 30품종, 71이상인 품종은 장단백목, 충북백, 익산, 부석, 함안콩 등 131품종이었다.

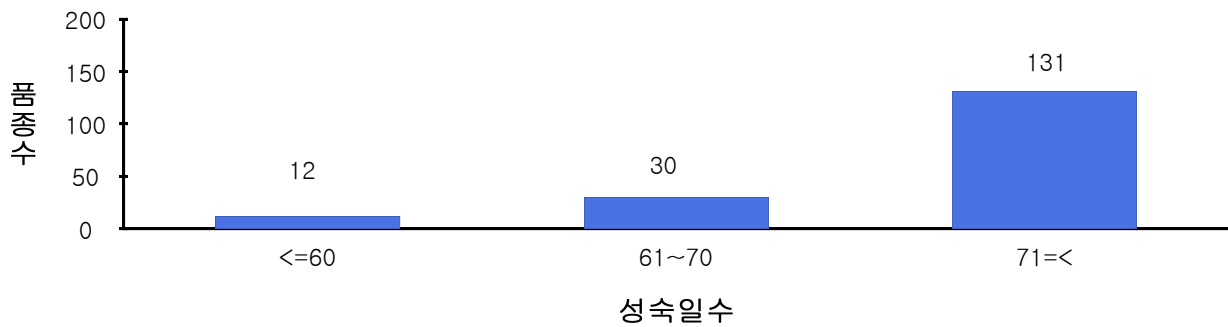


Fig. 7. Frequency distribution of days from flowering to maturity among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 8. Varietal group classified by days from flowering to maturity among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

성숙일수	품종명
<=60	신팔달콩2호, 화엄꽃콩, 화성꽃콩, 한남콩, 명주나물콩, 검정올콩, 다울, 다진, 검정새울, 미랑, 상원, 한울
61~70	광고, 새알콩, 광안콩, 일품검정콩, 도레미콩, 새별콩, 선녹콩, 다채콩, 청자2호, 보석, 아가1호, 아가2호, 단미2호, 영양, 중황13호, 소청, 녹원, 조남, 아가4호, 호서, 갈채, 소황, 진농1호, 청엽1호, 풀무지기, 소흑, 소청2호, 아가9호, 아가10호, 진양
71=<	장단백목, 충북백, 익산, 부석, 함안콩, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 광두, 힐, 셀비, 봉의, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 만리콩, 신팔달콩, 삼남콩, 부광콩, 태광콩, 두유콩, 단백콩, 소양콩, 검정콩1호, 푸른콩, 진품콩, 금강콩, 소백나물콩, 익산나물콩, 다장콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 장미콩, 다원콩, 대원콩, 일미콩, 새울콩, 소명콩, 소담콩, 선흑콩, 팔도, 송학콩, 흑청콩, 진울콩, 소원콩, 대황콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 신록콩, 소호콩, 검정콩3호, 소록콩, 검정콩4호, 진미콩, 안평, 대풍콩, 단미, 서남, 다기콩, 호장콩, 신기, 청두1호, 대망, 소진, 청자3호, 선유, 소강, 녹채, 경상1호, 대망2호, 일품검정2호, 원황, 장기, 소영, 경상2호, 조생서리, 호반, 개척1호, 개척2호, 흑미, 만수, 풍원, 풀무흑채, 청아, 대왕콩, 강일, 남풍, 대양, 대흑, 아가3호, 원광, 신화, 만풍, 흑성, 대하1호, 대하, 경상3호, 검정콩5호, 원울, 햇살, 천상, 원흑, 아가8호, 우람, 새단백, 연풍, 원현, 늘찬, 장연, 기풍

다) 생육일수

173개 콩 품종의 생육일수에 따른 분류는 Fig. 8, Table 9와 같다. 생육일수가 110일 이하인 품종은 12품종(6.9%), 111~120일인 품종은 10품종(5.8%), 121~130일 이상인 품종은 35품종(20.2%)이었다. 131일 이상인 품종은 116품종으로 가장 많았고, 111~120일 품종이 10품종으로 가장 적었다. 생육일수가 110일 이하인 품종은 신팔달콩2호, 미량, 검정새울 등 12품종, 111~120일인 품종은 강일, 일품검정콩, 선녹콩 등 10품종, 121~130일 이상인 품종은 광고, 장엽콩, 새알콩, 팔달콩 등 35품종, 131일 이상인 품종은 장단백목, 충북백, 익산, 부석, 함안 등 10품종이었다.

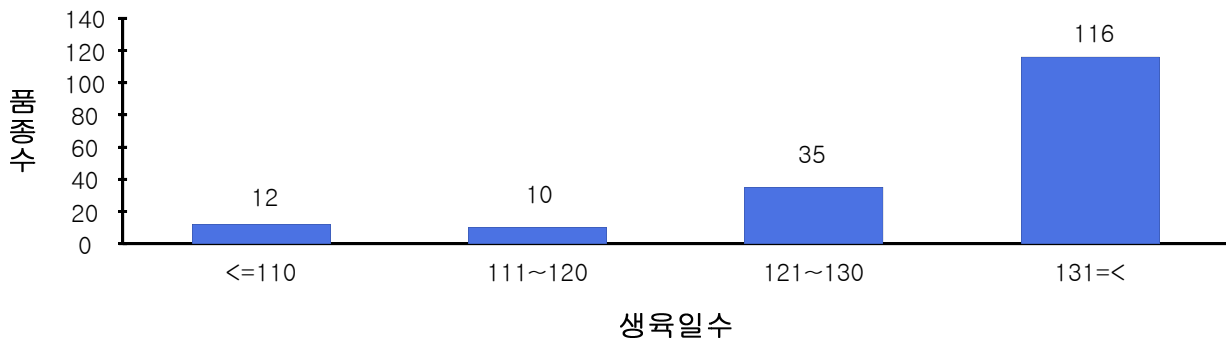


Fig. 8. Frequency distribution of days from planting to maturity among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 9. Varietal group classified by days from planting to maturity among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

생육일수	품종명
<=110	신팔달콩2호, 미량, 검정새울, 다진, 검정올콩, 명주나물콩, 화성꽃콩, 화엄꽃콩, 한남콩, 다울, 상원, 한울
111~120	강일, 일품검정콩, 선녹콩, 신록콩, 아가1호, 단미, 단미2호, 중황13호, 녹원, 조남
121~130	광고, 장엽콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 장경콩, 단원콩, 만리콩, 신팔달콩, 태광콩, 푸른콩, 다원콩, 도레미콩, 새별콩, 다채콩, 호장콩, 청자2호, 선유, 녹채, 아가2호, 원황, 개척2호, 흑미, 소청, 호서, 갈채, 소황, 대하, 진농1호, 풀무지기, 소흑, 소청2호, 아가10호, 진양
131=<	장단백목, 충북백, 익산, 부석, 함안, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 광두, 힐, 셀비, 봉의, 강림, 동북태, 백천, 단엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장수콩, 삼남콩, 부광콩, 두유콩, 단백콩, 소양콩, 검정콩1호, 광안콩, 진품콩, 금강콩, 소백나물콩, 익산나물콩, 다장콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 장미콩, 대원콩, 일미콩, 새울콩, 소명콩, 소담콩, 선흑콩, 팔도, 송학콩, 흑청콩, 진울콩, 소원콩, 대황콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 소호콩, 검정콩3호, 소록콩, 검정콩4호, 진미콩, 안평콩, 대풍콩, 서남, 다기콩, 신기, 청두1호, 대망, 소진, 보석, 청자3호, 소강, 경상1호, 대망2호, 일품검정2호, 장기, 영양, 소영, 경상2호, 조생서리, 호반, 개척1호, 만수, 풍원, 풀무흑채, 청아, 대왕콩, 남풍, 대양, 대흑, 아가3호, 아가4호, 원광, 신화, 만풍, 흑성, 대하1호, 경상3호, 검정콩5호, 청엽1호, 원울, 햇살, 천상, 원흑, 아가8호, 아가9호, 우람, 새단백, 연풍, 원현, 늘찬, 장연, 기풍

3) 엽관련 특성

가) 엽장, 엽폭, 엽장폭비, 엽면적, 엽두께의 최소, 최대 및 평균

173개 콩 품종들의 엽장은 중앙소엽이 10.7 ~ 20.1cm로 평균 15.4cm이었고 측소엽은 8.8 ~ 18.3cm로 평균 8.2cm이었다. 엽폭은 중앙소엽이 3.1 ~ 13.0cm로 평균 8.2이었고, 측소엽은 3.2 ~ 13.1cm로 평균 8.2cm이었다. 엽장폭비는 1.3 ~ 4.1로 평균 2.0이었다. 엽면적은 70 ~ 412.5cm²로 평균 234.4cm²이었다. 엽두께는 0.0413 ~ 0.1988mm로 평균 0.1222mm이었다(Table 10).

Table 10. Minimum, maximum and mean values of leaf characteristics among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

구분	엽장(cm)	엽폭(cm)	엽장폭비	엽면적 (cm ²)	엽두께 (mm)
최소	10.7	3.1	1.3	70	0.041
최대	20.1	13.0	4.1	412.5	0.199
평균	15.4	8.2	2.0	234.4	0.122

나) 엽장

173개 콩 품종의 중앙소엽의 엽장에 따른 분류는 Fig. 9, Table 11과 같다. 엽장이 12.0cm 이하인 품종은 8품종(5%), 12.1~15.0cm인 품종은 65품종(37%), 15.1~18.0cm인 품종은 86품종(50%), 18.1cm 이상인 품종은 14품종(8%)이었다. 중앙소엽의 엽장이 15.1~18.0cm인 품종이 가장 많았고, 12.0cm 이하인 품종이 가장 적었다. 엽장이 12.0cm 이하인 품종은 아가1호, 아가9호, 아가10호, 선녹, 대황 등 8품종, 12.1~15.0cm인 품종은 소진, 경상2호, 소흑, 삼남콩, 대하1호 등 65품종, 15.1~18.0인 품종은 소황, 소양콩, 보석, 화성꽃콩, 충북백등 86품종, 18.1cm 이상인 품종은 남풍, 조남, 새울, 광고, 함안 등 14품종이었다.

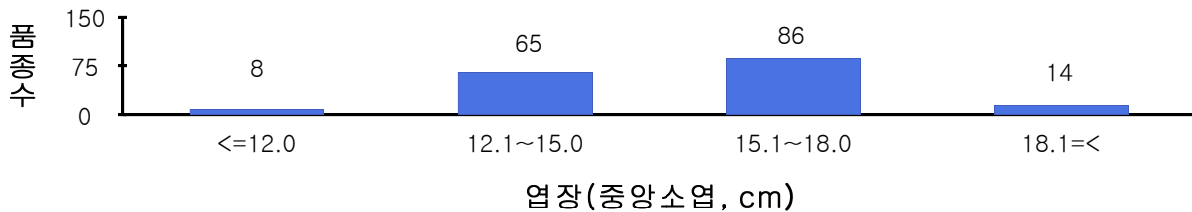


Fig. 9. Frequency distribution of length of central leaf among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 11. Varietal group classified by length of central leaf among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

엽장(중앙소엽, cm)	품종명
<=12.0	아가9호, 아가10호, 아가1호, 선녹, 대황, 장미콩, 미랑, 아가2호
12.1~15.0	소진, 경상2호, 소흑, 삼남콩, 대하1호, 단엽콩, 밀알콩, 단경콩, 은하콩, 진울, 소원, 다울, 진품콩, 흑청, 무한콩, 흑성, 만풍, 아가8호, 장수콩, 진양, 대망2호, 다진, 육우3호, 힐콩, 덕유콩, 호반, 대흑, 풍산나물콩, 소청2호, 도레미, 송학, 방사콩, 부광콩, 개척2호, 단원콩, 한남콩, 아가4호, 새별, 소록, 검정콩4호, 검정콩2호, 두유콩, 상원, 대망, 호장, 호서, 금강콩, 검정울콩, 검정새울, 녹원, 강일, 익산, 한울, 다채, 검정콩1호, 화엄꽃콩, 경상3호, 대하, 단미, 알찬콩, 진농1호, 소명, 쉐비, 안평, 단백콩
15.1~18.0	소황, 소양콩, 보석, 화성꽃콩, 충북백, 장백콩, 선유, 태광콩, 서남, 남천콩, 남해콩, 우람, 소백나물, 단미2호, 검정5호, 청아, 신탄달콩2호, 푸른콩, 녹채, 봉의, 광안콩, 중황13, 새단백, 일미, 소강, 개척1호, 다장콩, 원황, 영양, 기풍, 대왕, 대양, 소호, 경상1호, 소영, 광두, 팔달콩, 대풍, 다원콩, 소담, 선흑, 일품검정2호, 풀무지기, 아가3호, 동북태, 늘찬, 청두1호, 청자3호, 청자, 팔도, 장기, 원광콩, 신화, 장원, 만수, 원흑, 연풍, 다기, 갈미, 백천, 햇살, 금강소립, 청자2호, 장단백목, 황금콩, 신록, 신탄달콩, 일품검정콩, 소청, 청엽1호, 진품콩2호, 백운콩, 장연콩, 풀무흑채, 조생서리, 풍원, 원현, 보광콩, 신기, 부석, 검정콩3호, 명주나물콩, 원울, 대원, 갈채, 장경콩
18.1<	남풍, 조남, 새울, 광교, 함안, 진미, 강림, 만리콩, 흑미, 금강대립, 장엽콩, 천상, 익산나물콩, 새알콩

다) 엽폭

173개 콩 품종의 중앙소엽의 엽폭에 따른 분류는 Fig. 10, Table 12와 같다. 엽폭이 5.0cm 이하인 품종은 19품종(11%), 5.1~7.0cm인 품종은 24품종(14%), 7.1~9.0cm인 품종은 61품종(35%), 9.1~11.0cm인 품종은 64(37%)품종, 11.1cm 이상인 품종은 5품종(3%)이었다. 중앙소엽의 엽폭이 9.1~11.0cm인 품종이 가장 많았고, 11.1cm 이상인 품종이 가장 적었다. 엽폭이 5.0cm 이하인 품종은 소진, 다채, 도레미, 소강, 안평 등 19품종, 5.1~7.0cm인 품종은 연풍, 남풍, 소원, 풍산나물콩, 장기 등 24품종, 7.1~9.0cm인 품종은 소영, 검정콩4호, 천상, 보석, 대황 61품종, 9.1~11.0인 품종은 상원, 새별, 송학, 검정울콩, 만수 등 64품종, 11.1cm 이상인 품종은 금강소립, 청자2호, 원현, 새울, 조생서리로 5품종이었다.

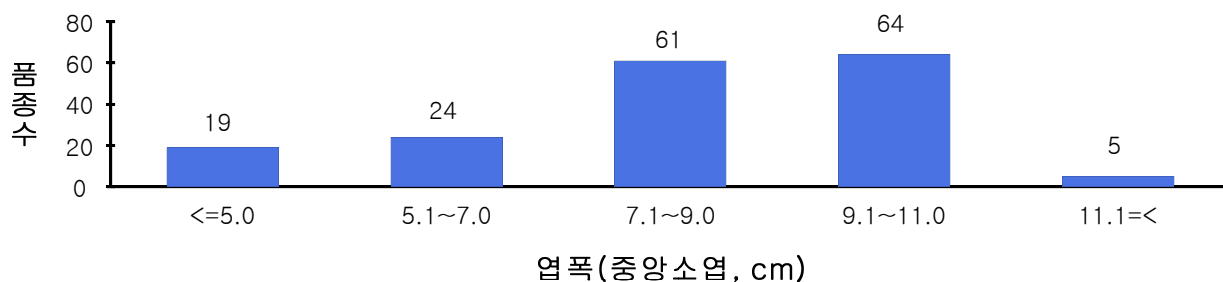


Fig. 10. Frequency distribution of width of central leaf among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 12. Varietal group classified by width of central leaf among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

엽폭(중앙소엽, cm)	품종명
<=5.0	아가10호, 아가9호, 아가8호, 아가4호, 아가3호, 아가1호, 소명, 아가2호, 소진, 다채, 도레미, 소강, 안평, 알찬콩, 풍원, 강일, 은하콩, 소호, 풀무지기
5.1~7.0	연풍, 남풍, 소원, 풍산나물콩, 장기, 신화, 원황, 다기, 갈채, 진미, 검정콩3호, 소황, 장엽콩, 금강대립, 원광콩, 장경콩, 명주나물콩, 장원, 새알콩, 보광콩, 개척2호, 조남, 원흑, 소양콩
7.1~9.0	소영, 검정콩4호, 천상, 보석, 대황, 청아, 팔도, 부광콩, 미랑, 단엽콩, 신팔달콩2호, 푸른콩, 선늑, 호서, 육우3호, 만리콩, 장미콩, 팔달콩, 소흑, 단경콩, 대망2호, 남천콩, 햇살, 선유, 소청2호, 진을, 소록, 익산나물콩, 흑성, 경상2호, 녹채, 장백콩, 검정콩2호, 밀양콩, 청자3호, 청자, 방사콩, 진품콩, 흑청, 대망, 한국 콩 육성9호, 대하, 무한콩, 다장콩, 두유콩, 검정새울, 경상1호, 단백콩, 덕유콩, 진양, 동북태, 단원콩, 녹원, 셀비, 익산, 한울, 중황13, 삼남콩, 진농1호, 소담, 개척1호
9.1~11.0	상원, 새별, 송학, 검정올콩, 만수, 경상3호, 백운콩, 대하1호, 화엄꽃콩, 소백나물, 금강콩, 검정콩1호, 장수콩, 일미, 광안콩, 선흑, 장연콩, 선흑, 장연콩, 강림, 백천, 소청, 흑미, 광고, 신록, 대풍, 다진, 호반, 영양, 한남콩, 호장, 우람, 힐콩, 청엽1호, 광두, 검정5호, 태광콩, 대흑, 대왕, 일품검정2호, 봉의, 대양, 길미, 황금콩, 서남, 충북백, 다울, 만풍, 함안, 늘찬, 새단백, 신팔달콩, 단미, 남해콩, 청두1호, 다원콩, 단미2호, 진품콩2호, 일품검정콩, 대원, 풀무흑채, 신기, 화성꽃콩, 장단백묵, 부석, 원을
11.1=<	금강소립, 청자2호, 원현, 새울, 조생서리

라) 엽장폭비

173개 콩 품종의 중앙소엽의 엽장폭비에 따른 분류는 Fig. 11, Table 13과 같다. 엽장폭비가 1.5 이하인 품종은 37품종(21%), 1.6~2.0인 품종은 85품종(49%), 2.1~2.5인 품종은 12품종(7%), 2.6 이상인 품종은 39품종(23%)이었다. 엽장폭비가 1.6~2.0인 품종이 가장 많았고, 2.1~2.5인 품종이 가장 적었다. 엽장폭비가 1.5 이하인 품종은 단미, 한남콩, 조생서리, 호장, 송학 등 37품종, 1.6~2.0인 품종은 호반, 대망, 대하1호, 검정새울, 봉의 등 85품종, 2.1~2.5인 품종은 햇살, 팔달콩, 보석, 청아, 소양콩 등 12품종, 2.6 이상인 품종은 원광콩, 보광콩, 소원, 조남, 풍산나물콩 등 39품종이었다.

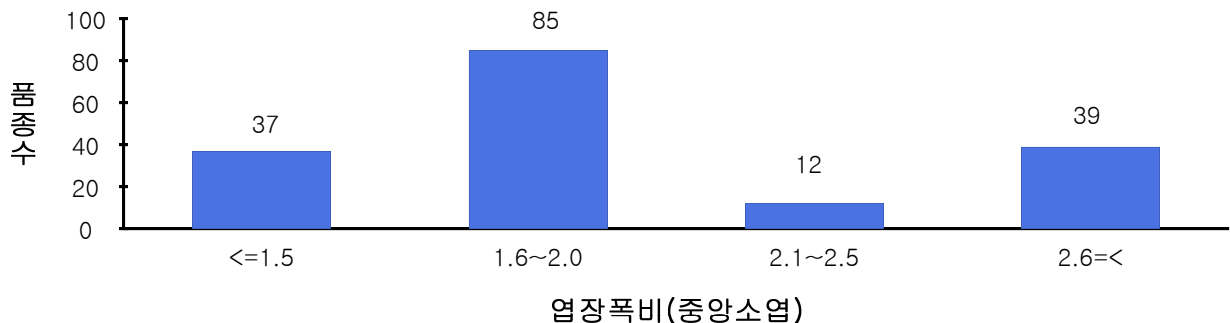


Fig. 11. Frequency distribution of length/width ratio of central leaf among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 13. Varietal group classified by length/width ratio of central leaf among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

엽장폭비(중앙소엽)	품종명
<=1.5	단미, 한남콩, 조생서리, 호장, 송학, 화성꽃콩, 다올, 만풍, 새별, 원현, 금강콩, 청자2호, 단미2호, 상원, 남해콩, 단원콩, 검정올콩, 검정콩1호, 새올, 충북백, 금강소립, 선녹, 화엄꽃콩, 서남, 대흑, 경상3호, 다원콩, 두유콩, 새단백, 장미콩, 방사콩, 경상2호, 장단백목, 힐콩, 청두1호, 녹원, 다진
1.6~2.0	호반, 대망, 대하1호, 검정새올, 봉의, 태광콩, 한올, 익산, 일품검정콩, 검정5호, 검정콩2호, 진농1호, 소청2호, 늘찬, 진품콩2호, 우람, 대왕, 대양, 장수콩, 소록, 신팔달콩, 삼남콩, 풀무흑채, 소흑, 미랑, 대황, 셀비, 일품검정2호, 부석, 원올, 갈미, 대하, 신기, 단백콩, 황금콩, 영양, 광안콩, 광두, 대원, 일미, 소백, 나물, 대풍, 선흑, 진양, 무한콩, 흑청, 덕유콩, 청엽1호, 진품콩, 백천, 부광콩, 신록, 소청, 밀양콩, 호서, 중황13, 개척1호, 장연콩, 만수, 흑성, 함안, 소담, 진올, 백운콩, 검정콩4호, 장백콩, 다장콩, 경상1호, 단경콩, 기풍, 동북태, 대망2호, 녹채, 광고, 개척2호, 선유, 단엽콩, 강립, 육우3호, 청자3호, 청자, 남천콩, 흑미, 신팔달콩2호, 푸른콩
2.1~2.5	햇살, 팔달콩, 보석, 청아, 소양콩, 팔도, 소영, 원후, 소황, 익산나물콩, 장원, 만리콩
2.6<	원광콩, 보광콩, 소원, 조남, 풍산나물콩, 명주나물콩, 원황, 장경콩, 천상, 다기, 도레미, 검정콩3호, 강일, 장기, 신화, 소진, 은하콩, 진미, 갈채, 새알콩, 금강대립, 알찬콩, 안평, 장엽콩, 연풍, 다채, 아가2호, 아가8호, 소호, 풀무지기, 남풍, 아가9호, 소강, 아가1호, 아가10호, 아가3호, 풍원, 소명, 아가4호

마) 엽면적

173개 콩 품종의 엽면적에 따른 분류는 Fig. 12, Table 14와 같다. 엽면적이 100cm² 이하인 품종은 7품종(4%), 101~200cm²인 품종은 44품종(27%), 201~300cm²인 품종은 84품종(51%), 301cm² 이상인 품종은 31품종(18%)이었다. 엽면적이 201~300cm²인 품종이 가장 넓었고, 100cm²인 품종이 가장 적었다. 엽면적이 100cm² 이하인 품종은 아가1호, 아가4호, 아가9호, 송학, 소진 등 7품종, 101~200cm²인 품종은 남풍, 강일, 안평, 은하콩, 금강콩 등 44품종, 201~300cm²인 품종은 팔달콩, 원후, 단엽콩, 익산나물, 대망 등 84품종, 301cm² 이상인 품종은 서남, 일품검정콩, 태광, 백천, 충북백 등 31품종이었다.

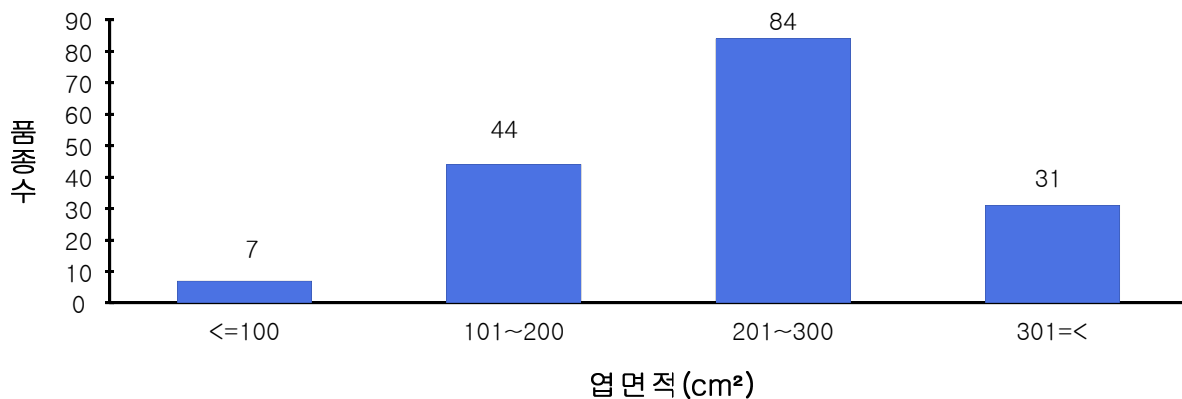


Fig. 12. Frequency distribution of leaf area among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 14. Varietal group classified by leaf area among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

엽면적(cm ²)	품종명
<=100	아가9호, 아가4호, 아가1호, 송학, 아가2호, 소진, 소명
101~200	남풍, 강일, 안평, 은하콩, 금강콩, 새울, 소호, 아가8호, 다채, 아가3호, 푸른콩, 풍원, 대원, 풍산나물콩, 알찬콩, 대항, 다기, 검정콩2호, 장미콩, 개척2호, 연풍, 선늑, 호서, 미량, 청아, 신화, 장기, 원황, 도레미, 풀무지기, 소원, 갈채, 소황, 부광콩, 소흑, 소강, 보석, 소영, 명주나물콩, 진미, 방사콩, 다원콩, 소청2호, 검정콩3호
201~300	팔달콩, 원흑, 단엽콩, 익산나물콩, 대망, 대하, 검정콩4호, 소록, 원광콩, 단경콩, 팔도, 장단백목, 녹원, 두유콩, 밀양콩, 경상2호, 익산, 대망2호, 햇살, 녹채, 무한콩, 장원, 다울, 유우3호, 단원콩, 진농1호, 소양콩, 흑성, 신팔달콩2호, 새별, 금강대립, 장백콩, 진양, 진을, 남천콩, 청자, 상원, 중황13, 셀비, 경상3호, 소청2호, 한남콩, 단백콩, 삼남콩, 흑청, 장경콩, 진품콩, 조남, 동북대, 보광콩, 선유, 만리콩, 검정콩1호, 대왕, 우람, 새알콩, 장엽콩, 힐콩, 소백나물, 청자3호, 일품검정2호, 호장, 장수콩, 광안콩, 검정올콩, 다장콩, 단미, 경상1호, 만수, 기풍, 대하1호, 신록, 덕유콩, 백운콩, 개척1호, 일미, 늘찬, 호반, 봉의, 선흑, 소담, 영양, 천상, 광교
301<	서남, 일품검정콩, 태광콩, 백천, 충북백, 장연콩, 대풍, 갈미, 검정5호, 광두, 흑미, 남해콩, 신팔달콩, 황금콩, 새단백, 청엽1호, 진품콩2호, 부석, 단미2호, 청두1호, 만풍, 원울, 강립, 대양, 풀무흑채, 함안, 금강소립, 신기, 청자2호, 조생서리, 원현

바) 엽두께

173개 콩 품종의 엽두께에 따른 분류는 Fig. 13, Table 15와 같다. 엽두께가 0.100mm 이하인 품종은 35품종(21%), 0.101~0.130mm인 품종은 68품종(41%), 0.131~0.160mm인 품종은 48품종(29%), 0.161mm 이상인 품종은 15품종(9%)이었다. 엽두께가 0.101~0.130mm인 품종이 가장 많았고, 0.161mm 이상인 품종이 가장 적었다. 엽두께가 0.100mm이하인 품종은 갈채, 경상3호, 연풍, 녹원, 만수 등 35품종, 0.101~0.130mm인 품종은 단미, 소영, 단엽콩, 호장, 풍원등 68품종, 0.131~0.160mm인 품종은 아가2호, 원울, 팔도, 명주나물, 흑성 등 48품종, 0.161mm 이상인 품종은 흑미, 대풍, 선흑, 진을, 강립 등 15품종이었다.

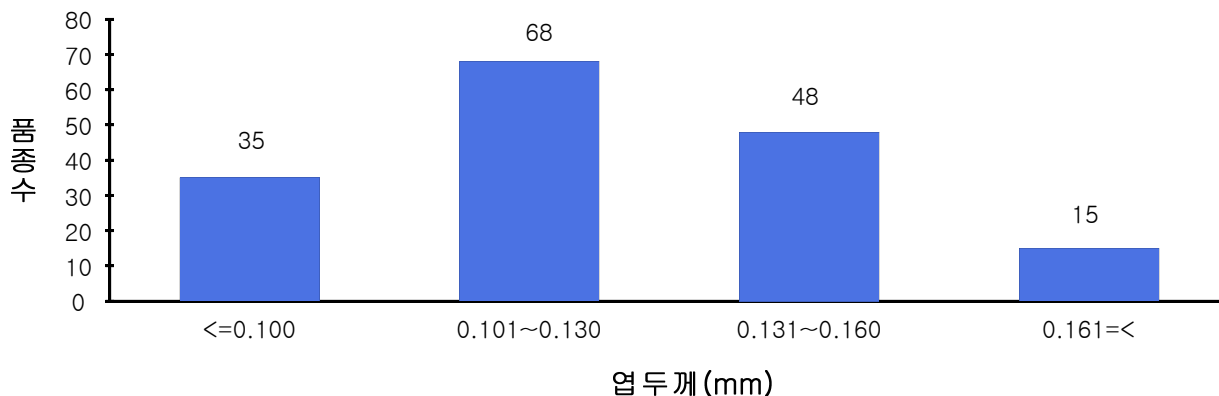


Fig. 13. Frequency distribution of leaf thickness among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 15. Varietal group classified by leaf thickness among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

엽두께(mm)	품종명
<=0.100	갈채, 경상3호, 연풍, 녹원, 만수, 풀무지기, 대황, 영양, 송학, 미랑, 상원, 흑청, 밀양콩, 익산, 셀비, 풀무흑채, 조남, 진품콩2호, 진농1호, 백운콩, 호반, 소명, 황금콩, 대양, 두유콩, 선늑, 검정콩4호, 검정콩2호, 다울, 방사콩, 익산나물콩, 아가1호, 장원, 단경콩, 녹채
0.101~0.130	단미, 소영, 단엽콩, 호장, 풍원, 개척2호, 강일, 중황13, 아가9호, 새별, 다채, 원현, 육우3호, 검정콩1호, 덕유콩, 경상1호, 만풍, 단원콩, 아가8호, 알찬콩, 무한콩, 경상2호, 늘찬, 소청2호, 광고, 함안, 장기, 신기, 청엽1호, 청자3호, 소황, 단미2호, 소원, 삼남콩, 태광콩, 힐콩, 기풍, 푸른콩, 신록, 한남콩, 대왕, 소진, 만리콩, 부광콩, 남해콩, 소청2호, 팔달콩, 소백나물, 안평, 남천콩, 우람, 개척1호, 장연콩, 선유, 일품검정2호, 원후, 봉의, 다원콩, 진양, 장엽콩, 청자, 장단백목, 소호, 장미콩, 단백콩, 아가4호, 보광콩, 대하1호
0.131~160	아가2호, 원울, 팔도, 명주나물콩, 흑성, 풍산나물콩, 일미, 광안콩, 은하콩, 청자2호, 금강콩, 검정올콩, 갈미, 신화, 새알콩, 청두1호, 장경콩, 장수콩, 아가3호, 보석, 청아, 대망2호, 대하, 금강소립, 소록, 중복백, 신파달콩2호, 장백콩, 새울, 조생서리, 새단백, 진품콩, 소흑, 천상, 도레미, 대원, 검정콩3호, 원황, 소담, 햇살, 남풍, 금강대립, 소양콩, 검정5호, 백천, 부석, 광두, 신파달콩
0.161<	흑미, 대풍, 선후, 진을, 강림, 호서, 다장콩, 원광콩, 대망, 소강, 일품검정콩, 서남, 동북대, 진미, 다기

사) 엽모양

173개 콩 품종의 엽모양에 의한 분류는 Fig. 14, Table 16과 같다. 피뢰침형이 3품종(2%), 장난형이 39품종(23%), 능형이 24품종(14%), 난형이 94품종(54%), 타원형이 13품종(7%)이었으며, 난형이 94개 품종으로 54%의 비율로 가장 많았고, 피뢰침형이 3품종으로 가장 적었다. 피뢰침형은 소진, 소명, 풍원콩 3품종, 장난형은 소양콩, 원광콩, 연풍콩, 장경콩, 만리콩 등 39품종, 능형은 선후, 보석, 소황, 광두, 장백콩 등 24품종, 난형은 부석, 방사콩, 장수콩, 단원콩, 진품콩 등 94품종, 타원형은 밀양콩, 무한콩, 검정새울, 대후, 새울 등 13품종이었다.

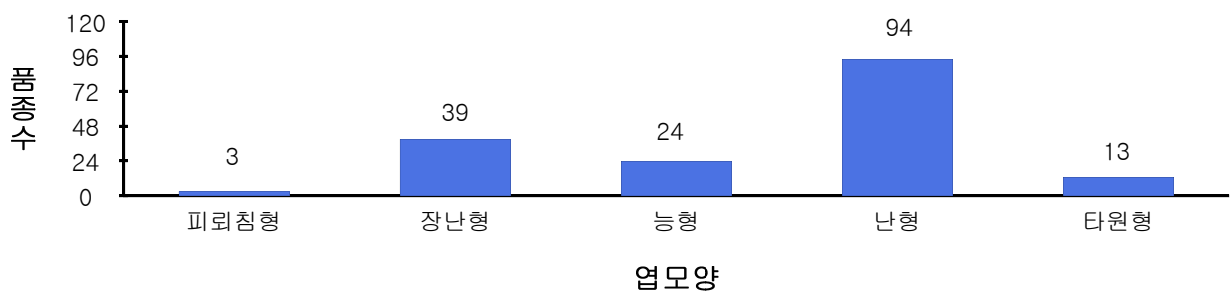


Fig. 14. Frequency distribution of leaf shape among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 16. Varietal group classified by leaf shape among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

엽형	품종명
피뢰침형	소진, 소명, 풍원
장난형	강일, 연풍, 아가1호, 아가2호, 검정콩3호, 안평, 명주나물콩, 소원, 장원, 다채, 남풍, 천상, 알찬콩, 풍산나물콩, 도레미, 소호, 진미, 다기, 소강, 원황, 장기, 조남, 갈채, 풀무지기, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 금강대립, 장엽콩, 새알콩, 보광콩, 은하콩, 장경콩, 만리콩, 소양콩, 원광콩, 신화
능형	화성꽃콩, 호반, 햇살, 진양, 부광콩, 단미2호, 소청, 흑성, 원흑, 익산나물콩, 신팔달콩2호, 선흑, 보석, 소황, 소영, 광두, 강립, 동북태, 장백콩, 남천콩, 백운콩, 단경콩, 삼남콩, 화엄꽃콩
난형	흑청, 대왕, 만풍, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 진을, 신기, 청두1호, 대망, 청자3호, 대망2호, 미량, 금강콩, 일품검정콩, 검정울콩, 장미콩, 두유콩, 소백나물, 일미, 새별, 청자, 신록, 소록, 검정콩4호, 대풍, 다울, 단미, 다진, 청자2호, 선유, 일품검정2호, 흑미, 녹원, 만수, 상원, 대양, 대하1호, 검정5호, 소청2호, 청엽1호, 검정콩1호, 단백콩, 푸른콩, 다원콩, 대원, 진품콩2호, 검정콩2호, 진품콩, 소담, 팔도, 송학, 서남, 호장, 녹색, 영양, 풀무흑채, 중황13, 경상1호, 갈미, 조생서리, 원을, 원현, 장단백목, 충북백, 익산, 함안, 금강소립, 부석, 육우3호, 힐콩, 셀비, 광고, 봉의, 단엽콩, 황금콩, 덕유콩, 방사콩, 팔달콩, 남해콩, 장수콩, 단원콩, 신팔달콩, 태광콩, 대하, 한울, 소흑, 우람, 새단백, 장연콩, 기풍, 늘찬
타원형	청아, 다장콩, 한남콩, 새울, 대황, 선녹, 검정새울, 대흑, 광안콩, 백천, 밀양콩, 무한콩, 호서

4) 생육특성

가) 경장, 주경절수 및 분지수의 최소, 최대 및 평균

173개 콩 품종들의 경장의 평균은 61.04cm이었고, 최소치는 15.88cm 검정새울이었다. 최대치는 149.95cm 아가10호이었다. 주경절수의 평균은 10.7개였으며, 최소치는 4.75개로 검정새울이었고, 최대치는 18.5개로 한남콩이었다. 분지수의 평균은 5.13개 이었고, 최소치는 1.25개로 천상이었고, 최대치는 12.5개로 아가2호이었다(Table 17).

Table 17. Minimum, maximum and mean values of growth characteristics among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

구분	경장(cm)	주경절수(개)	분지수(개)
최소치	15.88	4.75	1.25
최대치	149.95	18.5	12.5
평균	61.04	10.7	5.13

나) 경장

173개 콩 품종의 경장에 의한 분류는 Fig. 15, Table 18과 같다. 40cm 이하가 26품종(15%), 40.1~60cm가 60품종(34.7%), 60.1~80cm가 59품종(34.1%), 80.1cm 이상이 28품종(16.2%)이었다. 경장이 40.1~60cm인 품종이 60품종으로 가장 많았고, 40cm이

하인 품종이 26품종으로 가장 적었다. 경장이 40cm 이하인 품종은 단경콩, 두유콩, 화엄꽃콩, 소양콩 등 26품종이었고, 40.1~60cm인 품종은 부석, 육우3호, 광두, 광고, 장엽콩, 남천콩 등 60품종이었고, 60.1~80cm인 품종은 장단백목, 익산, 함안, 금강대립 등 59품종, 80.1cm 이상인 품종은 충북백, 금강소립, 힐, 덕유콩 등 28품종이었다.

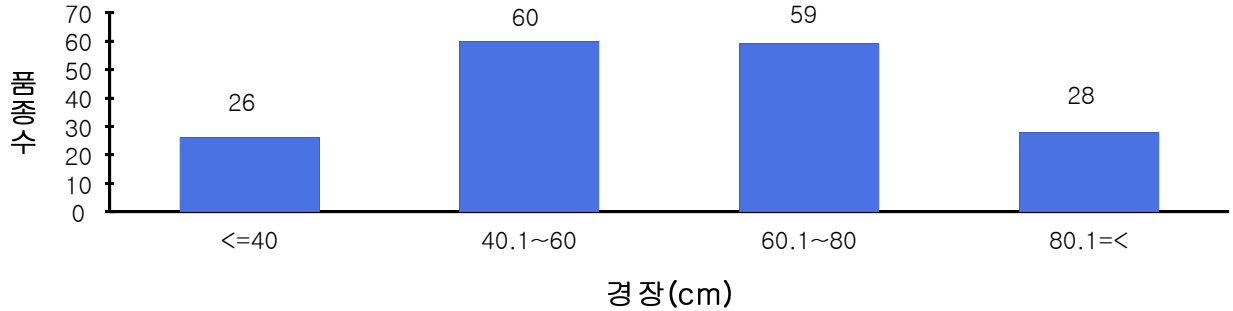


Fig. 15. Frequency distribution of stem height among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 18. Varietal group classified by stem height among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

경장(cm)	품종명
<=40	단경콩, 두유콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 명주나물콩, 검정올콩, 새올콩, 선녹콩, 신록콩, 대풍콩, 다채콩, 다올, 단미, 대망, 다진, 선유, 검정새올, 녹채, 대망2 호, 미랑, 단미2호, 강일, 상원, 흑성, 한울
40.1~60	부석, 육우3호, 광두, 광고, 장엽콩, 남천콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 장경콩, 단원 콩, 신팔달콩, 부광콩, 신팔달콩2호, 금강콩, 소백나물콩, 다장콩, 일품검정콩, 장미 콩, 다원콩, 소담콩, 진올콩, 대황콩, 검정콩4호, 호장콩, 청두1호, 청자2호, 소진, 아가1호, 아가2호, 경상1호, 일품검정2호, 원황, 중황13호, 경상2호, 흑미, 소청, 녹원, 풍원, 조남, 풀무흑채, 청아, 남풍, 만풍, 대하1호, 갈채, 소황, 대하, 풀무지기, 소흑, 햇살, 소청2호, 아가8호, 우람, 새단백, 연풍, 진양, 원현, 늘찬, 장연
60.1~80	장단백목, 익산, 함안, 금강대립, 셀비, 봉의, 강림, 동북태, 백천, 단엽콩, 황금콩, 장백콩, 방사콩, 은하콩, 무한콩, 만리콩, 삼남콩, 태광콩, 검정콩1호, 진품콩, 풍산 나물콩, 진품콩2호, 소명콩, 선흑콩, 팔도, 흑청콩, 소원콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 검정콩3호, 진미콩, 안평콩, 다기콩, 신기, 청자3호, 소강, 장기, 영양, 소영, 조생 서리, 호반, 개척1호, 개척2호, 만수, 대왕콩, 대양, 대흑, 아가3호, 아가4호, 원광, 호서, 신화, 경상3호, 검정콩5호, 청엽1호, 원울, 원흑, 기풍
80.1<	충북백, 금강소립, 힐, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 남해콩, 장수콩, 단백콩, 한남콩, 광안콩, 푸른콩, 익산나물콩, 알찬콩, 검정콩2호, 대원콩, 일미콩, 송학콩, 도레미콩, 새별콩, 소호콩, 소록콩, 서남, 보석, 진농1호, 천상, 아가9호, 아가10호

다) 주경절수

173개 콩 품종의 주경절수에 따른 분류는 Fig. 16, Table 19와 같다. 주경절수가 10개 이하인 품종은 66품종(38.2%)이었고, 11~13개인 품종은 86품종(49.7%), 14~17개

인 품종은 19품종(10.9%), 18개 이상인 품종은 2품종(1.2%)이었다. 주경절수가 11~13개인 품종이 86품종으로 가장 많았고, 18개 이상인 품종이 2품종으로 가장 적었다. 주경절수가 10개 이하인 품종으로 충북백, 부석, 함안, 금강대립 등 66품종이 있으며, 11~13개인 품종으로 장단백목, 익산, 광두, 봉의 등 86품종이 있다. 14~17개인 품종으로 금강소립, 백운콩, 단백콩, 알찬콩 등 19품종이 있고, 18개 이상인 품종으로는 한남콩, 아가10호 2품종이 있다.

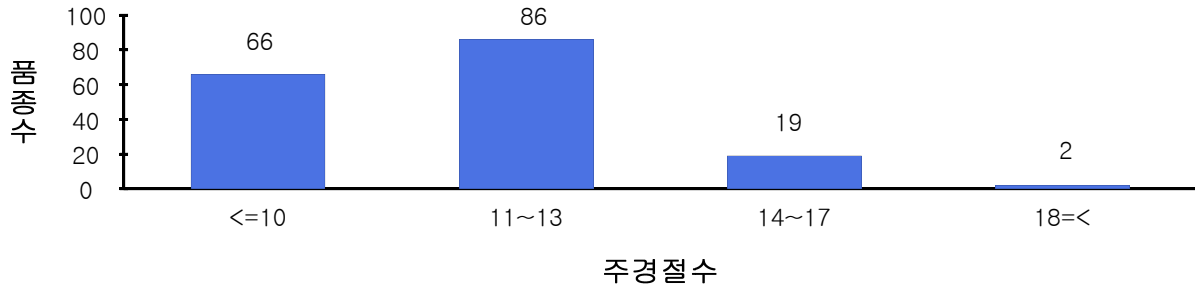


Fig. 16. Frequency distribution of number of nodes per mainstem among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 19. Varietal group classified by number of nodes per mainstem among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

주경절수(개)	품종명
<=10	충북백, 부석, 함안, 금강대립, 육우3호, 힐, 셀비, 광고, 장백콩, 방사콩, 팔달콩, 단경콩, 은하콩, 장경콩, 단원콩, 신팔달콩, 두유콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 진품콩, 금강콩, 검정올콩, 새올콩, 팔도, 대황콩, 선녹콩, 신록콩, 검정콩3호, 검정콩4호, 다채콩, 다울, 호장콩, 청두1호, 대망, 다진, 선유, 검정새울, 경상1호, 대망2호, 미랑, 단미2호, 일품검정2호, 소영, 경상2호, 호반, 흑미, 만수, 강일, 남풍, 상원, 대양, 아가3호, 아가4호, 만풍, 흑성, 대하1호, 진농1호, 청엽1호, 풀무지기, 한울, 햇살, 아가8호, 우람, 새단백, 늘찬
11~13	장단백목, 익산, 광두, 봉의, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 새알콩, 보광콩, 무한콩, 남해콩, 장수콩, 만리콩, 삼남콩, 부광콩, 신팔달콩2호, 태광콩, 검정콩1호, 광안콩, 푸른콩, 소백나물콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 다장콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 일품검정콩, 장미콩, 다원콩, 대원콩, 일미콩, 소담콩, 선흑콩, 송학콩, 흑청콩, 진을콩, 소원콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 소호콩, 진미콩, 안평콩, 대풍콩, 다기콩, 청자2호, 보석, 청자3호, 소강, 녹채, 아가2호, 원황, 장기, 영양, 조생서리, 개척1호, 개척2호, 소청, 녹원, 조남, 풀무흑채, 청아, 대왕콩, 대흑, 원광, 호서, 소황, 대하, 경상3호, 검정콩5호, 원울, 천상, 원흑, 소청2호, 아가9호, 연풍, 진양, 원현, 장연, 기풍
14~17	금강소립, 백운콩, 단백콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 소명콩, 도레미콩, 새별콩, 소록콩, 단미, 서남, 신기, 소진, 아가1호, 중황13호, 풍원, 신화, 갈채, 소후
18=<	한남콩, 아가10호

라) 분지수

콩 품종 173개의 분지수에 따른 분류는 Fig 17, Table 20과 같다. 분지수가 3개 이하인 품종이 23품종(13.3%), 4~5개인 품종이 66품종(38.1%), 6~7개인 품종이 61품종(35.3%), 8개 이상인 품종이 23품종(13.3%)이었다. 분지수가 4~5개인 품종이 66품종으로 가장 많았고, 3개 이하인 품종과 8개 이상인 품종이 23개로 가장 적었다. 분지수가 3개 이하인 품종은 부석, 금강대립, 금강소립, 육우3호등 23품종, 4~5개인 품종은 장단백목, 함안, 광두, 힐등 66품종, 6~7개인 품종은 충북백, 익산, 강림, 동북대등 61품종, 8개 이상인 품종은 갈채, 진농1호, 풀무지기, 아가8호등 23품종이 있다.

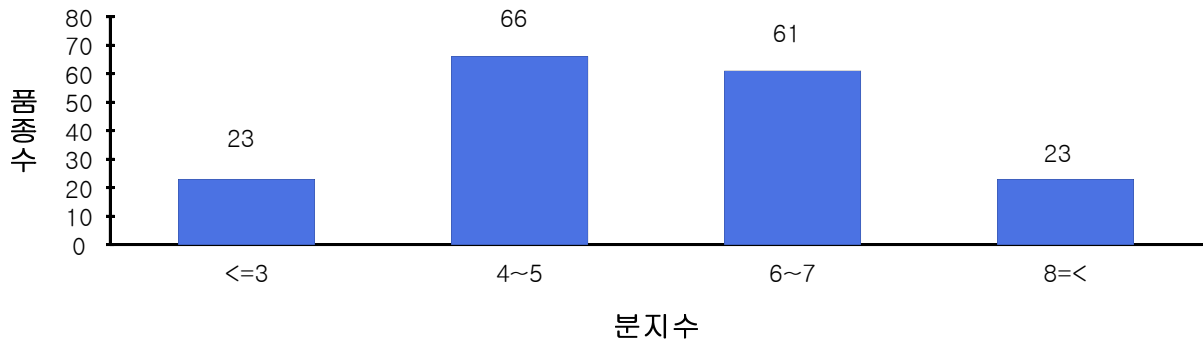


Fig. 17. Frequency distribution of number of branches per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 20. Varietal group classified by number of branches per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

분지수(개)	품종명
<=3	셀비, 황금콩, 단경콩, 장수콩, 두유콩, 푸른콩, 진품콩, 흑청콩, 선녹콩, 검정콩4호, 녹색, 경상1호, 중황13호, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 강일, 남풍, 상원, 대흑, 검정콩5호, 천상, 원현
4~5	부석, 금강대립, 광두, 힐, 단엽콩, 장엽콩, 장백콩, 남천콩, 방사콩, 새알콩, 보광콩, 실파달콩, 삼남콩, 부광콩, 실파달콩2호, 태광콩, 단백콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 금강콩, 소백나물콩, 다장콩, 진품콩2호, 장미콩, 다원콩, 대원콩, 새울콩, 소담콩, 진울콩, 소원콩, 갈미, 장원콩, 신록콩, 검정콩3호, 소록콩, 대풍콩, 다울, 서남, 다기콩, 신기, 청두1호, 다진, 청자2호, 청자3호, 검정새울, 대망2호, 미랑, 단미2호, 일품검정2호, 호반, 소청, 녹원, 대왕콩, 대양, 아가4호, 만풍, 소황, 경상3호, 청엽1호, 원울, 한울, 햇살, 새단백, 진양, 장연
6~7	장단백목, 충북백, 익산, 함안, 금강소립, 육우3호, 광고, 봉의, 동북대, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 팔달콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 단원콩, 만리콩, 한남콩, 검정콩1호, 광안콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 검정올콩, 풍산나물콩, 검정콩2호, 일품검정콩, 일미콩, 소명콩, 선흑콩, 팔도, 송학콩, 대황콩, 도레미콩, 청자콩, 진미콩, 안평콩, 다채콩, 호장콩, 대망, 소진, 보석, 원황, 소영, 조생서리, 만수, 조남, 청아, 아가3호, 호서, 신화, 흑성, 대하1호, 진농1호, 풀무지기, 소흑, 소청2호, 우람, 연풍, 늘찬, 기풍
8=<	강림, 백천, 장경콩, 알찬콩, 새별콩, 소호콩, 단미, 선유, 소강, 아가1호, 아가2호, 장기, 영양, 흑미, 풍원, 풀무흑채, 원광, 갈채, 대하, 원흑, 아가8호, 아가9호, 아가10호

5) 수량구성요소

가) 주당협수, 주당립수, 100립중 및 주당종실중의 최소, 최대 및 평균 173개 콩 품종들의 주당협수의 평균은 42.14개이었고, 최소치는 18.75개(금강대립)이었다. 최대치는 92개(아가10호)이었다. 주당립수 평균은 79.01개이었고, 최소치는 33.75개(금강대립)이었다. 최대치는 143개(아가10호)이었다. 100립중의 평균은 22.67g이었고, 최소치는 5.8g(아가10호)이었고, 최대치는 43.1g(대왕콩)이었다. 주당 종실중의 평균은 26.09g이었다. 최소치는 7.11g(아가1호)이었고, 최대치는 43.6g(부광콩)이었다 (Table 21).

Table 21. Minimum, maximum and mean values of yield component characteristics in a total of 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

구분	주당협수(개)	주당립수(개)	100립중(g)	주당종실중(g)
최소치	18.75	33.75	5.8	7.11
최대치	92	143	43.1	43.6
평균	42.14	79.01	22.67	26.09

나) 주당협수

콩 품종 173개의 주당협수에 따른 분류는 Fig 18, Table 22와 같다. 주당협수가 30개 이하인 품종이 19품종(11%), 31~46개인 품종이 93품종(53.7%), 47~60개인 품종이 51품종(29.5%), 61개 이상인 품종이 10품종(5.8%)이었다. 주당협수가 31~46개인 품종이 93품종으로 가장 많았고, 61개 이상인 품종이 10개로 가장 적었다. 주당협수가 30개 이하인 품종은 금강대립, 금강소립, 장엽콩, 황금콩 등 19품종이었고 31~46개인 품종은 장단백목, 부석, 함안, 육우3호, 광두 등 93품종, 47~60개인 품종은 충북백, 익산, 강림, 동북태, 단엽콩 등 51품종, 61개 이상인 품종은 검정올콩, 소명콩, 보석, 소영 등 10품종이었다.

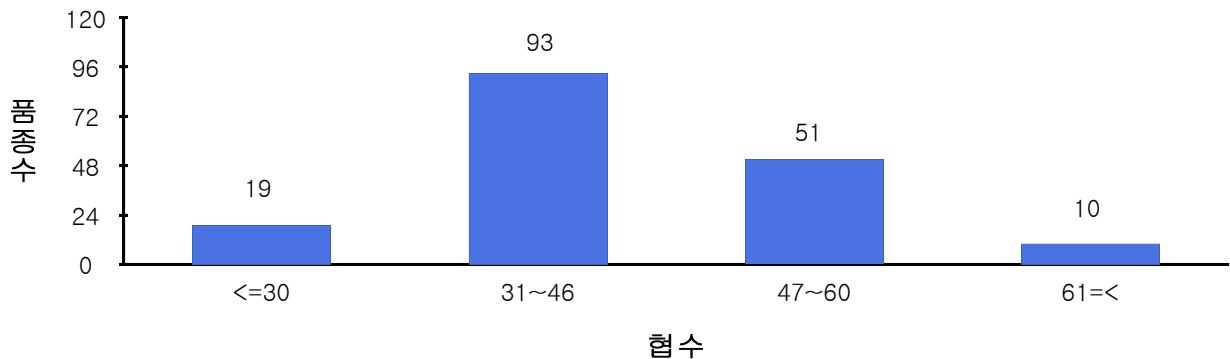


Fig. 18. Frequency distribution of number of pods per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 22. Varietal group classified by number of pods per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

주당협수(개)	품종명
<=30	금강대립, 금강소립, 장엽콩, 황금콩, 남천콩, 금강콩, 신록콩, 검정콩3호, 검정새울, 경상1호, 중황13호, 경상2호, 대왕콩, 대양, 소황, 원울, 한울, 새단백, 연풍
31~46	장단백목, 부석, 함안, 육우3호, 광두, 힐, 셀비, 광고, 봉의, 백천, 장백콩, 덕유콩, 밀양콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 장경콩, 단원콩, 만리콩, 삼남콩, 부광콩, 신팔달콩2호, 태광콩, 두유콩, 화엄꽃콩, 한남콩, 푸른콩, 진품콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 다장콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 일품검정콩, 장미콩, 다원콩, 대원콩, 팔도, 송학콩, 대황콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 선녹콩, 소호콩, 검정콩4호, 진미콩, 안평콩, 대풍콩, 단미, 호장콩, 신기, 대망, 다진, 청자2호, 청자3호, 선유, 소강, 녹채, 아가1호, 대망2호, 미량, 단미2호, 원황, 조생서리, 호반, 개척1호, 소청, 녹원, 만수, 조남, 풀무흑채, 청아, 강일, 상원, 대흑, 만풍, 흑성, 대하1호, 검정콩5호, 청엽1호, 햇살, 천상, 소청2호, 우람, 진양, 원현, 늘찬, 장연, 기풍
47~60	충북백, 익산, 강립, 동북태, 단엽콩, 백운콩, 보광콩, 남해콩, 장수콩, 신팔달콩, 단백콩, 소양콩, 화성꽃콩, 검정콩1호, 광안콩, 소백나물콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 일미콩, 새울콩, 소담콩, 선흑콩, 흑청콩, 진울콩, 소원콩, 도레미콩, 새별콩, 소록콩, 다채콩, 다울, 서남, 다기콩, 청두1호, 소진, 아가2호, 일품검정2호, 장기, 영양, 개척2호, 흑미, 풍원, 남풍, 아가4호, 호서, 신화, 갈채, 대하, 경상3호, 풀무지기, 소흑, 원흑
61=<	검정올콩, 소명콩, 보석, 소영, 아가3호, 원광, 진농1호, 아가8호, 아가9호, 아가10호

다) 주당립수

콩 품종 173개의 주당립수에 따른 분류는 Fig 19, Table 23과 같다. 주당립수가 60개 이하인 품종이 31품종(17.9%), 61~80개인 품종이 63품종(36.4%), 81~100개인 품종이 54품종(31.2%), 101개 이상인 품종이 25품종(14.5%)이었다. 주당립수가 61~80개인 품종이 가장 많았고, 101개 이상인 품종이 가장 적었다. 주당립수가 60개 이하인 품종은 부석, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 장엽콩 등 31품종, 61~80개인 품종은 장단백목, 함안, 광두, 힐, 셀비 등 63품종, 81~100개인 품종은 충북백, 익산, 강립, 동북태, 단엽콩 등 54품종, 101개 이상인 품종은 갈채, 진농1호, 풀무지기, 아가8호 등 25품종이었다.

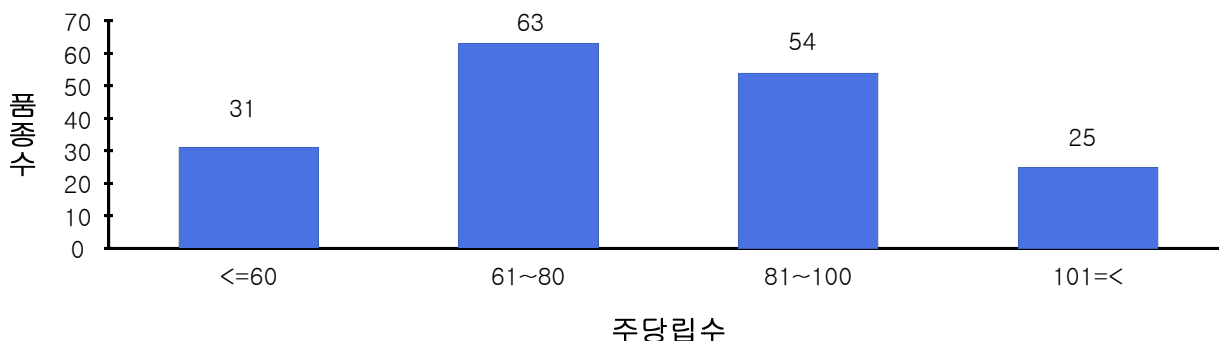


Fig. 19. Frequency distribution of number of seeds per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 23. Varietal group classified by number of seeds per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

주당립수(개)	품종명
<=60	부석, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 금강콩, 진품콩2호, 대원콩, 송학콩, 신록콩, 검정콩3호, 진미콩, 단미, 대망, 청자2호, 선유, 검정새울, 경상1호, 대망2호, 경상2호, 청아, 대왕콩, 대양, 원울, 한울, 햇살, 새단백, 연풍
61~80	장단백목, 함안, 광두, 힐, 셀비, 광고, 봉의, 백천, 덕유콩, 밀양콩, 새알콩, 팔달콩, 무한콩, 장경콩, 단원콩, 만리콩, 삼남콩, 신팔달콩2호, 태광콩, 두유콩, 푸른콩, 진품콩, 명주나물콩, 다장콩, 검정콩2호, 장미콩, 다원콩, 팔도, 대황콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 선녹콩, 검정콩4호, 대풍콩, 호장콩, 신기, 청자3호, 녹채, 단미2호, 중황13호, 조생서리, 호반, 개척1호, 소청, 녹원, 만수, 풀무흑채, 강일, 대흑, 만풍, 흑성, 대하1호, 소황, 검정콩5호, 청엽1호, 천상, 소청2호, 우람, 진양, 늘찬, 장연, 기풍
81~100	충북백, 익산, 강립, 동부대, 단엽콩, 백운콩, 방사콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 신팔달콩, 부광콩, 단백콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 한남콩, 검정콩1호, 광안콩, 소백나물콩, 익산나물콩, 일품검정콩, 일미콩, 새울콩, 소담콩, 선흑콩, 흑청콩, 진울콩, 도레미콩, 새별콩, 소호콩, 안평콩, 다채콩, 서남, 다기콩, 청두1호, 다진, 소강, 아가1호, 아가2호, 미량, 일품검정2호, 원황, 장기, 개척2호, 조남, 남풍, 상원, 신화, 대하, 경상3호, 소흑, 원흑, 원현
101<	갈채, 진농1호, 풀무지기, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 남해콩, 장수콩, 검정울콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 소명콩, 소원콩, 소록콩, 다울, 소진, 보석, 영양, 소영, 흑미, 풍원, 아가3호, 아가4호, 원광, 호서

라) 주당종실중

콩 품종 173개의 주당종실중에 따른 분류는 Fig 20, Table 24와 같다. 주당종실중이 10g이하인 품종이 5품종(2.9%), 11~25g인 품종이 74품종(42.8%), 26~30g인 품종이 31품종(18%), 30g이상인 품종이 63품종(36.3%)이었다. 주당종실중이 11~25g인 품종이 가장 많았고, 10g이하인 품종이 가장 적었다. 주당종실중이 10g이하인 품종은 충북백, 무한콩, 신팔달콩2호 등 5품종이었고, 11~25g인 품종은 장단백목, 금강대립, 육우3호, 힐 등 74품종, 26~30g인 품종이 부석, 금강소립, 팔달콩, 신팔달콩 등 31품종, 30g이상인 품종이 익산, 함안, 광두, 셀비, 광고 등 63품종이었다.

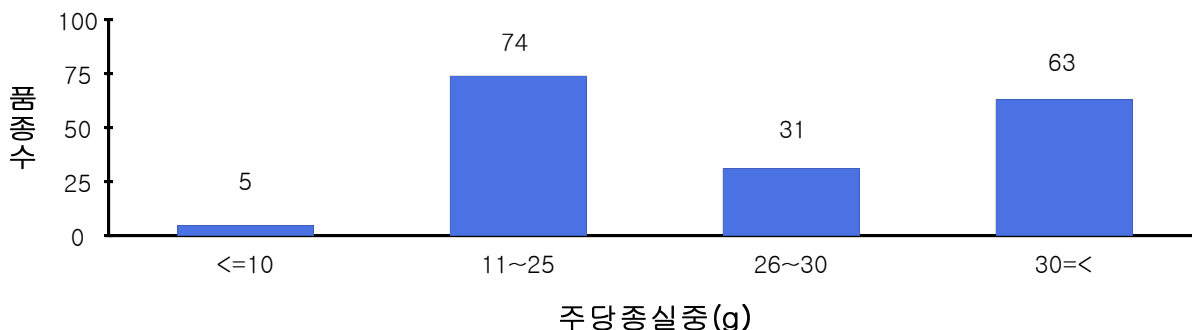


Fig. 20. Frequency distribution of seed weight per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 24. Varietal group classified by seed weight per plant among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

주당종실중(g)	품종명
<=10	충북백, 무한콩, 신팔달콩2호, 아가1호, 햇살
11-25	장단백목, 금강대립, 육우3호, 힐, 봉의, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 장수콩, 만리콩, 태광콩, 두유콩, 단백콩, 화성꽃콩, 한남콩, 광안콩, 푸른콩, 진품콩, 익산나물콩, 다원콩, 새울콩, 소명콩, 팔도, 흑청콩, 소원콩, 도레미콩. 선녹콩, 검정콩4호, 안평콩, 신기, 다진, 검정새울, 소강. 녹채, 아가2호, 경상1호, 미랑, 단미2호, 원황, 장기, 중황13호, 경상2호, 호반, 개척2호, 흑미, 소청, 녹원, 강일, 남풍, 상원, 대양, 아가3호, 아가4호, 호서, 만풍, 소황. 검정콩5호, 풀무지기, 한울, 소흑, 천상. 원흑, 소청2호, 아가8호, 새단백, 원현, 장연
26 -30	부석, 금강소립, 팔달콩, 신팔달콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 금강콩, 소백나물콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 장미콩, 대원콩, 선흑콩, 진울콩, 신록콩. 소호콩, 검정콩3호, 소록콩, 서남, 청두1호, 보석, 대망2호, 일품검정2호, 조남, 신화, 갈채, 경상3호, 진농1호, 원울, 아가9호, 아가10호
>=30	익산, 함안, 광두, 셀비, 광고, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 덕유콩, 새알콩, 남해콩, 장경콩, 단원콩, 삼남콩, 부광콩, 검정콩1호, 명주나물콩, 다장콩, 검정울콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 일품검정콩, 일미콩, 소담콩, 송학콩, 대황콩, 갈미, 장원콩, 새별콩, 청자콩, 진미콩, 대풍콩, 다채콩, 다울, 단미, 다기콩, 호장콩, 대망, 청자2호, 소진, 청자3호, 선유, 영양, 소영, 조생서리, 개척1호, 만수, 풍원, 풀무흑채, 청아, 대왕콩, 대흑, 원광, 흑성, 대하1호, 대하, 청엽1호, 우람, 연풍, 진양, 늘찬, 기풍

마) 100립중

콩 품종 173개의 100립중에 따른 분류는 Fig 21, Table 25와 같다. 100립중이 10g이하인 품종이 11품종(6.4%), 10.1~15g인 품종이 31품종(17.9%), 15.1~20g인 품종이 21품종(12.1%), 20.1~25g인 품종이 28품종(16.2%), 25.1~30g인 품종이 49품종(28.3%), 30.1g이상인 품종이 33품종(19.1%)이었다. 100립중이 25.1~30g인 품종이 가장 많았고, 10g이하인 품종이 가장 적었다. 100립중이 10g이하인 품종은 아가1호, 아가2호, 아가3호 등 11품종이었고, 10.1~15g인 품종은 단백콩, 광안콩, 푸른콩, 소백나물콩 등 31품종, 15.1~20g인 품종은 익산, 함안, 힐, 단엽콩, 덕유콩, 밀양콩 등 21품종이었고, 20.1~25g인 품종이 부석, 광두, 셀비, 봉의, 강립 등 28품종, 25.1~30g인 품종은 장단백목, 금강대립, 육우3호, 광고 등 49품종, 30.1g이상인 품종은 충북백, 금강소립, 황금콩, 화엄꽃콩 등 33품종이었다.

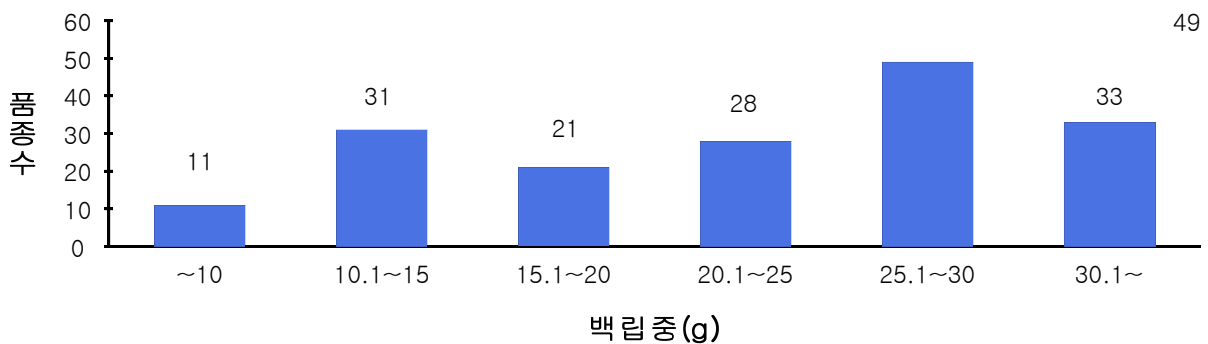


Fig. 21. Frequency distribution of 100-seed weight among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 25. Varietal group classified by 100-seed weight among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

100립중(g)	품종명
<=10 (11)	아가1호, 아가2호, 아가3호, 아가4호, 호서, 갈채, 소황, 원흑, 아가8호, 아가9호, 아가10호
10.1-15 (31)	단백콩, 광안콩, 푸른콩, 소백나물콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 풍산나물콩, 다원콩, 소명콩, 소원콩, 도레미콩, 새별콩, 소호콩, 소록콩, 다채콩, 서남, 소진, 보석, 소강, 녹채, 원황, 장기, 영양, 소영, 풍원, 조남, 풀무흑채, 원광, 신화, 진농1호, 풀무지기
15.1-20 (21)	익산, 함안, 힐, 단엽콩, 덕유콩, 밀양콩, 방사콩, 팔달콩, 은하콩, 부광콩, 한남콩, 알찬콩, 장미콩, 팔도, 안평콩, 다기콩, 신기, 소청, 경상3호, 소흑, 소청2호
20.1-25 (28)	부석, 광두, 셀비, 봉의, 강립, 백천, 장백콩, 남천콩, 백운콩, 단경콩, 무한콩, 남해콩, 장수콩, 단원콩, 삼남콩, 신팔달콩2호, 두유콩, 소양콩, 진품콩, 다장콩, 검정울콩, 일미콩, 경상1호, 개척2호, 강일, 새단백, 진양, 원현
25.1-30 (49)	장단백목, 금강대립, 육우3호, 광고, 동북태, 장엽콩, 새알콩, 보광콩, 장경콩, 만리콩, 신팔달콩, 태광콩, 화성꽃콩, 금강콩, 진품콩2호, 일품검정콩, 대원콩, 새울콩, 소담콩, 송학콩, 진울콩, 갈미, 장원콩, 신록콩, 검정콩4호, 진미콩, 대풍콩, 호장콩, 청두1호, 청자2호, 대망2호, 미량, 중황13호, 경상2호, 조생서리, 호반, 개척1호, 만수, 청아, 남풍, 상원, 대하, 원울, 한울, 햇살, 우람, 연풍, 늘찬, 기풍
>=30.1 (33)	충북백, 금강소립, 황금콩, 화엄꽃콩, 검정콩1호, 검정콩2호, 선흑콩, 흑청콩, 대황콩, 청자콩, 선녹콩, 검정콩3호, 다울, 단미, 대망, 다진, 청자3호, 선유, 검정새울, 단미2호, 일품검정2호, 흑미, 녹원, 대왕콩, 대양, 대흑, 만풍, 흑성, 대하1호, 검정콩5호, 청엽1호, 천상, 장연

6) 종실특성

가) 종실형태

173개 콩 품종의 종실모양에 의한 분류는 Fig. 22, Table 26과 같다. 종실모양이 구형인 품종은 33품종(19.1%), 편구형인 품종은 126품종(72.8%), 장타원형인 품종은 4품종(2.3%), 편장타원형인 품종은 10품종(5.8%) 이었다. 종실모양이 편구형인 품종이 가장 많았고, 종실모양이 편장타원형인 품종이 가장 적었다. 종실모양이 구형인 품종은 금강콩, 두유콩, 부광콩, 소진 등 33품종이었고, 편구형인 품종은 화성꽃콩, 흑청, 호반, 청아, 대왕 등 126품종, 장타원형인 품종은 일품검정콩, 광안콩, 다원콩, 청자3호 4품종이었고, 편장타원형인 품종은 소청, 장단백목, 팔달콩 등 10품종이었다.

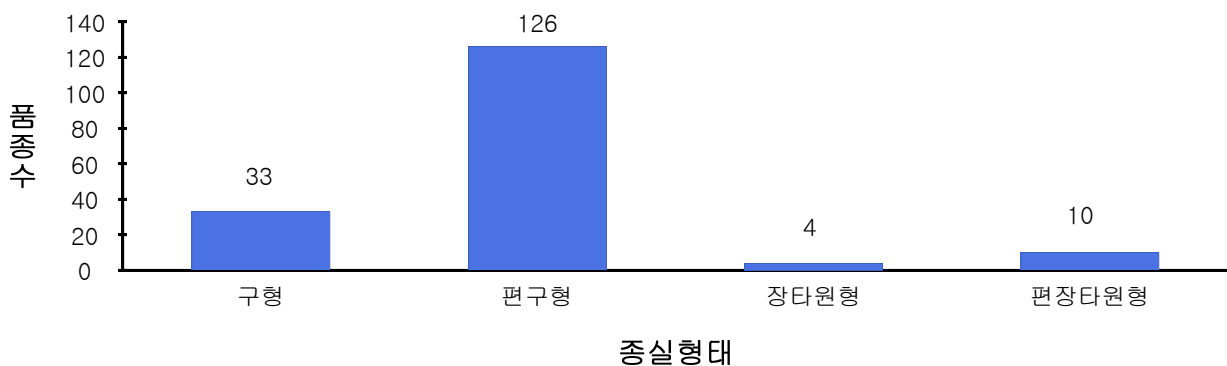


Fig. 22. Frequency distribution of seed shape among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 26. Varietal group classified by seed shape among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실형태	품종명
구형	금강콩, 두유콩, 부광콩, 소진, 알찬콩, 대원, 원황, 소황, 백운콩, 방사콩, 보광콩, 새단백, 연천9호, 진농1호, 안평, 소원, 선녹, 남풍, 천상, 원흑, 소명, 송학, 도레미, 다기, 아가8호, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 밀양콩, 만리콩, 소양콩, 원광콩, 호서
편구형	화성꽃콩, 흑청, 호반, 청아, 대왕, 강일, 햇살, 연풍, 아가1호, 아가2호, 경상2호, 대망2호, 미랑, 다장콩, 한남콩, 검정올콩, 장미콩, 소백나물, 일미, 다채, 다울, 단미, 다진, 청자2호, 선유, 검정새울, 단미2호, 일품검정2호, 흑미, 청엽1호, 익산나물콩, 풍산나물콩, 신탄콩2호, 검정콩1호, 단백콩, 푸른콩, 진품콩2호, 호장, 보석, 소강, 녹채, 장기, 풍원, 조남, 갈채, 영양, 소영, 원현, 충북백, 익산, 함안, 금강대립, 금강소립, 부석, 육우3호, 광두, 힐콩, 셀비, 새알콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 우람, 장연콩, 만풍콩, 늘찬, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진양, 진을, 검정콩3호, 신기, 청두1호, 대망, 새울, 명주나물콩, 대황, 장원, 새별, 신록, 소록, 검정콩4호, 대풍, 녹원, 만수, 상원, 대양, 대흑, 대하1호, 검정콩2호, 진품콩, 소담, 선흑, 팔도, 소호, 진미, 서남, 풀무흑채, 풀무지기, 아가3호, 아가4호, 아가9호, 아가10호, 중황13, 갈미, 조생서리, 원울, 광고, 봉의, 강림, 동북태, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 덕유콩, 신탄콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 신화, 대하, 한울
장타원형	일품검정콩, 광안콩, 다원콩, 청자3호
편장타원형	소청, 장단백목, 팔달콩, 소흑, 청자, 흑성, 검정5호, 소청2호, 경상1호, 태광콩

나) 종피색

국내 육성품종들의 종피색에 의한 분류는 Fig. 23, Table 27과 같다. 종피색이 녹색인 품종은 8품종(4.6%), 녹황색인 품종은 9품종(5.1%), 담갈색인 품종은 1품종(0.6%), 갈색인 품종은 5품종(2.9%), 농갈색인 품종은 2품종(1.2%), 담황색인 품종은 2품종(1.2%), 황백색인 품종은 9품종(5.2%), 황색인 품종은 105품종(60.7%), 흑색인 품종은 32품종(18.5%)이었다. 종피색이 황색인 품종이 가장 많았고, 담갈색인 품종이 가장 적었다. 종피색이 녹색인 품종은 푸른콩, 선녹콩, 청두1호 등 8품종이었고, 녹황색인 품종은 신록콩, 소록콩, 단미콩 등 9품종, 담갈색인 품종은 경상2호 1품종, 갈색인 품종은 진을콩, 갈미콩, 개척1호 등 5품종이었고, 농갈색인 품종은 원울콩, 함안콩 2품종, 담황색인 품종은 광고콩, 장백콩 2품종, 황백색인 품종은 충북백콩, 육우3호, 광두콩 등 9품종이었고, 황색인 품종은 장단백목콩, 익산콩, 부석콩, 금강대립콩 등 105품종, 흑색인 품종은 검정콩1호, 검정올콩, 검정콩2호 등 32품종이었다.



Fig. 23. Frequency distribution of ground color of testa among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 27. Varietal group classified by ground color of testa among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종피색	품종명
녹색	푸른콩, 선녹콩, 청두1호, 대망콩, 다진콩, 녹채콩, 소청콩, 만수콩
녹황색	신록콩, 소록콩, 단미콩, 아가1호, 아가2호, 대망2호, 단미2호, 아가3호, 아가8호
담갈색	경상2호
갈색	진율콩, 갈미콩, 개척1호, 갈채콩, 다원콩
농갈색	원율콩, 함안콩
담황색	광교콩, 장백콩
황백색	충북백콩, 육우3호, 광두콩, 강림콩, 동북태콩, 장엽콩, 남천콩, 장수콩, 만리콩
황색	장단백목콩, 익산콩, 부석콩, 금강대립콩, 금강소립콩, 힐콩, 셀비콩, 봉의콩, 백천콩, 단엽콩, 황금콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 단원콩, 신팔달콩, 삼남콩, 부광콩, 신팔달콩2호, 태광콩, 두유콩, 단백콩, 화염꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 한남콩, 광안콩, 진품콩, 금강콩, 소백나물콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 다장콩, 장미콩, 대원콩, 일미콩, 새올콩, 소명콩, 소담콩, 팔도콩, 송학콩, 소원콩, 대황콩, 도레미콩, 장원, 새별콩, 소호콩, 진미콩, 안평콩, 대풍, 다채콩, 다울콩, 서남콩, 다기콩, 호장콩, 신기콩, 소진콩, 보석콩, 선유콩, 소강콩, 원황콩, 장기콩, 소영콩, 호반콩, 개척2호, 풍원콩, 조남콩, 청아콩, 대왕콩, 강일콩, 남풍, 상원콩, 대양콩, 아가4호, 원광콩, 호서콩, 신화콩, 만풍콩, 대하1호, 소황콩, 대하콩, 풀무지기콩, 한울콩, 햇살콩, 천상콩, 우람콩, 새단백콩, 연풍콩, 진양콩, 늘찬콩, 장연콩, 연천9호(기풍), 중황13호, 알찬콩, 풍산나물콩, 진품콩2호
흑색	검정콩1호, 검정올콩, 검정콩2호, 일품검정콩, 선흑콩, 흑청콩, 청자콩, 검정콩3호, 검정콩4호, 청자2호, 청자3호, 검정새올콩, 경상1호, 미랑콩, 일품검정2호, 영양콩, 조생서리콩, 흑미콩, 녹원콩, 풀무흑채콩, 대흑콩, 흑성콩, 경상3호, 진농1호, 검정5호, 청엽1호, 소흑콩, 원흑콩, 소청2호, 아가9호, 아가10호, 원현콩

다) 종피의 광택

콩품종 173개의 종피의 광택에 의한 분류는 Fig. 24, Table 28과 같다. 종피의 광택이 약한 품종은 133품종(76.9%), 중간인 품종은 36품종(20.8%), 강한 품종은 4품종(2.3%)이었다. 종피의 광택이 약한 품종이 가장 많았고, 강한 품종이 가장 적었다. 종피의 광택이 약한 품종은 화성꽃콩, 흑청, 호반, 청아 등 133품종이었고, 중간인 품종은 아가1호, 아가2호, 풀무흑채 등 36품종, 강한 품종은 조생서리, 푸른콩, 소명, 도레미 4품종이었다.

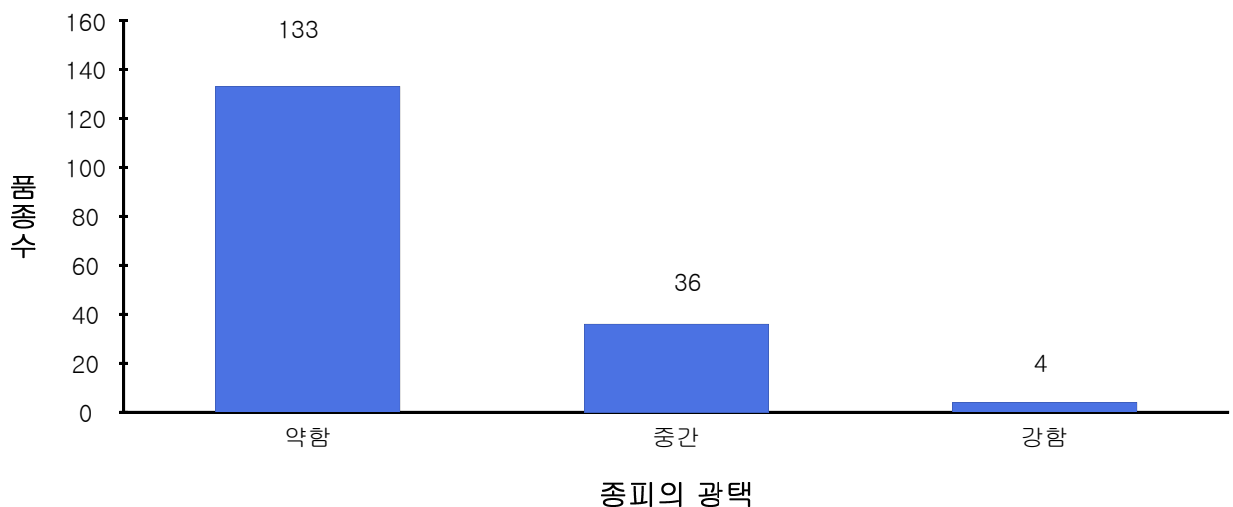


Fig. 24. Frequency distribution of gloss of seed coat of among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 28. Varietal group classified by gloss of seed coat among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종피의 광택	품종명
약함	화성꽃콩, 흑청, 호반, 청아, 대왕, 강일, 햇살, 만풍, 경상2호, 풀무지기, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 중황13, 경상1호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 진양, 검정콩3호, 안평, 신기, 청두1호, 대망, 청자3호, 원현, 장단백목, 충북백, 익산, 함안, 금강대립, 금강소립, 부석, 육우3호, 광두, 힐콩, 셀비, 대망1호, 미랑, 다장콩, 금강콩, 한남콩, 일품검정콩, 검정올콩, 일미, 광고, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 새울, 명주나물콩, 소원, 대황, 장원, 새별, 청자, 선늑, 신록, 소록, 검정콩4호, 대풍, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 보광콩, 단경콩, 무한콩, 남해콩, 장수콩, 단원콩, 다울, 단미, 다진, 소진, 선유, 검정새울, 단미1호, 일품검정1호, 흑미, 만리콩, 신평달콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 원광콩, 호서, 신화, 한울, 녹원, 만수, 남풍, 상원, 대양, 대하1호, 천상, 검정5호, 원후, 소청1호, 소후, 우람, 새단백, 연풍콩, 장연콩, 연천9호, 늘찬, 청엽1호, 익산나물콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 신평달콩1호, 검정콩1호, 단백콩, 광안콩, 대원, 진품콩1호, 진품콩, 송학, 진미, 서남, 원황, 조남, 갈채, 소황, 영양, 소영
중간	아가1호, 아가2호, 풀무흑채, 아가10호, 갈미, 원울, 진울, 장미콩, 두유콩, 부광콩, 소백나물, 봉의, 장엽콩, 팔달콩, 은하콩, 장경콩, 다채, 청자2호, 소청, 태광콩, 대하, 대후, 흑성, 다원콩, 검정콩2호, 소담, 선후, 팔도, 소호, 다기, 호장, 보석, 소강, 녹채, 장기, 풍원
강함	조생서리, 푸른콩, 소명, 도레미

라) 종실자엽색

173개 콩 품종들의 종실의 자엽색에 의한 분류는 Fig. 25, Table 29와 같다. 종실의 자엽색이 황색인 품종은 157품종(90.8%), 녹색인 품종은 16품종(9.2%)이었다. 종실의 자엽색이 황색인 품종은 화성꽃콩, 호반, 청아, 대왕 등 157품종이었고, 녹색인 품종은 흑청, 경상2호, 경상1호, 조생서리 등 16품종이었다.

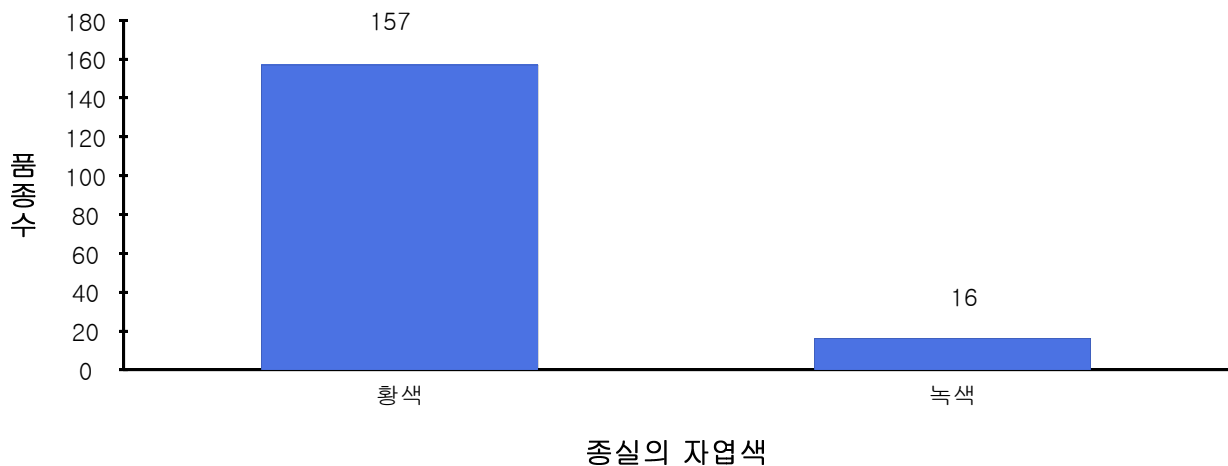


Fig. 25. Frequency distribution of cotyledon color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 29. Varietal group classified by cotyledon color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실의 자엽색	품종명
황색	화성꽃콩, 호반, 청아, 대왕, 강일, 햇살, 만풍, 아가1호, 아가2호, 풀무흑채, 풀무지기, 아가3호, 아가4호, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 중황13, 갈미, 원울, 개척2호, 진농1호, 진양, 진울, 검정콩3호, 안평, 신기, 대망, 원현, 장단백목, 충북백, 익산, 함안, 금강대립, 금강소립, 부석, 육우3호, 광두, 힐콩, 셀비, 대망2호, 미랑, 다장콩, 금강콩, 한남콩, 일품검정콩, 검정울콩, 장미콩, 두유콩, 부광콩, 소백나물, 일미, 광고, 봉의, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 새울, 명주나물콩, 소원, 대황, 장원, 새별, 선늑, 신록, 소록, 검정콩4호, 대풍, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 다채, 다울, 단미, 다진, 소진, 선유, 검정새울, 단미2호, 일품검정2호, 만리콩, 신파달콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 원광콩, 호서, 신화, 대하, 한울, 녹원, 만수, 남풍, 상원, 대양, 대흑, 흑성, 대하1호, 천상, 검정5호, 원흑, 우람, 새단백, 연풍콩, 장연콩, 연천9호, 늘찬, 청엽1호, 익산나물콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 신파달콩2호, 검정콩1호, 단백콩, 광안콩, 푸른콩, 다원콩, 대원, 진품콩2호, 검정콩2호, 진품콩, 소명, 소담, 선흑, 팔도, 송학, 도레미, 소호, 진미, 서남, 다기, 호장, 보석, 소강, 원황, 장기, 풍원, 조남, 갈채, 소황, 영양, 소영
녹색	흑청, 경상2호, 경상1호, 조생서리, 개척1호, 경상3호, 청두1호, 청자3호, 청자, 청자2호, 흑미, 소청, 태광콩, 소청2호, 소흑, 녹채

마) 종실의 배꼽색

173개 콩 품종들의 종실의 배꼽색에 의한 분류는 Fig. 26, Table 30과 같다. 종실의 배

꼽색이 농갈색인 품종은 32품종(18.5%), 담갈색인 품종은 46품종(26.6%), 종실의 배꼽색이 황색인 품종은 39품종(22.5%), 종실의 배꼽색이 회색인 품종은 5(2.9%), 종실의 배꼽색이 불완전 흑색인 품종은 13품종(7.5%), 종실의 배꼽색이 흑색인 품종은 38품종(22%)이었다. 종실의 배꼽색이 담갈색인 품종이 가장 많았고, 회색인 품종이 가장 적었다. 종실의 배꼽색이 농갈색인 품종은 화성꽃콩, 아가2호, 경상2호 등 32품종이었고, 담갈색인 품종은 호반, 청아, 대왕 등 46품종, 황색인 품종은 강일, 한남콩, 대황 등 39품종, 회색인 품종은 햇살, 선늑, 함안 등 5품종, 불완전 흑색인 품종은 소청2호, 신파달콩2호, 다원콩 등 13품종이었고, 흑색인 품종은 흑청, 아가1호, 개척1호 등 38품종이었다.

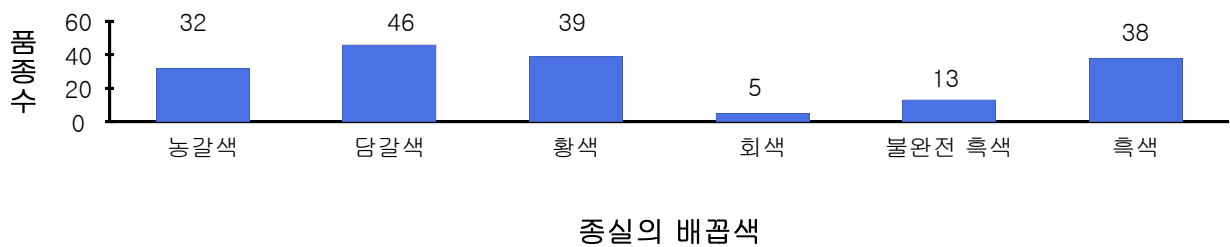


Fig. 26. Frequency distribution of hilum color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 30. Varietal group classified by hilum color among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실의 배꼽색	품종명
농갈색	화성꽃콩, 아가2호, 경상2호, 진양, 진율, 대망2호, 금강콩, 일미, 소록, 남풍, 알찬콩, 광안콩, 팔도, 도레미, 소호, 녹채, 갈채, 중황13, 갈미, 원율, 광두, 봉의, 밀양콩, 방사콩, 단경콩, 무한콩, 장수콩, 단원콩, 신파달콩, 원광콩, 호서, 연천9호
담갈색	호반, 청아, 대왕, 안평, 신기, 대망, 장미콩, 두유콩, 부광콩, 소백나물, 새울, 명주나물콩, 소원, 대풍, 다채, 다울, 소진, 선유, 단미2호, 녹원, 대양, 익산나물콩, 단백콩, 진품콩2호, 진품콩, 소담, 다기, 소강, 원황, 장기, 풍원, 조남, 풀무지기, 아가3호, 금강대립, 육우3호, 광교, 강립, 백천, 장백콩, 남천콩, 백운콩, 은하콩, 남해콩, 삼남콩, 신화
황색	강일, 한남콩, 대황, 장원, 신록, 단미, 다진, 만수, 상원, 대하1호, 천상, 풍산나물콩, 푸른콩, 대원, 송학, 진미, 호장, 소황, 소영, 장단백목, 충북백, 금강소립, 부석, 동북태, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 새알콩, 보광콩, 장경콩, 만리콩, 화엄꽃콩, 대하, 한울, 우람, 연풍콩, 장연콩, 만풍콩 늘찬
회색	햇살, 선늑, 함안, 셀비, 태광콩
불완전 흑색	소청2호, 신파달콩2호, 다원콩, 소명, 서남, 보석, 아가8호, 익산, 힐콩, 덕유콩, 팔달콩, 소양콩, 새단백
흑색	흑청, 아가1호, 개척1호, 개척2호, 경상3호, 진농1호, 검정콩3호, 청두1호, 청자3호, 미랑, 다장콩, 일품검정콩, 정율콩, 새별, 청자, 검정콩4호, 청자2호, 검정새울, 일품검정2호, 흑미, 소청, 대흑, 흑성, 검정5호, 원흑, 청엽1호, 검정콩1호, 검정콩2호, 선흑, 영양, 풀무흑채, 아가4호, 아가9호, 아가10호, 경상1호, 조생서리, 원현, 소흑

바) 종실의 배꼽 주병색

173개 콩 품종들의 종실의 배꼽 주병색에 의한 분류는 Fig. 27, Table 31과 같다. 종실의 배꼽 주병색이 종피와 같은 색인 품종은 100품종(57.8%), 종실의 배꼽 주병색이 종피와 다른 색인 품종은 73품종(42.2%)이었다. 종실의 배꼽 주병색이 종피와 같은 색인 품종은 호반, 청아, 대왕, 햇살, 아가1호 등 100품종이었고, 종피와 다른색인 품종은 화성꽃콩, 흑청, 강일 등 73품종이었다.

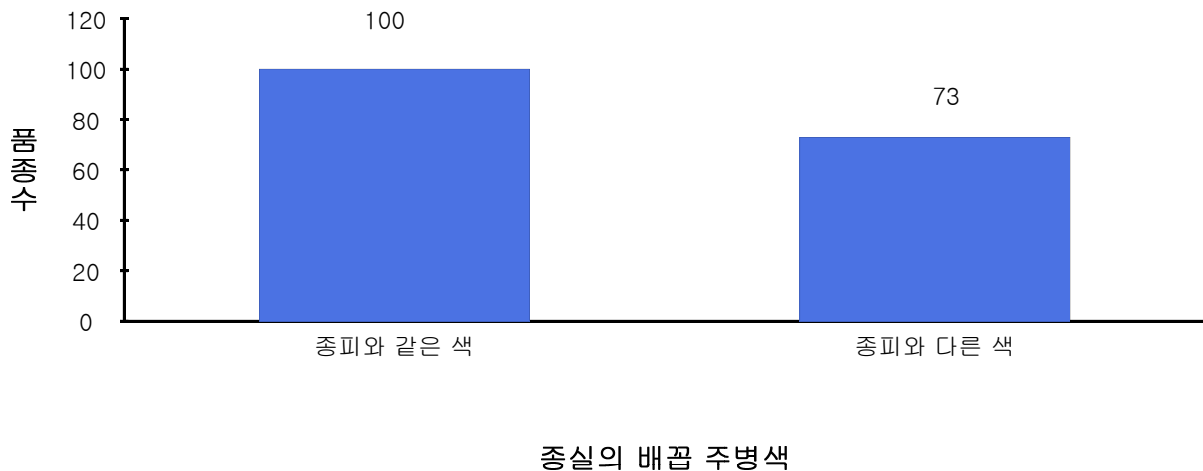


Fig. 27. Frequency distribution of color of hilum funicle among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 31. Varietal group classified by color of hilum funicle among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실의 배꼽 주변색	품종명
종피와 같은 색	호반, 청아, 대왕, 햇살, 아가1호, 아가2호, 개척2호, 진양, 안평, 다장콩, 금강콩, 한남콩, 장미콩, 두유콩, 부광콩, 소백나물, 일미, 새울, 명주나물콩, 대황, 새별, 신록, 검정콩4호, 다울, 선유, 남풍, 상원, 대양, 대하1호, 천상, 검정콩1호, 대원, 진품콩2호, 진품콩, 소명, 소담, 팔도, 송학, 도레미, 소호, 진미, 서남, 다기, 호장, 보석, 소강, 원황, 장기, 풍원, 조남, 소황, 영양, 소영, 풀무지기, 아가4호, 중황13, 장단백목, 충북백, 금강대립, 금강소립, 부석, 광두, 힐콩, 광고, 봉의, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 새알콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 만리콩, 신팔달콩, 태광콩, 삼남콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 원광콩, 호서, 대하, 한울, 우람, 새단백, 연풍콩, 장연콩, 만풍콩, 늘찬
종피와 다른 색	화성꽃콩, 흑청, 강일, 경상2호, 개척1호, 경상3호, 진농1호, 진을, 검정콩3호, 신기, 청두1호, 대망, 청자3호, 대망2호, 미랑, 일품검정콩, 검정울콩, 소원, 장원, 청자, 선늑, 소록, 대풍, 다채, 단미, 다진, 청자2호, 소진, 검정새울, 단미2호, 일품검정2호, 흑미, 소청, 녹원, 만수, 대흑, 흑성, 검정5호, 원흑, 소청2호, 청엽1호, 익산나물콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 신팔달콩2호, 단백콩, 광안콩, 푸른콩, 다원콩, 검정콩2호, 선흑, 녹채, 갈채, 풀무흑채, 아가3호, 아가8호, 아가9호, 아가10호, 경상1호, 갈미, 조생서리, 원울, 원현, 익산, 함안, 육우3호, 셀비, 방사콩, 팔달콩, 무한콩, 신화, 소흑, 연천9호

사) 종신평

콩 품종 173개의 종신평에 따른 분류는 Fig 28, Table 32와 같다. 종신평이 5mm이하인 품종이 14품종(8.1%), 5.1~6mm인 품종이 48품종(27.7%), 6.1~7mm인 품종이 83품종(48%), 7.1mm이상인 품종이 28품종(16.1%)이었다. 종신평이 6.1~7mm인 품종이 가장 많았고, 5mm 이하인 품종이 가장 적었다. 종신평이 5mm이하인 품종은 다채콩, 아가1호, 아가2호 등 14품종이었고, 5.1~6mm인 품종은 익산, 함안, 힐, 광고 등 83품종, 7.1mm이상인 품종은 장단백목, 충북백, 황금콩 등 28품종이었다.

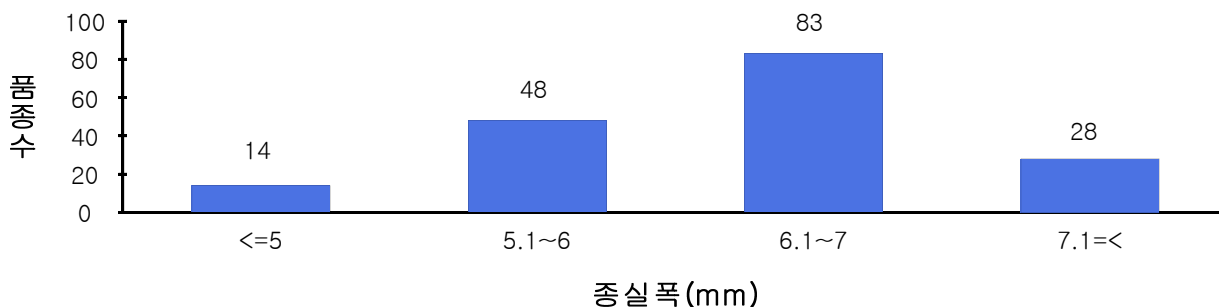


Fig. 28. Frequency distribution of seed width among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 32. Varietal group classified by seed width among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실폭	품종명
<=5	다채콩, 아가1호, 아가2호, 소청, 아가3호, 아가4호, 호서, 갈채, 소황, 풀무지기, 원흑, 아가8호, 아가9호, 아가10호
5.1~6	익산, 함안, 힐, 광고, 백천, 단엽콩, 덕유콩, 방사콩, 팔달콩, 은하콩, 단백콩, 한남콩, 광안콩, 소백나물콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 풍산나물콩, 장미콩, 다원콩, 소명콩, 팔도, 소원콩, 도래미콩, 새별콩, 소호콩, 소록콩, 안평콩, 서남, 다기콩, 신기, 소진, 보석, 소강, 녹채, 원황, 장기, 영양, 소영, 풍원, 조남, 풀무흑채, 원광, 신화, 경상3호, 진농1호, 소흑, 소청2호, 진양
6.1~7	부석, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 광두, 셀비, 봉의, 강림, 동북태, 장엽콩, 장백콩, 남천콩, 밀양콩, 백운콩, 새알콩, 보광콩, 단경콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 만리콩, 신팔달콩, 삼남콩, 부광콩, 신팔달콩2호, 두유콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 검정콩1호, 푸른콩, 진품콩, 금강콩, 다장콩, 검정울콩, 알찬콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 일품검정콩, 일미콩, 새울콩, 소담콩, 흑청콩, 대황콩, 청자콩, 신록콩, 검정콩3호, 진미콩, 다울, 청두1호, 다진, 청자2호, 검정새울, 경상1호, 대망2호, 미량, 단미2호, 중황13호, 경상2호, 조생서리, 호반, 개척1호, 개척2호, 흑미, 만수, 청아, 강일, 남풍, 상원, 흑성, 대하, 검정콩5호, 청엽1호, 원울, 한울, 우람, 새단백, 연풍, 원현, 늘찬, 장연
>=7.1	장단백목, 충북백, 황금콩, 태광콩, 대원콩, 선흑콩, 송학콩, 진울콩, 갈미, 장원콩, 선녹콩, 검정콩4호, 대풍콩, 단미, 호장콩, 대망, 청자3호, 선유, 일품검정2호, 녹원, 대왕콩, 대양, 대흑, 만풍, 대하1호, 햇살, 천상, 기풍

아) 종실길이

콩 품종 173개의 종실길이에 따른 분류는 Fig 29, Table 33과 같다. 종실길이가 5mm 이하인 품종이 1품종(0.6%), 5.1~7mm인 품종이 42품종(24.3%), 7.1~9mm인 품종이 91품종(52.6%), 9.1mm이상인 품종이 39품종(22.5%)이었다. 종실길이가 7.1~9mm인 품종이 가장 많았고, 5mm이하인 품종이 가장 적었다. 종실길이가 5mm이하인 품종은 아가 8호 1품종 이었고, 5.1~7mm인 품종은 장단백목, 광고, 봉의 등 42품종이었고, 7.1~9mm인 품종은 충북백, 익산, 함안 등 39품종, 7.1~9mm인 품종은 부석, 동북태, 검정콩1호 등 39품종이었다.

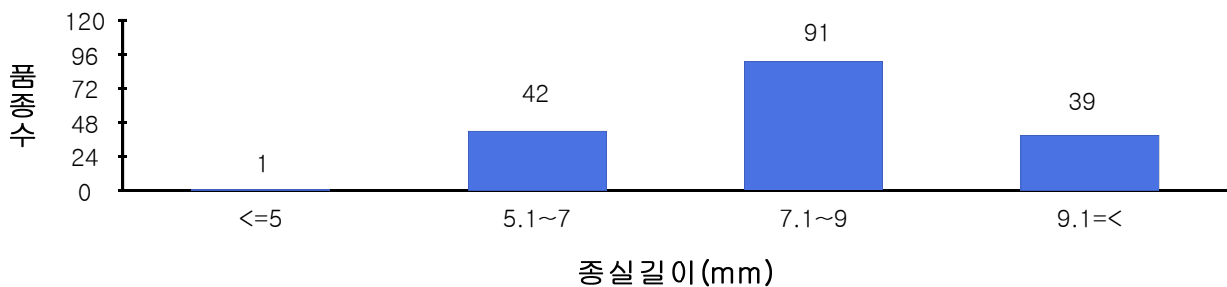


Fig. 29. Frequency distribution of seed length among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 33. Varietal group classified by seed length among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실길이	품종명
<=5	아가8호
5.1~7	장단백목, 광고, 봉의, 태광콩, 광안콩, 푸른콩, 진품콩, 소백나물콩, 익산나물콩, 풍산나물콩, 소명콩, 팔도, 소원콩, 도래미콩, 소록콩, 안평콩, 다채콩, 서남, 다기콩, 소진, 보석, 소강, 아가1호, 아가2호, 원황, 장기, 영양, 소영, 풍원, 조남, 아가3호, 아가4호, 원광, 호서, 신화, 갈채, 소황, 진농1호, 풀무지기, 원흑, 아가9호, 아가10호
7.1~9	충북백, 익산, 함안, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 광두, 힐, 셀비, 강립, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 덕유콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 새알콩, 팔달콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 만리콩, 신파달콩, 삼남콩, 부광콩, 신파달콩2호, 두유콩, 단백콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 한남콩, 금강콩, 명주나물콩, 다장콩, 검정올콩, 알찬콩, 진품콩2호, 검정콩2호, 장미콩, 다원콩, 대원콩, 일미콩, 소담콩, 선흑콩, 송학콩, 새별콩, 소호콩, 진미콩, 대풍콩, 호장콩, 신기, 청두1호, 다진, 선유, 녹채, 경상1호, 단미2호, 중황13호, 조생서리, 개척1호, 개척2호, 풀무흑채, 청아, 강일, 남풍, 상원, 대양, 대하, 경상3호, 한울, 소흑, 햇살, 천상, 소청2호, 우람, 새단백, 연풍, 진양, 늘찬, 장연, 기풍
>=9.1	부석, 동북태, 검정콩1호, 일품검정콩, 새울콩, 흑청콩, 진울콩, 대황콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 선녹콩, 신록콩, 검정콩3호, 검정콩4호, 다울, 단미, 대망, 청자2호, 청자3호, 검정새울, 대망2호, 미랑, 일품검정2호, 경상2호, 호반, 흑미, 소청, 녹원, 만수, 대왕콩, 대흑, 만풍, 흑성, 대하1호, 검정콩5호, 청엽1호, 원울, 원현

자) 종실두께

콩 품종 173개의 종실두께에 따른 분류는 Fig 30, Table 34와 같다. 종실두께가 6mm 이하인 품종이 24품종(13.9%), 6.1~7mm인 품종이 39품종(22.5%), 7.1~8mm인 품종이 58품종(33.5%), 8.1mm이상인 품종이 52품종(30%)이었다. 종실두께가 7.1~8mm인 품종이 가장 많았고, 6mm이하인 품종이 가장 적었다. 종실두께가 6mm이하인 품종은 광안콩, 풍산나물콩, 다원콩 등 24품종이었고, 6.1~7mm인 품종은 함안, 힐, 단엽콩, 덕유콩 등 39품종, 7.1~8mm인 품종은 익산, 육우3호, 광두 등 58품종이었고, 8.1mm이상인 품종은 장단백목, 충북백, 부석 등 52품종이었다.

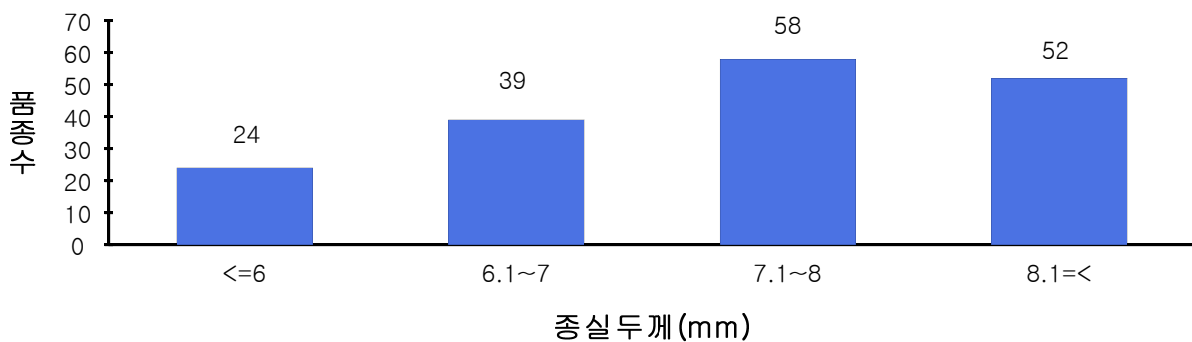


Fig. 30. Frequency distribution of seed thickness among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 34. Varietal group classified by seed thickness among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실두께	품종명
<=6	광안콩, 풍산나물콩, 다원콩, 소명콩, 팔도, 도레미콩, 다채콩, 소강, 아가1호, 아가2호, 원황, 영양, 소영, 아가3호, 아가4호, 호서, 갈채, 소황, 진농1호, 풀무지기, 원흑, 아가8호, 아가9호, 아가10호
6.1-7	함안, 힐, 단엽콩, 덕유콩, 밀양콩, 방사콩, 팔달콩, 은하콩, 부광콩, 단백콩, 한남콩, 푸른콩, 진품콩, 소백나물콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 알찬콩, 소담콩, 소원콩, 새별콩, 소호콩, 소록콩, 안평콩, 서남, 다기콩, 신기, 소진, 보석, 녹채, 장기, 소청, 풍원, 조남, 풀무흑채, 원광, 신화, 경상3호, 소흑, 소청2호
7.1-8	익산, 육우3호, 광두, 셀비, 광고, 강림, 백천, 장백콩, 남천콩, 백운콩, 새알콩, 보광콩, 단경콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 만리콩, 신평달콩, 삼남콩, 신평달콩2호, 두유콩, 소양콩, 화성꽃콩, 김정콩1호, 금강콩, 다장콩, 김정올콩, 진품콩2호, 김정콩2호, 장미콩, 대원콩, 일미콩, 송학콩, 대풍콩, 경상1호, 대망2호, 중황13호, 경상2호, 개척1호, 개척2호, 만수, 청아, 강일, 남풍, 상원, 대양, 대하, 김정콩5호, 햇살, 우람, 새단백, 연풍, 진양, 늘찬, 장연, 기풍
>=8.1	장단백목, 충부백, 부석, 금강대립, 금강소립, 봉의, 동북태, 장엽콩, 황금콩, 대광콩, 화엄꽃콩, 일품검정콩, 새울콩, 선후콩, 흑청콩, 진울콩, 대황콩, 갈미, 장원콩, 청자콩, 선녹콩, 신록콩, 검정콩3호, 검정콩4호, 진미콩, 다울, 단미, 호장콩, 청두1호, 대망, 다진, 청자2호, 청자3호, 선유, 검정새울, 미랑, 단미2호, 일품검정2호, 조생서리, 호반, 흑미, 녹원, 대왕콩, 대흑, 만풍, 흑성, 대하1호, 청엽1호, 원울, 천상, 원현, 한울

차) 종실장폭비

콩 품종 173개의 종실장폭비에 따른 분류는 Fig 31, Table 35와 같다. 종실장폭비가 1 이하인 품종이 2종(1.2%), 1.1~1.2인 품종이 36품종(21%), 1.21~1.4인 품종이 111품종(64.1%), 1.41 이상인 품종이 24품종(14%)이었다. 종실장폭비가 1.21~1.4인 품종이 가장 많았고, 1이하인 품종이 가장 적었다. 종실장폭비가 1이하인 품종은 진품콩, 다기콩 2 품종, 1.1~1.2인 품종은 광고, 봉의, 황금콩 등 36품종이었고, 1.21~1.4인 품종은 장단백목, 충부백, 익산 등 111품종, 1.41 이상인 품종은 부석, 힐, 팔달콩 등 24품종이었다.

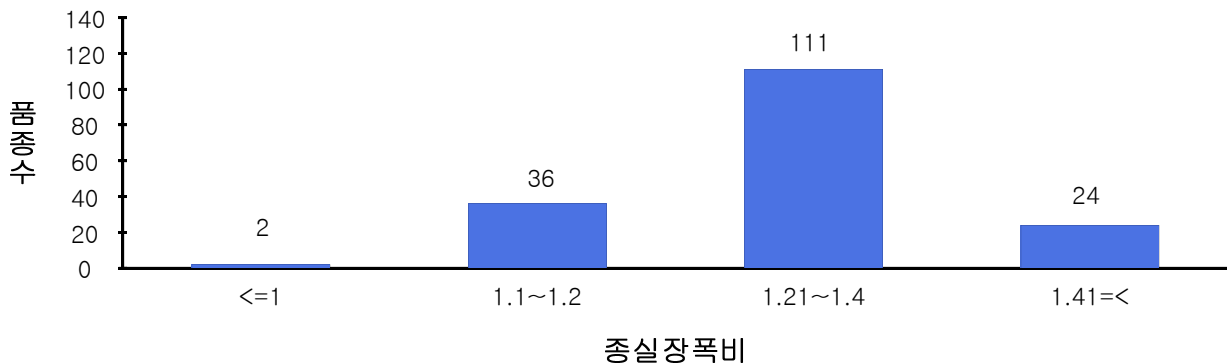


Fig. 31. Frequency distribution of length/width ratio of seed among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 35. Varietal group classified by length/width ratio of seed among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실장폭비	품종명
<=1	진품콩, 다기콩
1.1-1.2	광고, 봉의, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 보광콩, 만리콩, 부광콩, 두유콩, 알찬콩, 대원콩, 소명콩, 선후콩, 송학콩, 소원콩, 도레미콩, 선녹콩, 안평콩, 서남, 조남, 남풍, 원광, 호서, 소황, 진농1호, 한울, 햇살, 천상, 원흑, 아가8호, 아가9호, 새단백, 기풍
1.21-1.4	장단백묵, 충북백, 익산, 함안, 금강대립, 금강소립, 육우3호, 광두, 셀비, 강립, 동북대, 백천, 단엽콩, 장엽콩, 덕유콩, 새알콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 신팔달콩, 삼남콩, 신팔달콩2호, 태광콩, 단백콩, 화엄꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 한남콩, 김정콩1호, 광안콩, 푸른콩, 금강콩, 소백나물콩, 명주나물콩, 익산나물콩, 다장콩, 김정울콩, 풍산나물콩, 진품2호, 김정콩2호, 장미콩, 다원콩, 일미콩, 소담콩, 팔도, 진울콩, 대항콩, 장원콩, 새별콩, 신록콩, 소호콩, 김정콩3호, 소록콩, 김정콩4호, 대풍콩, 다채콩, 다울, 단미, 호장콩, 신기, 청두1호, 대망, 다진, 소진, 보석, 청자3호, 선유, 김정새울, 소강, 녹채, 아가1호, 아가2호, 대망2호, 단미2호, 일품김정2호, 원황, 장기, 영양, 소영, 중황13호, 호반, 개척1호, 개척2호, 녹원, 만수, 풍원, 풀무흑채, 청아, 대왕콩, 강일, 상원, 대양, 아가3호, 신화, 만풍, 대하1호, 갈채, 대하, 경상3호, 풀무지기, 아가10호, 우람, 연풍, 진양, 원현, 늘찬, 장연, 만수
>=1.41	부석, 힐, 팔달콩, 일품김정콩, 새울콩, 흑청콩, 갈미, 청자콩, 진미콩, 청자2호, 경상1호, 미랑, 경상2호, 조생서리, 흑미, 소청, 대흑, 아가4호, 흑성, 김정콩5호, 청엽1호, 원울, 소흑, 소청2호

카) 종실장두께비

콩 품종 173개의 종실장두께비에 따른 분류는 Fig 32, Table 36과 같다. 종실장두께비가 1이하인 품종이 10종(5.8%), 1.01~1.1인 품종이 94품종(54.3%), 1.11~1.2인 품종이 59품종(34.1%), 1.21 이상인 품종이 10품종(5.8%)이었다. 종실장두께비가 1.01~1.1인 품종이 가장 많았고, 1이하인 품종과 1.21인 품종이 10종으로 가장 적었다. 종실장두께비가 1이하인 품종은 광고, 봉의, 진품콩, 선후콩 등 10품종이었고, 1.01~1.1인 품종은 장단백묵, 충북백, 익산 등 94품종이었고, 1.11~1.2인 품종은 부석, 함안, 육우3호 등 59

종,

1.21 이상인 품종은 팔달콩, 일품김정콩, 다원콩 등 10품종이었다.

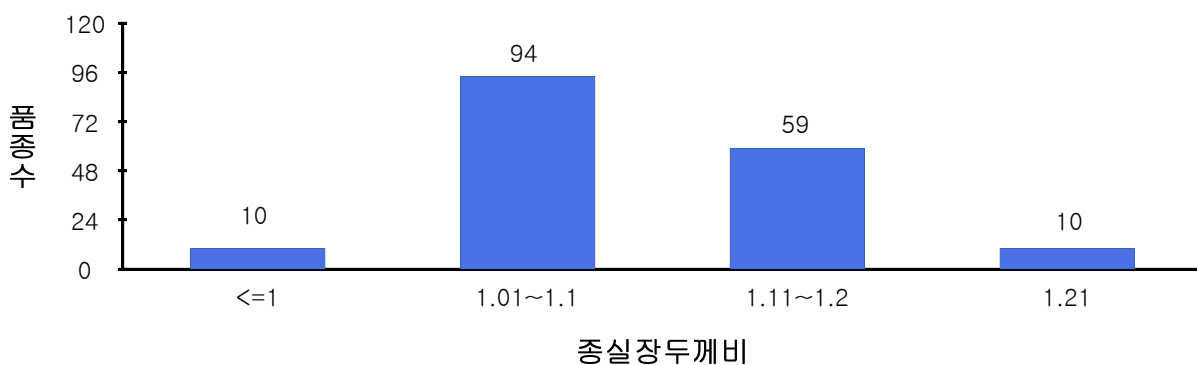


Fig. 32. Frequency distribution of length/thickness ratio of seed among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Table 36. Varietal group classified by length/thickness ratio of seed among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

종실장두께비	품종명
<=1	광교, 봉의, 진품콩, 선흑콩, 소원콩, 서남, 다기콩, 풍원, 진농1호, 한을
1.01-1.1	장단백목, 충북백, 익산, 금강대립, 금강소립, 힐, 셀비, 장엽콩, 황금콩, 장백콩, 남천콩, 밀양콩, 백운콩, 방사콩, 보광콩, 단경콩, 은하콩, 무한콩, 남해콩, 장경콩, 장수콩, 단원콩, 만리콩, 신팔달콩, 삼남콩, 부광콩, 두유콩, 화염꽃콩, 소양콩, 화성꽃콩, 금강콩, 소백나물콩, 익산나물콩, 검정올콩, 알찬콩, 풍산나물콩, 진품콩2호, 장미콩, 대원콩, 일미콩, 소명콩, 대황콩, 장원콩, 새별콩, 선녹콩, 신록콩, 소록콩, 검정콩4호, 진미콩, 안평콩, 다채콩, 단미, 호장콩, 청두1호, 대망, 다진, 소진, 보석, 선유, 검정새울, 소강, 아가1호, 아가2호, 미랑, 단미2호, 장기, 조생서리, 개척2호, 조남, 풀무흑채, 청아, 대왕콩, 강일, 남풍, 상원, 아가3호, 원광, 호서, 신화, 갈채, 소황, 대하, 햇살, 천상, 원흑, 아가8호, 아가10호, 우람, 새단백, 연풍, 진양, 늘찬, 장연, 기풍
1.11-1.2	부석, 함안, 육우3호, 광두, 강립, 동북태, 백천, 단엽콩, 덕유콩, 새알콩, 신팔달콩2호, 태광콩, 단백콩, 한남콩, 검정콩1호, 광안콩, 푸른콩, 명주나물콩, 다장콩, 검정콩2호, 새울콩, 팔도, 송학콩, 흑청콩, 진을콩, 도레미콩, 갈미, 청자콩, 소호콩, 검정콩3호, 대풍콩, 다울, 신기, 청자2호, 녹채, 경상1호, 대망2호, 일품검정2호, 원황, 영양, 소영, 중황13호, 경상2호, 호반, 개척1호, 흑미, 녹원, 만수, 대양, 대흑, 아가4호, 만풍, 대하1호, 경상3호, 청엽1호, 풀무지기, 원을, 아가9호, 원현
>=1.21	팔달콩, 일품검정콩, 다원콩, 소담콩, 청자3호, 소청, 흑성, 검정콩5호, 소흑, 소청2호

2. 다변량 분석에 의한 품종군 분류

가. 주성분 분석

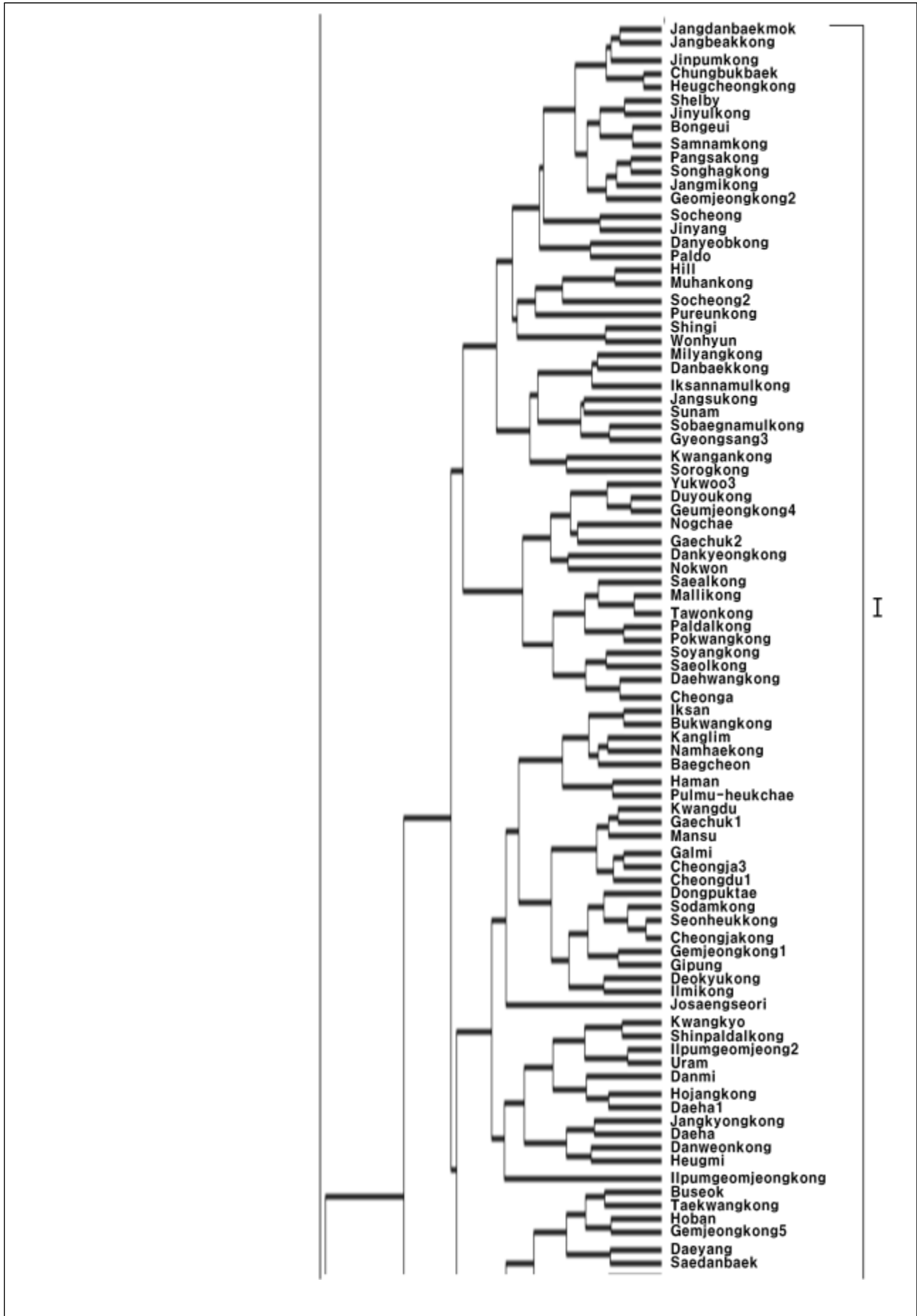
중국품종 중황13호를 제외한 한국 육성 172품종에 대하여 12개 양적형질을 주성분 분석으로 고유값과 각 주성분의 기여도를 나타낸 결과는 Table 37과 같다. 고유값과 누적 분산비율이 제 1주성분은 고유값으로 볼 때 12개의 분석 형질 중에서 4.08개의 형질을 포함하고 있었고, 전체의 변이 중에서 34.02%를 설명할 수 있었다. 제 2주성분은 2.21개를 포함하고 18.44%를, 제 3주성분은 1.28개를 포함하고 10.67%를, 제 4주성분은 1.19개를 포함하고 9.96%를 설명할 수 있었다. 전체에 대한 각 주성분의 누적기여율은 제 1주성분은 34.02%, 제 2주성분은 52.46%, 제 3주성분은 63.13%, 제 4주성분은 73.09%이었다. 제 1~4주성분까지 만으로도 전체 변이의 73.09%를 설명할 수 있기 때문에 제 1~4주성분으로 172개 콩 품종의 유전적 변이에 따른 분류가 가능한 것으로 나타났다.

Table 37. Eigen values and contribution obtained from principal component analysis in 172 Korean soybean varieties.

Principal component	Eigenvalue	Contribution (%)	Cumulative contribution (%)
PC 1	4.08	34.02	34.02
PC 2	2.21	18.44	52.46
PC 3	1.28	10.67	63.13
PC 4	1.19	9.96	73.09
PC 5	0.92	7.66	80.75
PC 6	0.76	6.37	87.12
PC 7	0.5	4.14	91.26
PC 8	0.38	3.16	94.42
PC 9	0.35	2.91	97.33
PC 10	0.3	2.47	99.8
PC 11	0.02	0.20	100
PC 12	0	0	100

가. 군집 분석

172개 콩 품종 12개 양적형질을 이용하여 주성분분석을 수행한 후 제 1~4주성분까지의 주 성분 점수를 이용하여 군집분석을 한 결과, 평균거리 1.1을 기준으로 5개 군집으로 분류되었다(Fig. 33). I 군집에는 장단백목 등 120품종이, II 군집에는 백운콩 등 34품종이, III 군집에는 한남콩의 1품종이, IV 군집에는 신팔달콩2호 등 15품종이, V 군집에는 아가9호와 아가10호의 2품종이 속하였다. I 군집이 전 시험품종의 69.7%를 차지하는 가장 큰 군집이었고, 다음으로 II 군집이 19.8%를 차지하는 큰 군집이었으며, 그다음으로 IV 군집이 8.7%를 차지하였다. III과 V 군집은 1~2품종이 속하는 소군집이었다. 각 분류된 군집의 생육 및 수량 구성형질의 평균치는 Table 38과 같다. III과 V 군집은 1~2품종이 속하는 소군집이므로 군집이 비교적 큰 I, II 및 IV 군집의 평균치를 비교하여 보면, I 군집은 성숙일수가 다소 길었고 성숙기가 중만생종들이었으며, 엽장폭비의 평균이 1.7로서 엽형은 원엽형이었다. 엽면적이 넓었고, 경장, 주경절수와 분지수는 중간정도이었다. 주당립수가 적었고, 100립중의 평균은 25.3g이었으며 중대립종으로서 장류 및 두부용 품종이 많이 속하였다. 주당중실중은 II 및 IV 군집에 비하여 많았다. II 군집은 I 군집과 마찬가지로 개화일수가 다소 길며 중만생종이었고, 엽장폭비의 평균이 2.7로서 장엽형이었다. 엽면적이 작았고, 경장이 다소 컸으며, 주경절수, 분지수, 주당협수 및 주당립수가 I 및 IV 군집에 비하여 많았다. 100립중의 평균이 12.5g으로서 소립종인 나물용 품종이 많이 속해 있었으며, 주당중실중은 I과 IV 군집의 중간정도이었다. IV 군집은 개화일수와 성숙일수가 짧고, 생육일수가 짧은 조생종들로서 풋콩 및 울콩용 품종이 많이 속해 있으며, 엽장폭비가 1.8로서 원엽형의 품종들이 속하였고, 엽면적이 크고 경장이 아주 작으며, 주경절수와 분지수, 주당협수가 적으며 100립중의 평균이 27 g으로 다른 군집보다 대립종이었다. III 군집과 V 군집은 소군집으로 III 군집의 1품종은 한남콩으로서 생육일수가 비교적 짧으며, 주경절수가 매우 많고, 주당중실중이 적은 품종이었다. V 군집의 2품종은 아가9호와 10호로서 생육일수는 중만생종이었고, 엽장폭비가 3.2로서 극장엽형이었고, 엽면적이 매우 작으며, 경장이 매우 크고, 분지수가 많은 다분지형이었으며, 주당협수 및 주당립수가 매우 많았고, 100립중이 극소립종이었으나 주당중실중이 높았다.



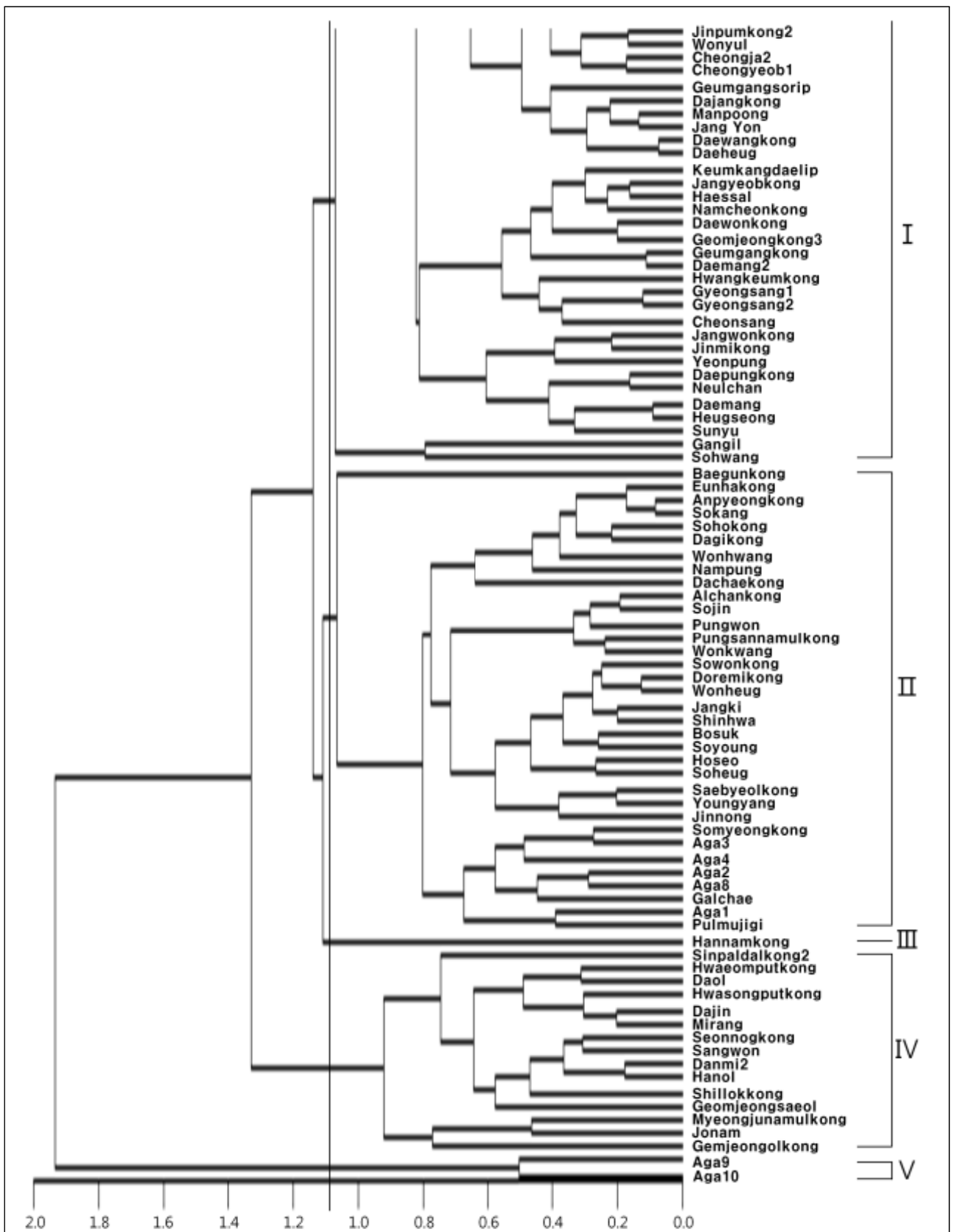


Fig. 33. Dendrogram of 172 Korean soybean varieties classified according to average linkage cluster based on principal component scores.

Table 38. Mean value of growth and yield components of each cluster classified in 172 Korean soybean varieties.

Character	Cluster					Mean
	I	II	III	IV	V	
1. Days to flowering(Days)	52.8	58.8	57	46.6	63	55.6
2. Days to maturity(Days)	79.2	73.1	63	56.6	66	64.8
3. Days to growing(Days)	132	131.8	120	103.1	129	120.4
4. Length/width ratio of leaf	1.7	2.7	1.8	1.6	3.2	2.2
5. Leaf area(cm ²)	254.8	164.1	244.5	252.2	108.1	204.7
6. Stem length(cm)	61.4	67.9	83.8	30.8	136.3	76
7. Number of nodes(No./plant)	10.6	11.9	18.5	7.4	15.4	12.8
8. Number of branches(No./plant)	4.7	6.9	5.5	4.2	8.3	5.9
9. Number of pods(No./plant)	38.8	52.9	40.2	38.9	90	52.2
10. Number of seeds(No./plant)	70.4	105.4	84.4	80.4	141	96.3
11. 100-seed weight(g)	25.3	12.5	15.9	27	6	17.3
12. Seed weight(g/plant)	26.9	24.9	18.5	23.2	27.5	24.2

3. 품종별 주요 특성 이미지

가. 복엽이미지(173품종 모두 촬영 되었음)



갈미



갈채



강림



강일



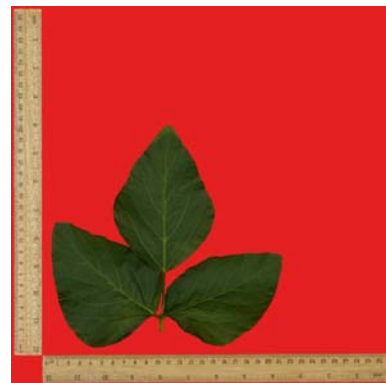
개척1호



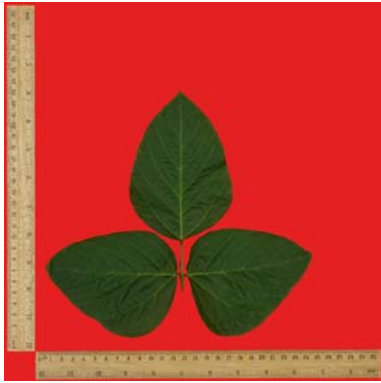
개척2호



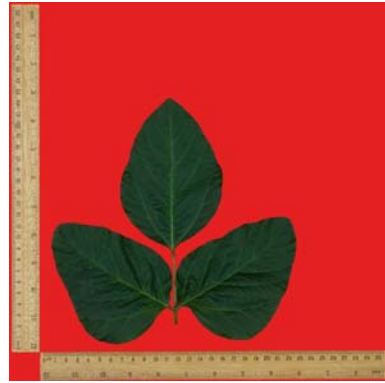
검정5호



검정새울



검정올콩



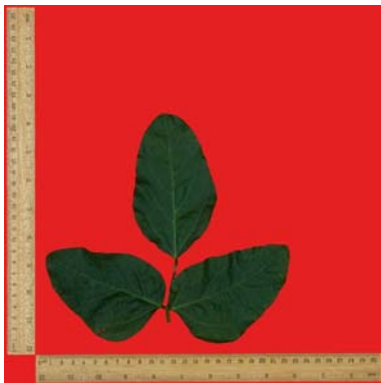
검정콩1호



검정콩2호



검정콩3호



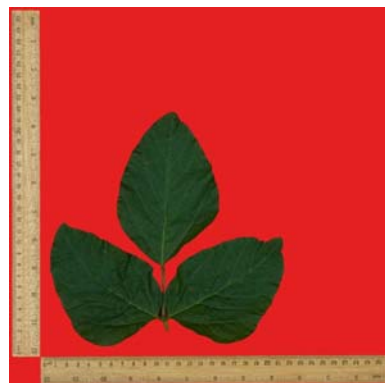
검정콩4호



경상1호



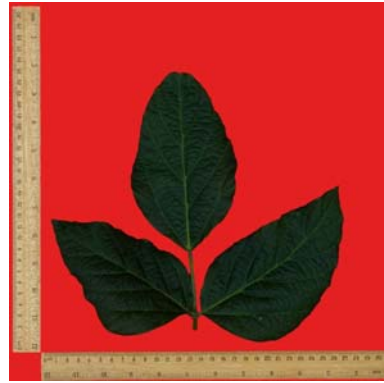
경상2호



경상3호



광교



광두



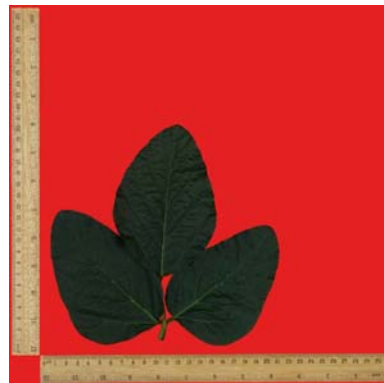
광안



금강대립



금강소립



금강콩



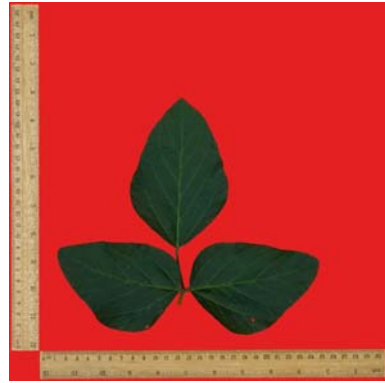
남천콩



남풍



남해콩



녹원



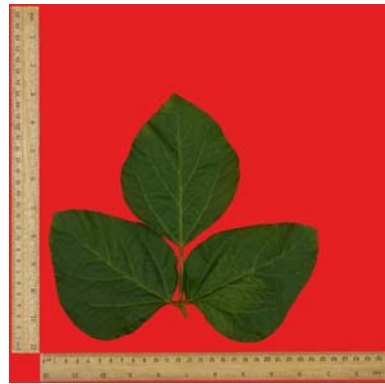
녹채



늘찬



다기



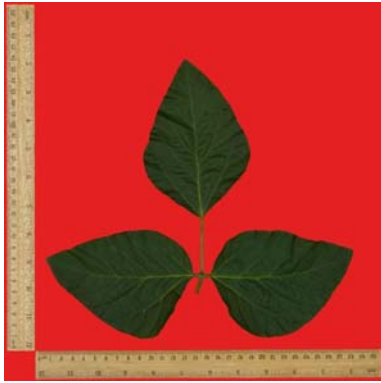
다을콩



다원



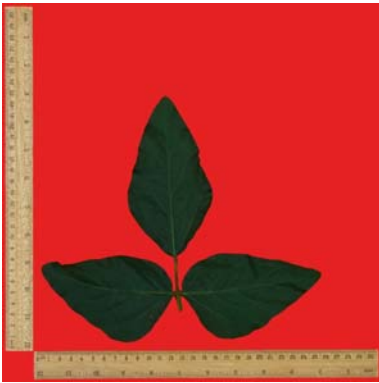
다장콩



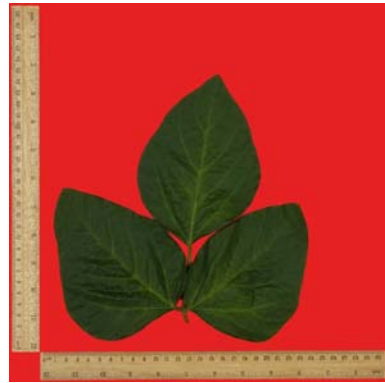
다진콩



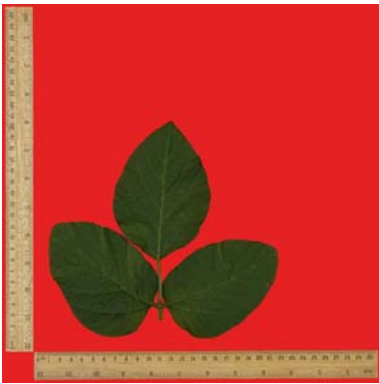
다채



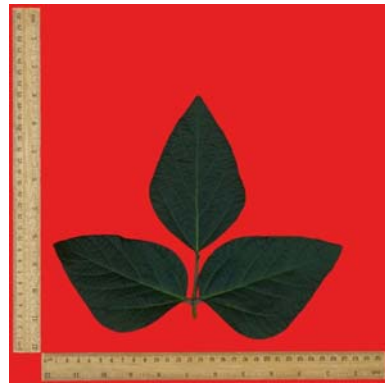
단경콩



단미



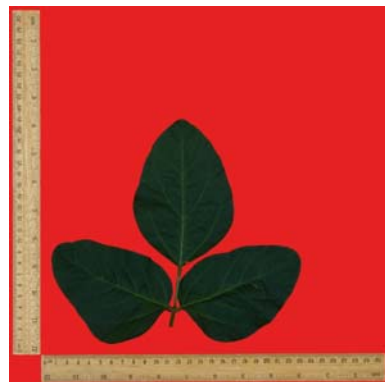
단미2호



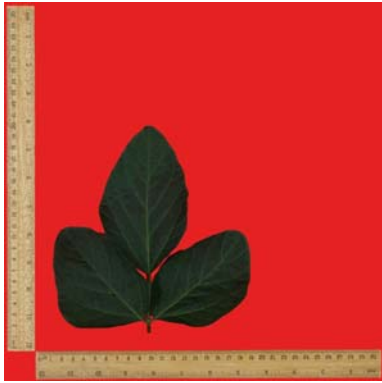
단백콩



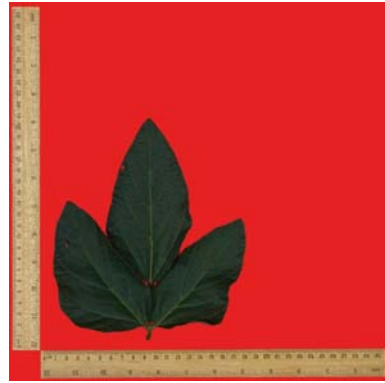
단엽콩



단원콩



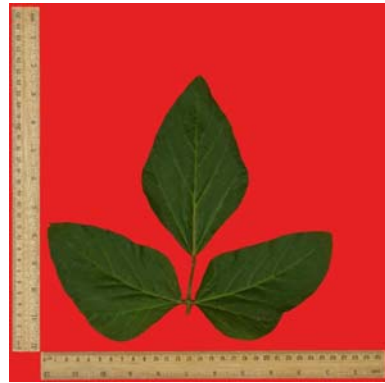
대망



대망2호



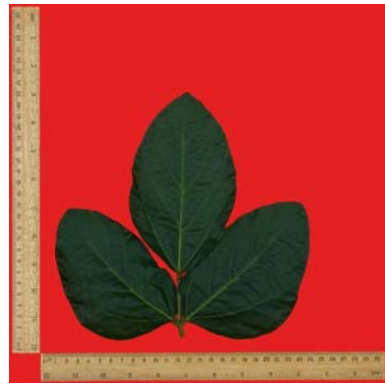
대양



대왕



대원콩



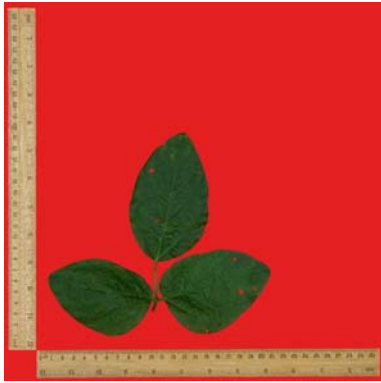
대풍



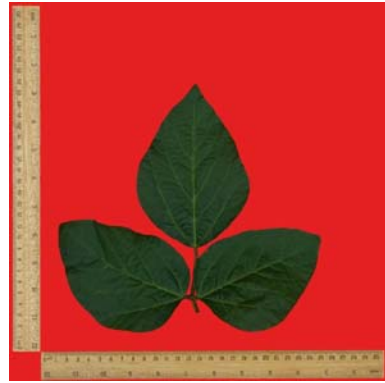
대하



대하1호



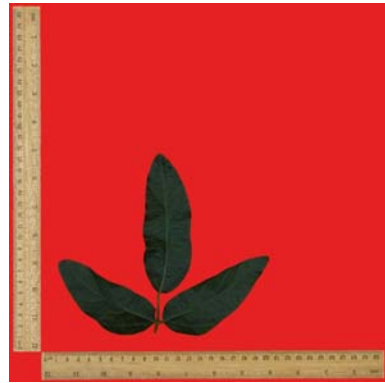
대황



대흑



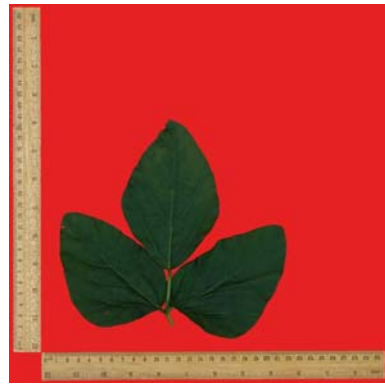
덕유콩



도레미



동북태



두유콩



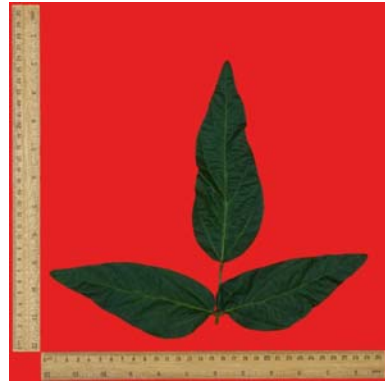
만리콩



만수



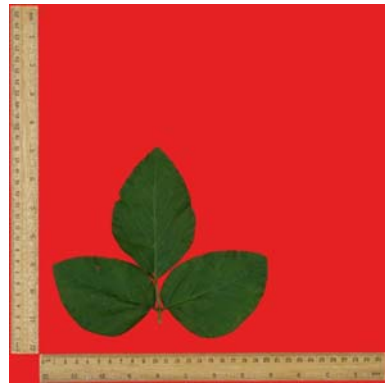
만풍콩



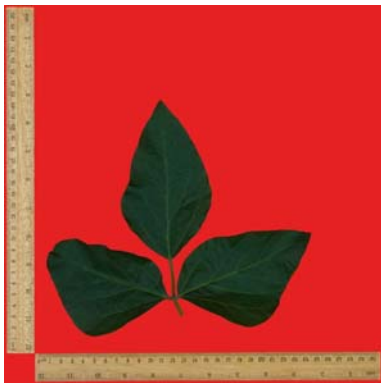
명주나물콩



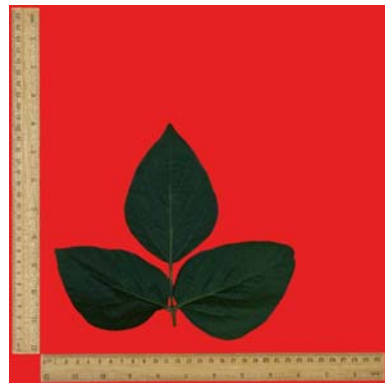
무한콩



미랑



밀양콩



방사콩



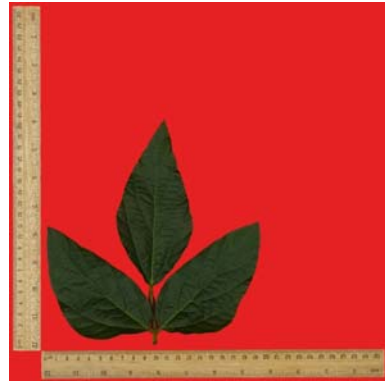
백운콩



백천



보광콩



보석



봉의



부광콩



부석



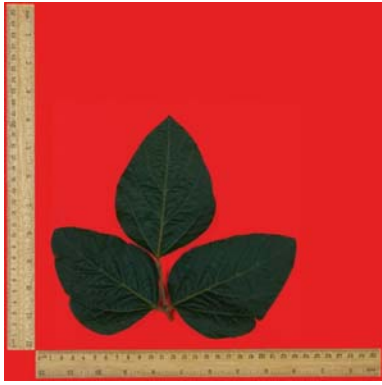
삼남콩



상원



새단백



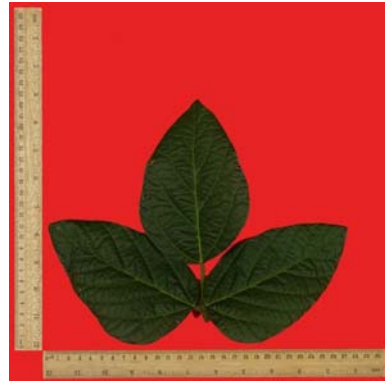
새별



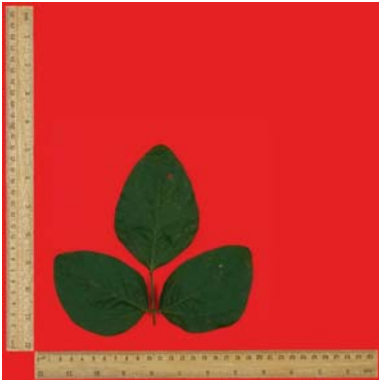
새알콩



새울



서남



선늑



선유



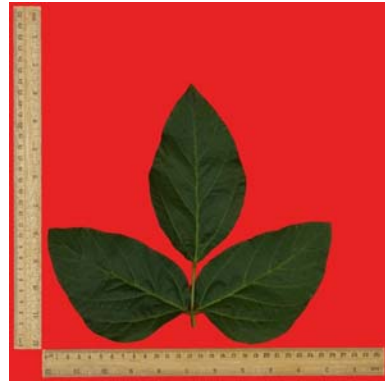
선흑



셀비



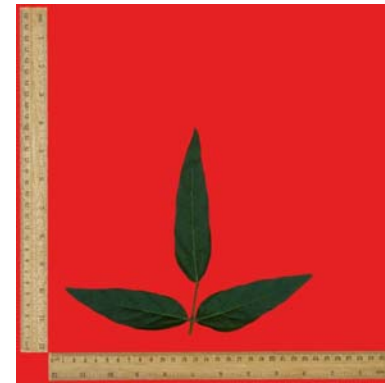
소강



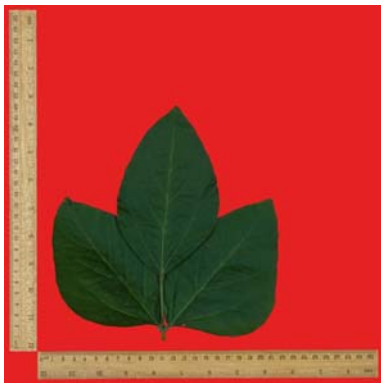
소담



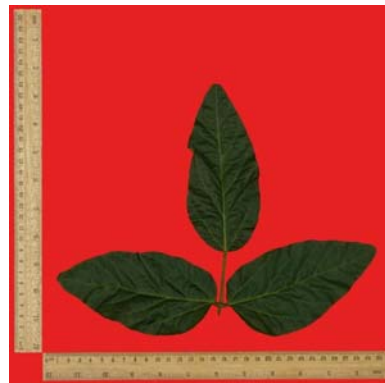
소록



소명



소백나물



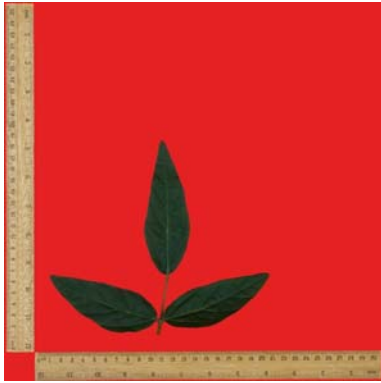
소양콩



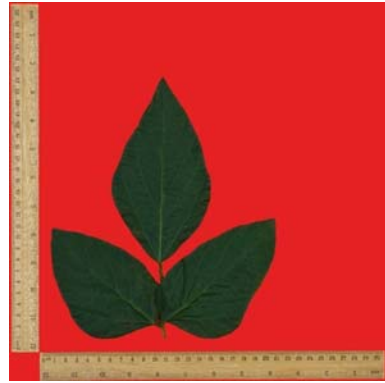
소영



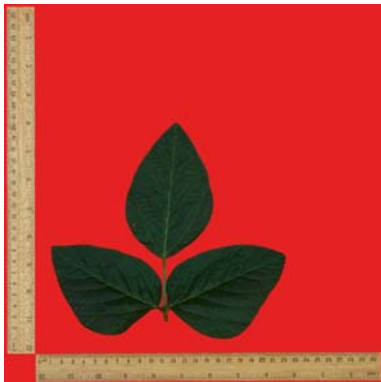
소원



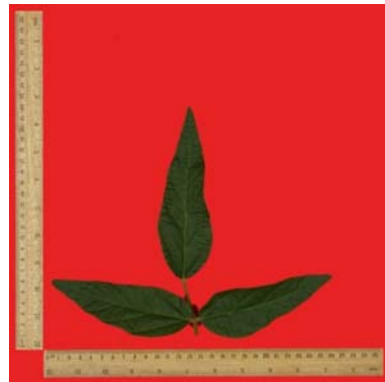
소진



소청



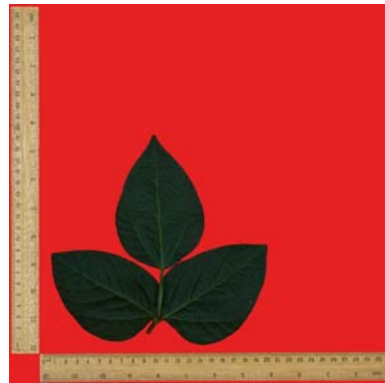
소청2호



소호



소황



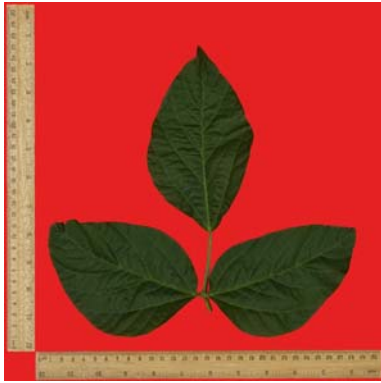
소흑



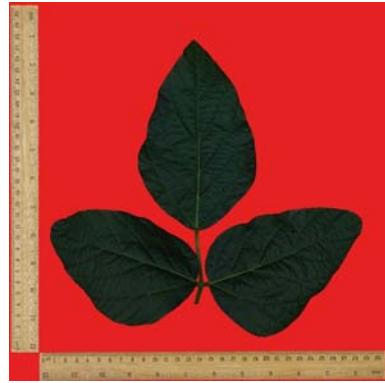
송학



신기



신록콩



신팔달콩



신팔달콩2호



신화



아가1호



아가2호



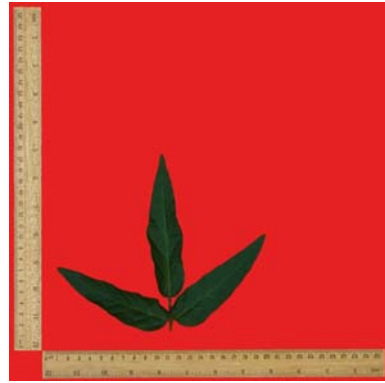
아가3호



아가4호



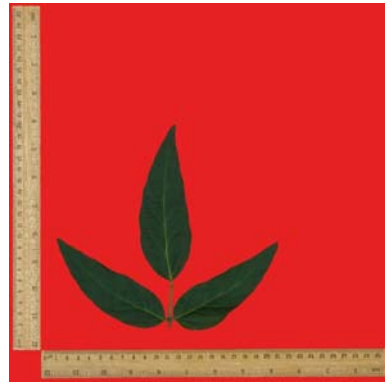
아가8호



아가9호



아가10호



안평



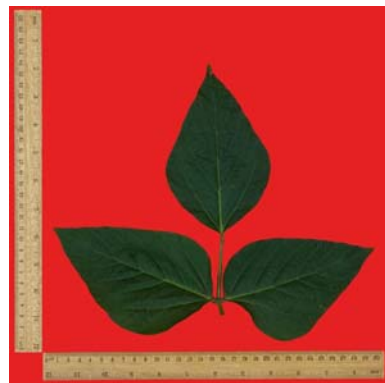
알찬콩



기풍



연풍콩



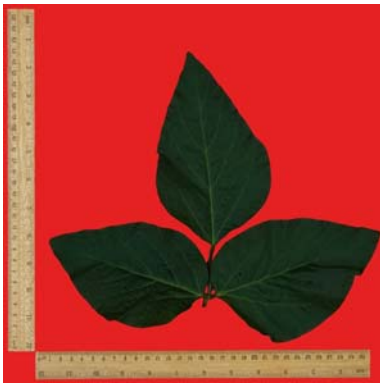
영양



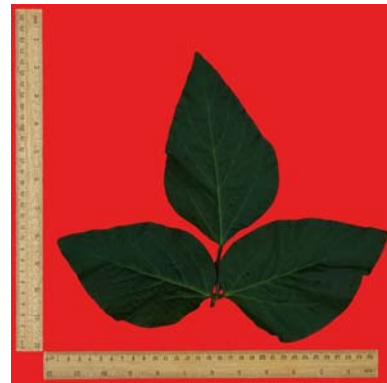
우람



원광콩



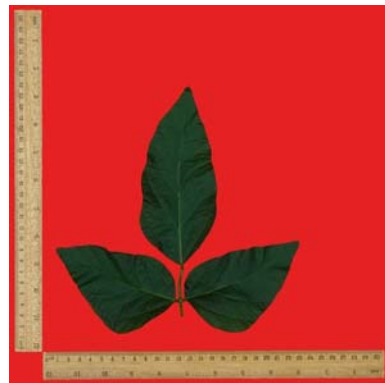
원을



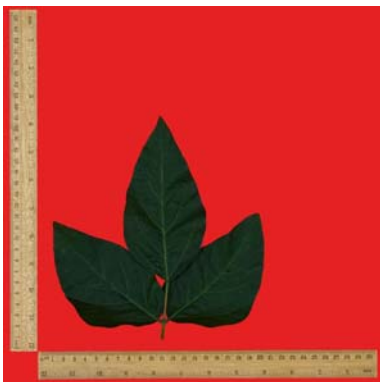
원현



원황



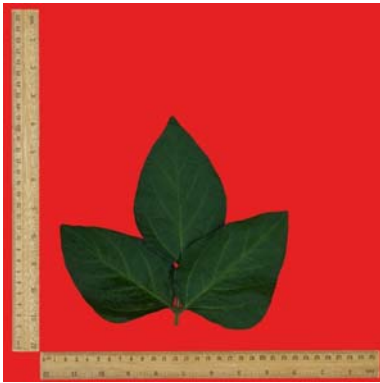
원흑



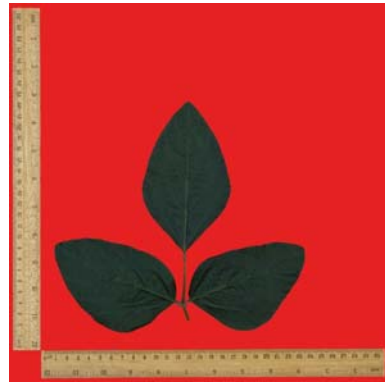
육우3호



은하콩



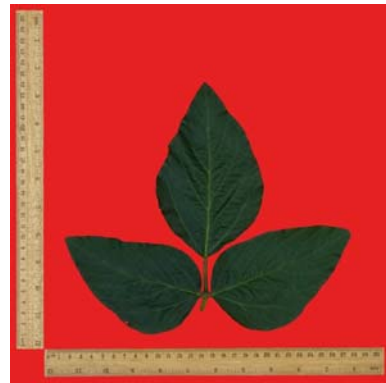
익산



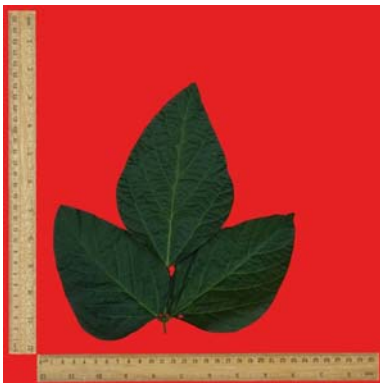
익산나물콩



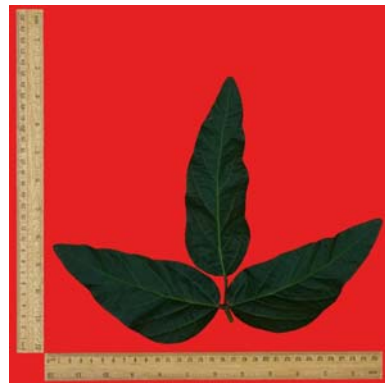
일미



일품검정2호



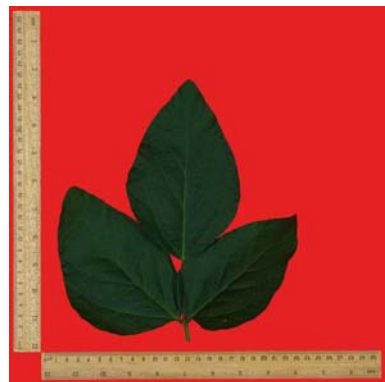
일품검정



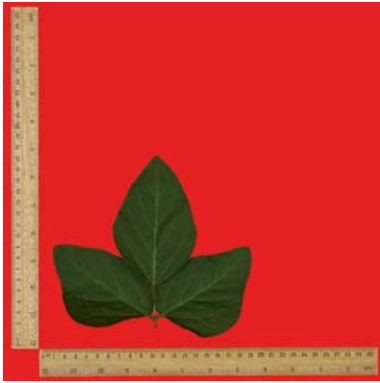
장경콩



장기



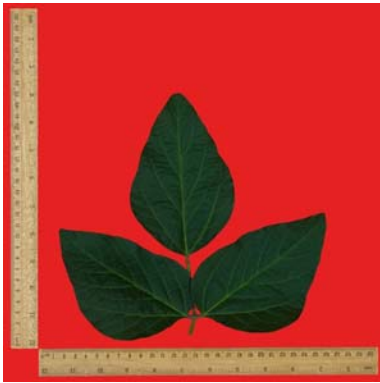
장단백목



장미콩



장백콩



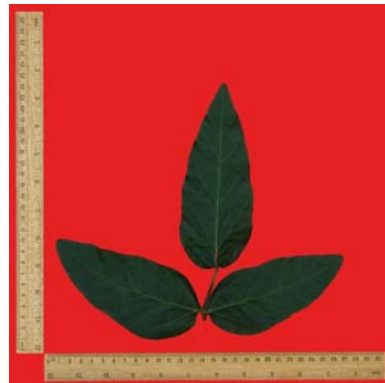
장수콩



장연콩



장엽콩



장원



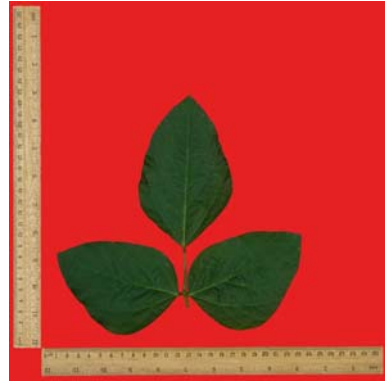
조남



조생서리



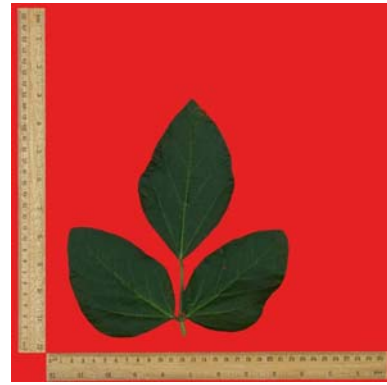
중황13



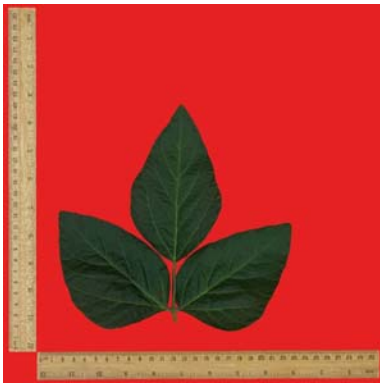
진농1호



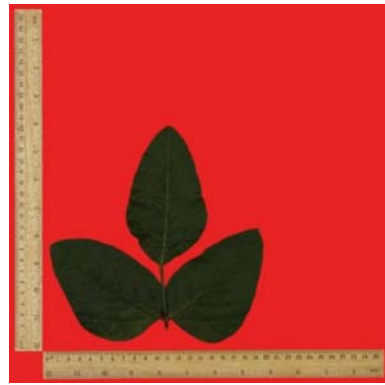
진미



진양



진을



진품콩



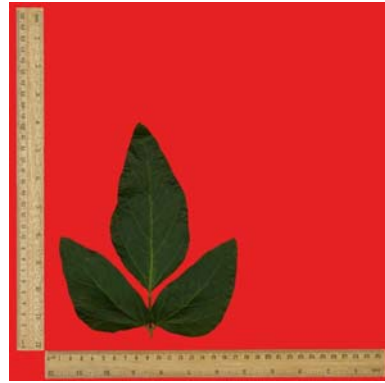
진품콩2호



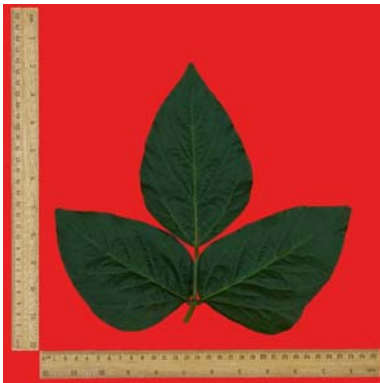
천상



청두1호



청아



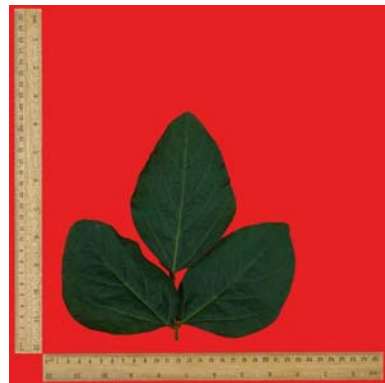
청엽1호



청자



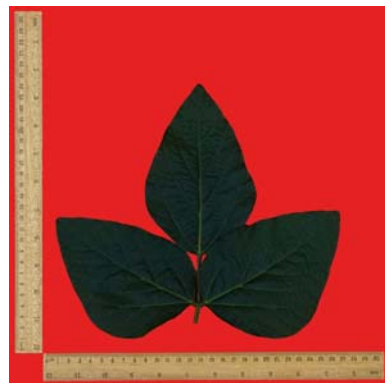
청자2호



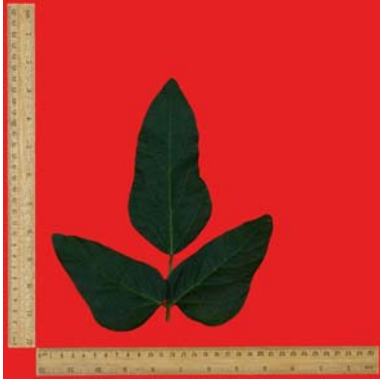
청자3호



충북백



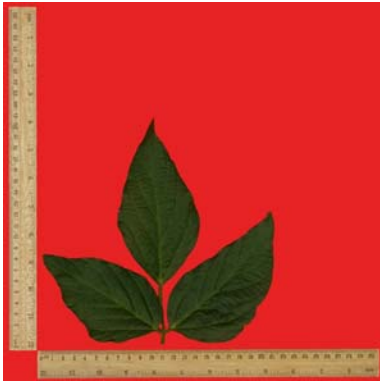
태광콩



팔달콩



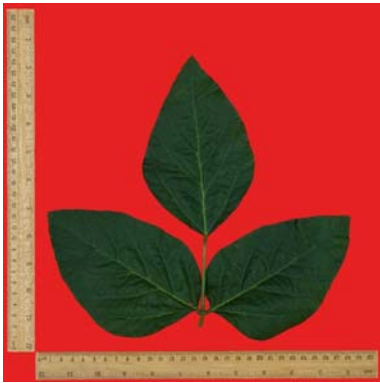
팔도



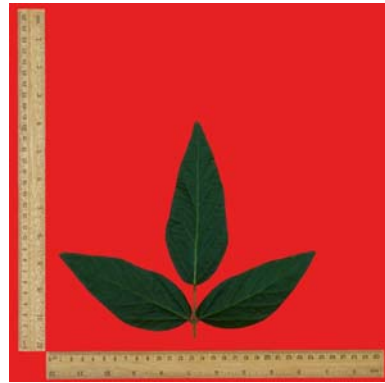
푸른콩



풀무지기



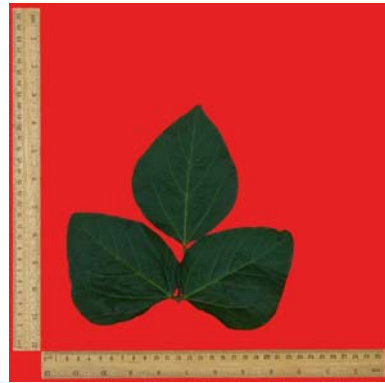
풀무흑채



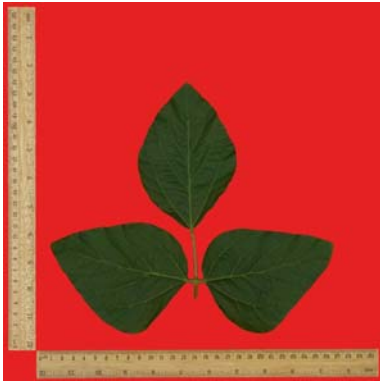
풍산나물콩



풍원



한남콩



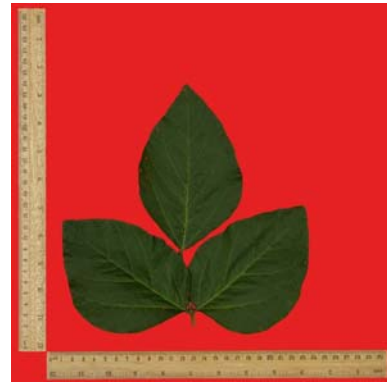
한울콩



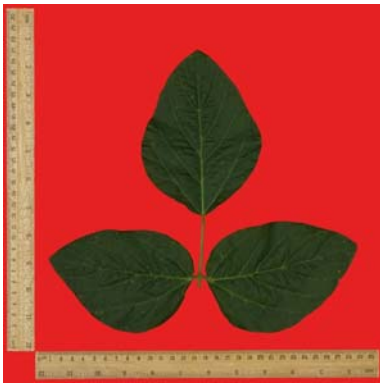
함안



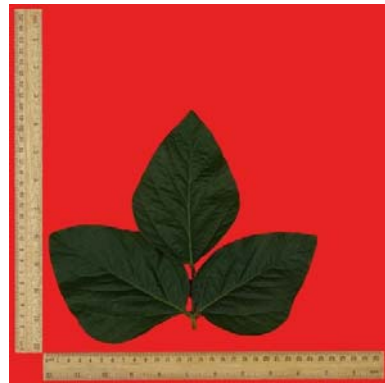
햇살



호반



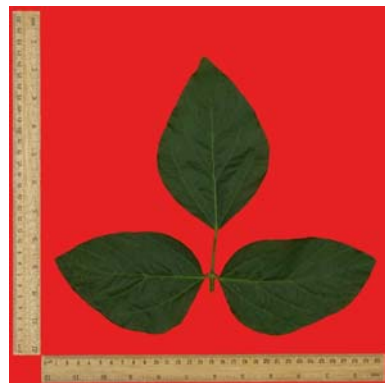
호서



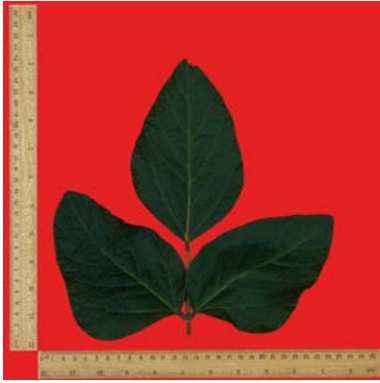
호장



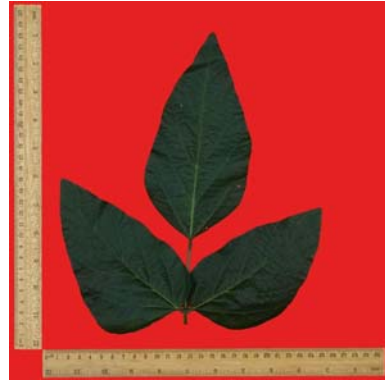
화성팥콩



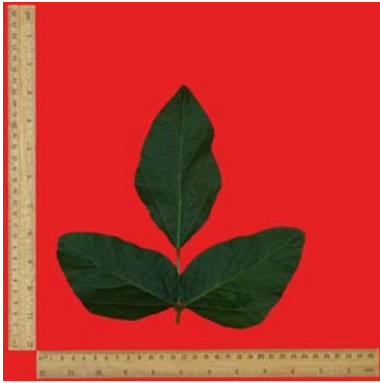
화엄팥콩



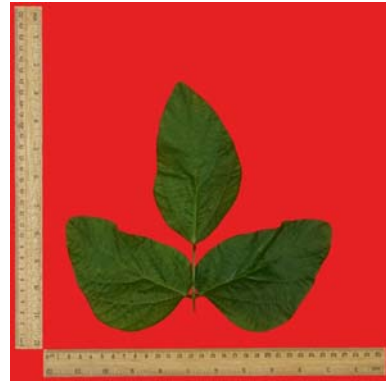
황금콩



흑미



흑성

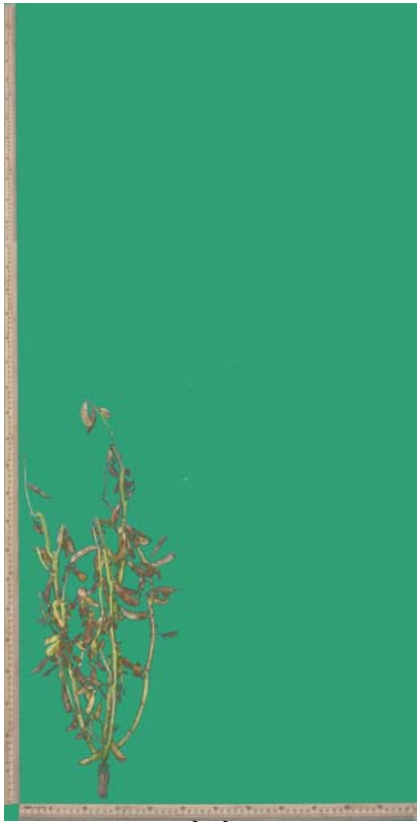


흑청



힐콩

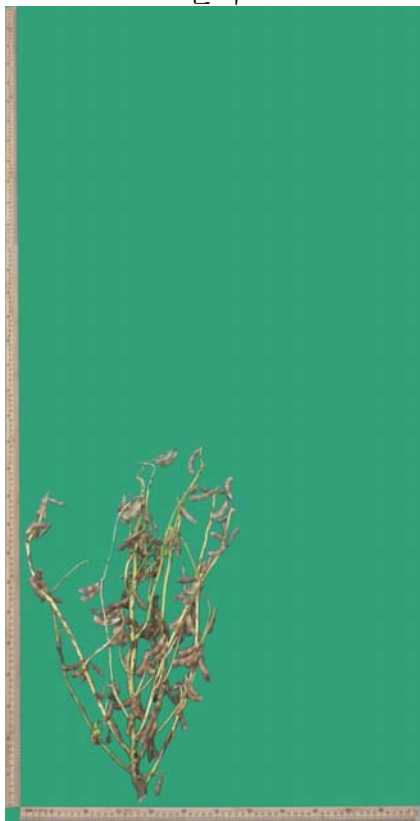
나. 초형 이미지(173품종 모두 촬영 되었음)



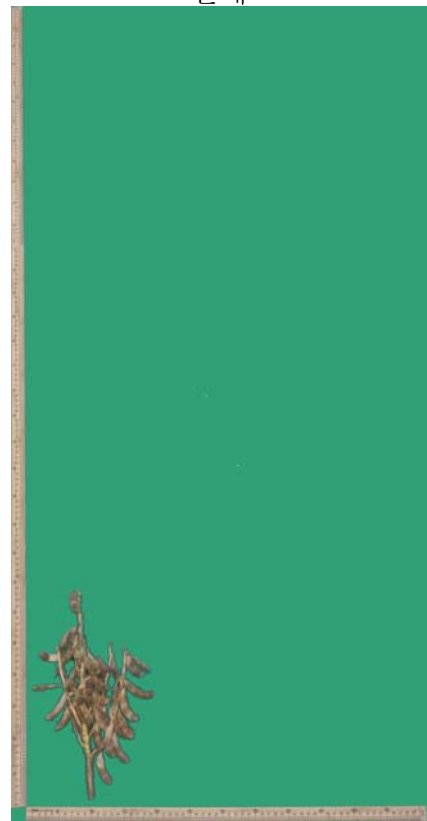
갈미



갈채



강림



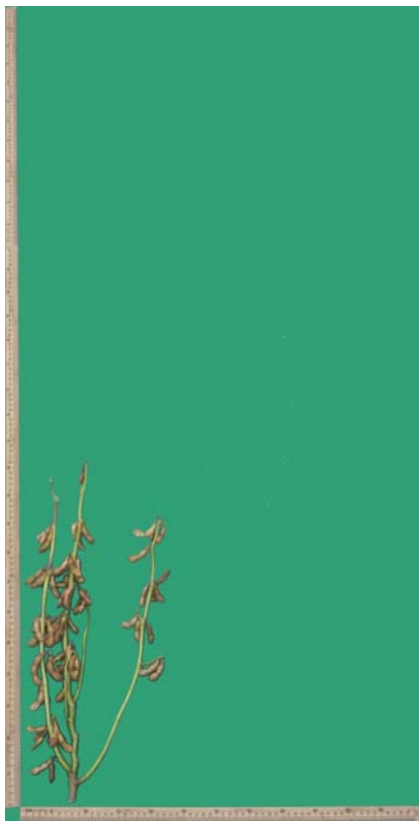
강일



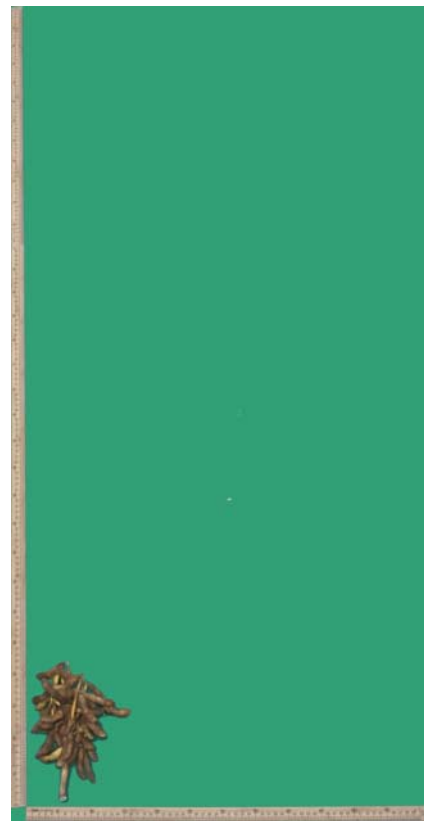
개척1호



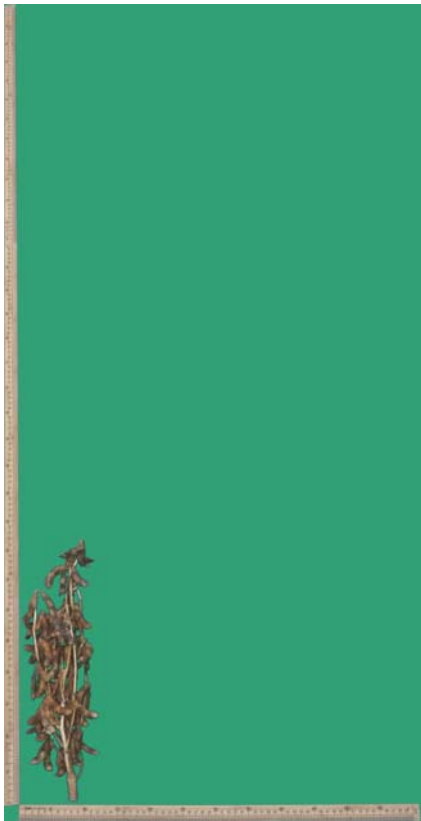
개척2호



검정5호



검정새울



검정올콩



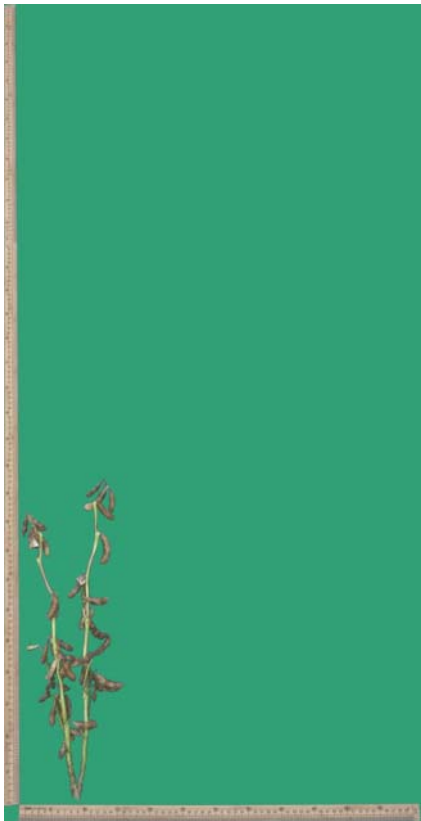
검정콩1호



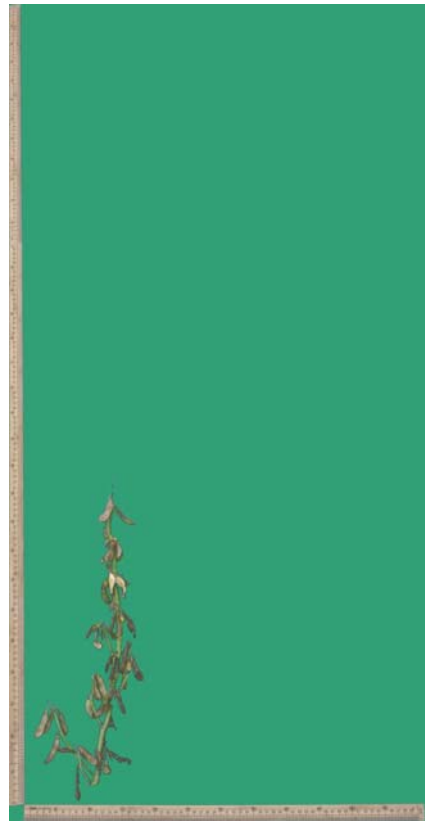
검정콩2호



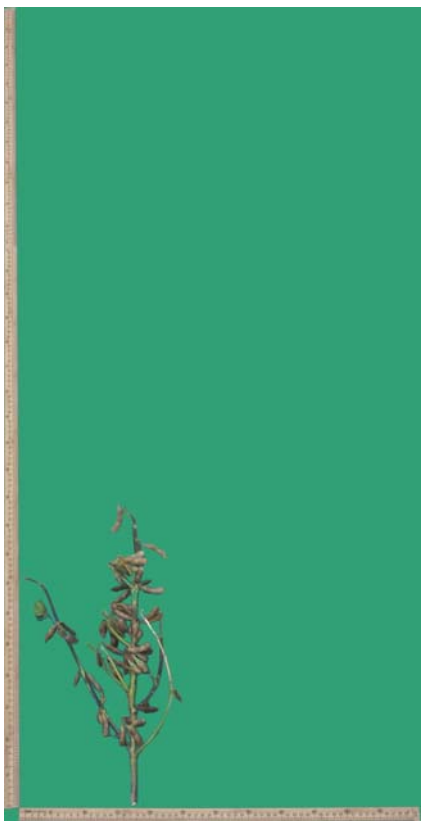
검정콩3호



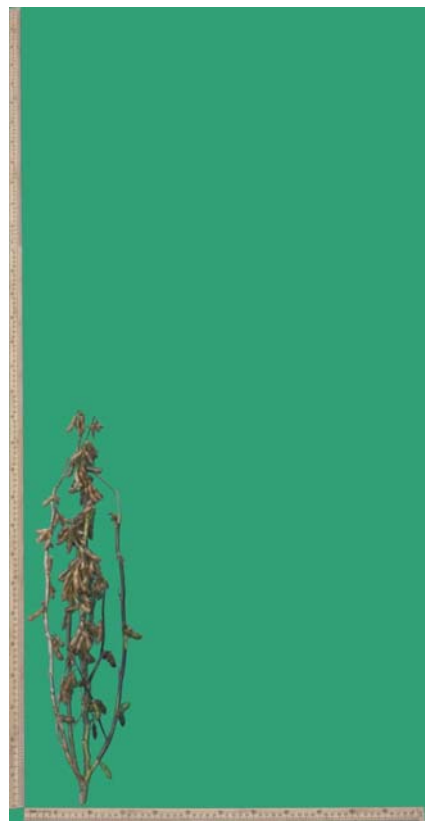
검정콩4호



경상1호



경상2호



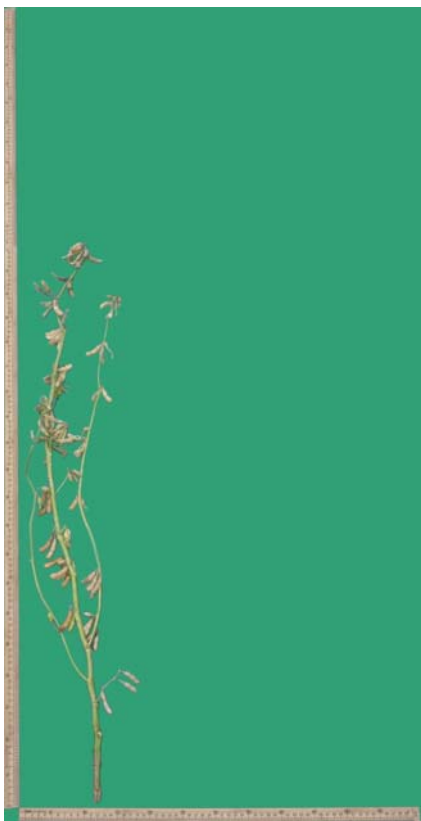
경상3호



광교



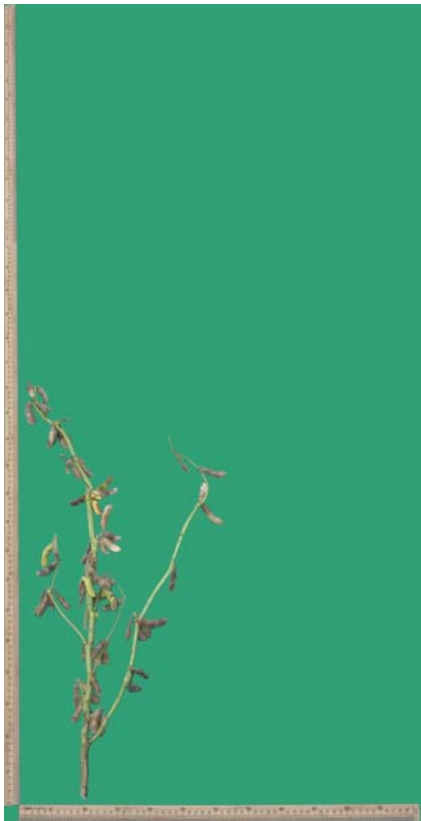
광두



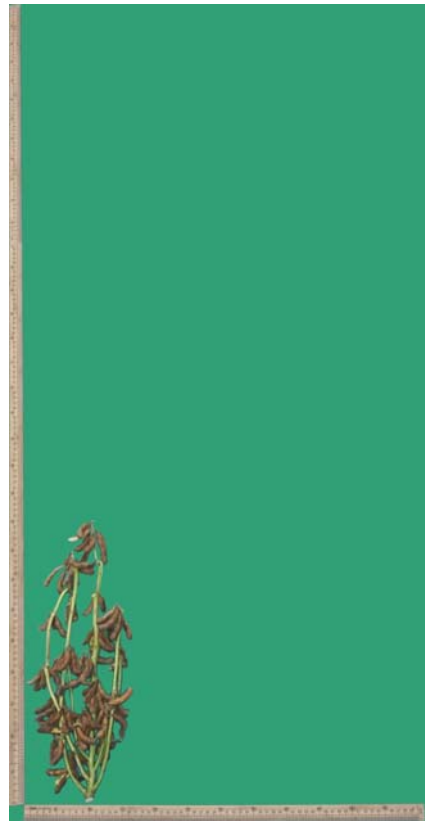
광안



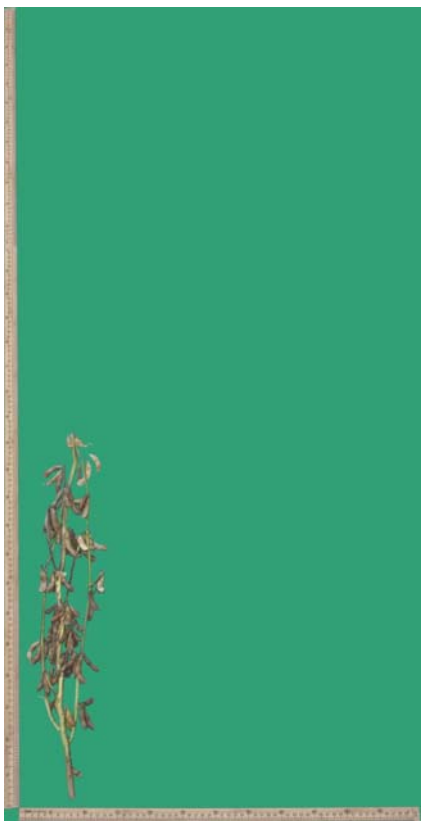
금강대립



금강소립



금강콩



남천콩



남풍



남해콩



녹원



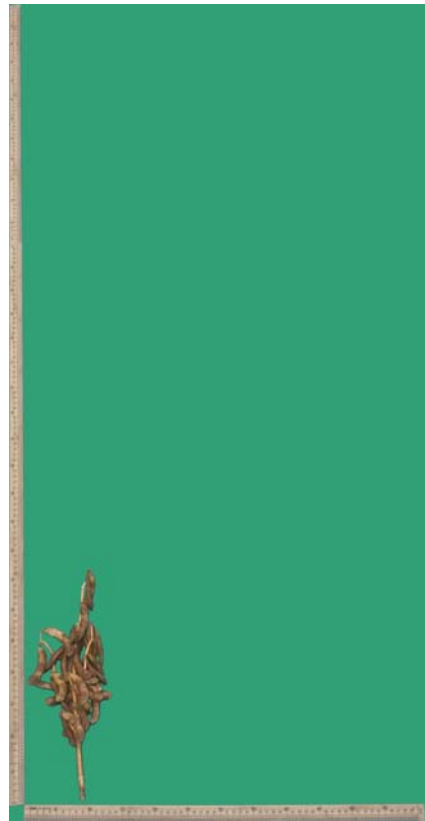
녹채



늘찬



다기



다올콩



다원



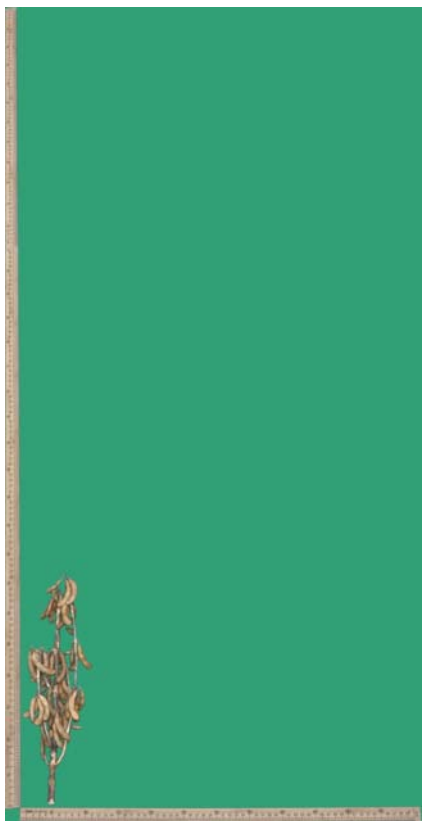
다장콩



다진콩



다채



단경콩



단미



단미2호



단백콩



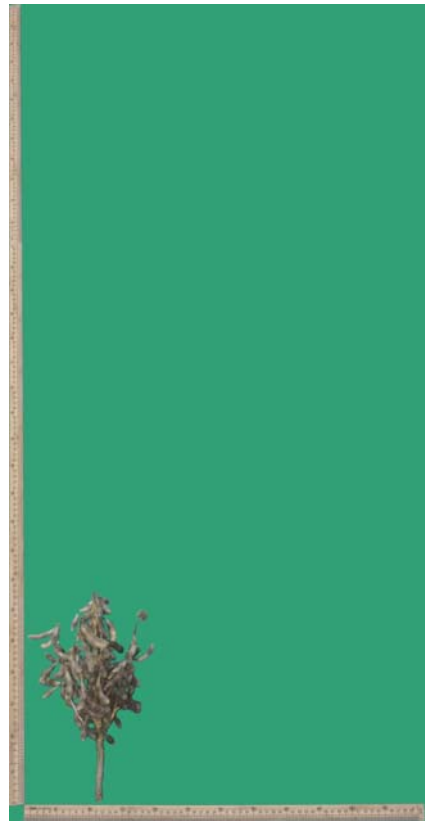
단엽콩



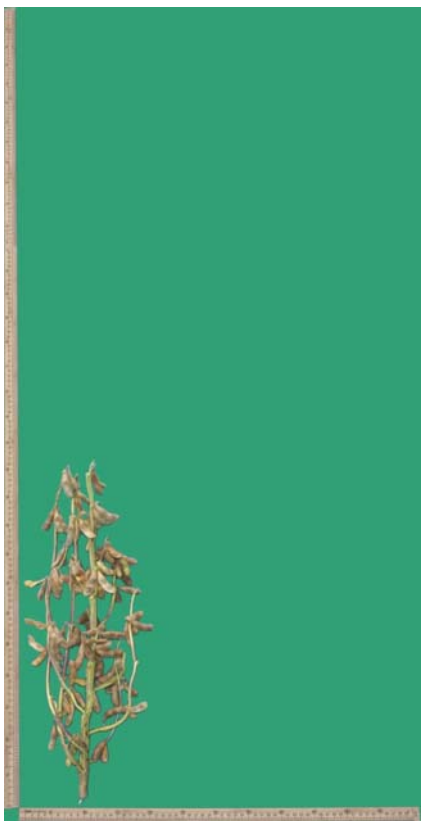
단원콩



대망



대망2호



대양



대왕



대원콩



대풍



대하



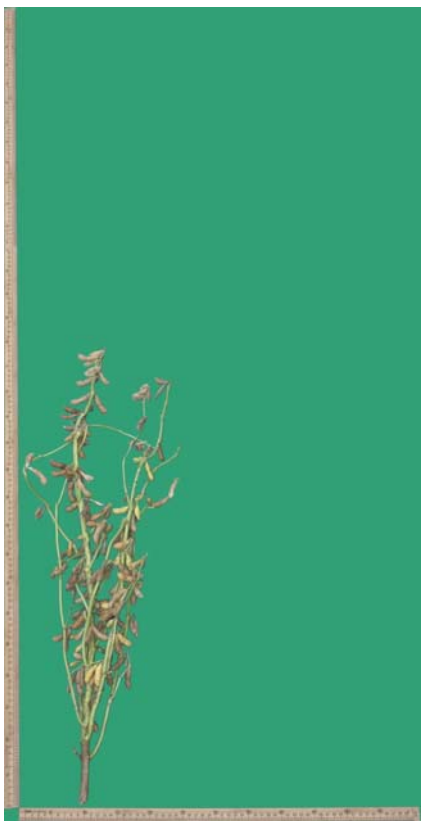
대하1호



대황



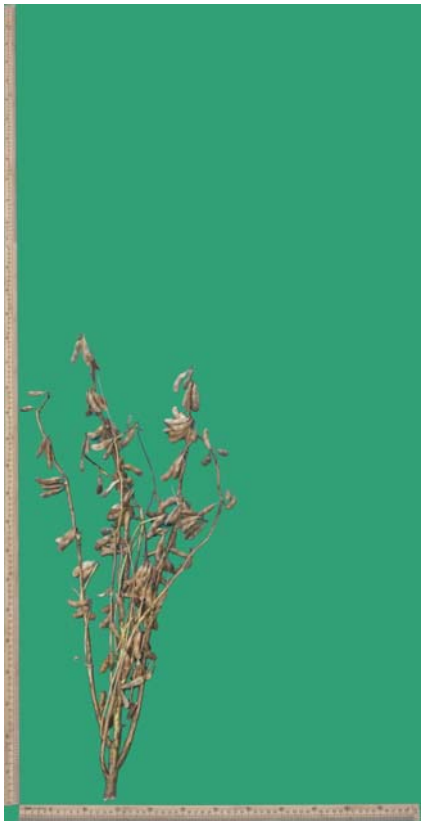
대흑



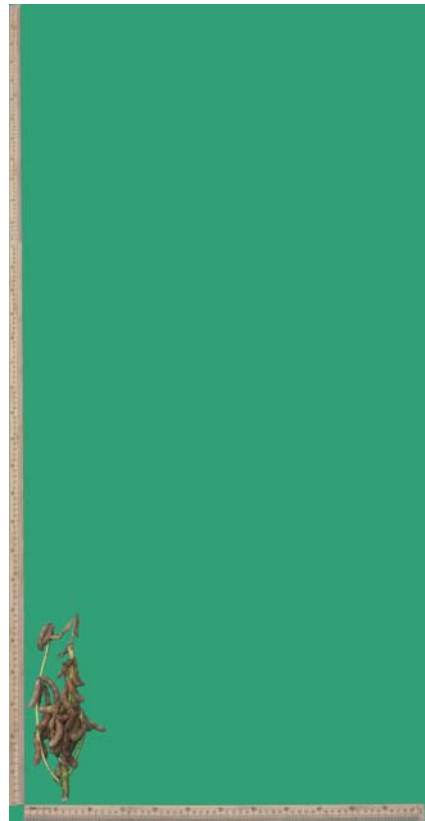
덕유콩



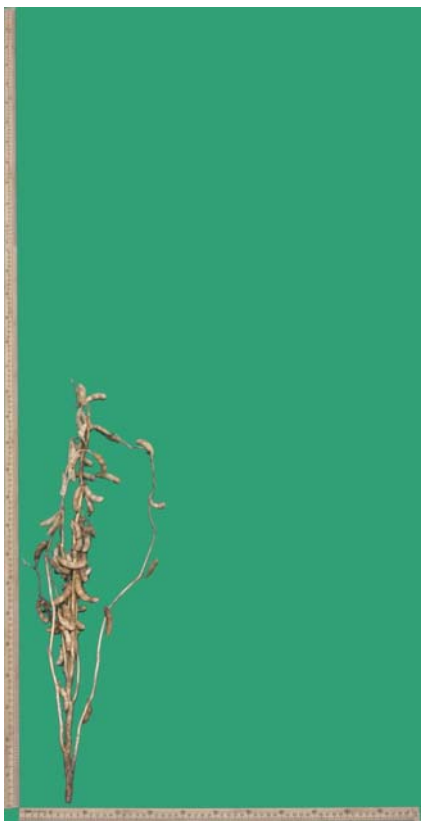
도레미



동북태



두유콩



만리콩



만수



만풍콩



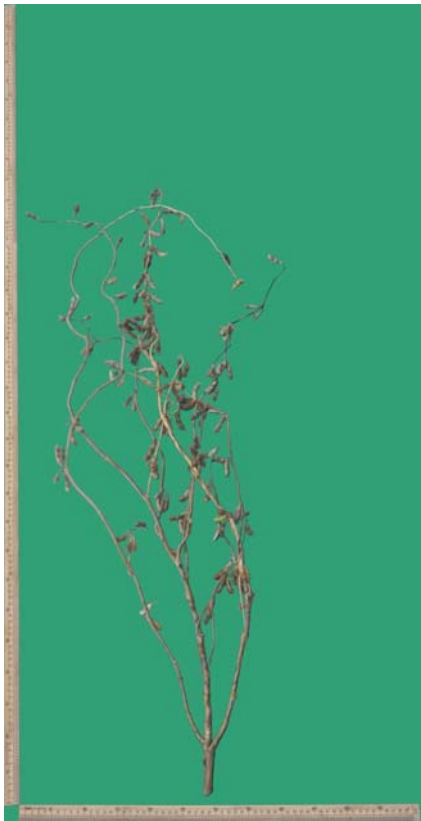
명주나물콩



무한콩



미랑



밀양콩



방사콩



백운콩



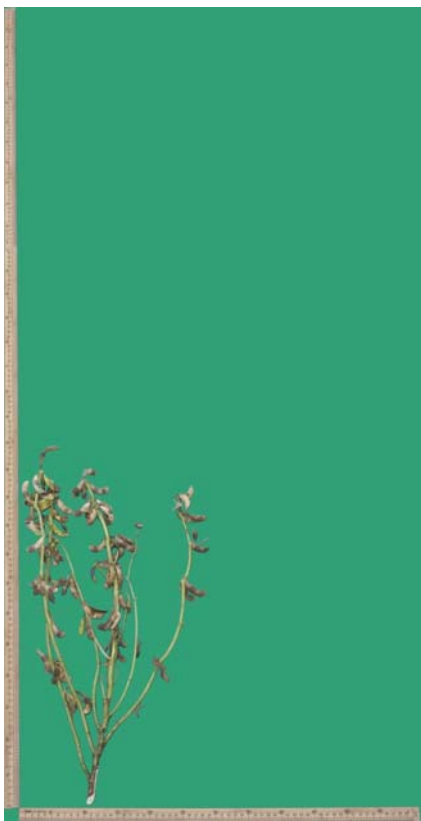
백천



보광콩



보석



봉의



부광콩



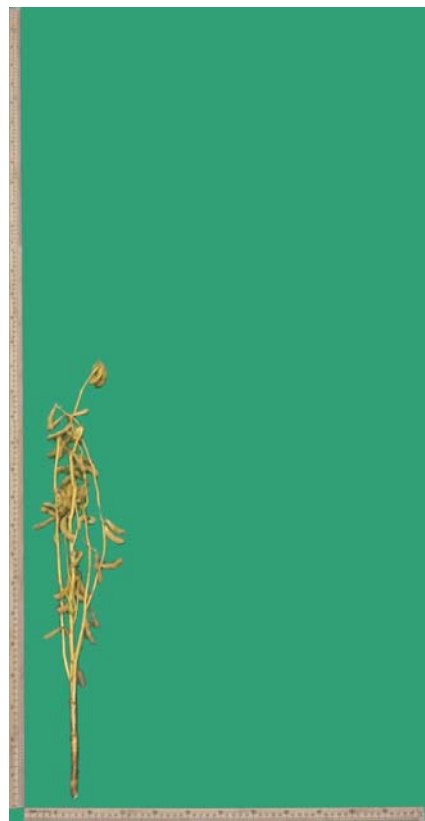
부석



삼남콩



상원



새단백



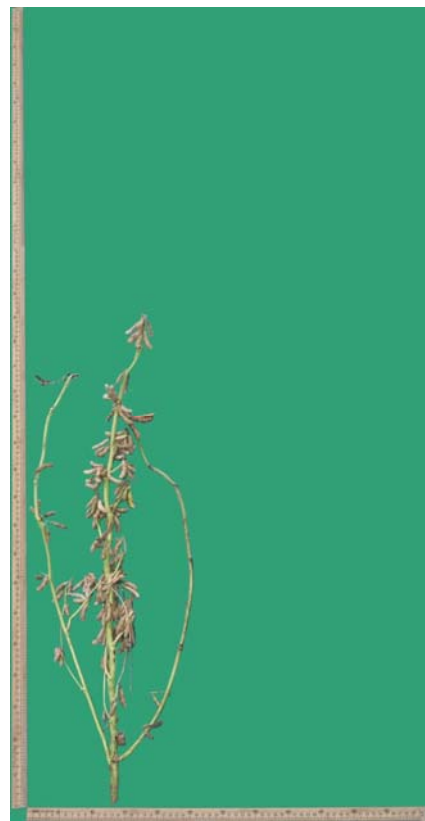
새별



새알콩



새울



서남



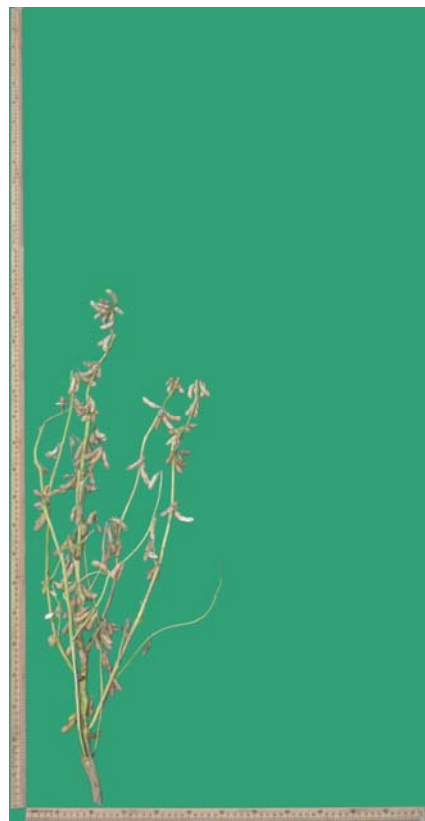
선녹



선유



선흑



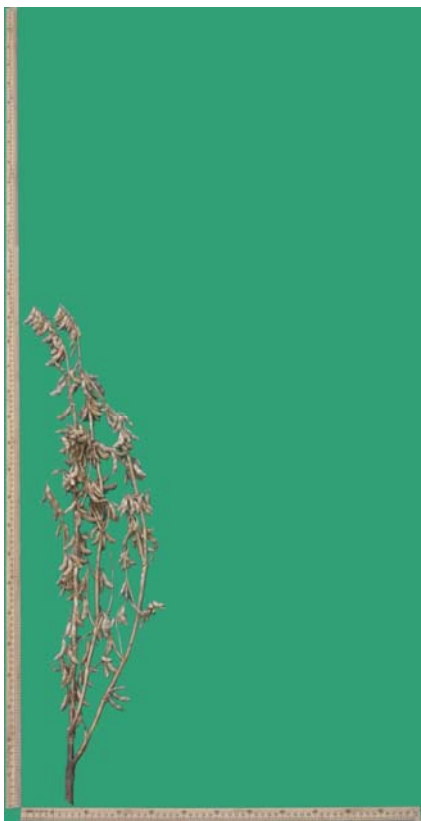
셀비



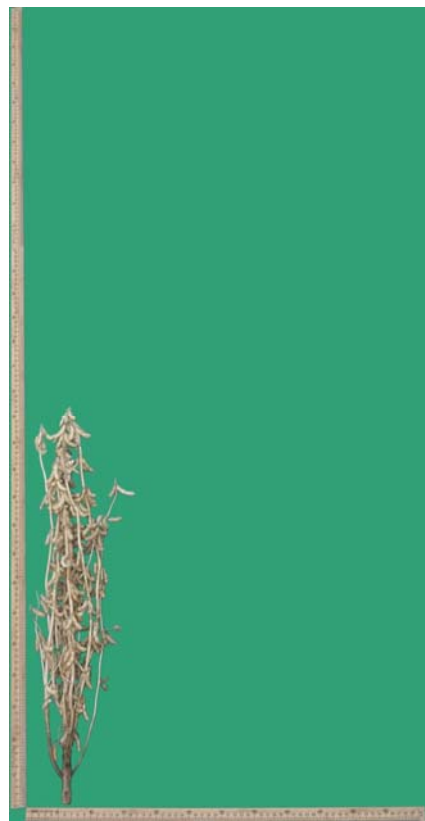
소강



소담



소록



소명



소백나물



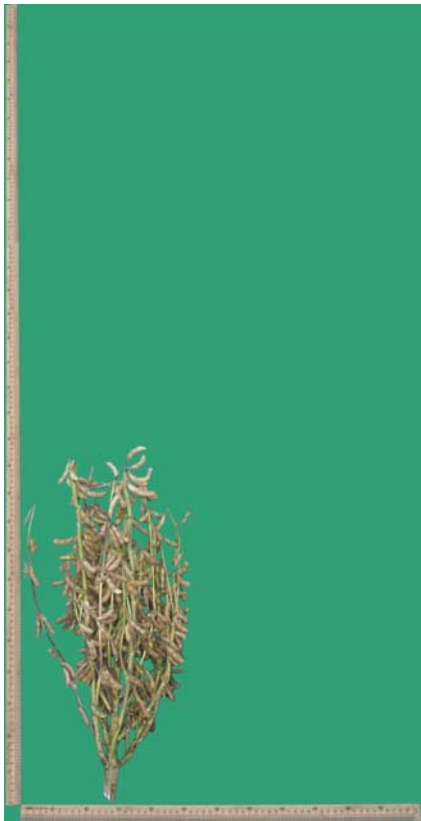
소양콩



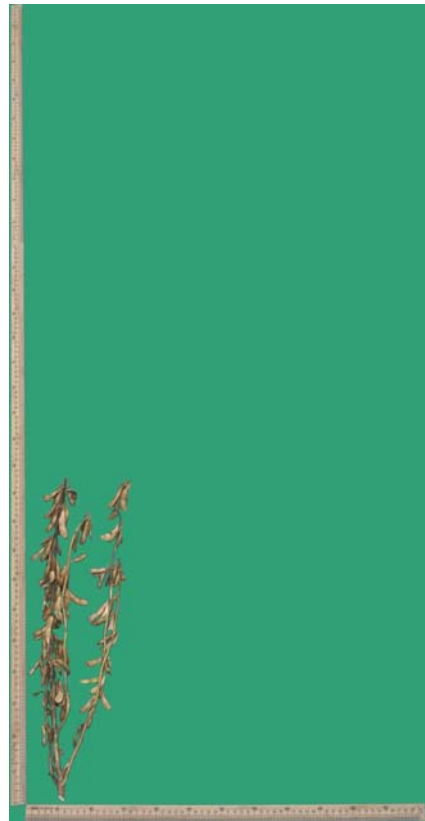
소영



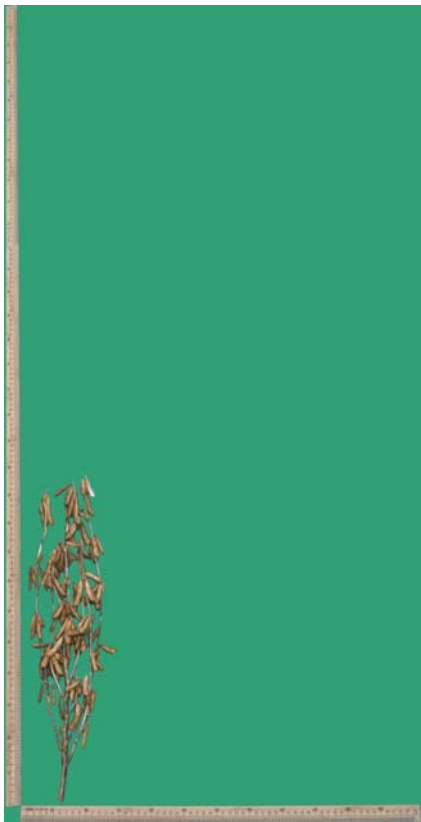
소원



소진



소청



소청2호



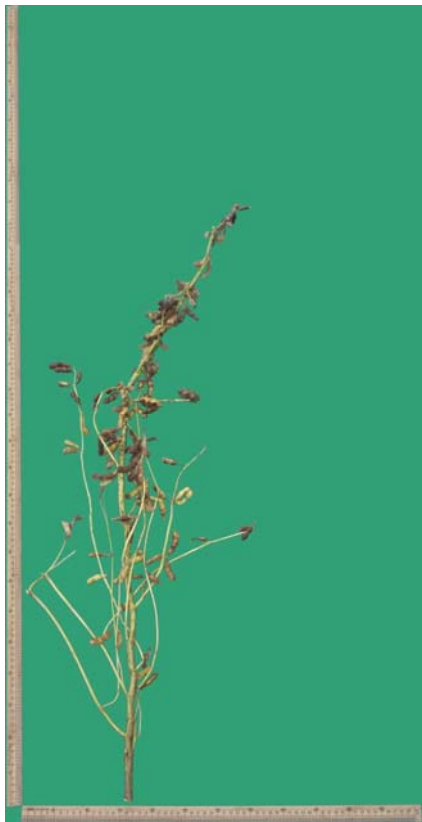
소호



소황



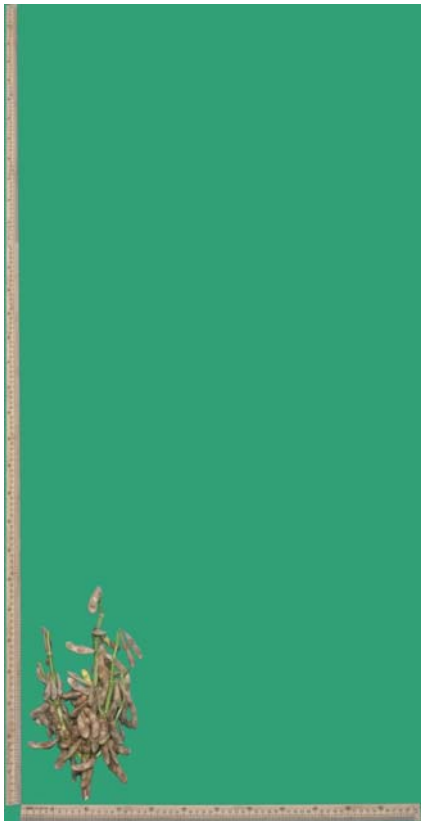
소흑



송학



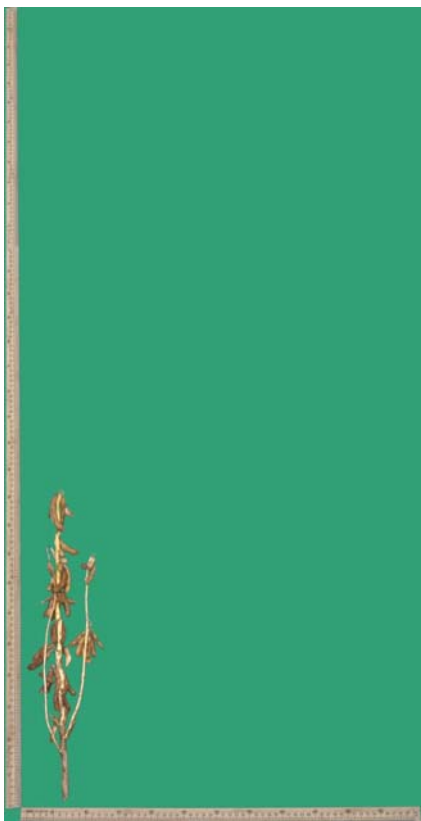
신기



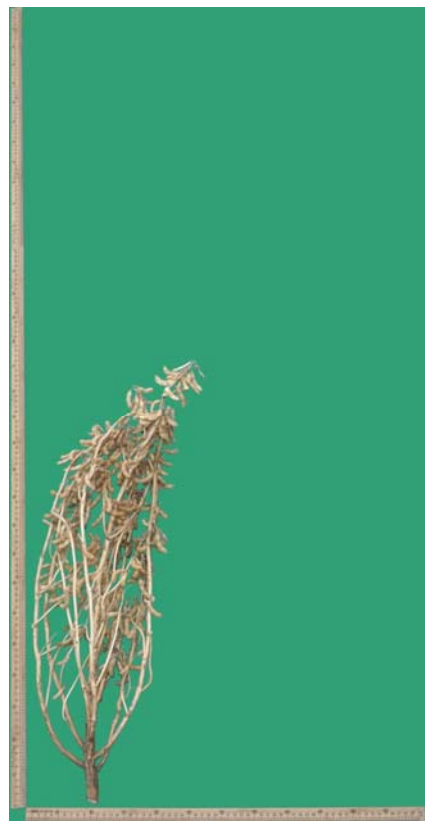
신록콩



신팔달콩



신팔달콩2호



신화



아가1호



아가2호



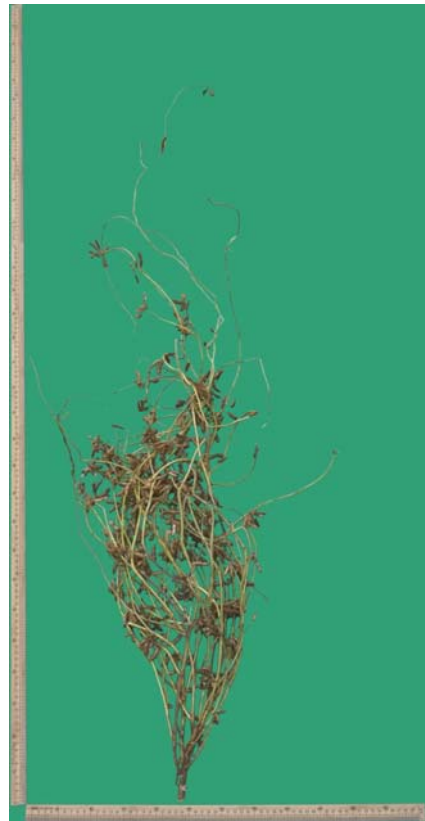
아가3호



아가4호



아가8호



아가9호



아가10호



안평



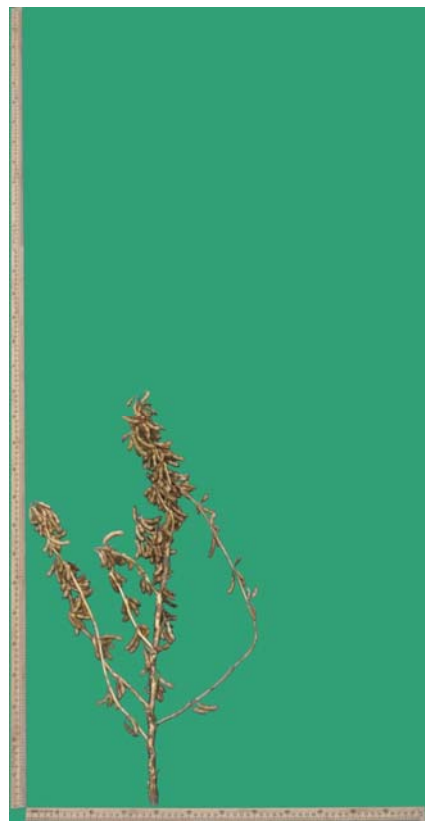
알찬콩



기풍



연풍콩



영양



우담



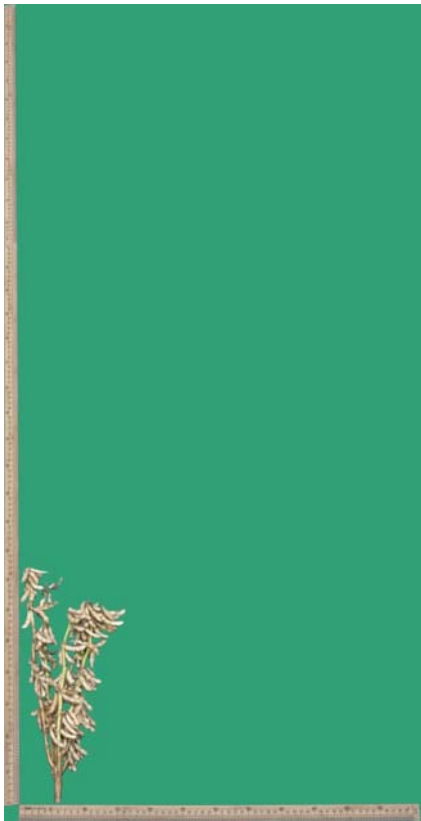
원광콩



원울



원현



원황



원후



육우3호



은하콩



익산



익산나물콩



일미



일품검정



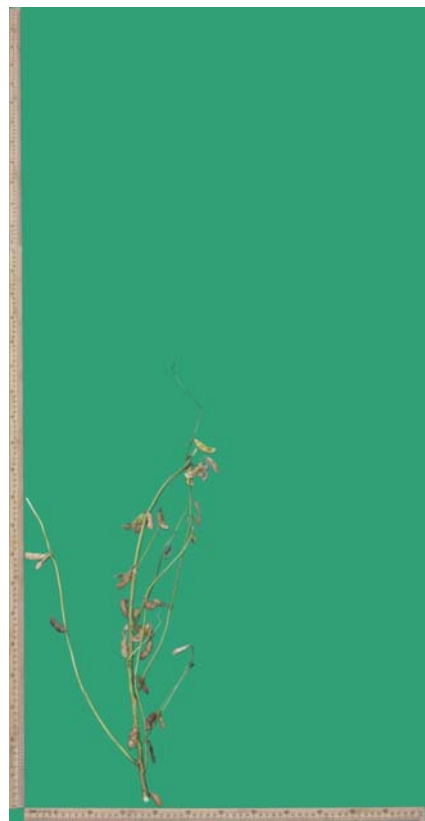
일품검정2호



장경콩



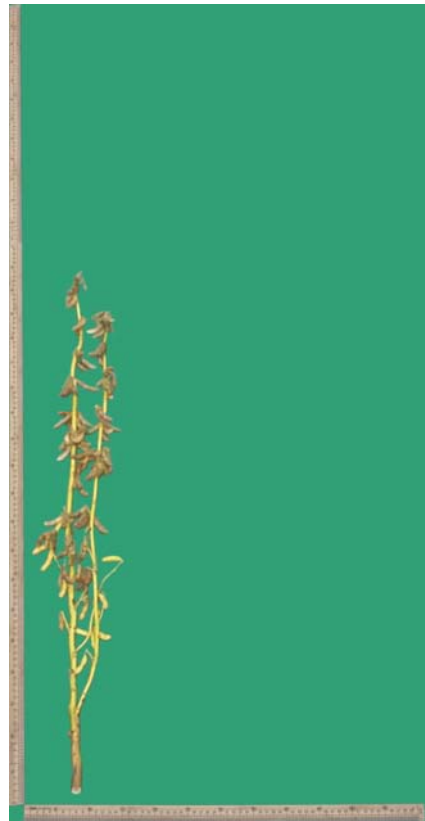
장기



장단백목



장미콩



장백콩



장수콩



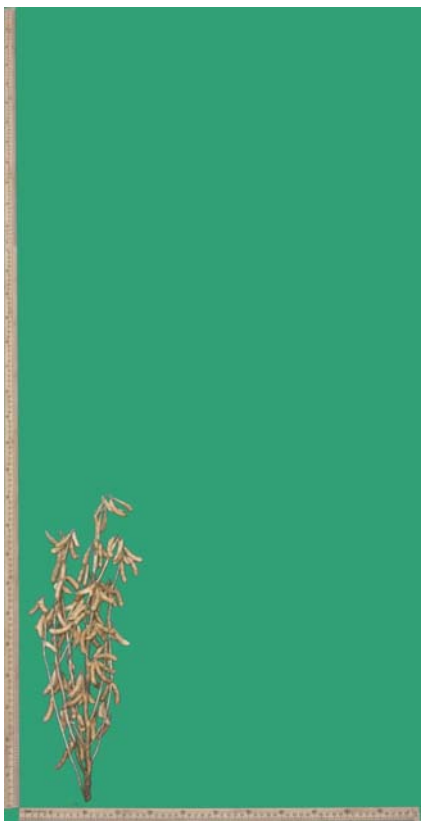
장연콩



장엽콩



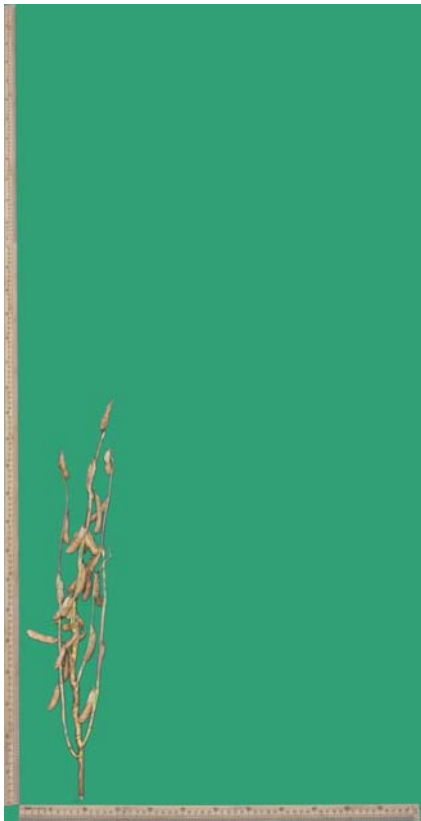
장원



조남



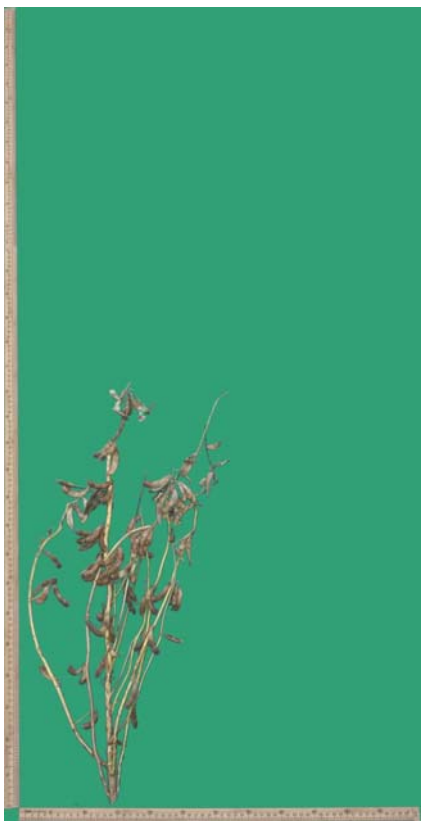
조생서리



중황13



진농1호



진미



진양



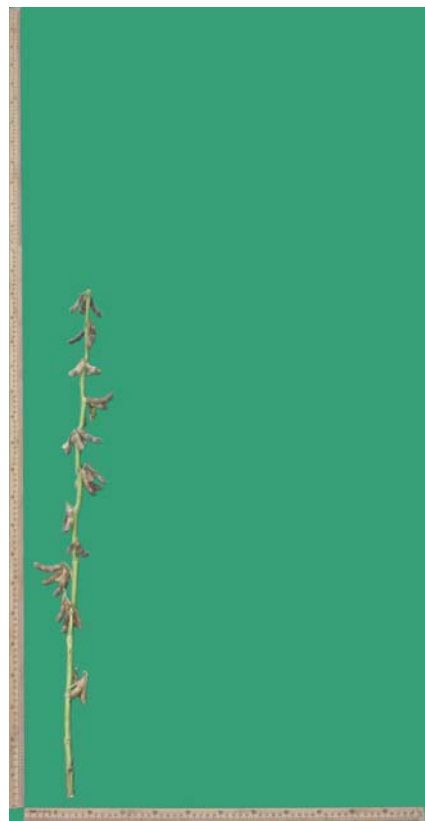
진을



진품콩



진품콩2호



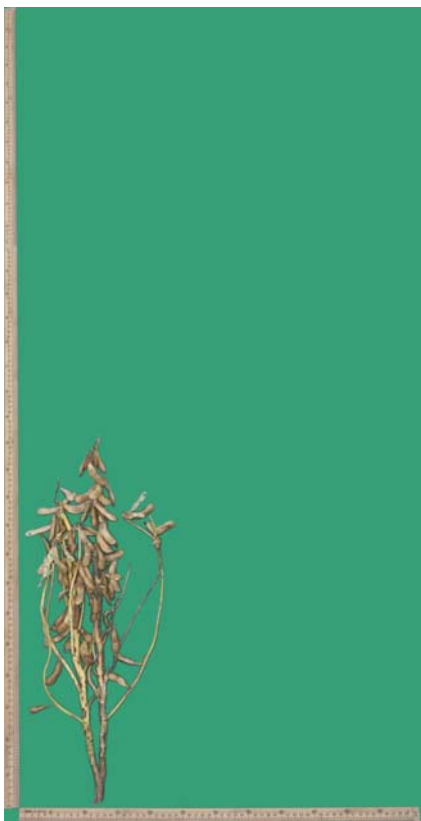
천상



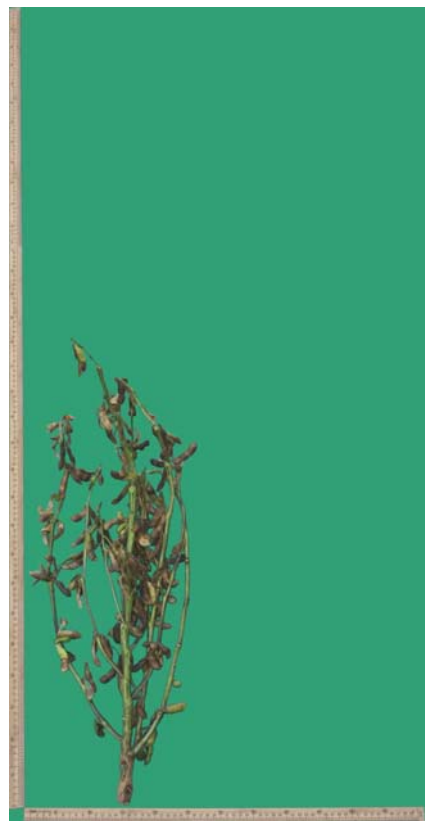
청두1호



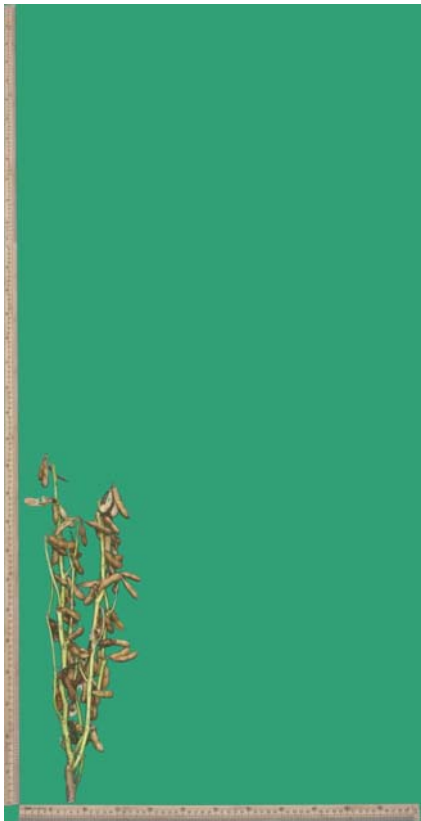
청아



청엽1호



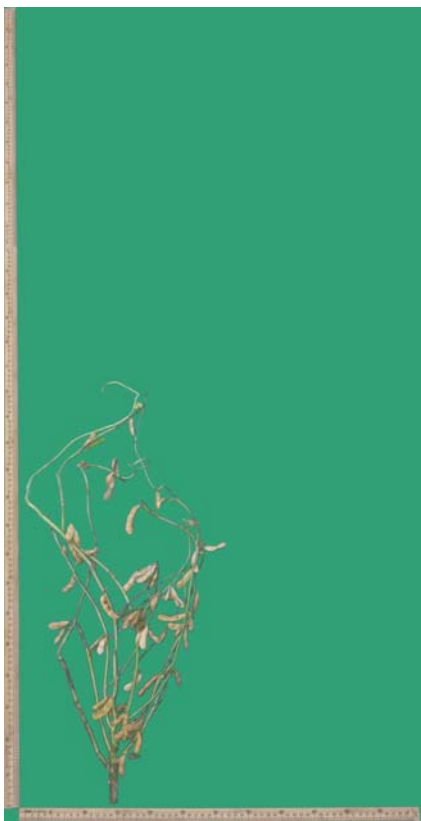
청자



청자2호



청자3호



충북백



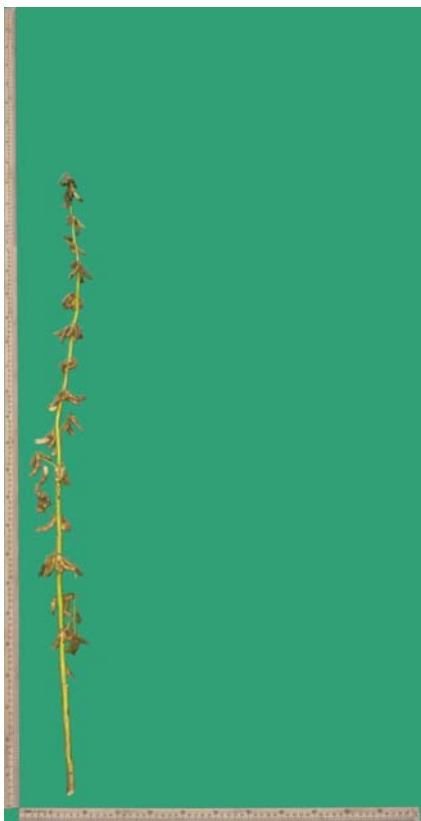
태광콩



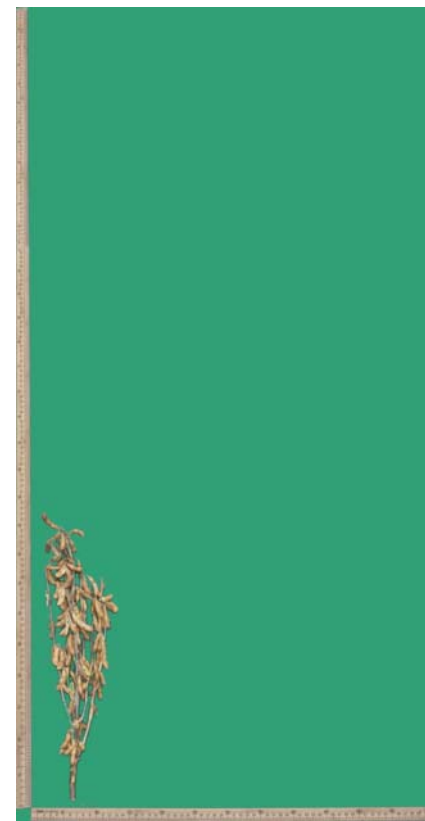
팥달콩



팥도



푸른콩



풀무지기



폴무흑채



풍산나물콩



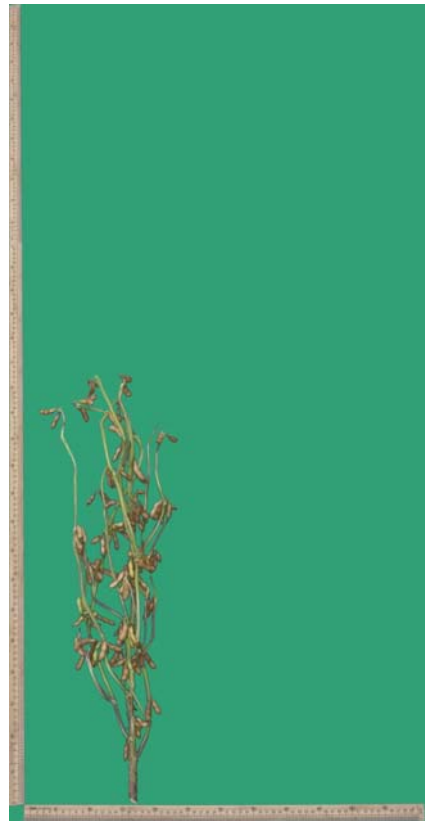
풍원



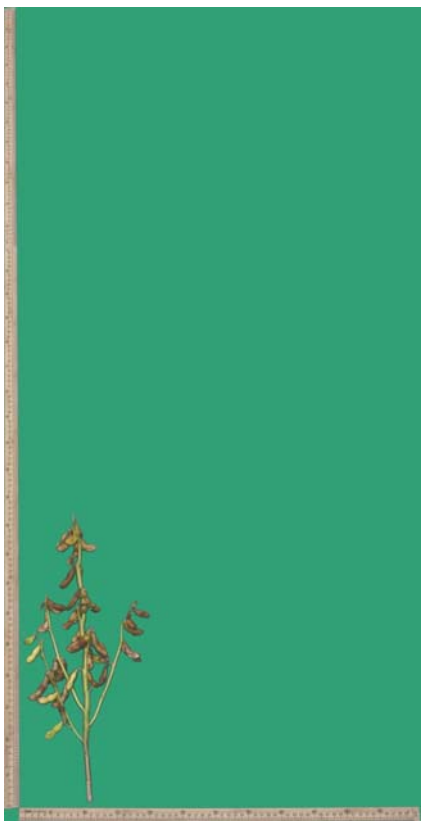
한남콩



한울콩



함안



햇살



호반



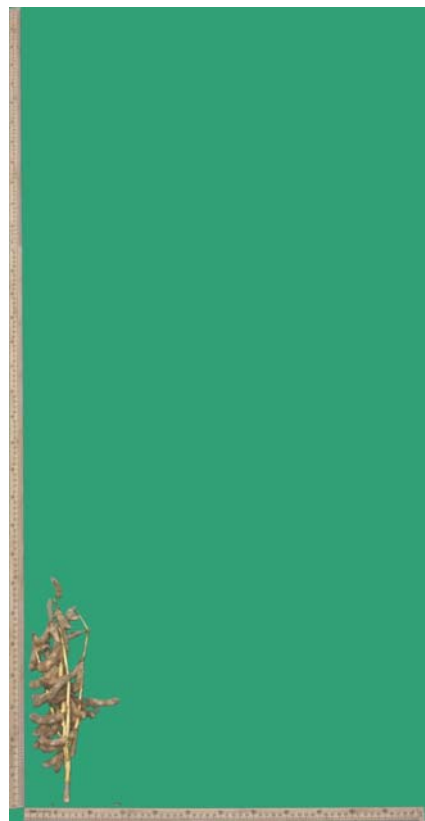
호서



호장



화성꽃콩



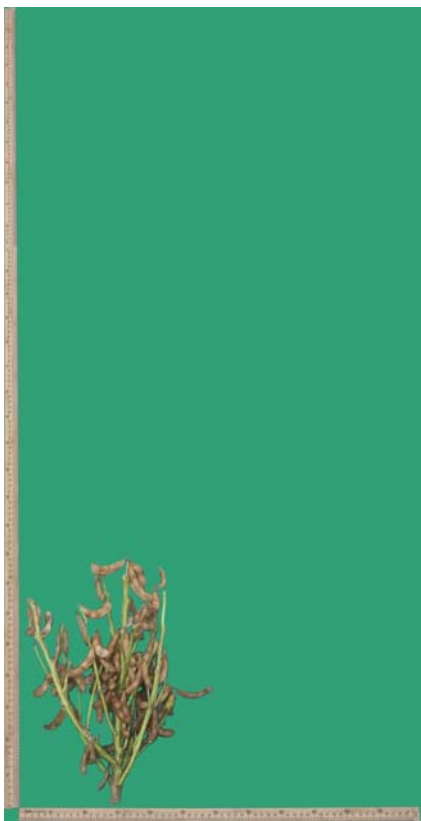
화엄꽃콩



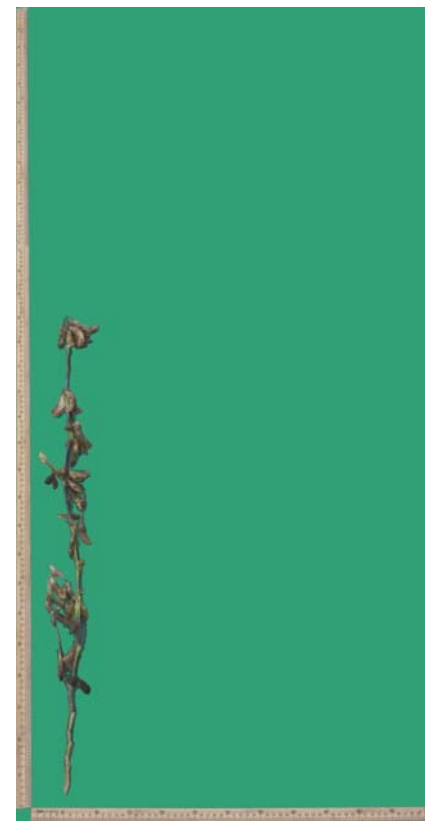
황금콩



흑미



흑성



흑청



헐콩

다. 종실이미지(173품종 모두 촬영 되었음)



갈미



갈채



검정올콩



강림



강일



검정콩2호



개척1호



개척2호



검정콩4호



검정5호



검정새울



경상2호



검정콩1호



광교



광두



검정콩3호



광안



금강대립



경상1호



금강소립



금강콩



경상3호



남천콩



남풍



남해콩



녹원



다진콩



녹채



늘찬



단경콩



다기



다울콩



단미2호



다원



다장콩



단엽콩



다채



대망



대망2호



단미



대양



대왕



단백콩



대원콩



대풍



단원콩



대하



대하1호



대황



대흑



만풍콩



덕유콩



도레미



무한콩



동북태



두유콩



밀양콩



만리콩



만수



백운콩



명주나물콩



보광콩



보석



미랑



봉의



부광콩



방사콩



부석



삼남콩



백천



상원



새단백



새별



새알콩



소강



새울



서남



소록



선녹



선유



소백나물



선흑



셀비



소영



소담



소진



소청



소명



소청2호



소호



소양콩



소황



소흑



소원



소학



소기



신록콩



신팔달콩



아가8호



신팔달콩2호



신화



아가10호



아가1호



아가2호



알찬콩



아가3호



아가4호



연풍콩



아가9호



우람



원광콩



안평



원울



원현



기풍



원황



원흑



영양



육우3호



은하콩



익산



익산나물콩



장미콩



일미



일품검정2호



장수콩



일품검정



장경콩



장엽콩



장기



장단백목



조남



장백콩



중황13



진농1호



장연콩



진미



진양



장원



진울



진품콩



조생서리



진품콩2호



천상



청두1호



청아



팔달콩



청엽1호



청자



푸른콩



청자2호



청자3호



플무흑채



충북백



태광콩



풍원



팔도



한울콩



함안



풀무지기



햇살



호반



풍산나물콩



호서



호장



한남콩



화성팥콩



화엄팥콩



황금콩



흑미



흑성



흑청



힐콩

3) 적요

1. 형태적 특성, 생육특성, 수량구성요소 및 종실특성을 조사한 결과, 각 품종 간에 고유특성 뿐만 아니라 여러 특성이 차이가 있었으며 특성에 따라 품종 간 변이가 다르게 나타나고 있었다. 중국품종 1품종을 제외한 한국에서 육성된 172품종에 대한 생육 및 수량구성형질의 변이와 다변량 분석에 의한 품종군을 분류한 결과, 생육 및 수량구성형질의 변이계수는 각 형질에 따라 차이가 있었으며, 엽장폭비, 경장, 분지수, 100립중 및 주당종실중은 높았고, 엽면적, 주경절수, 주당협수 및 주당립수는 중간정도이었으며, 생육시기에 관련된 개화일수, 성숙일수 및 생육일수는 낮았다.

콩 품종들의 생육 및 수량구성형질에 대한 주성분 분석과 군집분석을 한 결과, 5개 군집으로 분류되었고, I군집은 전체 품종의 69.7%가 속해있는 가장 큰 군집이었고, 다음으로 II군집이 19.8%가 속하는 큰 군집이었고, 그 다음으로 IV군집이 8.7%가 속하였으며, III군집과 V군집은 1~2품종이 속하는 소군집이었다. 각 군집의 품종을 육성년대(1980년 이전, 1980년대, 1990년대, 2000년 이후) 및 용도별(장류 및 두부용, 나물용, 밥밑용, 풋콩 및 울콩용)로 분류하면 품종의 분포가 차이가 있었다.

2. 콩 품종의 형태적 특성을 이미지화하기 위하여 복엽은 정엽이 완전히 전개된 R5시기에, 초형은 성숙기에, 종실은 성숙기 이후에 173품종 모두 촬영 완료하였다.

2. SSR마커에 의한 국내육성 콩 품종의 유연관계 분석 및 품종판별

가. SSR마커에 의한 유전적 다양성 및 품종판별 확립

1) 유전적 다양성

172개 국내 콩 육성 및 국외 등록 1품종의 총 173품종에 대한 20개의 SSR 마커를 사용하여 유전적 다양성을 분석한 결과는 **Table 41**과 같다. 총 347개의 allele이 확인되었고, 각 유전좌별로는 Satt164와 Satt179가 최소 7개이었고, Sat_076이 최대 29개이었으며, 평균 allele은 17.35개이었다. Allele size Range는 107~361 bp이었고, Satt164 222~246 bp로 범위가 가장 작았고, Sat_417과 Sat_190이 각각 139~229 bp와 125~215 bp의 범위로 가장 컸다. 유전적 다양성(PIC value)은 0.6782~0.9317의 범위로서 Satt179가 가장 낮았고, Sat_076이 가장 높았으며, 평균 0.8682로 유전적 다양성이 높았다.

Table 41. Number of alleles, size range and polymorphic information content (PIC) of 20 SSR markers among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

No.	Marker	Linkage group	Size Range	Allele No.	PIC
1	Sat_374	A1	273~343	21	0.9071
2	AW132402	A2	137~183	15	0.8623
3	Satt197	B1	107~182	16	0.9127
4	Sat_342	B2	176~246	19	0.9119
5	Satt164	C1	222~246	7	0.7547
6	Sat_076	C2	122~208	29	0.9317
7	Satt179	D1a	130~184	7	0.6782
8	Satt216	D1b	164~248	16	0.7877
9	Sat_022	D2	203~255	18	0.9122
10	Satt185	E	210~270	16	0.8822
11	Sat_417	F	139~229	23	0.9275
12	Sat_210	G	217~287	18	0.8753
13	Satt434	H	301~361	18	0.8881
14	Sat_105	I	228~274	18	0.9063
15	Sat_151	J	210~272	17	0.8252
16	Sat_043	K	242~296	19	0.9177
17	Sat_245	L	119~207	19	0.9111
18	Sat_391	M	214~282	16	0.8911
19	Satt339	N	203~245	14	0.8062
20	Sat_190	O	125~215	21	0.8747
	Total			347	
	Mean			17.35	0.8682

173개 품종들 간의 유전적 거리를 군집분석을 한 Dendrogram Fig. 34와 같다. 그 결과 5개의 그룹으로 구분되었으며, I그룹에 다원콩 노녹채, 소강 3품종(1.7%)이, II 그룹에 흑청콩, 중황13 2품종(1.2%)이, III그룹에 원흑, 풀무흑채, 강채 등 53품종 (30.6%)이, IV그룹에 개척1, 개척2, 진양 등 11품종(6.4%)이, V그룹에 검정콩1호, 진미콩, 소호콩 등 104품종(60.1%)이 포함되었다. V그룹에 가장 많은 품종이 포함되었으며, III그룹과 IV그룹에 전체 품종의 약 91%정도가 속하였고, II그룹에 가장 적은 수의 품종이 속하였다.

각 그룹 내의 유전적 다양성과 그룹 간의 유전적 거리는 Table 42와 같다. 각 그룹의 유전적 다양성은 0.3012~0.8381로 평균 0.5881이었으며, V그룹이 가장 높았고 I그룹이 가장 낮았고 다음으로 II그룹이 낮았다. 각 그룹 간의 유전적 거리는 I 그룹과 II 그룹 간의 유전적 거리가 0.9667로 다소 멀었고, IV 그룹과 V 그룹 간에 0.9066으로 다소 가까웠다. 다른 그룹 간에는 0.9131~0.9591의 범위로 큰 차이가 없었다.

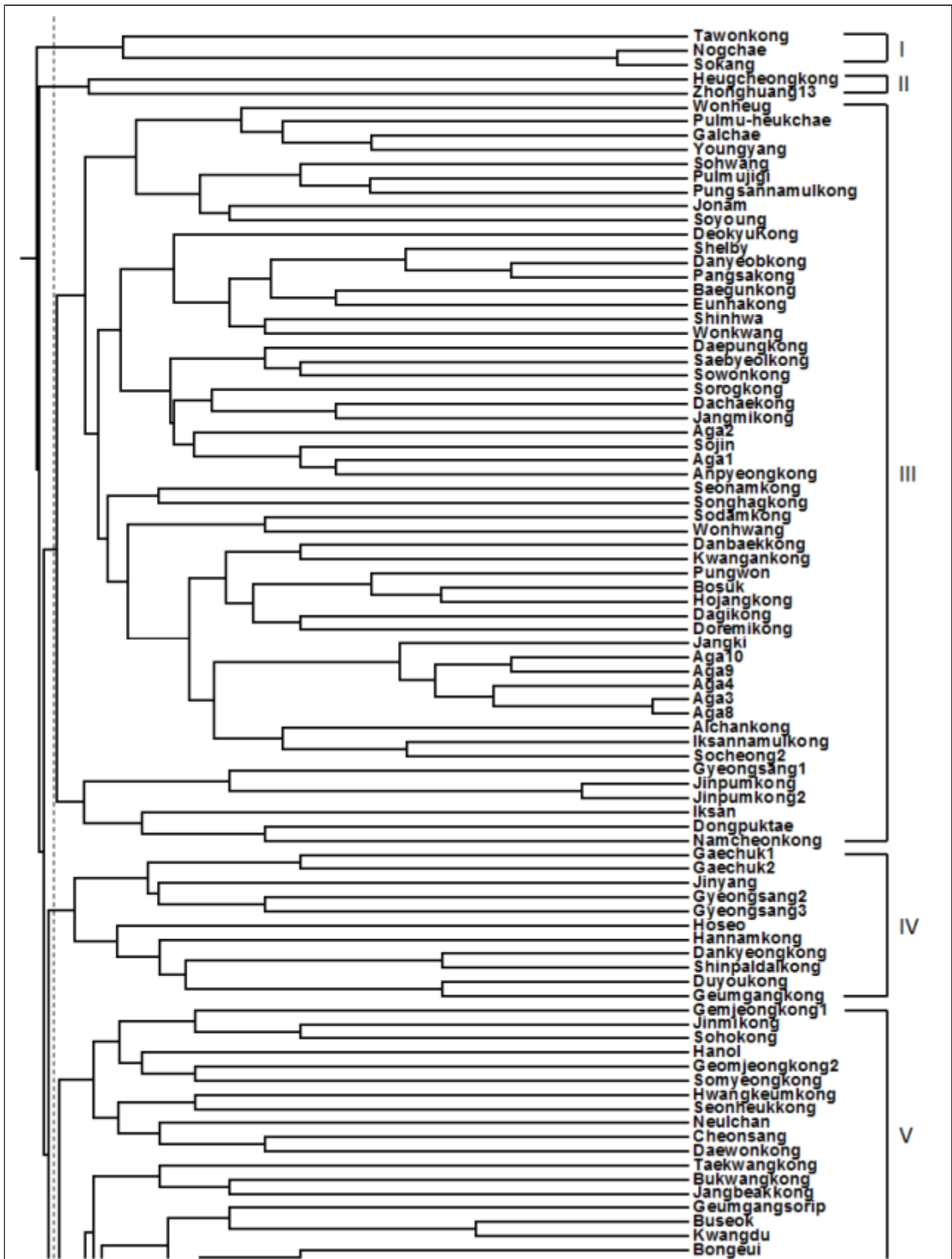


Fig 34. A UPGMA Dendrogram based on genetic distance by SSR markers among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

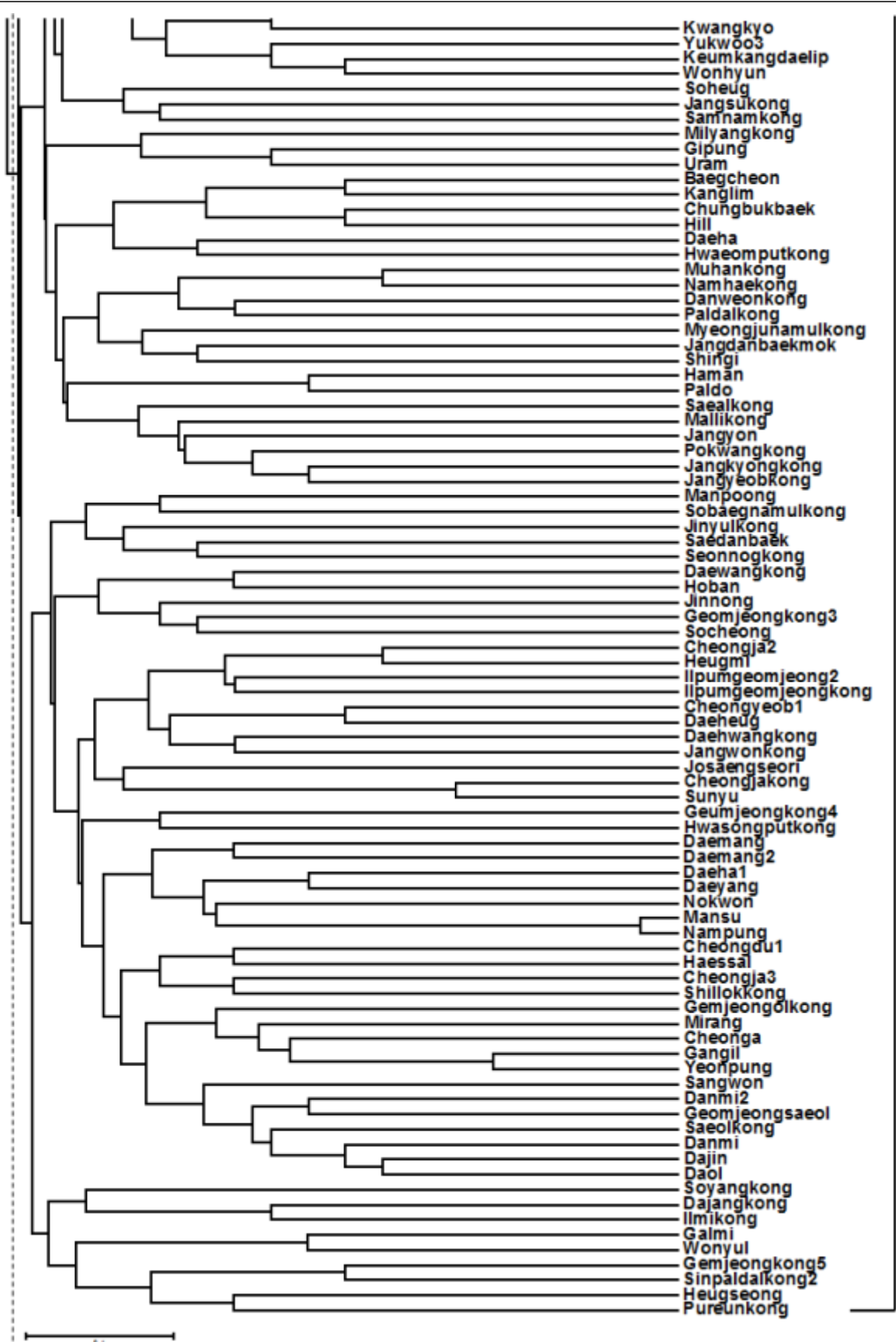


Fig 34. Continued

Table 42. Genetic diversity(PIC) based on SSR markers within a cluster(on diagonal) and genetic distance between clusters(below diagonal) among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Group	I	II	III	IV	V
I	<u>0.3012</u>				
II	0.9667	<u>0.3188</u>			
III	0.9214	0.9226	<u>0.7841</u>		
IV	0.9288	0.9591	0.9200	<u>0.6982</u>	
V	0.9224	0.9137	0.9131	0.9066	<u>0.8381</u>

2) 품종판별

가) 품종판별 마커의 선발

실험에 사용한 20개의 마커 중 다양성이 높은 5개와 낮은 1개 마커의 총 6개 마커를 이용하여 172개 국내 콩 육성 및 국외 등록 1품종의 총 173개 품종에 대하여 단계적으로 품종을 판별하였다. 그 결과 총 112개의 allele이 관찰되었으며, allele 수는 Satt179가 최소 7개이었고, Sat_076이 최대 29개로 나타났다. 평균 allele 수는 18.7개이었다(Table 43).

Table 43. Annealing temperature, no. of alleles, size range and polymorphic information content (PIC) of six SSR markers among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

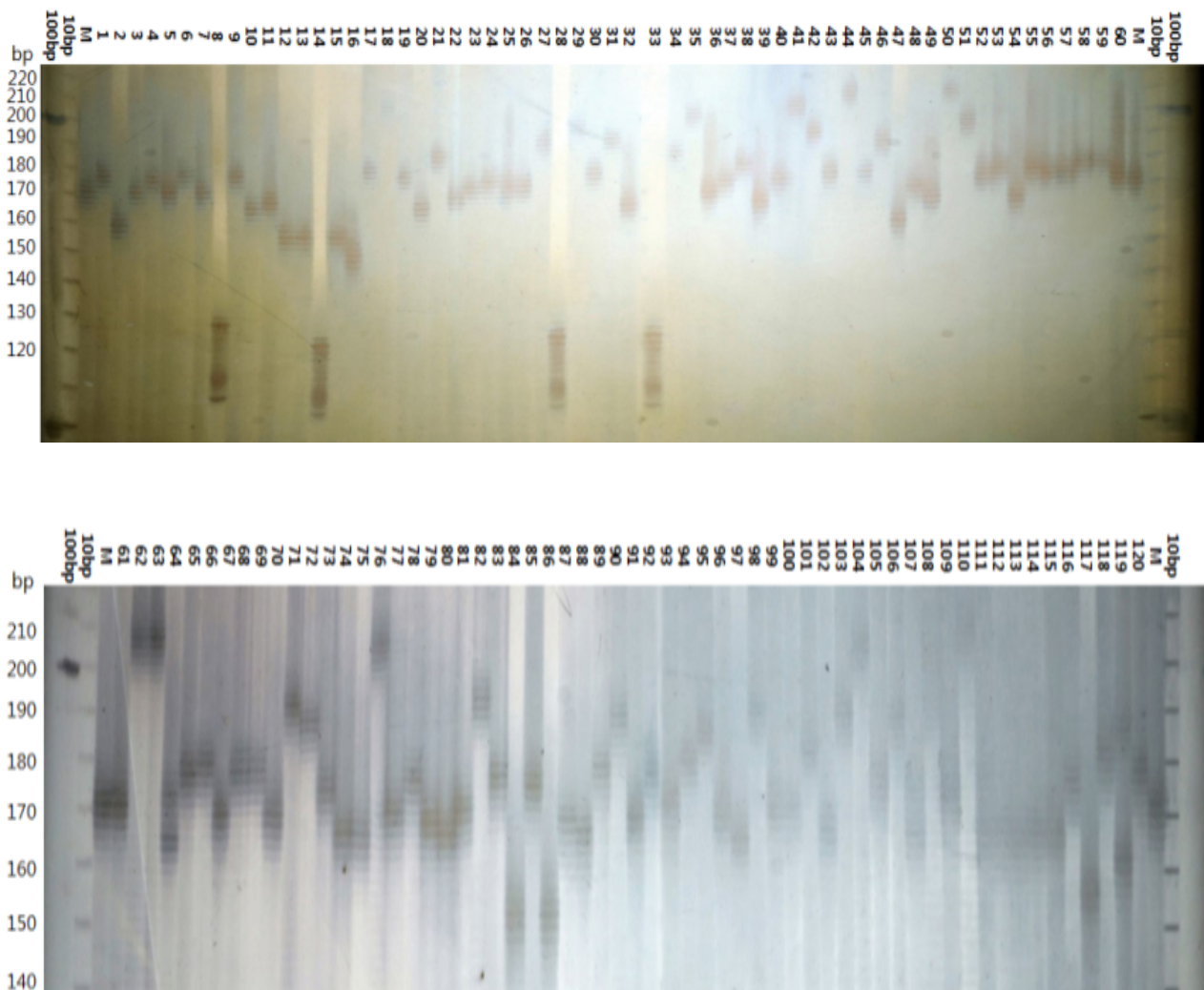
No.	Marker	Annealing temperature(°C)	No. of alleles	Size range(bp)	PIC
1	Sat_076	47	29	122~208	0.9317
2	Sat_417	54	23	139~229	0.9275
3	Sat_043	53	19	242~296	0.9177
4	Satt197	49	16	107~182	0.9127
5	Satt434	48	18	301~361	0.8881
6	Satt179	48	7	130~184	0.6782
Mean			18.7		0.8760

대립인자의 범위는 전체 107~361bp의 범위 내에 분포 하였으며, Sat_043과 Satt179가 각각242~296bp와 130~184bp의 범위로 가장 좁았고, Sat_417이 139~229의 범위로 가장 넓게 분포하였다. 분석에 사용한 마커의 PIC 값은 0.6782~0.9317의 범위였고, Satt179가 가장 작았으며, Sat_076이 가장 큰 값을 나타내었다.

나) SSR마커에 의한 품종판별

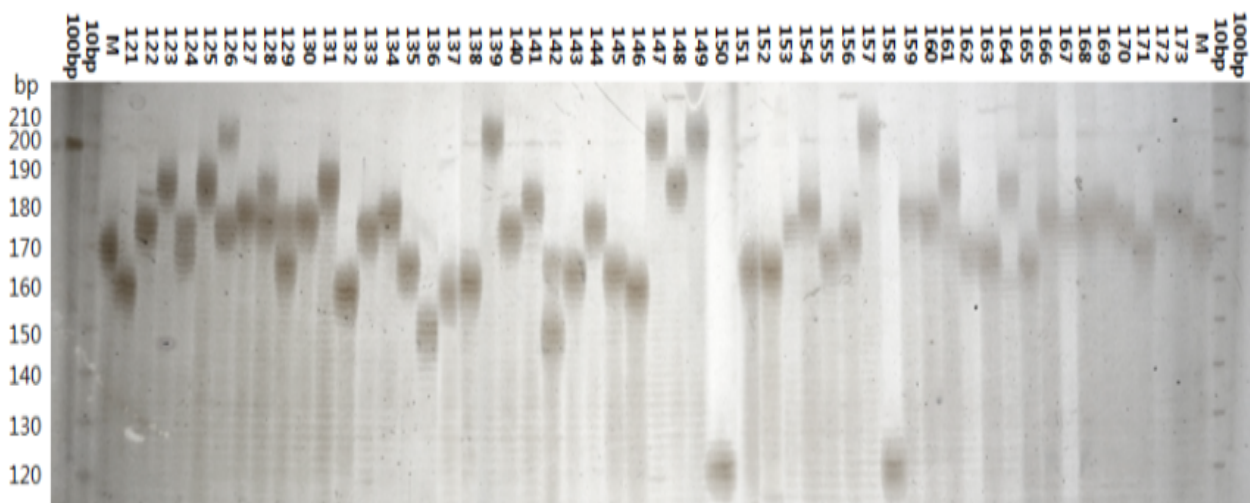
한국에서 1913년부터 육성된 콩 육성품종 172품종(국립종자원 등록 121품종과 미 등록 국내 51품종) 및 중국 등록 1품종의 총 173품종에 대하여 선발한 6개의 마커의 genotype은 Fig 35와 같고, 6단계에 걸쳐 판별을 하였으며, 결과는 Fig 36과 같다. 1단계에서 다양성이 가장 높은 마커와 각 단계별로 다양성이 다음으로 높았던 마커를 하나씩 추가로 조합하여 판별 하였다. 단계별로 판별된 품종은 Table 44와

같다. 1단계로 대립인자수가 가장 많고, 다양성지수가 가장 높았던 Sat_076을 사용하여 판별한 결과 개척2호, 검정콩4호, 흑청콩 등 7개(4%)의 품종이 판별되었고, 166개의 품종이 판별 되지 않았다. 2단계에서 다음으로 다양성이 높았던 Sat_417을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않았던 166개 품종 중에서 봉의, 갈미, 금강소립 등 74개(42.8%)의 품종이 판별되었고, 3단계에서 Sat_043을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않은 92개의 품종 중에서 두유콩, 금강콩, 청자콩 등 69개(39.9%)의 품종이 판별되었다. 4단계에서 Satt197을 조합하여 판별한 결과 판별되지 않은 23개의 품종 중에서 기풍, 우람, 대왕콩 등 13개(7.5%)의 품종이 판별되었고, 5단계에서 Satt434를 조합하여 판별한 결과 판별되지 않은 10개의 품종 중에서 녹채, 소강, 아가3호 등 8개(4.6%)의 품종이 판별되었다. 마지막으로 6단계에서 Sat_179를 조합하여 만수콩과 남풍콩의 2개(1.2%)의 품종이 판별되어 173개의 모든 품종이 판별 되었다. 만수콩과 남풍콩은 20개의 마커 중 Sat_179로만 판별이 되었다.



1) Sat_076

Fig 35. The SSR profiles of showing allelic variation at six SSR markers(Sat_076, Sat_417, Sat_043, Satt197, Satt434, Satt179) loci selected for varietal identification of 172 Korean soybean varieties. Lane M : Williams 82.

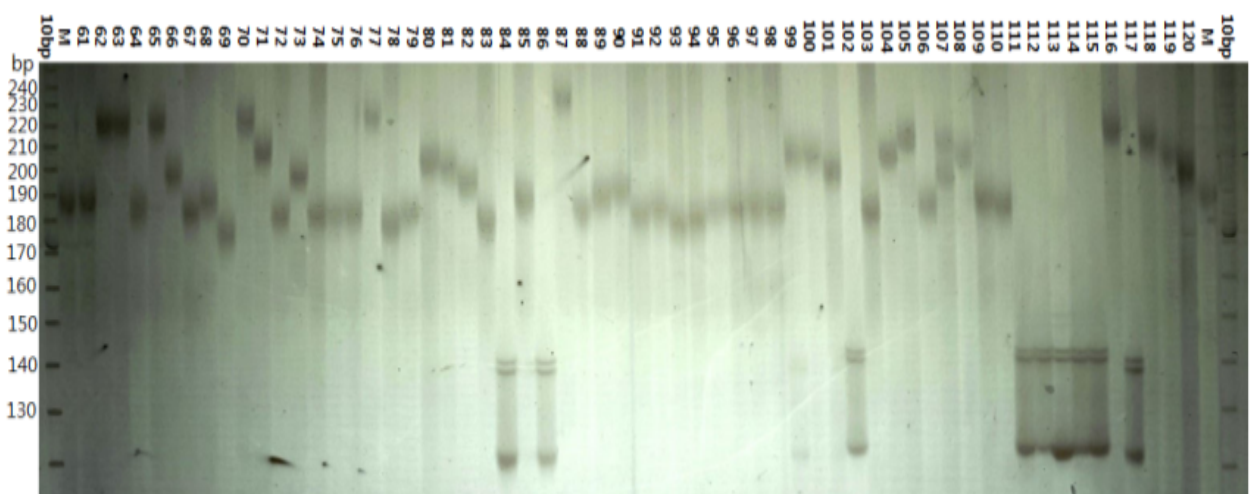


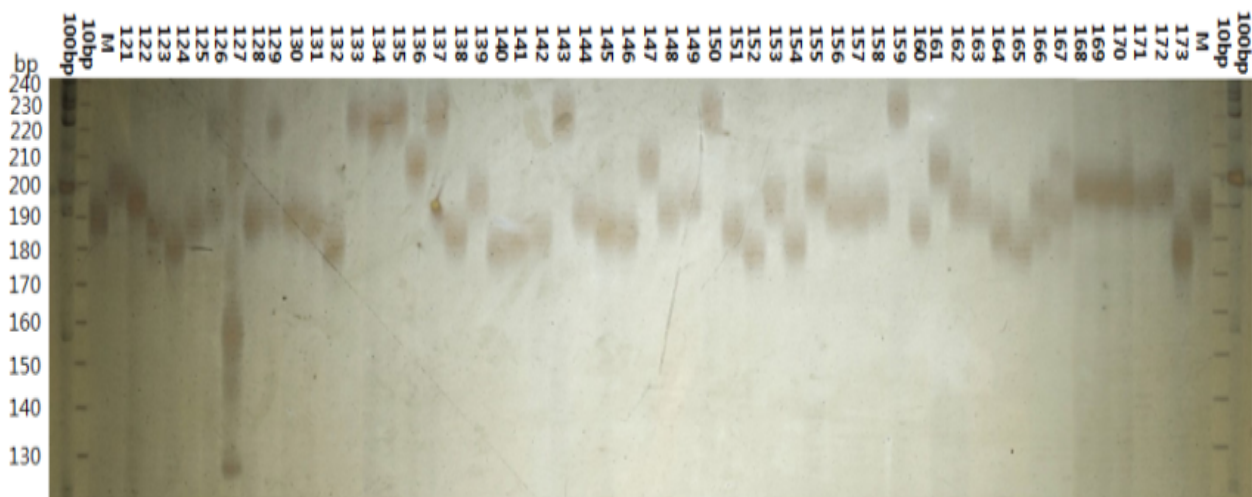
1) Sat_076



2) Sat_417

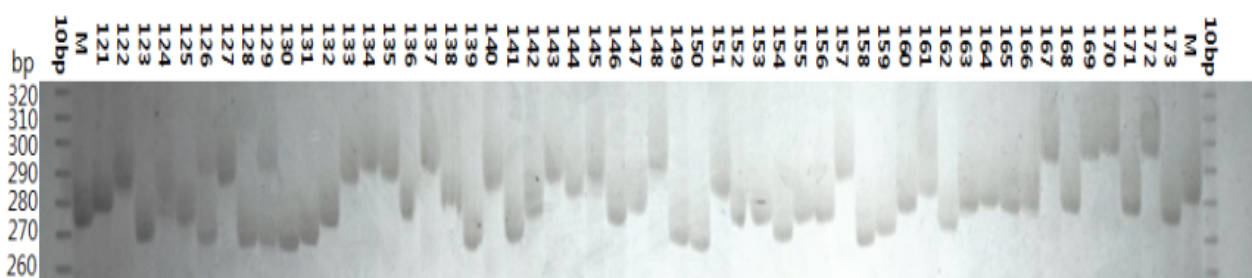
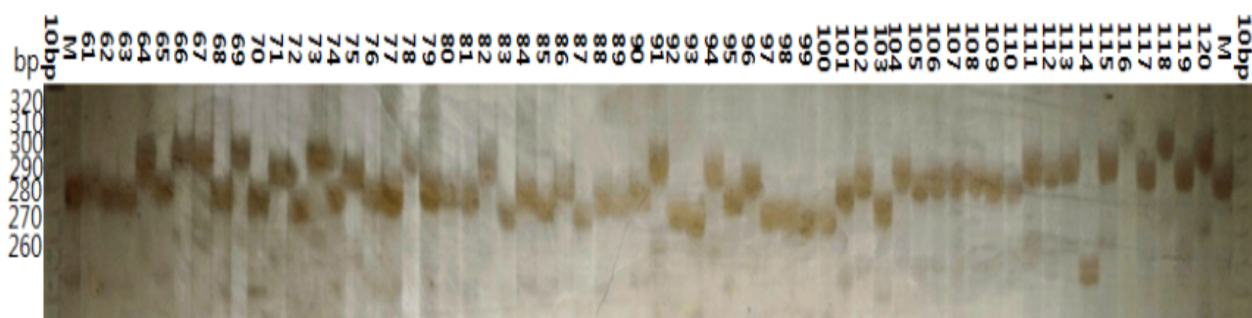
Fig 35. Continued





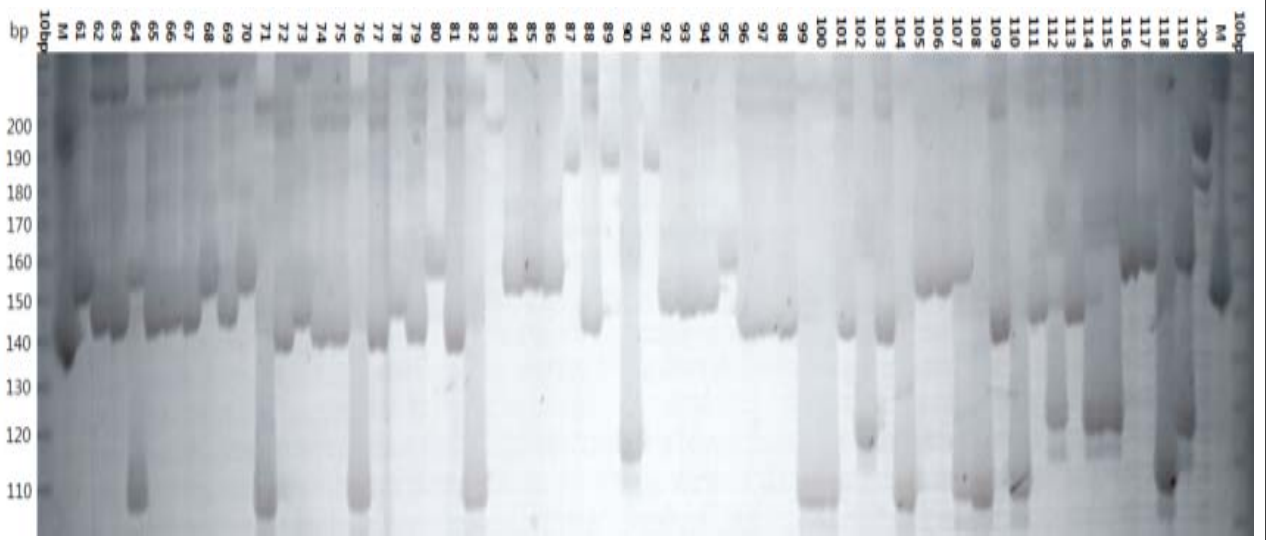
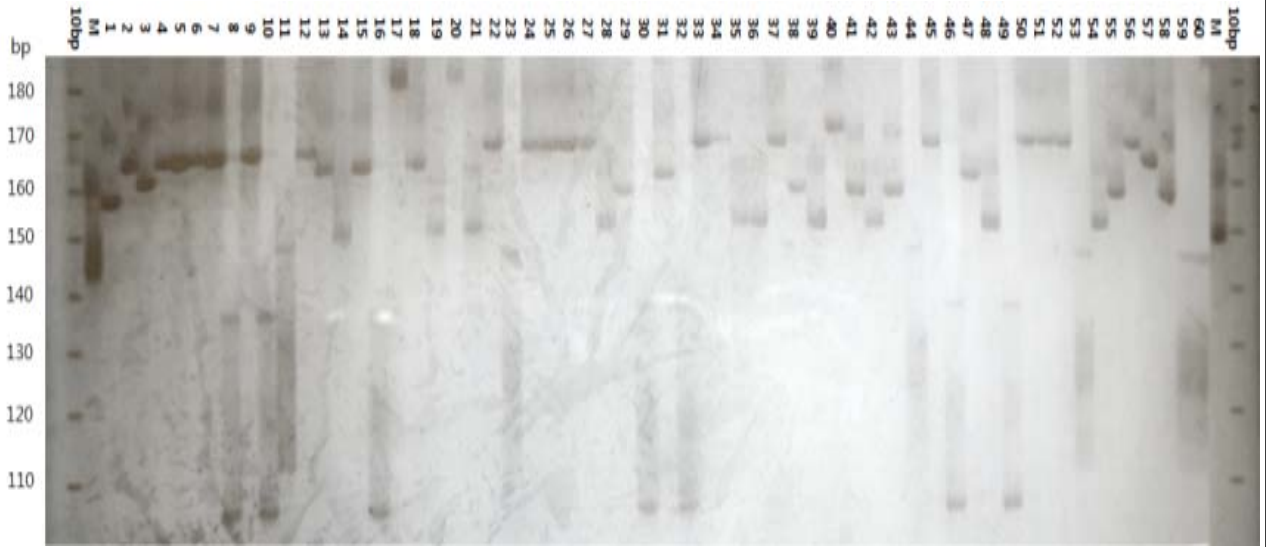
2) Sat_417

Fig 35. Continued



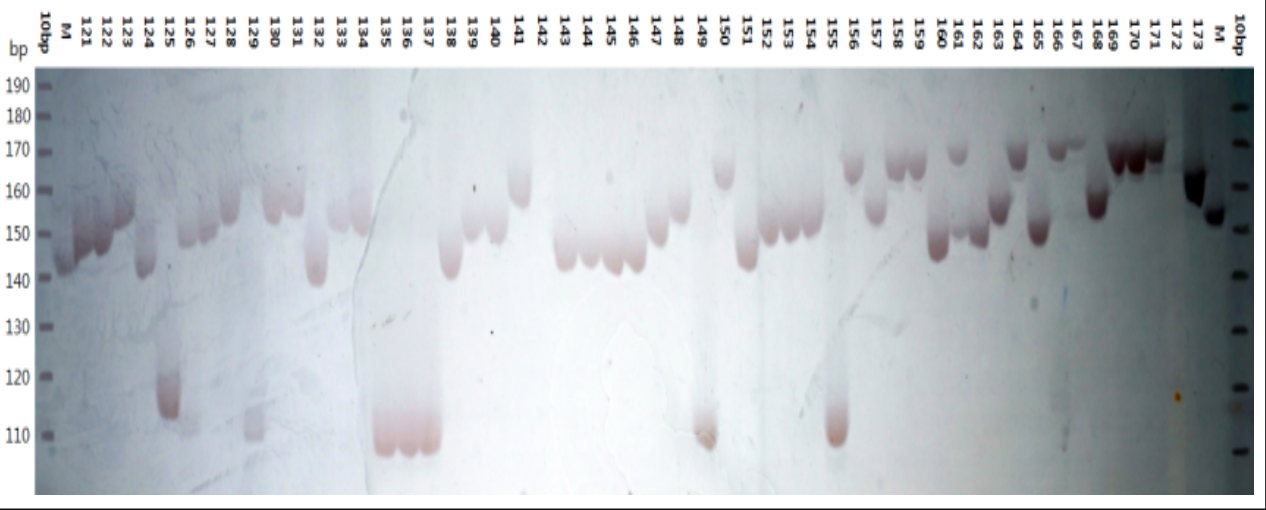
3) Sat_043

Fig 35. Continued



4) Satt197

Fig 35. Continued

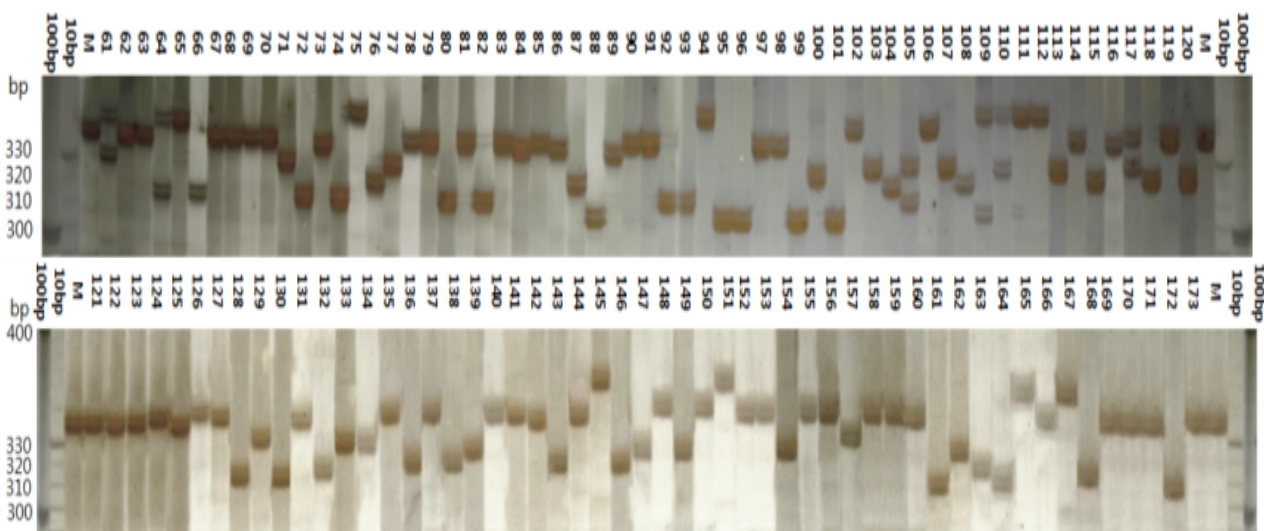


4) Satt197

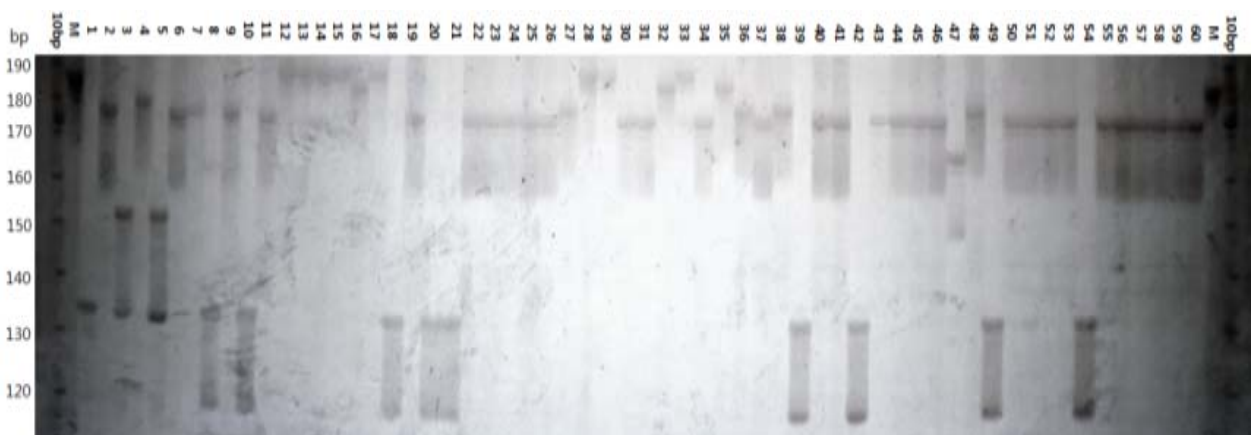


5) Satt434

Fig 35. Continued

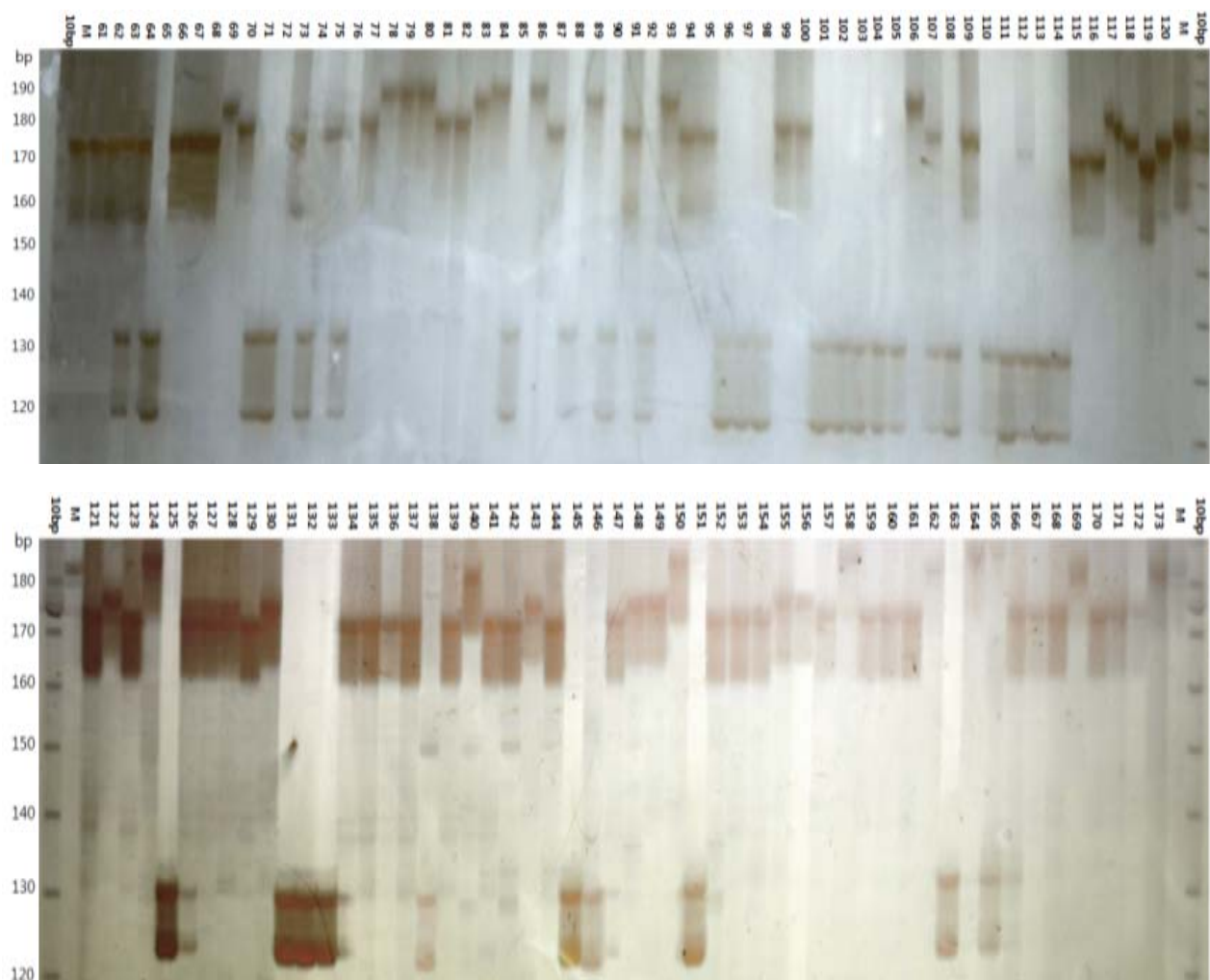


5) Satt434



6) Satt179

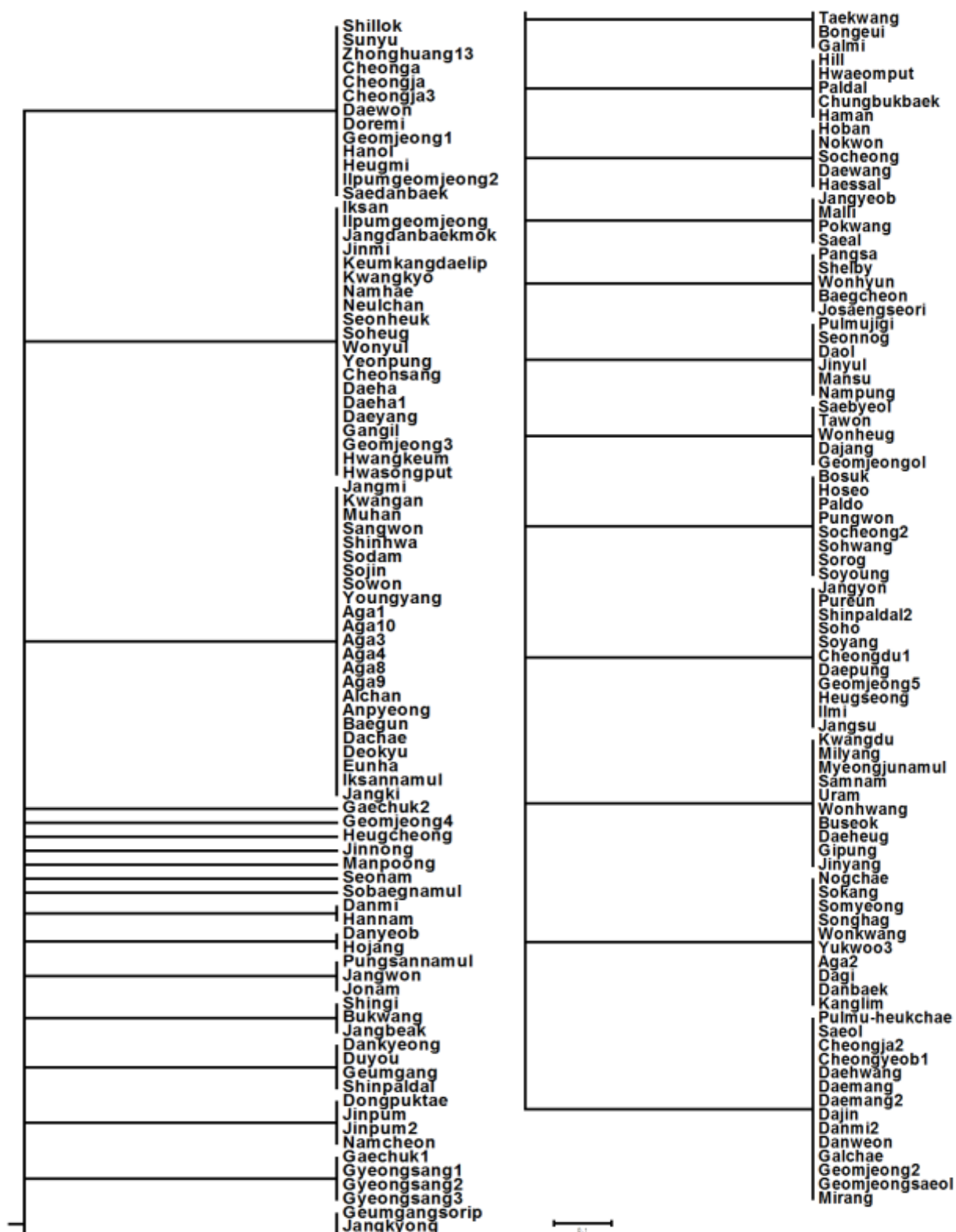
Fig 35. Continued



6) Satt179

Fig 35. Continued

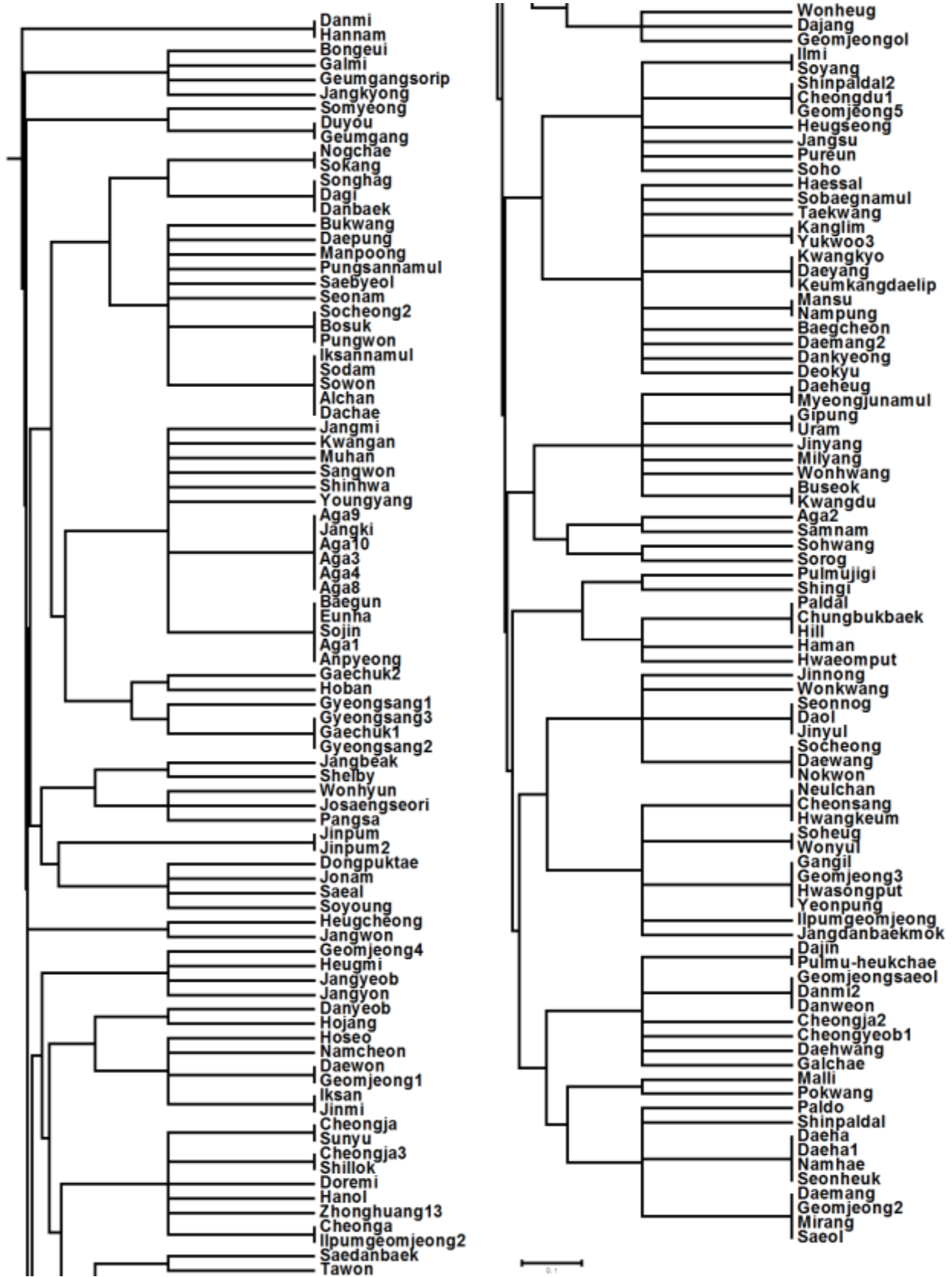
Step 1



Sat_076

Fig 36. Diagrammatic display of variety identification at each step by six SSR markers among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

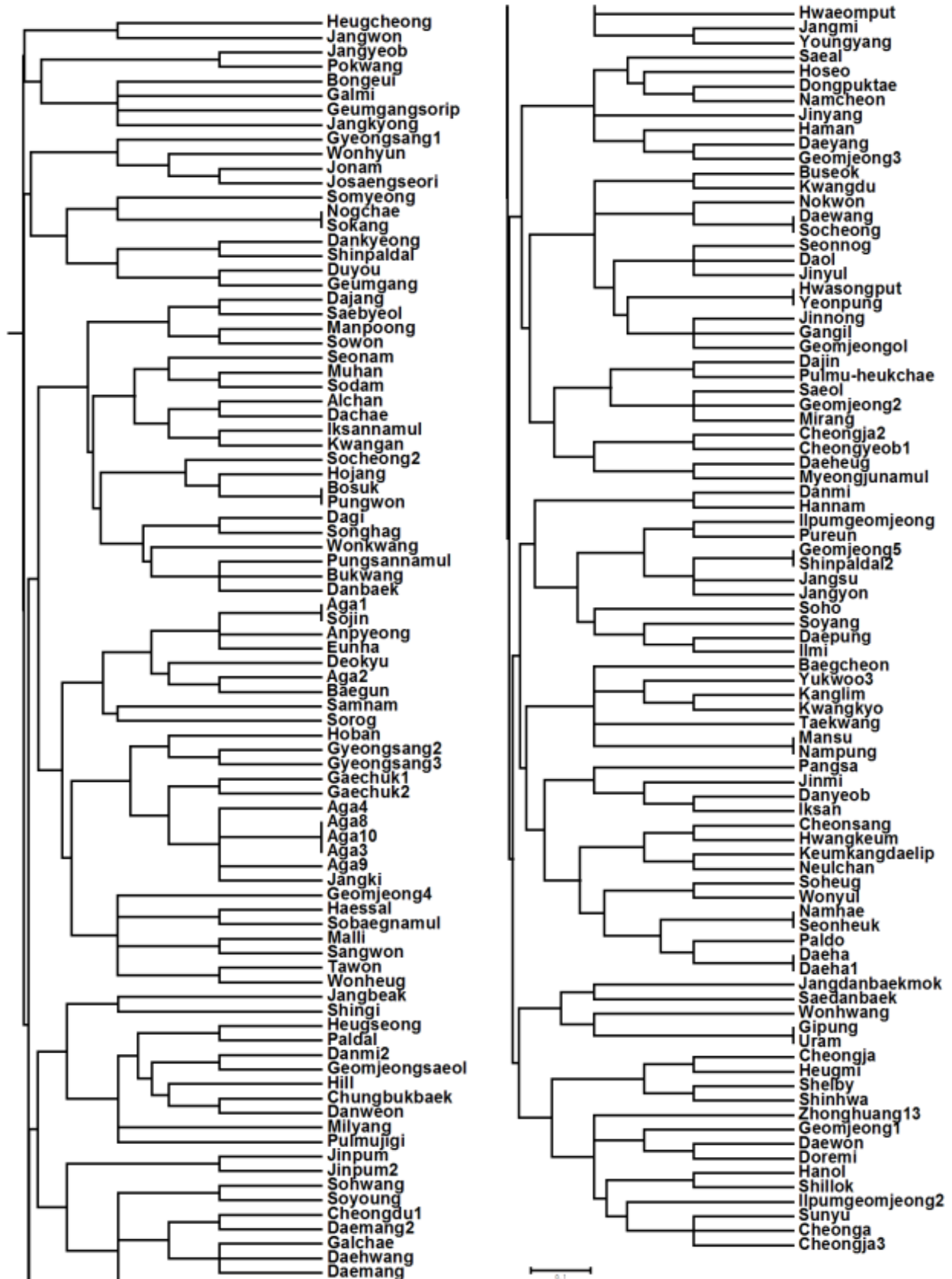
Step 2



Sat_076 + Sat_417

Fig 36. Continued

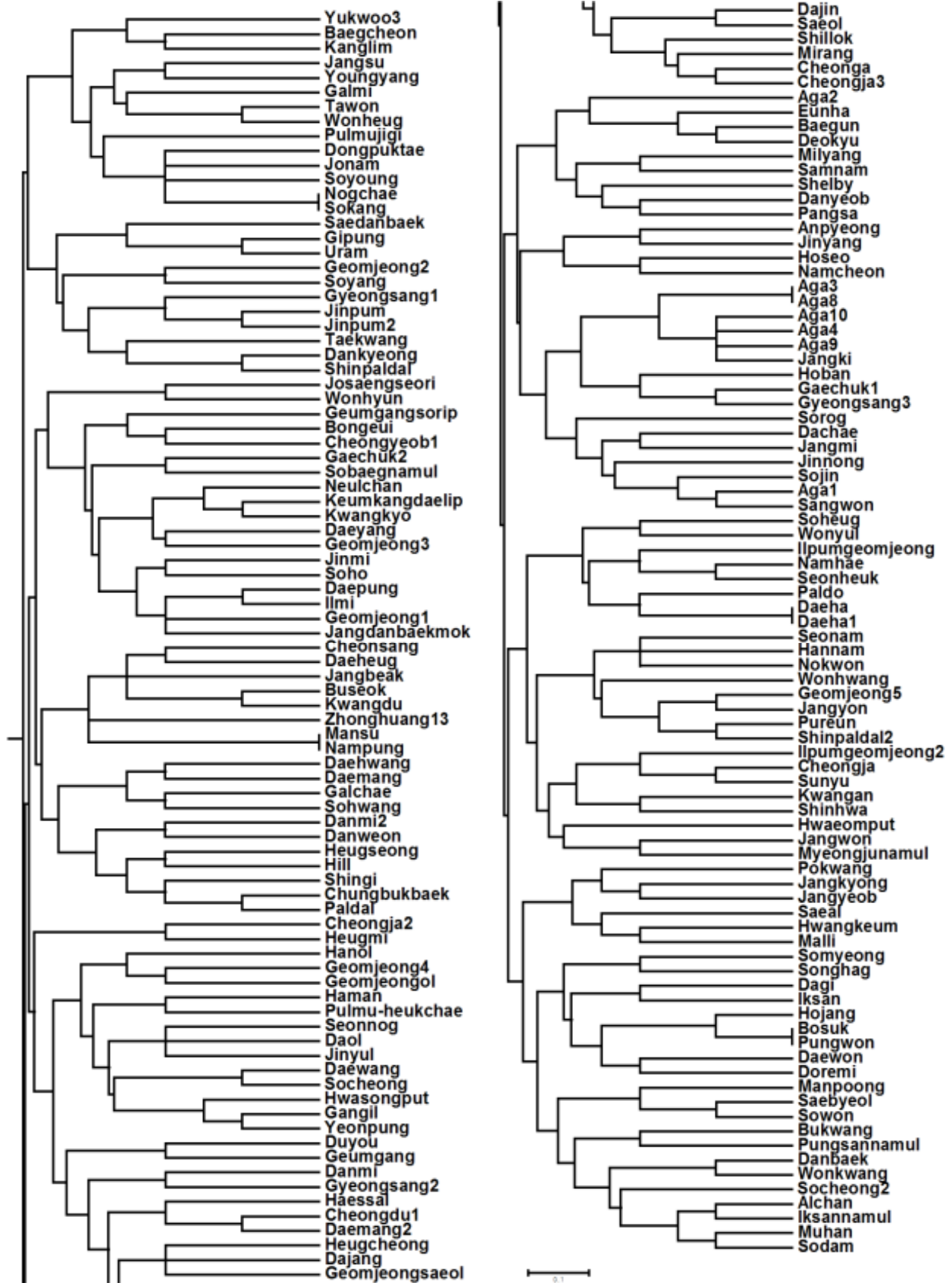
Step 3



Sat_076 + Sat_417 + Sat_043

Fig 36. Continued

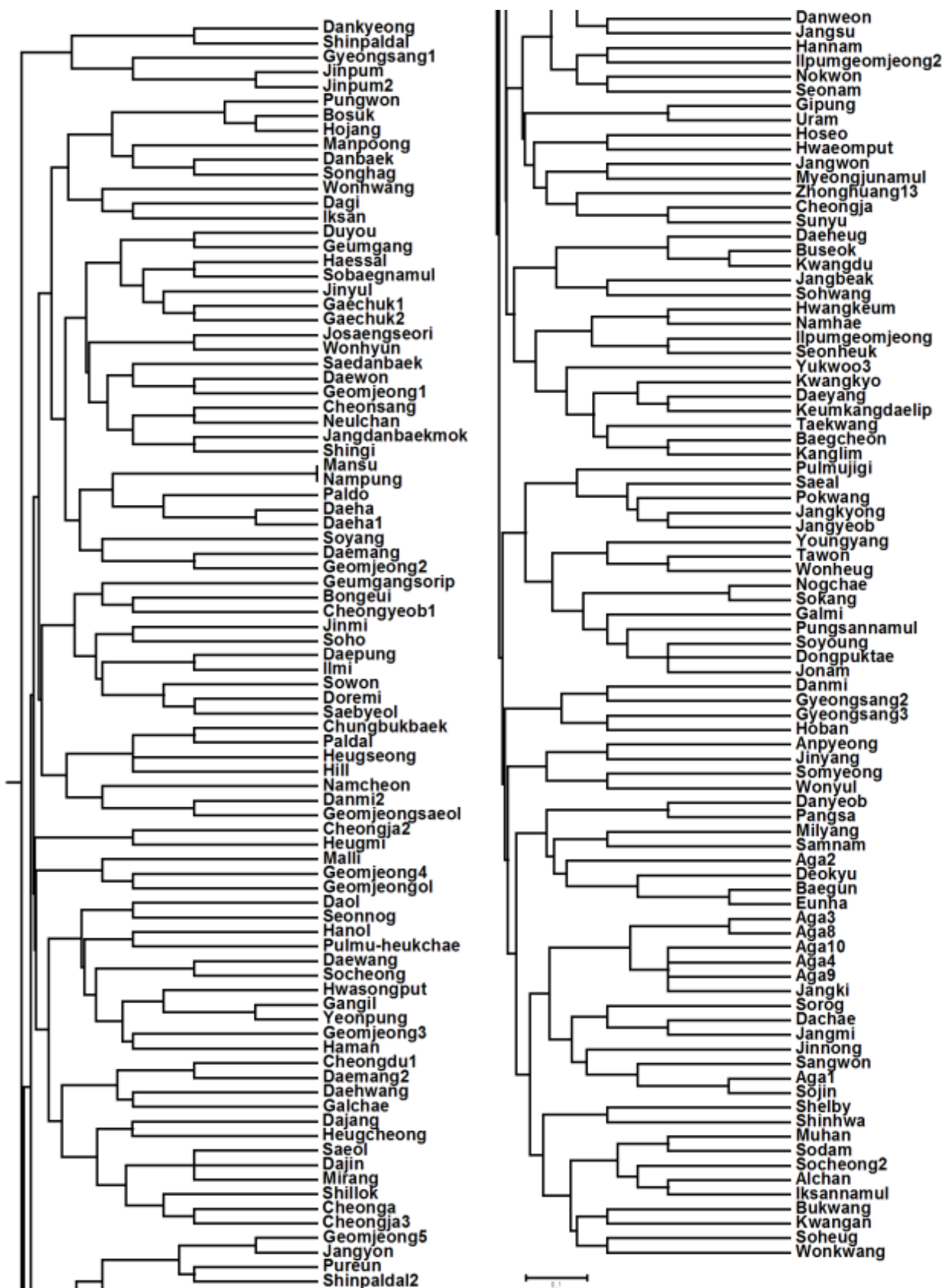
Step 4



Sat_076 + Sat_417 + Sat_043 + Satt197

Fig 36. Continued

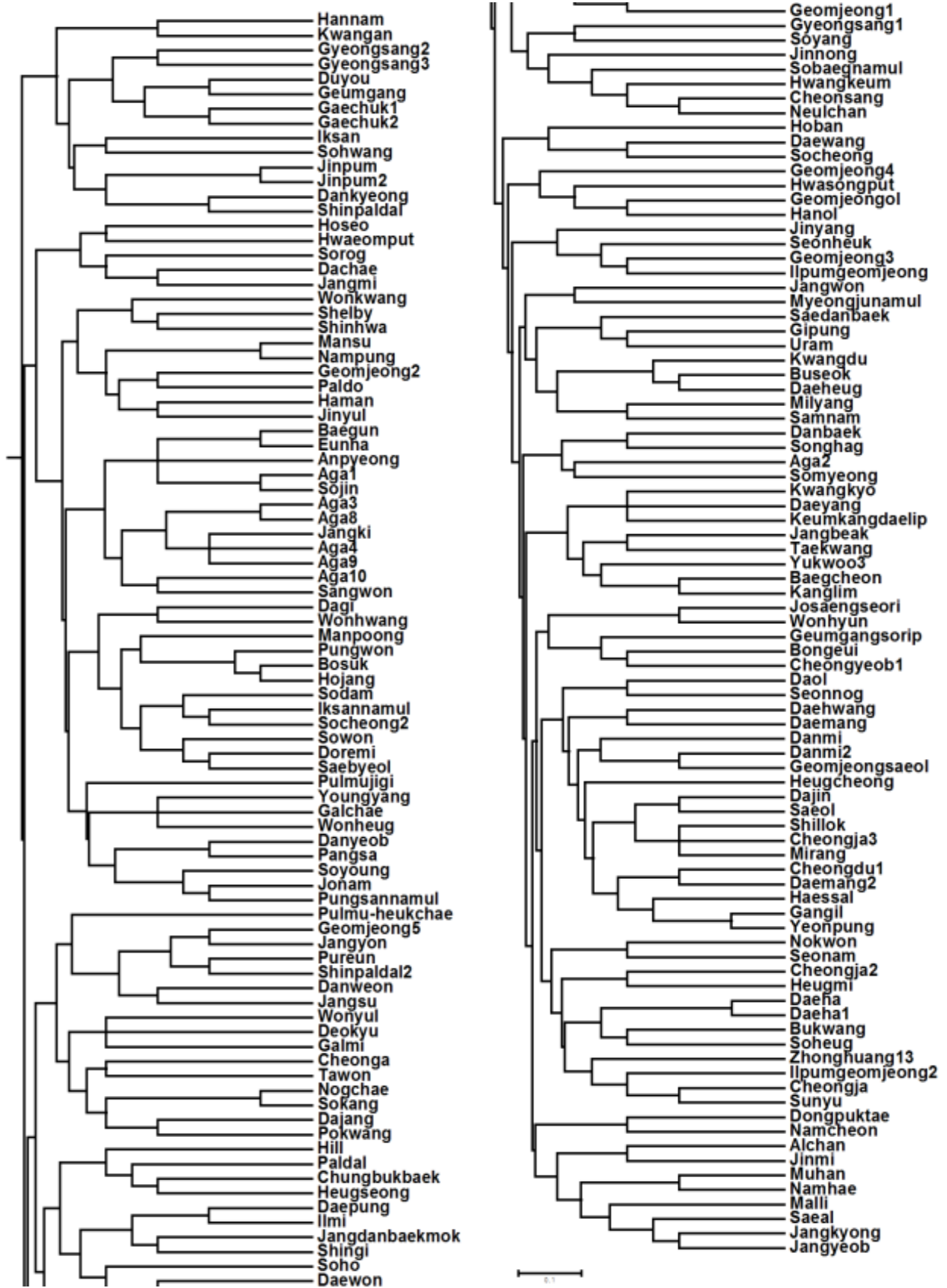
Step 5



Sat_076 + Sat_417 + Sat_043 + Satt197 + Satt434

Fig 36. Continued

Step 6



Sat_076 + Sat_417 + Sat_043 + Satt197 + Satt434 + Satt179

Fig 36. Continued

Table 44. Varieties identified at each step by six SSR markers among 173 soybean varieties composing of 172 Korean and 1 Chinese soybean varieties.

Step	Markers	Identified varieties	No. of identified varieties	Percentage of identified varieties
Step-1	Sat_076	Gaechuk2, Geumjeong4, Heugcheong, Jinnong, Manpoong, Seonam, Sobaegnamul	7	4%
		Bongeui, Galmi, Geumgangsorip, Jangkyong, Somyeong, Bukwang, Daepung, Pungsannamul, Saebyeol, Jangmi, Kwangan, Muhan, Sangwon, Shinhwa, Youngyang, Hoban, Gyeongsang1, Jangbeak, Shelby, Wonhyun, Josaengseori, Pangsa, Dongpuktae, Jonam, Saeal, Soyoung, Jangwon, Heugmi, Jangyeob, Jangyon, Danyeob, Hojang, Hoseo,		
Step-2	Step1 + Sat_417	Namcheon, Doremi, Hanol, Zhonghuang13, Saedanbaek, Tawon, Wonheug, Dajang, Geomjeongol, Heugseong, Jangsu, Pureun, Soho, Haessal, Taekwang, Baegcheon, Daemang2, Dankyeong, Deokyu, Jinyang, Milyang, Wonhwang, Aga2, Samnam, Sohwan, Sorog, Pulmujigi, Shingi, Haman, Hwaeomput, Wonkwang, Ilpumgeomjung, Jangdanbaekmok, Cheongja2, Cheongyeob1, Daehwang, Galchae, Malli, Pokwang, Paldo, Shinpaldal	74	42.8%

Table 44. Continued

Step	Markers	Identified varieties	No. of identified varieties	Percentage of identified varieties
Step-3	Step2 + Sat_043	Duyou, Geumgang, Sowon, Sodam, Alchan, Dachae, Iksannamul, Socheong2, Dagi, Songhag, Danbaek, Anpyeong, Eunha, Baegun, Gyeongsang2, Gyeongsang3, Gaechuk1, Aga4, Aga9, Jangki, Paldal, Danmi2, Geomjeongsaeol, Hill, Chungbukbaek, Danweon, Jinpum, Jinpum2, Cheongdul, Daemang, Daeyang, Geomjeong3, Buseok, Kwangdu, Nokwon, Seonnog, Daol, Jinyul, Gangil, Dajin, Pulmu-heukchae, Saeol, Geomjeong2, Mirang, Daeheug, Myeongjunamul, Danmi, Hannam, Soyang, Ilmi, Yukwoo 3, Kanglim, Kwangkyo, Jinmi, Iksan, Cheonsang, Hwangkeum, Keumkangdaelip, Neulchan, Soheug, Wonyul, Cheongja, Geomjeong1, Daewon, Shillok, Ilpumgeomjeong2, Sunyu, Cheonga, Cheongja3	69	39.9%
Step-4	Step3 + Satt197	Gipung, Uram, Daewang, Socheong, Hwasongput, Yeonpung, Aga10, Sojin, Aga1, Namhae, Seonheuk, Geomjeong5, Sinpaldal2	13	7.5%
Step-5	Step4 + Satt434	Nogchae, Sokang, Aga3, Aga8, Pungwon, Bosuk, Daeha, Daehal	8	4.6%
Step-6	Step5+ Satt179	Mansu, Nampung	2	1.2%
Total			173	100%

5. 국내 보급 콩 품종의 유연관계 분석 및 품종판별

가. SSR마커에 의한 유전적 다양성 및 품종판별 확립

국내 보급 및 특수품종 30품종에 대한 SSR 마커 20개를 사용하여 유전적 다양성을 분석한 결과는 **Table 45**와 같다. 총 273개의 대립인자가 확인되었고, 유전자좌 별로 Satt339가 최소 7개 이었으며, Sat_374, Sat_076, Sat_245가 최대 18개로 확인되었고, 평균 13.7개의 대립인자가 확인되었다. Kim et al(2006a)이 20개의 SSR 마커를 이용하여, 국내 콩 유전자원 및 품종 91개에 대한 유전적 다양성 및 유연관계를 분석하였

는데, 총 149개의 대립인자를 확인하였고, 유전자좌 별로 3~15개의 대립인자를 확인하였으며, 평균 7.5개를 확인하였다는 보고, Yoon et al.(2009)이 6개의 SSR 마커를 이용하여 2,758점의 한국 콩 재래종을 분석하여 대립인자가 9~39개였다는 보고, Jang et al.(2009)이 한국 엘리트 콩 품종 26개를 15개의 SSR 마커를 이용하여 평균 13.4개의 대립인자를 확인하였다는 보고 및 Song et al.(2013)이 한국, 중국, 일본, 인도, 미얀마, 필리핀, 미국의 콩 유전자원 185점을 72개의 SSR 마커를 이용하여 평균 대립인자가 10.9개였다는 보고보다는 많았다. Choi et al.(2014)이 재래종 350점을 7개의 마커로 분석한 결과 총 110개와 평균 15.7개의 대립인자를 확인하였다. 그리고 Gwak(2015)이 국내에서 육성된 172개 품종을 20개의 SSR 마커를 사용하여 유전적 다양성을 분석한 결과, 대립인자가 총 344개로서 평균 17.2개의 대립인자가 확인되었다는 보고보다 적었다.

대립인자의 범위는 전체 107~361bp내에 분포하였으며, Satt185가 121~252bp의 범위로 가장 넓었으며, AW132402가 143~163bp의 범위로 가장 좁게 분포하였다. PIC 값은 0.7828~0.9293의 범위였으며, Sat_245가 0.9293으로 가장 높았고, Satt164가 0.7828로 가장 낮았다. 평균 PIC값은 0.8672로 유전적 다양성이 다소 높았다. 위와 같은 결과는 Rongwen et al.(1995)이 북미 26개 콩 품종을 7개 SSR 마커로 분석한 결과 PIC값은 0.74이었다는 보고, Narvel et al.(2000)이 미국 39개 엘리트 콩 품종 및 계통들을 SSR 마커 분석한 결과 평균 PIC값이 0.5로서 유전적 다양성이 낮았다는 보고, 2002년까지의 국내에서 육성된 91개 콩 품종들에 대한 20개의 SSR 마커로 다양성을 분석한 결과 PIC값이 0.424~0.905의 범위이며, 평균 0.711이라고 한 Kim et al.(2006a)이 보고, Wang et al.(2006)이 중국의 콩 122개 재래종과 7개 품종을 포함한 총 129종의 SSR 마커 분석에서 PIC 값이 평균 0.78이었다는 보고, Fu et al.(2007)이 캐나다의 콩 45개 품종과 한국자원 11종을 포함한 국외자원 37종 총 82종에 대한 SSR 마커 분석에서 평균 PIC값이 0.63이었다는 보고, Hwang et al.(2008)이 일본의 엘리트 52개 콩 품종의 377개 SSR 마커 분석에 의한 PIC값은 평균 0.37로서 유전적 다양성이 낮았다는 보고 및 Choi et al.(2014)은 한국 재래종 콩 350점을 7개 SSR 마커에 의한 유전적 다양성이 0.5024~0.8709의 범위이며, 평균 0.711이라고 보고한 값보다 높았다.

Jang et al.(2009)은 26개 한국 엘리트 품종의 SSR 마커에 의한 유전적 다양성이 0.782~0.931의 범위이며, 평균 0.874로서 유전적 다양성이 높다고 보고 하였고, Gwak(2015)은 국내에서 육성된 172개 품종의 SSR 마커에 의한 유전적 다양성이 0.6799~0.9318의 범위이며, 평균 0.8675라고 보고보다는 낮은 평균 PIC값을 나타내었다. 국내 보급 및 특수품종 30품종의 유전적 거리를 기반으로 군집 분석한 결과 Fig. 37과 같다. 4 개 군집으로 분류되었는데 I 군집에 진품 등 11품종(36%), II 군집에는 Agal1 등 15품종(50%), III 군집은 대풍2, 중모3011의 2품종(7%), IV 군집은 청미인, 두루울의 2품종(7%)이 포함되었다. II 군집에 가장 많은 품종이 속하였으며, II 군집과 I 군집에 전체의 86%가 속 하였다.

Table 45. Number of alleles, size range of allele, and PIC estimated by 20 SSR markers in 30 Korean certified and specialized soybean varieties.

No.	Marker	Size range	Allele No.	PIC
1	Sat_374	263~339	18	0.9073
2	AW132402	143~163	11	0.8680
3	Satt197	107~191	16	0.9096
4	Sat_342	176~272	17	0.9219
5	Satt164	210~246	10	0.7828
6	Sat_076	152~226	18	0.9146
7	Satt179	130~186	10	0.8159
8	Satt216	170~221	9	0.7931
9	Sat_022	205~255	14	0.8917
10	Satt185	121~252	16	0.8944
12	Sat_210	231~287	12	0.8658
13	Satt434	292~361	11	0.7987
14	Sat_105	230~274	16	0.9119
15	Sat_151	210~268	9	0.8055
16	Sat_043	262~302	15	0.8684
17	Sat_245	119~192	18	0.9293
18	Sat_391	216~282	14	0.8967
19	Satt339	212~242	7	0.8033
20	Sat_190	125~205	16	0.8574
	Total		273	
	Mean		13.7	0.8672

국내의 보급품종 중에서도 보급기간이 긴 품종은 농민의 수요도가 높고, 재배면적이 넓은 매우 우량한 엘리트품종이라고 할 수 있다 (Jang et al. 2009).

보급기간으로 볼 때 현재도 재배되고 있는 콩 품종은 장류 및 두부콩에서는 황금콩이 19년으로 가장 긴 장수품종이었으며, 다음으로는 태광콩 18년, 대원콩 14년 이었고, 나물콩에서는 풍산나물콩이 13년으로 가장 긴 장수품종이었으며, 현재는 장려품종에서 폐기된 은하콩이 11년으로 보급기간이 긴 품종이었다(Table 46). 보급기간이 긴 우량품종들의 SSR 마커 분석에 의한 유전적 거리로 볼 때 태광콩은 I 군집에 속하였으며, 나머지 장수품종들은 II 군집에 속하였다. 이들 품종들은 황금콩을 제외하고는 유전적 거리가 다소 가까웠다. 나물콩의 장수품종인 풍산나물콩과 은하콩의 유전적 거리는 매우 가까우며, 다른 나물콩과의 유전적 거리도 매우 가까웠다. 동일그

룹에 있는 품종들은 유전적거리가 가까워 유사도가 높은 것으로 인정되는데 이러한 결과는 나물용 콩 품종 육성을 할 때 비슷한 교배친이 사용되었기 때문인 것으로 생각된다(Table 47).

각 군집들 간의 유전적 다양성과 군집 간의 유전적 거리는 Table 48과 같다. II, III군집의 유전적 다양성이 0.3188로 가장 낮았고, IV 군집의 유전적 다양성이 0.7775로 가장 높았고 다음으로 I 군집이 0.7470으로 높았다. 각 군집간의 유전적 거리는 I 군집과 II군집의 거리가 0.1302로 가장 가까우며, III군집과 IV군집 간의 유전적 거리가 0.5125로 가장 멀었다. 다른 군집들 간의 유전적 거리는 0.3423~0.3471로 범위로 큰 차이가 없었다.

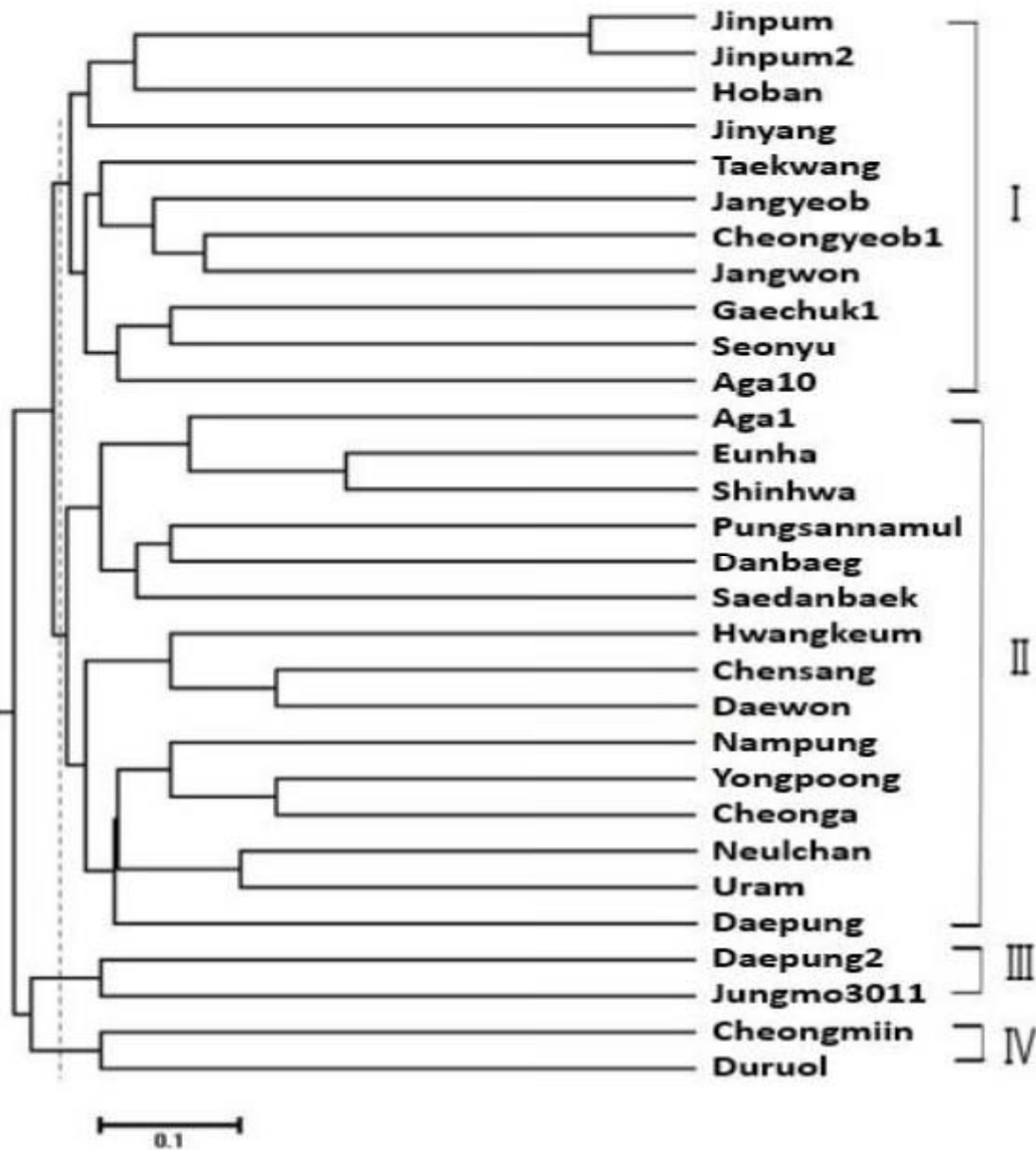


Fig. 37. An UPGMA dendrogram based on Nei's (1973) genetic distance by 20 SSR markers in 30 Korean certified and specialized soybean varieties.

Table 46. List of Korean certified and specialized soybean varieties used in this experiment.

Entry No.	Variety name	Cross combination	Years released	Usage	Years supplied
1	Jangyeob	Miyagisirome/Gwangdu2/Baegmokjangyeop	1978	ST†	1994-2000(7)****
2	Hwangkeum	(Kwangkyo/Clark63)/Baegmokjangyeop	1980	ST	1993-2011(19)
3	Eunha	D-96-7816/Suwon85	1986	BS	1994-2004(11)
4	Taekwang	SS77011/Dongsan53	1991	ST	1998-2015(18)
5	Danbaeg	Dongsan69/D76-8070	1993	ST	*
6	Jinpum	Introduction(Janpan)	1994	ST	2001, 2003(2)
7	Pungsannamul	Pangsakong/KLS87092	1995	BS	2000-2004,2008-2015(13)
8	Jinpum2	Introduction (Japan)	1996	ST	2003(1)
9	Daewon	Suwon133/Milyang18	1997	ST	2002-2015(14)
10	Jangwon	Pokwangkong/SS84040	2000	ST	2007-2010(4)
11	Daepung	Baegunkong/Sinpaldalkong2	2002	ST	2010-2015(6)
12	Seonyu	Suwon162/YS548	2004	ST	2008-2012(5)
13	Aga1	Eunhakong/KLG10084	2004	BS	*
14	Hoban	GWS91/Jinpumkong	2006	ST	2011-2012(2)
15	Gaechuk1	Gyeongsang1/Black soybeanbean/C242	2006	CR	*
16	Nampung	Suwon190/Pokwang	2007	ST	2011-2012(2)
17	Cheonga	Sinpaldalkong2/SS97809	2007	ST	2014(1)
18	Shinhwa	Sowon/PI96983	2007	BS	2011-2014(4)
19	Cheonsang	Suwon190/Hwangkeumkong	2008	ST	2013-2015(3)
20	Cheongyeob1	Ilpumgeomjeong/Daehwangkong	2009	VE	*

Table 46. continued

Entry No.	Variety name	Cross combination	Years released	Usage	Years supplied
21	Uram	Suwon190/Sinpaldalkong2/SS9244	2010	ST	2014-2015(2)
22	Saedanbaek	MD87L/SS92414	2010	ST	*
23	Aga10	Eunhakong/wild soybean	2010	BS	*
24	Yongpoong	Suwon191/Suwon19	2011	ST	2015(1)
25	Neulchan	SS91501-9-1-1/SS96205	2011	ST	*
26	Jinyang	Jimpumkong2/GS301	2011	ST	*
27	Cheongmiin	Cheongjakong/Daemang	2013	CR	*
28	Jungmo3011	Cheongja3/Danpaheug	2013	CR	*
29	Daepung2	Daepung/Suwon190/Daewonkong	2014	ST	*
30	<i>Duruol</i>	Hwaeomputkong/Suwon191	2014	VE	*

†ST: Soy sauce & tofu, CR: Cooking with rice, BS: Bean sprout, VE: Vegetable & early maturity

*Special varieties, **Lipoxygenase, ***Kunitz trypsin inhibitor

****parentheses indicate a supply periods of certified varieties

Table 47. List of Korean certified and specialized soybean varieties in four groups classified by cluster analysis based on SSR markers.

Cluster	Varieties	No. of varieties	Percentage
I	Jimpum, Jimpum2, Hoban, Jinyang, Taekwang, Jangyeob, Cheongyeob1, Jangwon, Gaechuk1, Seonyu, Aga10	11	36%
II	Aga1, Eunha, Shinhwa,, Pungsannamul, Danbaeg, Saedanbaek, Hwangkeum, Cheonsang, Daewon, Nampung, Yongpoong, Cheonga, Neulchan, Uram, Daepung	15	50%
III	Daepung2, Jungmo3011	2	7%
IV	Cheongmiin, Duruol	2	7%
Total		30	100%

Table 48. Genetic diversity and relationship based on SSR markers with in a cluster (on diagonal) and clusters (below diagonal) in 30 Korean certified and specialized soybean varieties.

Cluster	I	II	III	IV
I	<u>0.7470</u>	-	-	-
II	0.1302	<u>0.3188</u>	-	-
III	0.3423	0.3521	<u>0.3188</u>	-
IV	0.3741	0.3471	0.5125	<u>0.7775</u>

나. SSR마커조합에 의한 품종판별

품종판별을 위해서 20개의 SSR 마커 중에서 대립인자수가 가장 많고, PIC값도 가장 높은 SSR 마커(Sat_245)를 이용하여 1단계로 품종을 판별하였고, 2단계는 1단계에서 구별되지 않은 나머지 품종을 판별할 수 있는 SSR 마커(Sat_342, Satt197, Sat_076, Sat_022)를 사용하여 판별하는 2단계 판별법으로 품종을 판별하였다. 분자마커를 이용한 유전적 다양성과 유전적 거리의 분석은 다형성이 높은 마커가 많이 사용될수록 정밀한 분석이 이루어지며, 신뢰도가 증가된다. 그러나 품종판별을 목적으로 할 경우에는 경제성과 효율성을 감안하여 가능한 판별마커수가 적정수준에서 최소화 되어야 하며(Kwon et al. 2003), 새로운 콩 품종들은 유전적으로 가까운 군집 간의 교잡에 의하여 육성되어 형태적 특성으로 구별하기가 매우 어렵기 때문에 DNA 마커를 이용하여 품종을 구별하는 것이 효율적이다(Rongwen et al. 1995). 콩 품종 판별에 SSR 마커가 매우 효율적인 것으로 보고되었다(Bommi & Ferguson. 2005).

한국 콩 보급 및 특수품종 30개의 품종판별 결과는 Fig. 38, Table 49와 같다. 1단계에서 대립인자수와 PIC값이 가장 높은 마커(Sat_245)를 사용하였으며, 2단계에서는 나머지 19개 마커들을 각각 추가하여 판별 여부를 확인 하였다. 1단계로 Sat_245를 사용하여 판별한 결과 청미인, 대풍2호, 단백콩, 장원콩, 장엽콩, 진품콩, 태광콩 7품종(23%)이 판별 되었고, 2단계에서 Sat_342, Satt197, Sat_076, Sat_022를 각각 품종 판별 조합에 추가하면 판별되지 않았던 23개 품종이 모두 판별되었다.

국내·외 연구 중에서 작물의 품종 판별을 위하여 DNA 마커가 활용되고 있는데, Song et al.(1999)이 66개의 미국 엘리트 콩 품종을 13개 마커를 이용하여 판별하였고, Proiolli et al.(2002)가 186개의 품종을 12개 마커로 2개의 품종을 제외한 모든 품종을 구별하였다는 보고, Kim et al.(2006b)이 Sat_043, Sat_022, Sat_036, Sat_088 및 Satt045의 5개 마커로 1913년부터 2002년까지 육성된 91개 품종 중에서 82개 품종이 판별되었고, 판별되지 않은 품종은 형태적 특성으로 구별이 가능하다고 보고하였으며, Jang et al.(2009)도 한국 엘리트 26개 콩 품종에 다형성이 높은 Satt197, Sat_088, Satt245, Sat_036, Satt185의 5개 마커 중에서 2개를 선정한 어느 조합으로 모두 판별된다고 하였고, Gao et al.(2009)가 83개의 콩 품종을 다양성이 높은 9개의 마커를 이용하여 판별하였다는 보고, Jamali et al.(2011)은 15개의 상업용 콩 품종을 16개 마커를 이용하여 2품종을 제외한 모든 품종을 판별하였다는 보고가 있으며, Gwak(2015)은 Sat_076, Sat_417, Sat_043, Satt197, Satt434 및 Satt179의 6개 SSR 마커로 1913년부터 2013년 까지 국내에서 육성된 172개 품종을 모두 판별되었다고 보고한 바 있다. 그 이후에도 SSR 마커를 이용한 연구는(Bisen et al. 2015, Ghosh et al. 2014, Bang et al. 2011)등이 보고한 바 있다.

이상의 결과와 같이 국내의 보급 및 특수품종에 30품종에 대한 SSR 마커 분석에서 PIC값은 평균 0.8672로 유전적 다양성 다소 높았다. Jong et al.(1999)은 친연계수(CP)에 근거한 한국 콩 육성품종의 유전적 다양성이 높다고 하였으며, Kim et al.(2006a)도 SSR 마커에 근거한 한국 콩 육성품종의 유전적 다양성이 높다고 하였다. 국내에서 재배되었거나 현재에 재배되고 있는 다양한 보급품종과 특수품종은 다수성, 고기능성, 고품질을 추구하는 현재 육종목표에 맞는 신품종 육성에 좋은 재료가 될 중요한 자원으로 생각된다.

한국 콩 보급 및 특수품종의 SSR 마커에 의한 유전적 유연관계 및 품종판별에 대한 본 연구의 결과는 한국의 콩 육종가들에게 육종목표의 방향을 제시하고, 신품종 보급의 효율성 증대를 위한 유용한 정보를 제공할 수 있을 것으로 생각된다. Cui et al.(2000) 과 Zhou et al.(2002)도 유전적 다양성을 확보하기 위해서는 새로운 유전자원의 이용과 유전적으로 가까운 육종재료의 교잡을 피해야 한다고 하였다. 우리나라의 다양한 장수 보급품종 및 특수품종을 농가에 보급하기 위해서는 우수한 국내자원의 발굴을 통한 유전변이의 다양화, 국외의 다양한 유망 유전자원을 도입 및 발굴하고, 유연관계 분석을 통하여 유전적 거리가 가까운 자원들과의 교배 친 이용을 피하여야 할 것이다.

또한 본 연구에서 다형성이 높은 5개의 SSR 마커 중에서 2개를 이용한 4개 마커조합에서 어느 조합을 사용하여도 국내 보급 및 특수품종 30품종의 모두가 판별이 가능하였다. 이러한 품종 판별기술체계는 육성자의 권리보호 뿐만 아니라 콩 품질관리에 도 효율적일 것으로 생각된다. 따라서 국내 육성품종들에 대한 DNA 마커를 이용한 품종 판별기술은 육성자의 권리보호와 국산콩과 수입콩과의 차별화를 위하여 지속적으로 개발되어야 할 것이다.

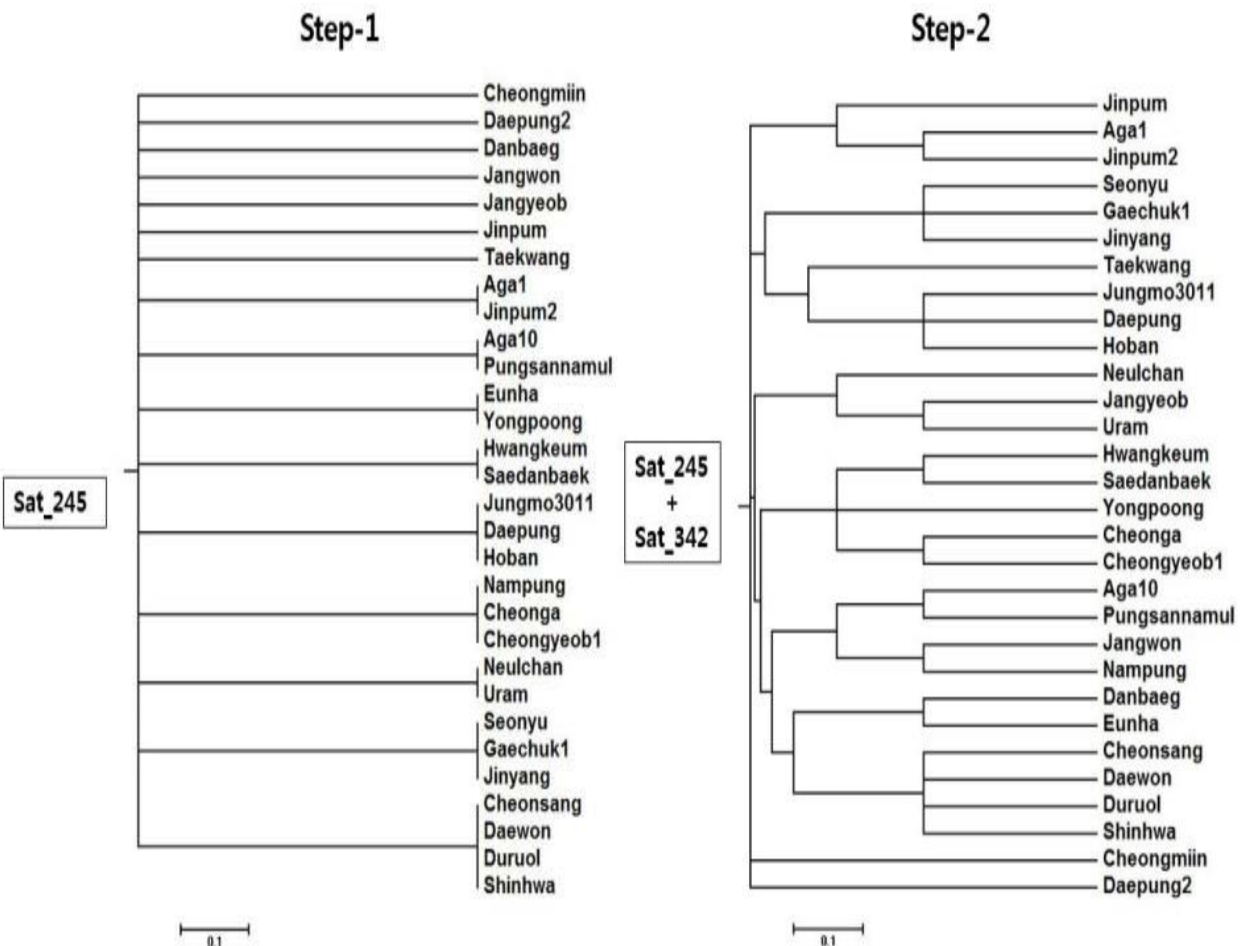


Fig. 38. Diagrammatic display of variety identification at each step by UPGMA dendrogram using two SSR markers in 30 Korean certified and specialized soybean varieties.

1) Step-1 : Sat_245 2) Step-2 : Sat_342

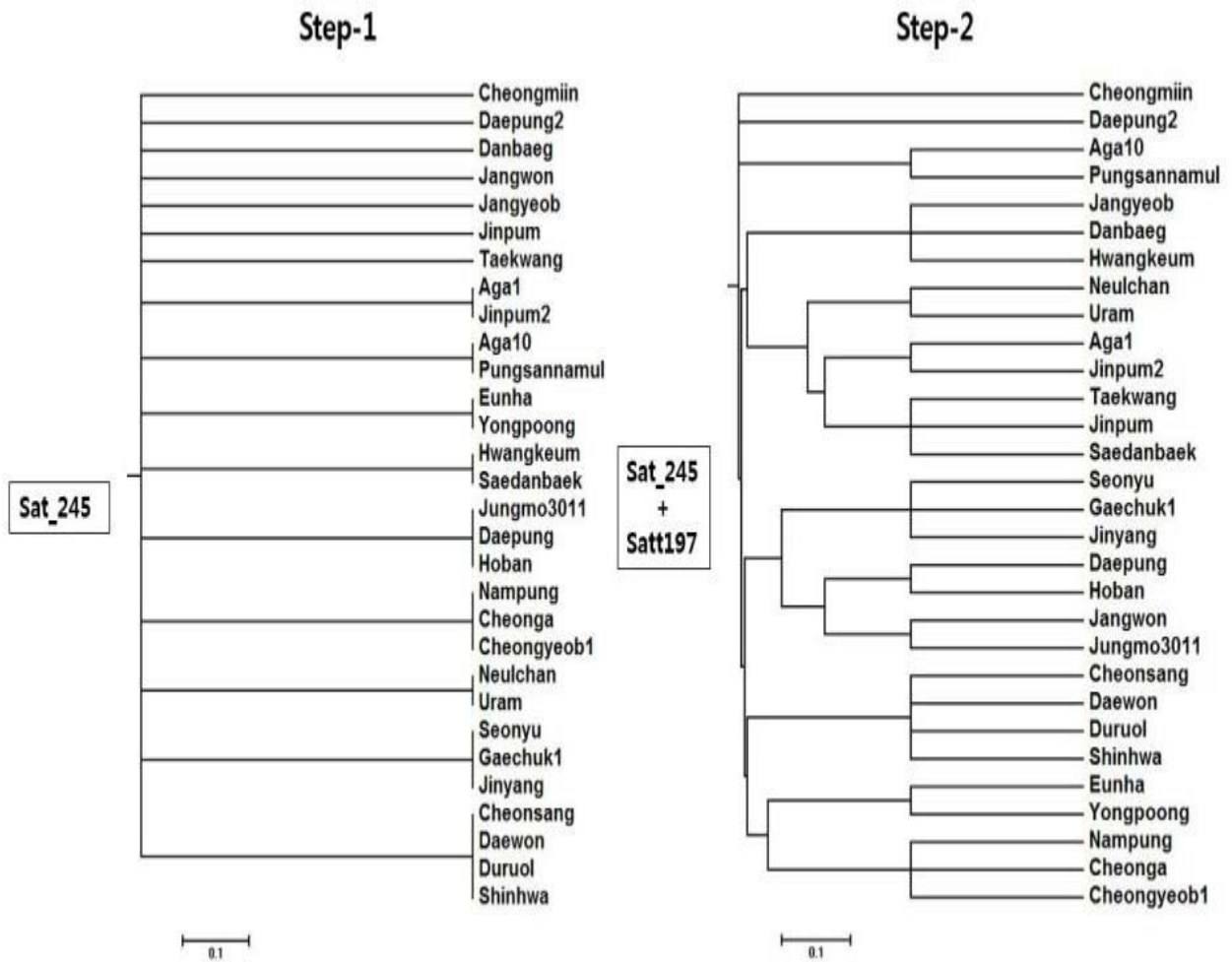


Fig. 38. Continued

2) Step-1 : Sat_245 2) Step-2 : Satt197

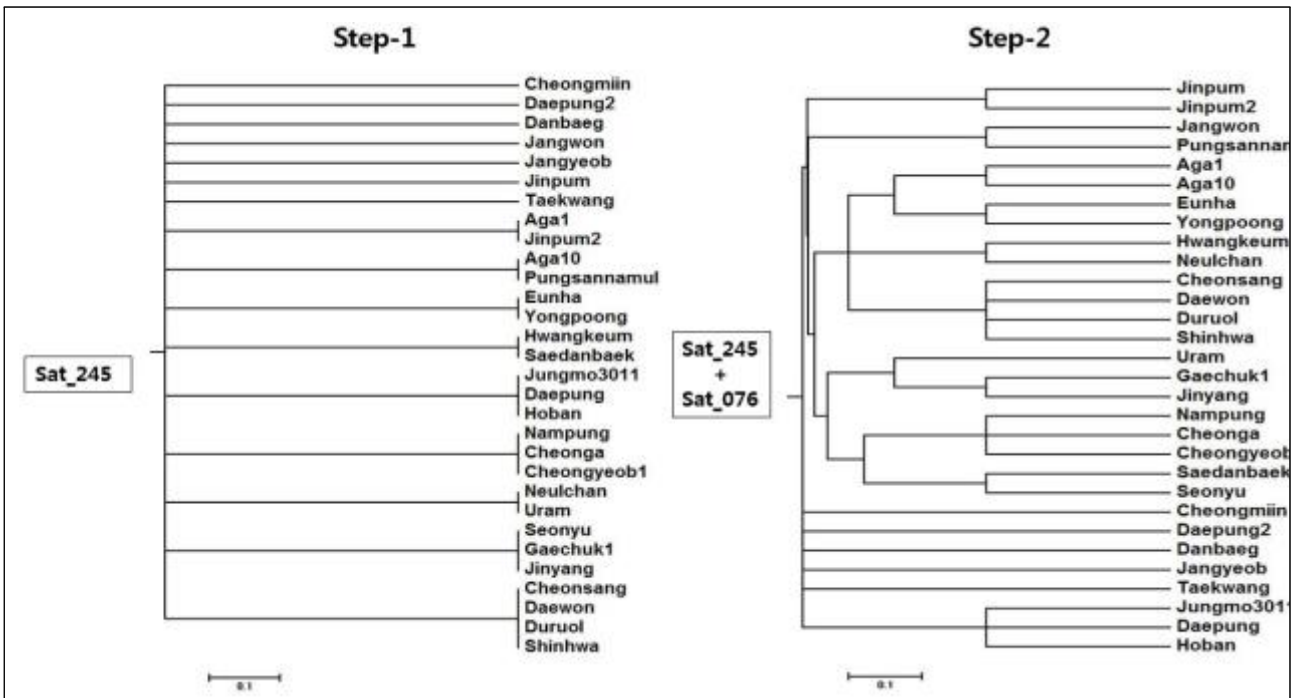


Fig. 38. Continued

3) Step-1 : Sat_245 2) Step-2 : Sat_022

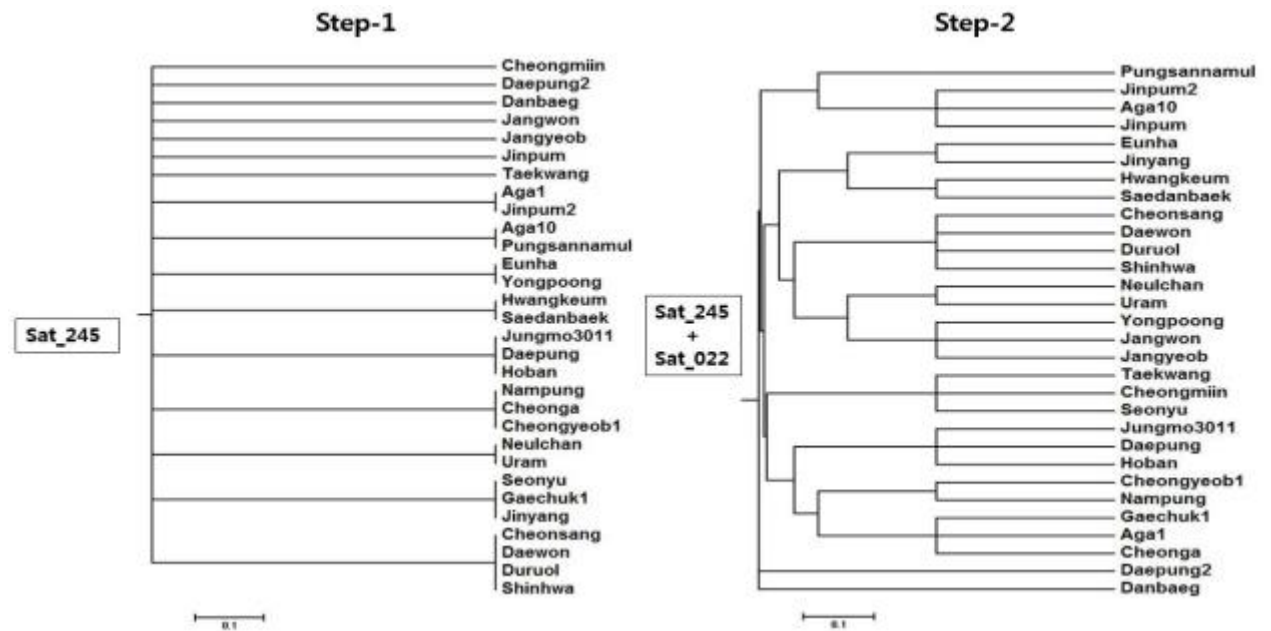


Fig. 38. Continued

4) Step-1 : Sat_245 2) Step-2 : Sat_076

Table 49. Varieties identified at each step using combination of two SSR markers in 30 Korean certified and specialized soybean varieties.

Step	Marker combination	Identified varieties	No. of identified varieties	Percentage of identified varieties
Step-1	Sat_245	Cheongmiin, Daepung2, Danbaeg, Jangwon, Jangyeob, Jinpum, Taekwang	7	23%
Step-2	Sat_342, Satt197, Sat_076, Sat_022	Aga1, Jimpum2, Aga10, Pungsannamul, Eunha, Yongpoong, Hwangkeum, Saedanbaek, Jungmo3011, Daepung, Hoban, Nampung, Cheonga, Cheongyeob1, Neulchan, Uram, Seonyu, Gaechuk1, Jinyang, Cheonsang, Daewon, Duruol, Shinhwa	23	77%
Total			30	100%

3) 적요

1. 한국에서 육성된 콩 육성품종 172품종 및 국립종자원에 등록된 중국 1품종의 총 173품종에 대한 20개의 SSR 마커를 사용하여 유전적 다양성과 유연관계를 분석한 결과, 총 395개의 allele이 확인 되었고, 각 유전자좌별로는 Satt164가 최소 7개이었고, Sat 190이 최대 28개이었으며, 평균 Allele은 19.75개이었다. Allele size Range는 113-358이었고, Satt164가 222-246으로 범위가 가장 작았고, Sat_417이 137-241로 범위가 가장 컸다. 유전적 다양성(PIC value)은 0.7547~0.9372의 범위로서 Satt164가 가장 낮았고, Sat_076이 가장 높았으며, 평균 0.8795으로 유전적 다양성이 높았다. 20개의 SSR마커로 5개의 그룹으로 구분되었는데 I그룹에 태광콩, 우람콩 등 45품종(26%)이, II그룹에 다원콩, 천상 등 10개 품종(6%)이, III그룹에 황금콩, 신팔달콩2호 등 61품종(35%)이, IV그룹에 단엽콩, 덕유콩 등 52품종(30%)이, V그룹에 진품콩, 중황13호 등 5품종(3%)이 포함되었다. III그룹에 가장 많은 품종이 포함 되었으며, I그룹과 III그룹 및 IV그룹에 전체 품종의 91%정도가 속하였고, V그룹에 가장 적은 수의 품종이 속하였다.
2. 20개의 SSR 마커중에서 다양성지수가 높은 5개 마커와 낮은 1개 마커의 총 6개의 마커로 6단계에 걸쳐 품종을 판별하였으며, 1단계에서 다양성이 높은 Sat_076로 7품종(4%)이, 2단계에서 Sat_076과 Sat_417로 74품종(42.8%)이, 3단계에서 Sat_076과 Sat_417 및 Sat_043으로 69품종(39.9%)이, 4단계에서 Sat_076과 Sat_417, Sat_043 및 Satt197로 13품종(7.5%)이, 5단계에서 Sat_076, Sat_417, Sat_043, Satt197 및 Satt434로 8품종(4.6%)이, 6단계에서 Sat_076, Sat_417, Sat_043, Satt197, Satt434 및 Satt197로 2품종(1.2%)이 판별되어 173품종 모두가 6개의 SSR마커로 판별되었다.
3. 1978년부터 2014년까지 국내의 보급 및 특수품종 30품종에 대한 20개 마커의 SSR 분석 결과, 다형성이 높은 1개의 SSR 마커와 2개 마커를 이용한 4개 조합(Sat_245 + Sat_342, Sat_245 + Satt197, Sat_245 + Sat_076, Sat_245 + Sat_022)이 선정되었으며, 이중 어느 조합을 사용하여도 한국 콩 보급 및 특수품종 30품종이 모두 판별되었다.

제5절 [제3협동과제: 보리 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종 특성의 국가 표준 DB 구축]

1) 서론

보리(*Hordeum vulgare*)는 2012년 재배면적이 30,667ha이고 생산량이 121,540톤에 달하며(농림축산식품 통계연보 2013), 2014년 8월 현재까지 품종보호 등록된 품종이 94품종, 생산수입판매 신고된 품종이 2품종으로 식량작물로서는 벼 다음으로 많은 품종이 국내에서 유통이 되고 있다 (<http://www.seed.go.kr>). 국내 보리 품종식별 연구는 Kwon 등(2012)이 SSR 마커를 이용하여 71품종에 대한 유연관계 분석 이후, So 등(2014)이 48품종의 hordein 밴드패턴의 다양성을 보고 이러한 hordein 밴드패턴을 D/B화하여 기존 품종으로 관리, 활용하면서 품종구별 및 출원품종과 비교될 대조품종의 선별 가능성에 대하여 검토한 결과가 있으나 PCR 증폭산물의 증폭의 정확도가 낮아 대립유전자의 크기를 정확히 산출하기가 어려워 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 어려움이 있었다. 따라서 보리의 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 정밀한 기자재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 보리의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 제1세부과제로부터 분양받은 24개 SSR 마커를 이용하여 1차적으로 32품종을 이용하여 품종식별에 효율적인 최소 마커를 선정하고, 신규의 프라이머로부터 보리 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발함으로써 보리 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축에 관한 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

2) 재료 및 방법

가. 식물재료

본 실험에 사용되는 품종은 국내에서 유통되고 있는 것으로 국립식량과학원과 국립농업과학원 유전자원센터에서 분양받은 총 88종을 이용하였다.

나. 보리의 농업적 특성 조사

보리의 농업적 특성 조사는 종자 산업법 제26조제1항 제8호에 의해 제출하는 “품종의 특성설명”은 “4. 특성별 조사기준 및 방법”에 따라 각각의 특성에 대하여 조사한다. 2014년 10월 17일 각 품종별 5알씩 종자침종을 1일 30℃에 침종한 후, 105구 트레이 (7 × 15 cm)에 파종하였다. 105구 트레이에서 2주간 28±2℃로 유지되는 유리온실에서 재배한 후, 50 cm 간격으로 조성된 밭에 이식하였다. 보리 품종 특성조사는 보리의 “특성별 조사기준 및 방법” (표 1)에 의해 조사를 실시한 한다.

표 1. 특성별 조사기준 및 방법

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
1 (*) (+) QN	식물체: 생장습성 (충성)	직립 반직립 중간 반포복 포복	1 3 5 7 9		25-29 VG 월동후 전체주를 관찰
1.1 QN	한해 정도	낮다 중간 높다	3 5 7		14-17 VG

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
1.2 (+) QL	초엽의 구분	병성 와성	1 9		8-10 VG 암발아한 초엽의 크기와 모양을 보고 판단
2 (* QL	하부 잎: 엽초의 털	없다 있다	1 9		25-29 VS 최고분얼기에 줄기 기부에서 관찰
3 (* QL	지엽: 엽이의 안토시아닌 색	없다 있다	1 9		45-49 VG 수잉기에 관찰
4 (* QN	지엽: 엽이의 안토시아닌 색 농도	매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		45-49 VG 수잉기에 관찰
5 (+) QN	지엽: 늘어진 지엽을 가진 식물체 의 빈도	없거나 매우 적다 적다 중간 많다 매우 많다	1 3 5 7 9		49 VG 출수 전 수잉기 때 관찰
6 QN	지엽: 엽초의 백분체	없거나 매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		50-60 VG 출수기에 조사
7 (* QN	출수기	매우 빠르다 빠르다 중간 늦다 매우 늦다	1 3 5 7 9		50-52 VG 이삭의 50%에서 첫 소수가 관찰되는 날
8 (* QL	까락: 까락 끝의 안토시아닌 색	없다 있다	1 9		60-65 VG
9 (* QN	까락: 까락 끝의 안토시아닌 색 농도	매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		60-65 VG 개화기에 관찰
10 (* QN	이삭: 백분체	없거나 매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		65-75 VG 유숙기에 관찰
11 (+) QN	이삭: 자세	직립 반직립 수평 반쯤 숙임 완전히 숙임	1 3 5 7 9		92 VG
12 (* QN	식물체: 초장(간장, 이삭 망 포함)	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	1 3 5 7 9		75-92 MG/MS
12.1 (* QN	식물체: 간장(이삭, 망 제외)	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	1 3 5 7 9		75-92 MG/MS 개체의 최장간에 대해 지체부 부터 이삭목까지의 길이
13 (* QL	이삭: 조성(條性)	두줄 여섯줄 부재조	1 2 3		80-92 VG 이삭의 소수조열
14 (+) PQ	이삭: 형태	추형 봉형 방추형	1 2 3		80-92 VG 황숙기에 관찰

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
15 (*) QN	이삭: 밀도	매우 성기다 성기다 중간 뻣뻣하다 매우 뻣뻣하다	1 3 5 7 9		80-92 VS/MG/MS 성숙기에 이삭의 수축결간의 조밀도 관찰
16 QN	이삭: 길이	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	1 3 5 7 9		80-92 MG/MS
17 (*) (+) QN	까락: 길이	짧다 중간 길다	3 5 7		80-92 VS/MG/MS 이삭길이에 대한 망의 길이를 비교
17.1 (*) QL	까락: 종류	무망 삼차망 유망	1 2 3		80-92 VG
17.2 (*) (+) QL	까락: 가장자리의 작은 가시	없다 있다	1 9		80-92 VG 손으로 만졌을 때의 감각으로 조사
18 QN	수축: 첫째 마디의 길이	짧다 중간 길다	3 5 7		92 VS/MG/MS 이삭목 위 첫마디 관찰
19 (+) QN	수축: 첫째 마디의 구부러진 정도	없거나 매우 약하다 약하다 중간 강하다 매우 강하다	1 3 5 7 9		92 VG 이삭목 위 첫마디 관찰
20 (*) (+) QN	퇴화소수: 배열 (두줄보리만)	평행 약간 벌어짐 벌어짐	1 2 3		92 VG 이삭 중간부위 관찰
21 (+) QN	중앙소수: 종실 대비한 호영+ 호영망의 길이	더 짧다 같다 더 길다	1 2 3		92 VG
21.1 (+) QN	수축의 지그재그 정도	약하다 중간 심하다	3 5 7		92 VG 이삭 중앙부분의 측면의 열을 조사
22 (*) (+) QN	종실: 저자(底刺)의 털 형태	짧다 길다	1 2		92 VG 실체현미경으로 10배 정도 확대하여 관찰
22.1 QN	종실: 저자 (底刺) 축의 길이	짧다 중간 길다	3 5 7		92 VG 실체현미경으로 10배 정도 확대하여 관찰
23 (*) QL	종실: 피과성	쌀보리 겉보리	1 9		92 VG 곡립외영의 분리 유무, 수확탈곡후 관찰
24 QN	종실: 바깥껍질에 있는 도관 부위의 안토시아닌 색	없거나 매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		80-85 VG 등숙시 세로로 색깔의 발현정도를 조사 (흑색의 경우 9)

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
25 (+) QN	종실: 바깥껍질의 측생도관 안쪽에 있는 가시	없거나 매우 적다 적다 중간 많다 매우 많다	1 3 5 7 9		92 VG 실체현미경으로 20배 정도 확대하여 관찰
26 (* (+) QL	종실: 종구하단의 털	없다 있다	1 9		92 VG 실체현미경으로 40배 정도 확대하여 관찰
27 (+) QL	종실: 인피의 배치	앞에 있음 감싸고 있음	1 2		92 VG
27.1 QN	종실: 크기 (겉보리만 해당)	작다 중간 크다	3 5 7		92 VG/MG/MS 수확 후 천립중 측정
27.2 QN	날알: 크기 (쌀보리만 해당)	작다 중간 크다	3 5 7		92 VG/MG/MS 수확 후 천립중 측정
28 PQ	날알: 호분층의 색	무착색 연한 착색 진한 착색 흑색	1 2 3 4		92 VG 등숙 후 호분층의 색깔을 관찰
29 (* (+) QN	과성	I II III IV V VI	1 2 3 4 5 6		VG 일정한 시험조건에서 정해진 표준품종과 비교해야 함
30 (* QL	날알: 배유 특성	찰성 메성	1 9	새찰쌀보리 올보리, 새쌀보리, 호품보리	80-99 VG 요오드 반응검사

다. DNA 및 RNA 추출방법

DNA는 Nucleospin[®]Plant kit (Macherey-Nagel Cat. 740 570.50)를 이용하여 분리하였다. 보리 종자 4알 (약 100 mg)씩 막자사발에 넣고 액체질소를 사용하여 마쇄하였다. Tube에 시료를 옮겨 300 μ l PL2 buffer를 넣고 vortex로 교반하였다. 10 μ l RNase A를 넣어 65 $^{\circ}$ C 항온수조에서 10분간 온탕하고, 75 μ l PL3 buffer를 넣어 얼음 위에서 5분간 정치하였다. Nucleospin[®]filter에 옮기고 14,000 rpm으로 5분간 원심분리 하였다. 새로운 1.5 ml tube를 준비하여 상청액을 옮기고 450 μ l PC buffer를 넣어 혼합하고, NucleoSpin[®] Plant II Column에 옮겨 14,000 rpm 1분간 원심분리하여 하청액은 버리고 400 μ l PW1 buffer를 넣고 14,000 rpm 1분간 원심분리 하였다. 하청액을 버리고 700 μ l PW2 buffer를 넣고 1분간 원심분리하고, 200 μ l PW2 buffer를 넣어 세척하였다. 여분의 용액을 완전히 제거한 이후 spin column을 1.5 ml tube에 장착하고 원심분리 한 뒤, 50 μ l PE buffer를 넣고 65 $^{\circ}$ C 항온수조에서 5분간 온탕 후, 14,000 rpm에서 원심분리 하였다. 추출한 용액은 Nano-drop2000 (Thermo Scientific, USA) 분광광도계를 사용하여 농도를 측정한 뒤, 20 ng/ μ l로 맞추어 -20 $^{\circ}$ C에 보관 후 실험에 사용하였다.

Total RNA는 RNeasy plant mini kit (QIAGEN, Germany)를 사용하여 추출하였다. 신선한 보리 잎 100 mg 정량하여 막자사발에 넣고 액체질소와 막자를 이용하여 마쇄하였으며, β -mercaptoetanol이 포함된 450 μ l RLT buffer를 첨가하여 완전히 마쇄한

뒤, 교반하여 Qiashadder spin column으로 옮기고 13,000 rpm으로 1분간 원심분리 하였다. 상청액은 새로운 tube로 옮기고 상청액의 0.5 volume 99% 에탄올을 첨가한 뒤, RNeasy spin column에 옮겨 재차 원심분리 하였다. 700 μ l RW1 buffer로 column을 세척 한 후 500 μ l RPE buffer를 첨가하여 plasmid DNA를 세척하였다. 이후 spin column을 1.5 ml tube에 장착하고 원심분리하여 여분의 PE buffer 성분을 완전히 제거 하고 30 μ l RNase free water로 용해하였다.

라. PCR 분석 방법

PCR은 보리 genomic DNA 25 ng을 template DNA로 이용하여, 10 \times buffer (500 mM KCl; 100 mM Tris-HCl, pH 8.3; 15 mM MgCl₂), 2.5 mM의 dNTP mixture, 10 pmol의 SSR primer, 1 unit의 *Taq* DNA polymerase를 첨가하여 실시하였다. PCR은 UNO II Thermocycler (Biometra, Germany)에서 40 cycle을 실시하였으며, Initial denaturation은 96 $^{\circ}$ C 1분, Denaturation은 96 $^{\circ}$ C 에서 5분, Annealing은 47-60 $^{\circ}$ C 에서 30초, 그리고 Extension을 72 $^{\circ}$ C 에서 5분간 수행하였다. PCR이 완료된 후 5 μ l의 증폭 산물을 1 μ g/ μ l ethidium bromide가 첨가된 QIAxcl (QIAGEN Co., GERMANY)을 이용하여 PCR 산물의 증폭 여부를 확인하였다.

마. DNA 마커

본 실험에 사용된 SSR (simple sequence repeat) 마커는 국제 유전체 연구 D/B (<http://barleygenomics.wsu.edu/>)에 정보가 공개된 99개 마커와 자체 주문 제작한 447개 마커 등 총 547개 마커를 이용하였다.

바. 품종유사성 판단 기법 및 판단 근거 기준 확립

PCR이 완료된 후 유전자 증폭 산물은 QIAxcl (QIAGEN Co., GERMANY)를 활용하여 genotyping을 하였다. Genotyping한 자료를 이용하여 NTSYSpc2.21을 이용한 품종별 유전적 유사도 검정 및 품종식별 능력을 검정하였다. 보리 품종 식별 가능성 검정은 상기에서 자동 염기서열분석기로 확인한 대립유전자 크기를 이용하여 본 실험에 따른 PIC(polymorphism information content)값을 산출하여 마커의 보리 품종 식별 가능성을 조사하였다 (Anderson et al., 1993).

사. Ring test

국내 보리품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 보리 품종식별에 효과적인 마커를 선별하기 위하여 국립종자원에서 교차지원 받은 15개의 마커를 이용하여 PCR 하였다 (표 2).

표 2. Ring test를 위한 국립종자원으로부터 분양받은 primer

No.	Barley SSR Marker	Repeat Motif	Forward Primer (5'→3')	Reverse Primer (5'→3')
1	Bmac0134	(AC) ₂₈	CCAAGTCTGATCGATCTCG	CTTCGTTGCTTCTCTACCTT
2	Bmac0209	(AC) ₁₃	CTAGCAACTTCCCAACCGAC	ATGCCTGTGTGTGGACCAT
3	Bmac0273	(AC) ₂₀ (AG) ₂₀	ACAAAGCTCGTGGTACGT	AGGGAGTATTTACCCCTTG
4	Bmag0211	(CT) ₁₆	ATTCATCGATCTTGTATTAGTCC	ACATCATGTCGATCAAAGC
5	Bmag0323	(CT) ₂₄	TTTGTGACATCTCAAGAACAC	TGACAAACAAATAATCACAGG

6	Bmag0337	(AG) ₂₂	ACAAAGAGGGAGTAGTACGC	GACCCATGATATATGAAGATCA
7	EBmac0711		CAAAAGCAAAAATCATGAGA	CTAGGTGTGATGAGGGTTTC
8	HVM40	(GA) ₆ (GT) ₄ (GA) ₇	CGATTCCCCTTTTCCAC	ATTCTCCGCCGTCCACTC
9	HVM67	(GA) ₁₁	GTCGGGCTCCATTGCTCT	CCGGTACCCAGTGACGAC
10	EBmac0764		AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
11	Bmac0018	(AC) ₁₁	GTCCTTTACGCATGAACCGT	ACATACGCCAGACTCGTGTG
12	Bmag0009	(AG) ₁₃	AAGTGAAGCAAGCAAACAACA	ATCCTTCCATATTTTGATTAGGCA
13	HVM74	(GA) ₁₃	AGGAAGTCATTGCGTGAG	TGATCAAGAATGATAACATGG
14	Bmag0378	(AG) ₁₄	CTTTTGTTCCTAGCATCTA	ATCCAACATAGTAGCAAAGCC
15	Bmag0136	(AG) ₆ -(AG) ₁₀ -(AG) ₆	GTACGCTTTCAAACCTGG	GTAGGAGGAAGAATAAGGAGG

3) 결과

1. 작물별 특성에 대한 표준품종 선정

분양받은 보리 품종은 표2와 같다. 총 분양받은 보리품종은 88종이며, 국립식량과학원에서 82품종, 국립농업과학원 유전자원센터에서 6품종을 분양받았다. 분양받은 품종에서 쌀보리 32종, 겉보리 32종, 맥주보리 24종이었다. 이와 같이 국내 유통되고 있는 보리 유전자원으로 88품종을 구축하였다 (표 3).

보리를 파종하고 월동 후 전체주를 관찰하였을 때 한해를 나는 정도가 낮은 품종은 올보리와 새찰쌀보리, 중간은 새쌀보리, 높은품종은 진양보리, 최고 분얼기에 줄기의 기부에서 관찰이 가능한 엽초의 털의 유무는 없는 품종은 새쌀보리로, 털이 있는 품종은 올보리와 새찰쌀보리로, 지엽의 직립성 정도에 따라 직립이면 새쌀보리, 반직립은 올보리, 새찰쌀보리, 반쯤숙인 품종은 진양보리로, 지엽 엽이의 안토시아닌 색 유무에 따라 없으면 새찰쌀보리, 있다면 올보리, 새쌀보리, 진양보리로, 엽이의 안토시아닌 색 농도가 매우 옅으면 올보리, 새찰보리, 짙으면 진양보리. 초엽의 잎, 까락, 형질을 종합적으로 관찰하여 왜성인자가 나타나면 새찰보리, 없으면 올보리, 새찰보리, 진양보리로 나타났다. 출수기가 중간기에 올보리, 새찰보리, 새찰보리, 진양보리. 까락끝의 안토시아닌 색 농도가 나타나지 않으면 올보리, 새찰보리, 나타나면 쌀보리, 진양보리로. 까락 끝의 안토시아닌 색 농도가 매우 옅으면 새찰보리, 진양보리, 옅으면 올보리, 새찰보리로. 이삭 백분체 정도가 중간이면 올보리, 새찰보리, 진양보리로. 이삭의 직립성 정도가 직립이면 올보리, 새찰보리, 새찰보리, 진양보리로. 식물체 간장이 극단간 품종은 두산8호, 중간형은 새찰보리, 새찰보리, 장간에 진양보리, 극장간에 올보리. 이삭의 두줄보리에 진양보리, 올보리, 새찰보리, 새찰보리가 여섯줄보리에 속하였다. 이삭모양은 봉형에 속하는 올보리, 새찰보리, 새찰보리, 진양보리. 망의 길이가 단망형이면 새찰보리, 중간형이면 올보리, 새찰보리, 진양보리로. 까락 가장자리의 작은 가시가 있는 품종으로 올보리, 새찰보리, 새찰보리, 진양보리. 수축의 첫째마디의 길이가 짧은 품종에 올보리, 새찰보리, 진양보리가 속하였다. 올보리는 이삭목 첫째마디의 구부러진 정도가 약하고 두줄보리에 해당하는 진양보리의 수축마디 굵은정도는 매우 약하였다. 6줄 보리인 올보리의 수축의 지그재그 정도는 매우 약하고, 진양보리의 퇴화소수의 형태가 약간벌어 졌으며 퇴화소수 끝부분이 둥근형태를 나타내며 호영과 호영망의 길이가 같았다. 진양보리의 종실 자의 털 형태는 길고, 올보리는 짧았다. 종실 바깥껍질에 있는 도관부위의 안토시아닌의 색깔이 올보리와 새찰보리가 없거나 매우 옅게 나타났다. 종실 종구하단의 털이 없는 품종은 올보리와 새찰보리는 있는 품종은 찰보리리와 사천6호다. 올보리의 종실 인피의 형태는 서로 감싸고 있고, 배유의 형태가 찰성인 새찰보리와, 올보리, 새

쌀보리, 진양보리는 메성이었다 (표 4).

표 3. 분양 받은 보리 품종 DB 구축

No	Accession No.	English name	Scientific name	Cultivars name	Agronomic trait	Origines	Type
01	KB0001	Ganghossalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	강호쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
02	KB0002	Gwanghwalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	광활쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
03	KB0003	Ginssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	긴쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
04	KB0004	Namhossalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	남호쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
05	KB0005	Naehanssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	내한쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
06	KB0006	Neulssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	늘쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
07	KB0007	Dasongssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	다송쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
08	KB0008	Dapungssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	다풍쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
09	KB0009	Daehossalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	대호쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
10	KB0010	Donghanssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	동한쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
11	KB0011	Donghossalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	동호쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
12	KB0012	Duwonchapssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	두원찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
13	KB0013	Baekdong	<i>Hordeum vulgare</i>	백동	쌀보리	국립식량과학원	종자
14	KB0014	Saeneulssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새늘쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
15	KB0015	Saessalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
16	KB0016	Saechalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
17	KB0017	Saehanchalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새한찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
18	KB0018	Songhak	<i>Hordeum vulgare</i>	송학	쌀보리	국립식량과학원	종자
19	KB0019	Olssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	울쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
20	KB0020	Jasujeongchalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	자수정찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
21	KB0021	Jaegangssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	재강쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
22	KB0022	Jaeanssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	재안쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
23	KB0023	Jinmichapssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	진미찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
24	KB0024	Jinjuchalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	진주찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
25	KB0025	Chalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
26	KB0026	Cheonghossalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	청호쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
27	KB0027	Chunchussalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	춘추쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
28	KB0028	Pungsanchalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	풍산찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
29	KB0029	Hobanssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	호반찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
30	KB0030	Huinssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	흰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
31	KB0031	Huinchalssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	흰찰쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	종자
32	KB0032	Gangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	강보리	겉보리	국립식량과학원	종자

33	KB0033	Geongangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	건강보리	겉보리	국립식량과학원	종자
34	KB0034	Gwanganbori	<i>Hordeum vulgare</i>	광안보리	겉보리	국립식량과학원	종자
35	KB0035	Nangnyeongbori	<i>Hordeum vulgare</i>	낙영보리	겉보리	국립식량과학원	종자
36	KB0036	Dahyangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	다향보리	겉보리	국립식량과학원	종자
37	KB0037	Daebaekbori	<i>Hordeum vulgare</i>	대백보리	겉보리	국립식량과학원	종자
38	KB0038	Daeyeonbori	<i>Hordeum vulgare</i>	대연보리	겉보리	국립식량과학원	종자
39	KB0039	Daejinbori	<i>Hordeum vulgare</i>	대진보리	겉보리	국립식량과학원	종자
40	KB0040	Mirakbori	<i>Hordeum vulgare</i>	미락보리	겉보리	국립식량과학원	종자
41	KB0041	Millyanggeotbori	<i>Hordeum vulgare</i>	밀양겉보리	겉보리	국립식량과학원	종자
42	KB0042	Samgwangchalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	삼광찰보리	겉보리	국립식량과학원	종자
43	KB0043	Sangnokbori	<i>Hordeum vulgare</i>	상록보리	겉보리	국립식량과학원	종자
44	KB0044	Saegangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새강보리	겉보리	국립식량과학원	종자
45	KB0045	Saealbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새알보리	겉보리	국립식량과학원	종자
46	KB0046	Saeolbori	<i>Hordeum vulgare</i>	새올보리	겉보리	국립식량과학원	종자
47	KB0047	Seodunchalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	서둔찰보리	겉보리	국립식량과학원	종자
48	KB0048	Albori	<i>Hordeum vulgare</i>	알보리	겉보리	국립식량과학원	종자
49	KB0049	Alchanbori	<i>Hordeum vulgare</i>	알찬보리	겉보리	국립식량과학원	종자
50	KB0050	Yeongyangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	영양보리	겉보리	국립식량과학원	종자
51	KB0051	Owolbori	<i>Hordeum vulgare</i>	오월보리	겉보리	국립식량과학원	종자
52	KB0052	Olbori	<i>Hordeum vulgare</i>	올보리	겉보리	국립식량과학원	종자
53	KB0053	Chalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	찰보리	겉보리	국립식량과학원	종자
54	KB0054	Keunalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	큰알보리	겉보리	국립식량과학원	종자
55	KB0055	Keunalbori1ho	<i>Hordeum vulgare</i>	큰알보리1호	겉보리	국립식량과학원	종자
56	KB0056	Tapgolbori	<i>Hordeum vulgare</i>	탑골보리	겉보리	국립식량과학원	종자
57	KB0057	Taegangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	태강보리	겉보리	국립식량과학원	종자
58	KB0058	Taepyeongbori	<i>Hordeum vulgare</i>	태평보리	겉보리	국립식량과학원	종자
59	KB0059	Paldobori	<i>Hordeum vulgare</i>	팔도보리	겉보리	국립식량과학원	종자
60	KB0060	Hyedangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	혜당보리	겉보리	국립식량과학원	종자
61	KB0061	Hyemibori	<i>Hordeum vulgare</i>	혜미보리	겉보리	국립식량과학원	종자
62	KB0062	Hwanggeumchalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	황금찰보리	겉보리	국립식량과학원	종자
63	KB0063	Gwangmaekbori	<i>Hordeum vulgare</i>	광맥보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
64	KB0064	Namhyangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	남향보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
65	KB0065	Dajinbori	<i>Hordeum vulgare</i>	다진보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
66	KB0066	Dahobori	<i>Hordeum vulgare</i>	다호보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
67	KB0067	Danwonbori	<i>Hordeum vulgare</i>	단원보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
68	KB0068	Daeabori	<i>Hordeum vulgare</i>	대아보리	맥주보리	국립식량과학원	종자

69	KB0069	Daeyeongbori	<i>Hordeum vulgare</i>	대영보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
70	KB0070	Dusan8ho	<i>Hordeum vulgare</i>	두산8호	맥주보리	국립식량과학원	종자
71	KB0071	Dusan29ho	<i>Hordeum vulgare</i>	두산29호	맥주보리	국립식량과학원	종자
72	KB0072	Maekyangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	맥향보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
73	KB0073	Baekobori	<i>Hordeum vulgare</i>	백호보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
74	KB0074	Sacheon6ho	<i>Hordeum vulgare</i>	사천6호	맥주보리	국립식량과학원	종자
75	KB0075	Samdobori	<i>Hordeum vulgare</i>	삼도보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
76	KB0076	Sinhobori	<i>Hordeum vulgare</i>	신호보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
77	KB0077	Oreumbori	<i>Hordeum vulgare</i>	오름보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
78	KB0078	Iljinbori	<i>Hordeum vulgare</i>	일진보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
79	KB0079	Jejubori	<i>Hordeum vulgare</i>	제주보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
80	KB0080	Jingwangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	진광보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
81	KB0081	Jinyangbori	<i>Hordeum vulgare</i>	진양보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
82	KB0082	Hopumbori	<i>Hordeum vulgare</i>	호품보리	맥주보리	국립식량과학원	종자
83	KB0083	Golden promise 1	<i>Hordeum vulgare</i>	Golden promise 1	맥주보리	국립농업과학원 유전자원센터	종자
84	KB0084	Golden promise 2	<i>Hordeum vulgare</i>	Golden promise 2	맥주보리	국립농업과학원 유전자원센터	종자
85	KB0085	Golden promise 3	<i>Hordeum vulgare</i>	Golden promise 3	맥주보리	국립농업과학원 유전자원센터	종자
86	KB0086	Golden promise 4	<i>Hordeum vulgare</i>	Golden promise 4	맥주보리	국립농업과학원 유전자원센터	종자
87	KB0087	Seonubori	<i>Hordeum vulgare</i>	선우보리	겉보리	국립식량과학원	DN A
88	KB00088	Mudeungssalbori	<i>Hordeum vulgare</i>	무등쌀보리	쌀보리	국립식량과학원	DN A

표 4. 작물별 특성에 대한 표준품종 선정

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
1 (*) (+) QN	식물체: 생장습성 (총성)	직립 반직립 중간 반포복 포복	1 3 5 7 9	1.다풍쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 송학, 재강쌀보리, 진미잡쌀보리, 찰쌀보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 다호보리, 단원보리, 일진보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4	25-29 VG 월동후 전체주를 관찰

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
1.1 QN	한해 정도	낮다 중간 높다	3 5 7	3. 남호쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 새한찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 밀양길보리, 삼광찰보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 울보리, 태강보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 으뜸보리, 일진보리, 제주보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리	14-17 VG
1.2 (+) QL	초엽의 구분	병성 와성	1 9	1. 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 호찰쌀보리, 낙영보리, 다향보리, 대진보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 탑골보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 단원보리, 맥향보리, 백동, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 으뜸보리, 일진보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리	8-10 VG 암받아한 초엽의 크기와 모양을 보고 판단
2 (* QL	하부 잎: 엽초의 털	없다 있다	1 9	1. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, 미락보리, 밀양길보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 으뜸보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	25-29 VS 최고분얼기에 줄기 기부에서 관찰
3 (* QL	지엽: 엽이의 안토시아닌 색	없다 있다	1 9		45-49 VG 수잉기에 관찰

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
4 (*) QN	지엽: 엽이의 안토시아닌 색 농도	매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		45-49 VG 수잉기에 관찰
5 (+) QN	지엽: 늘어진 지엽을 가진 식물체 의 빈도	없거나 매우 적다 적다 중간 많다 매우 많다	1 3 5 7 9		49 VG 출수 전 수잉기 때 관찰
6 QN	지엽: 엽초의 백분체	없거나 매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		50-60 VG 출수기에 조사
7 (*) QN	출수기	매우 빠르다 빠르다 중간 늦다 매우 늦다	1 3 5 7 9		50-52 VG 이삭의 50%에서 첫 소수가 관찰되는 날
8 (*) QL	까락: 까락 끝의 안토시아닌 색	없다 있다	1 9	9. 남호쌀보리, 다송쌀보리, 동 한쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보 리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보 리, 자수정찰쌀보리, 계안찰보 리, 찰쌀보리, 징호쌀보리, 풍 산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰 찰쌀보리, 건강보리, 광안보 리, 다향보리, 대백보리, 밀양 길보리, 삼광찰보리, 상록보 리, 셋강보리, 새알보리, 알찰 보리, 영양보리, 찰보리, 큰알 보리, 큰알보리1호, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보 리, 헤미보리, 황금찰보리, 광 맥보리, 다진, 다호, 대아보 리, 두산8호, 두산29호, 백호 보리, 신호보리, 오름보리, 일 진보리, 제주보리, 진양보리, 호품보리, 선우보리	60-65 VG
9 (*) QN	까락: 까락 끝의 안토시아닌 색 농도	매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9	1. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 개강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 나영보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 셋강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보리, 광맥보리, 남향보리, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리	60-65 VG 개화기에 관찰

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
10 (*) QN	이삭: 백분체	없거나 매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		65-75 VG 유숙기에 관찰
11 (+) QN	이삭: 자세	직립 반직립 수평 수평속임 완전히 속임	1 3 5 7 9		92 VG
12 (*) QN	식물체: 초장(간장, 이삭 망 포함)	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	1 3 5 7 9	5.광활쌀보리, 내한쌀보리, 다중호쌀보리, 대호쌀보리, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 재진주쌀보리, 진주쌀보리, 풍산쌀보리, 광안보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 대백보리, 새알보리, 새알찰보리, 알찰보리, 큰알보리, 팔도보리, 해미보리, 광맥보리, 맥향보리, 오름보리, 활쌀보리, 내한쌀보리, 대호쌀보리, 대원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 재진주쌀보리, 진주쌀보리, 풍산쌀보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 대백보리, 새알보리, 새알찰보리, 알보리, 알찰보리, 큰알보리, 태강보리, 팔도보리, 해미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 대연보리, 두산8호, 맥향보리, 대백보리, 일진보리, 선우보리	75-92 MG/MS
12.1 (*) QN	식물체: 간장(이삭, 망 제외)	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	1 3 5 7 9	5.내한쌀보리, 다중호쌀보리, 대호쌀보리, 재진주쌀보리, 대진보리, 대백보리, 새알보리, 새알찰보리, 알찰보리, 큰알보리, 팔도보리, 해미보리, 광맥보리, 맥향보리, 활쌀보리, 내한쌀보리, 대호쌀보리, 대원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 재진주쌀보리, 진주쌀보리, 풍산쌀보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 대백보리, 새알보리, 새알찰보리, 알보리, 알찰보리, 큰알보리, 태강보리, 팔도보리, 해미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 대연보리, 두산8호, 맥향보리, 대백보리, 일진보리, 선우보리	75-92 MG/MS 개체의 최장간에 대해 지체부 부터 이삭목 까지의 길이
13 (*) QL	이삭: 조성(條性)	두줄 여섯줄 부채조	1 2 3	2.강호쌀보리, 긴쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 송학, 자수정쌀보리, 재안쌀보리, 진주쌀보리, 청호쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰보리, 건강보리, 낙영보리, 대백보리, 대진보리, 대진찰보리, 상록보리, 새알보리, 서둔찰보리, 알찰보리, 오월보리, 큰알보리, 탐골보리, 태평보리, 해미보리, 선우보리, 광활쌀보리, 호쌀보리, 다송쌀보리, 동한쌀보리, 백동, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 정찰보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰보리, 진주찰보리, 청호찰보리, 춘추찰보리, 호반찰보리, 흰찰보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양걸보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찰보리, 영양보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해미보리, 무등보리, 황금찰보리, 무등보리, 선우보리	80-92 VG 이삭의 소수조열

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
14 (+) PQ	이삭: 형태	추형 성기다 방추형	1 2 3		80-92 VG 황숙기에 관찰
15 (* QN	이삭: 밀도	매우 성기다 성기다 중간 뻣뻣하다 매우 뻣뻣하다	1 3 5 7 9	5. 긴쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양결보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 단원보리, 대아보리, 두산29호, 백호보리, 신호보리, 일진보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 4, 선우보리	80-92 VS/MG/MS 성숙기에 이삭의 수축절간의 조밀도 관찰
16 QN	이삭: 길이	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	1 3 5 7 9		80-92 MG/MS
17 (* (+) QN	까락: 길이	짧다 중간 길다	3 5 7		80-92 VS/MG/MS 이삭길이에 대한 망의 길이를 비교
17.1 (* QL	까락: 종류	무망 삼차망 유망	1 2 3		80-92 VG

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
17.2 (*) (+) QL	까락: 가장자리의 작은 가시	없다 있다	1 9	9. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 남늘쌀보리, 다송쌀보리, 다홍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 진주호찰쌀보리, 춘추찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양걸보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보리, 혜미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	80-92 VG 손으로 만졌을 때의 감각으로 조사
18 QN	수축: 첫째 마디의 길이	짧다 중간 길다	3 5 7	3. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다송쌀보리, 다홍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 진주호찰쌀보리, 춘추찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양걸보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보리, 혜미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리	92 VS/MG/MS 이삭목 위 첫마디 관찰

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
19 (+) QN	수축: 첫째 마디의 구부러진 정도	없거나 매우 약하다 중간 강하다 매우 강하다	1 3 5 7 9	3. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다동쌀보리, 들쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 새송이쌀보리, 새울쌀보리, 자수찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘주쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 원찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대백보리, 대연보리, 미락보리, 밀양결보리, 상록보리, 새강보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알찬보리, 영양보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탐골보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 혜미보리, 황금찰보리, 광맥, 다진, 다호, 대야보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 으뜸보리, 진광보리, 호품보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리	92 VG 이삭목 위 첫마디 관찰
20 (* (+) QN	퇴화소수: 배열 (두줄보리만)	평행 약간 벌어짐 벌어짐	1 2 3	2. 두원찰쌀보리, 광맥, 풍산찰쌀보리, 광맥, 남향보리, 다진, 단원보리, 대야보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 일진보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4	92 VG 이삭 중간부위 관찰
21 (+) QN	중양소수: 종실 대비한 호영+ 호영망의 길이	더 짧다 같다 더 길다	1 2 3	3. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다동쌀보리, 다동쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 울쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘주쌀보리, 풍산찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 밀양결보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 혜미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 선우보리	92 VG
21.1 (+) QN	수축의 지그재그 정도	약하다 중간 심하다	3 5 7		92 VG 이삭 열을 중양부분의 측면의 조사

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
22 (*) (+) QN	종실: 저자(底刺)의 털 형태	짧다 중간 길다	1 2	1. 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 송쌀보리, 다품쌀보리, 대호쌀보리, 대호쌀보리, 두원찰쌀보리, 대호쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 송학, 울쌀보리, 청쌀보리, 진미찰쌀보리, 호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 회쌀보리, 회찰쌀보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 상록보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보리, 혜미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다호, 단원보리, 백호보리, 오름보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 1, 무등쌀보리, 선우보리	92 VG 실체현미경으로 10배 정도 확대하여 관찰
22.1 QN	종실: 저자 (底刺) 축의 길이	짧다 중간 길다	3 5 7	3. 강호쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다품쌀보리, 대호쌀보리, 대호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 쌀보리, 새찰쌀보리, 울쌀보리, 자수미찰쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 반찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 회쌀보리, 회찰쌀보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 새강보리, 새울보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 알보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 3, 무등쌀보리	92 VG 실체현미경으로 10배 정도 확대하여 관찰
23 (*) QL	종실: 피과성	쌀보리 겉보리	1 9	9. 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새 강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보리, 혜미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대연보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 선우보리	92 VG 곡립외영의 분리 유무, 수확탈곡후 관찰
24 QN	종실: 바깥껍질에 있는 도관 부위의 안토시아닌 색	없거나 매우 연하다 연하다 중간 진하다 매우 진하다	1 3 5 7 9		80-85 VG 등숙시 세로로 색깔의 발현정도를 조사 (흑색의 경우 9)

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
25 (+) QN	종실: 바깥껍질의 측생도관 안쪽에 있는 가시	없거나 매우 적다 중간 많다 매우 많다	1 3 5 7 9	3.남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘호쌀보리, 동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 배동, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 평안보리, 낙영보리, 대연보리, 새알보리, 새울보리, 영양보리, 큰알보리, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 해미보리, 다호, 대아보리, 사천6호, 오름보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	92 VG 실체현미경으로 20배 정도 확대하여 관찰
26 (* (+) QL	종실: 종구하단의 털	없다 있다	1 9	1.남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘호쌀보리, 다송쌀보리, 다동호쌀보리, 동한찰쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 제안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 태강보리, 팔도보리, 강보리, 평안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 상록보리, 새알보리, 새울보리, 알보리, 알찰보리, 영양보리, 알보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 태강보리, 해당보리, 해미보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 신호보리, 오름보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	92 VG 실체현미경으로 40배 정도 확대하여 관찰
27 (+) QL	종실: 인피의 배치	앞에 있음 감싸고 있음	1 2		92 VG
27.1 QN	종실: 크기 (겉보리만 해당)	작다 중간 크다	3 5 7	3.강보리, 다향보리, 대백보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새 강보리, 새울보리, 서문찰보리, 알보리, 알찰보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 해미보리, 황금찰보리, 무등쌀보리	92 VG/MG/MS 수확 후 천립중 측정
27.2 QN	날알: 크기 (쌀보리만 해당)	작다 중간 크다	3 5 7	3.광활쌀보리, 내한쌀보리, 늘호쌀보리, 다풍쌀보리, 두원찰쌀보리, 동호쌀보리, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 주찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 청호쌀보리, 추추쌀보리, 청호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 무등쌀보리	92 VG/MG/MS 수확 후 천립중 측정
28 PQ	날알: 호분층의 색	무착색 연한 착색 진한 착색 흑색	1 2 3 4		92 VG 등숙 후 호분층의 색깔을 관찰

번호	특성	표현형태	계급	표준품종	조사시기 및 방법
29 (* (+) QN	과성	I II III IV V VI	1 2 3 4 5 6	1. 동한찰보리, 두원찰보리, 재안찰보리, 진미찰보리, 찰보리, 풍산찰보리, 흰찰보리, 흰찰보리, 강보리, 건강보리, 상록보리, 새울보리, 영양보리, 영양보리, 큰알보리 1호, 황금찰보리, 남향보리, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리	VG 일정한 시험조건에서 일정한 표준품종과 비교해야 함
30 (* QL	날알: 배유 특성	찰성 메성	1 9	남호찰보리, 다송찰보리, 동호찰보리, 새늘찰보리, 울찰보리, 청호찰보리, 춘추찰보리, 풍산찰보리, 호반찰보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 다향보리, 대연보리, 미락보리, 밀양걸보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등찰보리, 선우보리	80-99 VG 요오드 반응검사

2. 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화

보리의 형질특성 조사수 39개 중 27를 조사하였다. 1. 식물체 성장습성의 계급은 1,3,5,7,9로 계급1은 직립형으로 다풍찰보리, 동호찰보리, 백동, 송학, 재강찰보리, 진미찰보리, 찰보리, 대진보리, 미락보리, 밀양걸보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 다호보리, 단원보리, 일진보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4을 포함한 32품종이다. 반직립형을 나타내는 품종은 강호찰보리, 새찰보리, 새찰보리, 울찰보리, 자수정찰보리, 춘추찰보리, 흰찰보리, 강보리, 다향보리, 대연보리, 삼광찰보리, 울보리, 탐골보리, 태평보리, 헤미보리, 광맥보리, 남향보리, 대아보리, 대영보리, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 신호보리, 오름보리, 진광보리, 진양보리, 무등찰보리로 28품종이고, 중간형을 나타내는 품종은 광찰보리, 내한찰보리, 다송찰보리, 대호찰보리, 동한찰보리, 두원찰보리, 새늘찰보리, 새한찰보리, 재안찰보리, 진주찰보리, 청호찰보리, 풍산찰보리, 호반찰보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대백보리, 오월보리, 태강보리, 다진보리, 두산8호, 삼도보리, 제주보리, 선우보리 등 24품종, 반포복형은 긴찰보리, 남호찰보리, 늘찰보리, 흰찰보리, 4품종이며 포복형은 나타나지 않았다.

1. 식물체 성장숙성(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
직립	1	다풍쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 송학, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 찰쌀보리, 대진보리, 밀양겉보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 다호보리, 단원보리, 일진보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4	32
반직립	3	강호쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 다향보리, 대연보리, 삼광찰보리, 울보리, 탑골보리, 태평보리, 헤미보리, 광맥보리, 남향보리, 대아보리, 대영보리, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 신호보리, 오름보리, 진광보리, 진양보리, 무등쌀보리	28
중간	5	광활쌀보리, 내한쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 새한찰쌀보리, 재안쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대백보리, 오월보리, 태강보리, 다진보리, 두산8호, 삼도보리, 제주보리, 선우보리	24
반포복	7	긴쌀보리, 남호쌀보리, 늘쌀보리, 흰쌀보리,	4
포복	9		0

1.1. 한해정도는 3,5,7의 계급으로 나뉘었으며, 표현형태가 낮은 품종은 남호쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 새한찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 울보리, 태강보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리를 포함한 48품종이고, 중간형은 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 대백보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 서둔찰보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, Golden promise 4, 선우보리로 34품종, 높은형질은 두원찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 태평보리, 황금찰보리, 진양보리 등의 6품으로 나왔다.

1.1. 한해정도			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
낮다	3	남호쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 새한찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대연보리, 대진보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 울보리, 태강보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리	48
중간	5	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 대백보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 서둔찰보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, Golden promise 4, 선우보리	34
높다	7	두원찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 태평보리, 황금찰보리, 진양보리	6

1.2. 초엽의 구분은 계급이 1,9로 표현하고 표준형태는 병성으로 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 찰쌀보리 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 낙영보리, 다향보리, 대진보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 탑골보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 단원보리, 맥향보리, 백동, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리를 포함하며 61개의 품종이 있다.

1.2. 초엽의 구분(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
병성	1	광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 찰쌀보리 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 낙영보리, 다향보리, 대진보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 탑골보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 단원보리, 맥향보리, 백동, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리	61
와성	9	강호쌀보리, 남호쌀보리, 다풍쌀보리, 새쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 대백보리, 대연보리, 미락보리, 밀양겉보리, 셋강보리, 새알보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태평보리, 헤미보리, 다호보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 제주보리, Golden promise 4	27

2. 하부잎 엽초의 털은 계급이 1,9로 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리를 포함한 63품종이 엽초의 털이 없었다.

2. 하부잎 : 엽초의 털(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
없다	1	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보	63

		리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	
있다	9	다송쌀보리, 새찰쌀보리, 자수정찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 삼광찰보리, 상록보리, 서둔찰보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태강보리, 헤미보리, 황금찰보리,	25

8. 까락: 까락 끝의 안토시아닌 색은 계급 1,9로 까락 끝에 안토시아닌 색이 나타나지 않은 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 낙영보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 남향보리, 단원보리, 대영보리, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 진광보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리 등의 40품종이다.

8. 까락: 까락 끝의 안토시아닌 색(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
없다	1	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 낙영보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 남향보리, 단원보리, 대영보리, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 진광보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리	40
있다	9	남호쌀보리, 다송쌀보리, 동한쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재안쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 다향보리, 대백보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 셋강보리, 새알보리, 알찬보리, 영양보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 다진, 다호, 대아보리, 두산8호, 두산29호, 백호보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진양보리, 호품보리, 선우보리	48

9. 까락: 까락 끝의 안토시아닌 색 농도가 매우연한 품종은 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 낙영보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 셋강보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 광맥보리, 남향보리, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리를 포함한 56개의 품종이다.

9. 까락: 까락 끝의 안토시아닌 색 농도(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
매우연하다	1	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 낙영보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 셋강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 광맥보리, 남향보리, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리	56
연하다	3	남호쌀보리, 다송쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 재안쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 다향보리, 대백보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새알보리, 알찬보리, 영양보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 황금찰보리, 백호보리, 오름보리, 일진보리, 선우보리	24
중간	5	동한쌀보리, 건강보리, 헤미보리, 다진보리, 대아보리	5
진하다	7	신호보리, 호품보리	2
매우진하다	9	자수정찰쌀보리	1

12. 식물체: 초장(간장, 이삭 망 포함)은 계급이 1,3,5,7,9이고, 중간형인 광활쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 미락보리, 셋강보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 오름보리, 일진보리, 선우보리의 품종이 가장 많이 나타났다.

12. 식물체: 초장(간장, 이삭 망 포함) (QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
매우짧다	1	송학, 다송청호쌀보리	1
짧다	3	긴쌀보리, 남호쌀보리, 늘쌀보리, 동한쌀보리, 백동, 자수정찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 탑골보리, 다진, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리	14
중간	5	광활쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 미락보리, 셋강보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 오름보리, 일진보리, 선우보리	43
길다	7	올쌀보리, 재강쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 대진보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새올보리, 서둔찰보리, 오월보리, 큰알보리 1호, 태평보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리	22
매우길다	9	강호쌀보리, 남향보리, 다호, 단원보리, 대아보리, 두산29호	6

12.1. 식물체: 간장(이삭 망 포함)은 계급이 1,3,5,7,9로 중간계급인 5번이 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 재안쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 낙영보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새강보리, 새알보리, 서둔찰보리, 알보리, 영양보리, 올보리, 태강보리, 흰쌀보리, 광맥보리, 단원보리, 대영보리, 맥향보리, 신호보리, 진양보리

로 품종수가 26개이다.

12.1. 식물체: 간장(이삭 망 포함) (QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
매우짧다	1	광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 늘쌀보리, 백동, 송학, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리	11
짧다	3	동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 광안보리, 다향보리, 대백보리, 상록보리, 탑골보리, 팔도보리, 다진, 두산8호, 백호보리, 일진보리, 선우보리	25
중간	5	내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 재안쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 낙영보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새강보리, 새알보리, 서둔찰보리, 알보리, 영양보리, 올보리, 태강보리, 흰쌀보리, 광맥보리, 단원보리, 대영보리, 맥향보리, 신호보리, 진양보리	26
길다	7	강호쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 대연보리, 새올보리, 알찬보리, 오월보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태평보리, 해당보리, 황금찰보리, 사천6호, 삼도보리, 오름보리, 제주보리, 진광보리, 호품보리,	20
매우길다	9	남향보리, 다호, 대아보리, 두산29호	4

13. 이삭의 조성은 계급이 1,2,3으로 여섯줄 보리인 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새 강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 무등쌀보리, 선우보리가 가장 많은 품종으로 나타났다.

13. 이삭: 조성(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
두줄	1	두원찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4	26
여섯줄	2	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새 강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 무등쌀보리, 선우보리	62
부제조	3		0

14. 이삭의 형태는 계급이 1,2,3으로 나뉘며 추형과 방추형에 비해 봉형의 형태가 가장 많이 나타났다. 광활쌀보리 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, Golden promise1, Golden promise2, Golden promise4, 무등쌀보리로 품종수는 53품종이다.

14. 이삭: 형태 (QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
추형	1	대호쌀보리, 새찰쌀보리, 송학, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰찰쌀보리, 낙영보리, 상록보리, 새강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태평보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 두산8호, 두산29호, 삼도보리, 신호보리, 으뜸보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, 선우보리	33
봉형	2	광활쌀보리 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 태강보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, Golden promise1, Golden promise2, Golden promise4, 무등쌀보리	53
방추형	3	강호쌀보리, Golden promise3	2

15. 이삭의 밀도는 계급이 1,3,5,7,9로 밀도가 중간형인 긴쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 단원보리, 대아보리, 두산29호, 백호보리, 신호보리, 일진보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 4, 선우보리가 42품종으로 그 수가 가장 많았다.

15. 이삭: 밀도(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
매우성기다	1		0
성기다	3	강호쌀보리, 늘쌀보리, 백동, 새쌀보리, 송학, 진미찰쌀보리, 흰쌀보리, 낙영보리, 대백보리, 올보리, 광맥, 다호, 사천6호, 삼도보리, 으뜸보리, 진광보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3	19

중간	5	긴쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새늘쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 단원보리, 대아보리, 두산29호, 백호보리, 신호보리, 일진보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 4, 선우보리	42
뽁뽁하다	7	광활쌀보리, 남호쌀보리, 다송쌀보리, 새한찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 흰찰쌀보리, 다향보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 서둔찰보리, 오월보리, 찰보리, 탐골보리, 태평보리, 팔도보리, 대영보리, 맥향보리, 무등쌀보리	22
매우뽁뽁하다	9	새찰쌀보리, 찰쌀보리, 새올보리	3

16. 이삭: 길이의 계급은 1,3,5,7,9이고, 길이가 짧은 품종이 많았다. 계급3번이 짧은 품종으로 광활쌀보리, 내한쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 건강보리, 낙영보리, 대연보리, 미락보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 서둔찰보리, 알보리, 송학, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 일진보리, 선우보리등 32품종이다.

16. 이삭 : 길이(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
매우짧다	1	긴쌀보리, 남호쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 올쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 강보리, 다향보리, 영양보리, 무등쌀보리	14
짧다	3	광활쌀보리, 내한쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 건강보리, 낙영보리, 대연보리, 미락보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 서둔찰보리, 알보리, 송학, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 일진보리, 선우보리	32
중간	5	동한쌀보리, 새늘쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 광안보리, 대백보리, 대진보리, 밀양겉보리, 새알보리, 새올보리, 오월보리, 큰알보리1호, 팔도보리, 대아보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 신호보리, 진양보리, Golden promise1	21
길다	7	강호쌀보리, 흰찰쌀보리, 남향보리, 다호, 단원보리, 사천6호, 삼도보리, 오름보리, 호품보리, Golden promise2 Golden promise3	11
매우길다	9	백동, 호반찰쌀보리, 다진, 대영보리, 두산29호, 제주보리, 진광보리, Golden promise4	8

17.1. 까락: 길이의 계급은 3,5,7으로 까락의 길이가 짧고, 긴 형태보다 중간형인 품종이 45개로 가장 많았다. 품종명칭은 긴쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 재강쌀보리, 찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 찰보리, 큰알보리1호, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 대아보리, 맥향보리, 백호보리, 제주보리, 진광보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise2, Golden promise3, Golden promise4, 선우보리와 같다.

17. 까락: 길이 (QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
짧다	3	남호쌀보리, 새쌀보리, 송학, 자수정찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 무등쌀보리,	6
중간	5	긴쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰	45

		보리, 백동, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 재강쌀보리, 찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 찰보리, 큰알보리1호, 팔도보리, 해당보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 대아보리, 맥향보리, 백호보리, 제주보리, 진광보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise2, Golden promise3, Golden promise4, 선우보리	
길다	7	강호쌀보리, 광활쌀보리, 내한쌀보리, 대호쌀보리, 새늘쌀보리, 울쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 강보리, 건강보리, 삼광찰보리, 새울보리, 서둔찰보리, 오월보리, 울보리, 큰알보리, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 헤미보리, 광맥, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 진양보리,	35

17.2. 까락: 가장자리의 작은 가시는 계급이 1,9로 나타내었고, 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리 등 88품종 모두가 가장자리에 작은 가시가 있었다.

17.2. 까락: 가장자리의 작은 가시(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
없다	1		0
있다	9	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 울쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	88

18. 수축: 첫째마디의 길이는 계급이 3,5,7으로 마디의 길이가 짧은 품종이 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보

리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리등 75품종이다.

18. 수축: 첫째마디의 길이(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
짧다	3	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리	75
중간	5	동한쌀보리, 자수정찰쌀보리, 청호쌀보리, 영양보리, 대아보리, 제주보리, 호품보리, Golden promise 1	8
길다	7	내한쌀보리, 늘쌀보리, 올쌀보리, 흰쌀보리, Golden promise 4	5

19. 수축: 첫째마디의 구부러진 정도는 계급이 1,3,5,7,9로 구부러진 정도가 약한 품종이 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대백보리, 대연보리, 미락보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알찬보리, 영양보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 다진, 다호, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 진광보리, 호품보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리로 가장 많았다.

19. 수축: 첫째마디의 구부러진 정도(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
없거나 매우 약하다	1	흰쌀보리, 다향보리, 삼광찰보리, 태강보리, 일진보리, 진양보리	6
약하다	3	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대백보리, 대연보리, 미락보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알	68

		찬보리, 영양보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 다진, 다호, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 으뜸보리, 진광보리, 호품보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 무등쌀보리, 선우보리	
중간	5	다송쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 강보리, 새알보리, 알보리, 오월보리, 단원보리	9
강하다	7	대진보리, 남향보리, 제주보리, Golden promise 1, Golden promise 4	5
매우강하다	9		0

20. 퇴화소수: 배열은 1,2,3의 3계급으로 나뉘며 배열이 약간 벌어지는 품종이 두원찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 광맥, 남향보리, 다진, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 일진보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4으로 21품종이 속한다.

20. 퇴화소수: 배열(두줄보리만) (QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
평행	1		0
약간 벌어짐	2	두원찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 광맥, 남향보리, 다진, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 일진보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4	21
벌어짐	3	다호, 두산29호, 으뜸보리, 제주보리, 진광보리	5

21. 중앙소수: 종실 대비한 호영+호영망의 길이는 계급이 1,2,3으로 호영과 호영망의 길이가 더 길게 나타난 품종이 강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 울쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새울보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 울보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 선우보리으로 가장 많았다.

21. 중앙소수: 종실 대비한 호영+호영망의 길이(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
더 짧다	1	남호쌀보리, 송학, 자수정찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 일진보리, Golden promise 2, Golden promise 4, 무등쌀보리	9
같다	2	새쌀보리, 풍산찰쌀보리, 미락보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 신호보리, 으뜸보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 3,	15
더 길다	3	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 울쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀	64

		보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 선우보리	
--	--	--	--

21.1. 수축의 지그재그 정도는 계급이 3,5,7으로 지그재그 정도가 약한 품종이 긴쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 선우보리으로 가장 많았다.

21.1. 수축의 지그재그 정도(QN)			
표현형태	계급	해당 품종	품종수
약하다	3	긴쌀보리, 내한쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다진, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 2, Golden promise 3, 선우보리	73
중간	5	남호쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 동한쌀보리, 호반찰쌀보리, 다호보리, 호품보리, 무등쌀보리	8
심하다	7	강호쌀보리, 광활쌀보리, 올쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, Golden promise 1, Golden promise 4	7

22. 종실저자의 털 형태는 계급이 1,2,3으로 털의 형태가 짧고, 긴 품종수가 같았다.

22. 종실저자의 털 형태(QN)			
표현형태	계급	해당 품종	품종수
짧다	1	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰보리, 송학, 올쌀보리, 진미찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 상록보리, 새알보리, 알보리, 알찬보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥, 남향보리, 다호, 단원보리, 백호보리, 오름보리, 진광보리, 진양보리, Golden promise 1, 무등쌀보리, 선우보리	44
길다	2	남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 동한쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙	44

		영보리, 다향보리, 밀양걸보리, 삼광찰보리, 새강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리 1호, 탑골보리, 다진, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 일진보리, 제주보리, 호품보리, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4	
--	--	--	--

22.1. 종실: 저자 측의 길이는 계급이 3,5,7으로 측의 길이가 짧은 품종이 강호쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새찰쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 새강보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 3, 무등쌀보리로 가장 많이 확인되었다.

22.1. 종실: 저자 측의 길이(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
짧다	3	강호쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새찰쌀보리, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 새강보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 3, 무등쌀보리	55
중간	5	광활쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 동호쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 재안쌀보리, 청호쌀보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 미락보리, 밀양걸보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새알보리, 서둔찰보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 해당보리, 황금찰보리, 대영보리, 백호보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 4	27
길다	7	강보리, 미락보리, 삼광찰보리, 큰알보리, 헤미보리, 선우보리	6

23. 종실: 피과성은 1,9의 계급으로 나누고 겉보리에 해당하는 품종이 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양걸보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새 강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 선우보리 더 많이 나왔다.

23. 종실: 피과성(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
쌀보리	1	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 동호	32

		쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새찰쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 무등쌀보리	
겉보리	9	강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 상록보리, 새강보리, 새알보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 선우보리	56

25. 종실: 바깥껍질의 측생도관 안쪽에 있는 가시는 계급이 1,3,5,7,9로 적은 형질이 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대연보리, 새알보리, 새올보리, 영양보리, 큰알보리, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 헤미보리, 다호, 대아보리, 사천6호, 오름보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리 등 41품종으로 나타났다.

25. 종실: 바깥껍질의 측생도관 안쪽에 있는 가시(QN)			
표현형태	계급	해당 품종	품종수
없거나 매우 적다	1	다송쌀보리, 새늘쌀보리, 재안쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 큰알보리1호, 황금찰보리	7
적다	3	남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 재강쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 청호쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 낙영보리, 대연보리, 새알보리, 새올보리, 영양보리, 큰알보리, 탑골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 헤미보리, 다호, 대아보리, 사천6호, 오름보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	41
중간	5	다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 자수정찰쌀보리, 찰쌀보리, 다향보리, 대백보리, 대진보리, 삼광찰보리, 상록보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 오월보리, 올보리, 팔도보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 백호보리, 신호보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리	27
많다	7	강호쌀보리, 미락보리, 찰보리, 두산29호	4
매우많다	9	광활쌀보리, 긴쌀보리, 새쌀보리, 춘추쌀보리, 흰쌀보리, 밀양겉보리, 새강보리, 단원보리, 삼도보리	9

26. 종실: 종구하단의 털은 계급이 1,9로 털이 없는 품종이 남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 태강보리, 팔도보리, 강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 상록보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 올보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 신호보리, 오름보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품

보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리로 60품종이다.

26. 종실: 종구하단의 털(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
없다	1	남호쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 태강보리, 팔도보리, 강보리, 광안보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 대연보리, 대진보리, 미락보리, 상록보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 올보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 태강보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 맥향보리, 신호보리, 오름보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	60
있다	9	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 대호쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 찰쌀보리, 춘추쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 건강보리, 밀양겉보리, 삼광찰보리, 새강보리, 서둔찰보리, 오월보리, 찰보리, 탐골보리, 태평보리, 팔도보리, 광맥보리, 두산29호, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 일진보리	28

27.1. 종실: 크기의 계급은 3,5,7로 작은 형태가 강보리, 다향보리, 대백보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새 강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 무등쌀보리로 가장 많았다.

27.1. 종실: 크기(겉보리만 해당)(QN)			
표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
작다	3	강보리, 다향보리, 대백보리, 미락보리, 밀양겉보리, 새 강보리, 새올보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 찰보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 해당보리, 헤미보리, 황금찰보리, 무등쌀보리	23
중간	5	광안보리, 낙영보리, 대연보리, 대진보리, 상록보리, 팔도보리, 단원보리, 대아보리, 사천6호, 진양보리, Golden promise 1, Golden promise 4, 선우보리	13
크다	7	건강보리, 삼광찰보리, 새알보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 호품보리, Golden promise 2, Golden promise 3	21

27.2. 낱알 크기는 3,5,7의 계급으로 나누고 크기가 작은 품종이 광활쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 무등쌀보리로 가장 많이 나타났다.

27.2. 낱알: 크기(쌀보리만 해당)(QN)

표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
작다	3	광활쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 동한쌀보리, 동호쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 호반찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 무등쌀보리	24
중간	5	강호쌀보리, 긴쌀보리, 남호쌀보리, 다송쌀보리, 대호쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 풍산찰쌀보리	8
크다	7		0

29. 파성의 계급은 1,2,3,4,5,6으로 1번 표현형이 3번 형질과 비슷하게 나타났다. 동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 상록보리, 새올보리, 영양보리, 영양보리, 큰알보리1호, 황금찰보리, 남향보리, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리 품종이다.

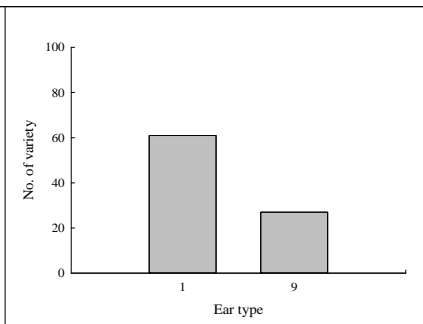
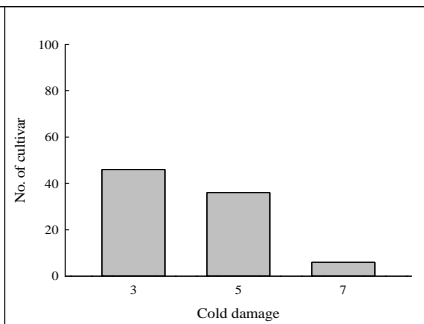
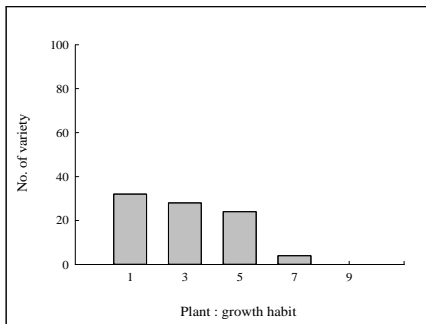
29. 파성(QN)

표현형태	계급	해 당 품 종	품종수
I	1	동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 찰쌀보리, 풍산찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 상록보리, 새올보리, 영양보리, 영양보리, 큰알보리1호, 황금찰보리, 남향보리, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리	31
II	2	춘추쌀보리, 새강보리, 태평보리, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 선우보리	7
III	3	강호쌀보리, 광활쌀보리, 남호쌀보리, 다송쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동호쌀보리, 새늘쌀보리, 새쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 올쌀보리, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 청호쌀보리, 호반찰쌀보리, 낙영보리, 다향보리, 대백보리, 미락보리, 밀양걸보리, 새알보리, 서둔찰보리, 알보리, 알찬보리, 큰알보리, 태강보리, 혜당보리, 다호, 무등쌀보리	30
IV	4	긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 백동, 새찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 광안보리, 대연보리, 대진보리, 삼광찰보리, 올보리, 찰보리, 탐골보리, 팔도보리, 혜미보리, 광맥보리, 다진, 맥향보리, 백호보리, Golden promise 1	20
V	5		0
VI	6		0

30. 낱알: 배유의 특성은 계급이 1,9로 찰성인 보리보다 메성인 보리가 더 많았으며 품종명은 남호쌀보리, 다송쌀보리, 동호쌀보리, 새늘쌀보리, 올쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 다향보리, 대연보리, 미락보리, 밀양걸보리, 상록보리, 새 강보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 혜당보리, 혜미보리,

광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리이다.

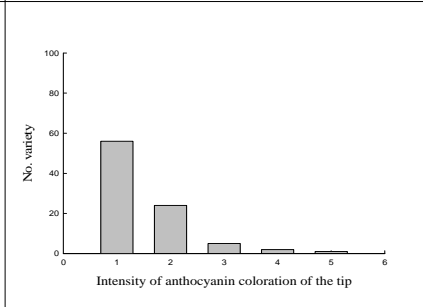
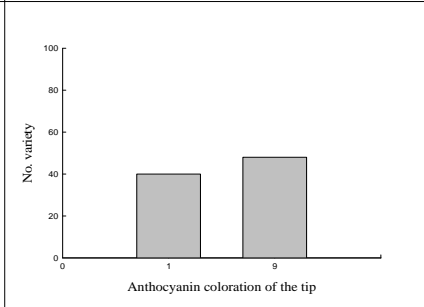
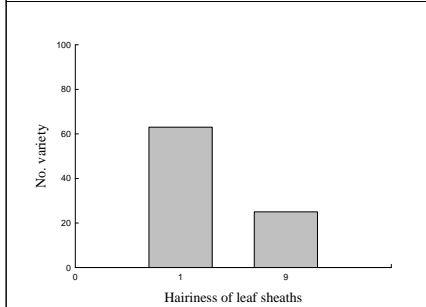
30. 낱알: 배유특성(QL)			
표현형태	계급	해 당 품 중	품종수
찰성	1	강호쌀보리, 광활쌀보리, 긴쌀보리, 내한쌀보리, 늘쌀보리, 다풍쌀보리, 대호쌀보리, 동한쌀보리, 두원찰쌀보리, 백동, 새쌀보리, 새찰쌀보리, 새한찰쌀보리, 송학, 자수정찰쌀보리, 재강쌀보리, 재안쌀보리, 진미찰쌀보리, 진주찰쌀보리, 찰쌀보리, 흰쌀보리, 흰찰쌀보리, 낙영보리, 대백보리, 대진보리, 삼광찰보리, 서둔찰보리, 찰보리, 황금찰보리	29
메성	9	남호쌀보리, 다송쌀보리, 동호쌀보리, 새늘쌀보리, 올쌀보리, 청호쌀보리, 춘추쌀보리, 풍산찰쌀보리, 호반찰쌀보리, 강보리, 건강보리, 광안보리, 다향보리, 대연보리, 미락보리, 밀양겉보리, 상록보리, 새 강보리, 새알보리, 새올보리, 알보리, 알찬보리, 영양보리, 오월보리, 올보리, 큰알보리, 큰알보리1호, 탐골보리, 태강보리, 태평보리, 팔도보리, 해당보리, 혜미보리, 광맥보리, 남향보리, 다진, 다호, 단원보리, 대아보리, 대영보리, 두산8호, 두산29호, 맥향보리, 백호보리, 사천6호, 삼도보리, 신호보리, 오름보리, 일진보리, 제주보리, 진광보리, 진양보리, 호품보리, Golden promise 1, Golden promise 2, Golden promise 3, Golden promise 4, 무등쌀보리, 선우보리	59



1. 생장습성(총성)

1.1. 한해정도

1.2. 초엽의 구분



2. 하부잎 : 엽초의 털

8. 까락: 까락 끝의 안토시아닌 색

9. 까락: 까락 끝의 안토시아닌 색농도

<p>No. of variety</p> <p>Plant height</p>	<p>No. of variety</p> <p>Length of node</p>	<p>No. of variety</p> <p>Ear type</p>
12. 식물체: 초장(간장, 이삭 망 포함)	12.1. 식물체: 간장(이삭 망 포함)	13. 이삭: 조성
<p>No. of variety</p> <p>Shape of ear</p>	<p>No. of variety</p> <p>Ear density</p>	<p>No. of variety</p> <p>Length of culm</p>
14. 이삭: 형태	15. 이삭: 밀도	16. 이삭: 길이
<p>No. of variety</p> <p>Spiculation of edge</p>	<p>No. of variety</p> <p>Length of first node</p>	<p>No. of variety</p> <p>Bending level of first node</p>
17.2. 까락 가장자리의 작은가시	18. 수축: 첫째마디의 길이	19. 수축: 첫째마디의 구부러진 정도
<p>No. of variety</p> <p>Degeneration of spikelet</p>	<p>No. of variety</p> <p>Length of Empty glume</p>	<p>No. of variety</p> <p>Zigzag-level of panicle axis</p>
20. 퇴화소수:배열(두줄보리만)	21. 중앙소수: 호영망의 길이	21.1. 수축의 지그재그 정도
<p>No. of variety</p> <p>Length of basal bristle</p>	<p>No. of variety</p> <p>Length of basal bristle axis</p>	<p>No. of variety</p> <p>Grain husk</p>
22. 종실: 저자의 털 형태	22.1. 종실: 저자 축의 길이	23. 종실: 피과성

25. 측생도관의 작은가시	26. 종실: 종구하단의 털	27.1. 종실: 크기(겉보리만 해당)
27.2. 낱알: 크기(쌀보리만 해당)	29. 파성	30. 낱알: 배유 특성



001 감호쌀보리



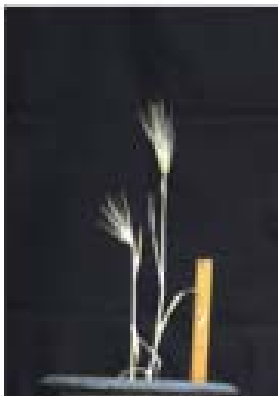
002 관촬쌀보리



003 긴쌀보리



004 남호쌀보리



005 내한쌀보리



006 늘쌀보리



007 다송쌀보리



008 다품쌀보리



009 대호쌀보리



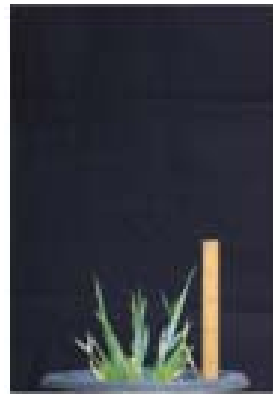
010 동한쌀보리



011 동호쌀보리



012 두원찰쌀보리



013 백동



014 새놀쌀보리



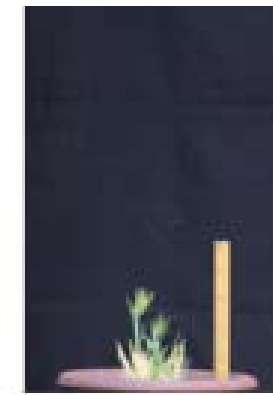
015 새쌀보리



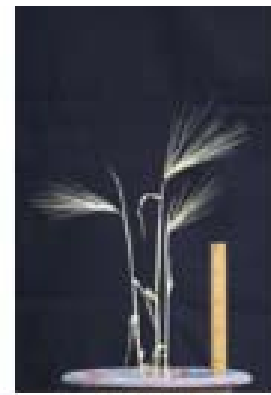
016 새찰쌀보리



017 새한찰쌀보리



018 송악



019 울쌀보리



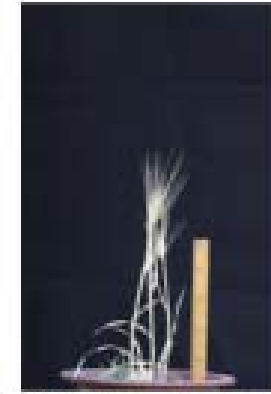
020 자수정찰쌀보리



021 재강쌀보리



022 재안쌀보리



023 진미찰쌀보리



024 진주찰쌀보리



025 할팍보리



026 청호팍보리



027 춘추팍보리



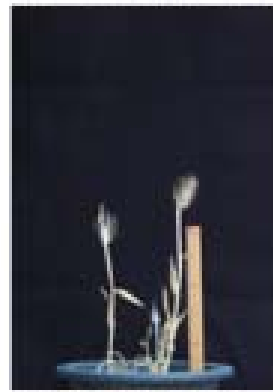
028 풍산할팍보리



029 호반팍보리



030 흰팍보리



031 흰할팍보리



032 갈보리



033 건강보리



034 긴팍보리



035 낙영보리



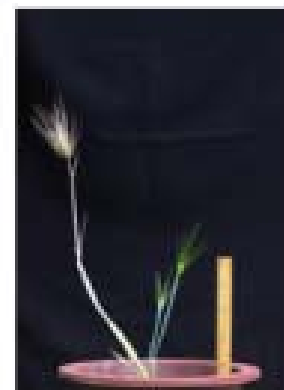
036 다황보리



037 대백보리



038 대연보리



039 대진보리



040 미락보리



041 밀양검보리



042 삼광찰보리



043 상록보리



044 새강보리



045 새알보리



046 새올보리



047 서둔찰보리



048 알보리



049 알찬보리



050 영양보리



051 오월보리



052 올보리



053 찰보리



054 큰알보리



055 큰알보리 1호



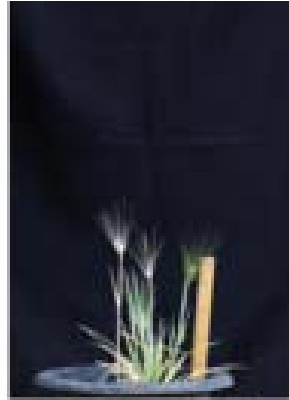
056 탑골보리



057 태강보리



058 태평보리



059 팔도보리



060 혜당보리



061 헤미보리



062 황금찰보리



063 관맥보리



064 남향보리



065 다진보리



066 다호보리



067 단원보리



068 대아보리



069 대연보리



070 두산8호



071 두산29호



072 맥향보리



073 백호보리



074 사천6호



075 삼도보리



076 신호보리



077 으뜸보리



078 일진보리



079 제주보리



080 전광보리



081 진양보리



082 호풍보리



083 골든프로미스 1



084 골든프로미스 2



085 골든프로미스 3



086 골든프로미스 4



087 무등쌀보리



088 선우보리

27개 항목의 보리의 특성조사를 실시하여 얻은 결과를 빈도분포도로 나타내었고, 이를 통해 표준품종을 개발하였다 (표 4-1).

표 4-1. 27개 특성조사를 통한 표준품종

구분	전체	쌀보리	겉보리	맥주보리
표준품종	-	두원찰쌀보리 진미찰쌀보리 진주찰쌀보리 맥향보리	알보리 영양보리 태강보리 혜당보리	맥향보리

3. 국제신품종보호연맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술을 활용한 DNA Profile DB 구축

연구에 사용된 SSR는 총 547개중 비교적 관찰하기 쉽고, 다형성밴드가 명확한 65개 SSR 마커를 개발하였다 (표 5).

표 5. 지금까지 개발된 SSR 마커

No	SSR name	Chr.	cM	Source	Forward primer	Reverse primer
1	Bmac134	2H	15.1	4	CCAAGTCTGAGTCGATCTCG	CTTCGTTGCTTCTCTACCTT
2	Bmac209	2H	52.0	4	CTAGCAACTTCCCAACCGAC	ATGCCTGTGTGTGGACCAT
3	Bmac273	7H	80.3	4	ACAAAGCTCGTGGTACGT	AGGGAGTATTTACCCCTTG
4	Bmag211	1H	61.6	5	ATTCATCGATCTGTATTAGTCC	ACATCATGTCGATCAAAGC
5	Bmag323	5H	35.5	5	TTTGTGACATCTCAAGAACAC	TGACAAACAAATAATCACAGG
6	Bmag337	5H	34.9	5	ACAAAGAGGGGAGTAGTACGC	GACCCATGATATATGAAGATCA
7	EBmac711			8	CAAAAGCAAAAATCATGAGA	CTAGGTGTGATGAGGGTTTC
8	Bmag353	4H	47.5	5	ACTAGTACCCACTATGCACGA	ACGTTTCAAAAATCACAACCTG
9	HVM49	7H	152.7	1	CTCTATAGGCACGAAAAATTCC	TTGCACATATCTCTCTGTCACA
10	HVM40	4H	13.8	1	CGATTCCCCTTTTCCAC	ATTCTCCGCGTCCACTC
11	HVM67	4H	116.8	1	GTCGGGCTCCATTGCTCT	CCGGTACCCAGTGACGAC
12	HVMLOE				CTTCCATGTCACCTACAGC	CGAACTGGTATTCCAAGG
13	EBmac764			8	AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
14	Bmac18	6H	100.4	4	GTCCTTTACGCATGAACCGT	ACATACGCCAGACTCGTGTG
15	Bmag09	6H	100.4	5	AAGTGAAGCAAGCAAACAACA	ATCCTTCCATATTTTGATTAGGCA
16	Bmag382	1H	97.3	5	TGAAACCCATAGAGAGTGAGA	TCAAAAGTTTCGTTCCAAATA
17	EBmac415			4	GAAACCCATCATAGCAGC	AAACAGCAGCAAGAGGAG
18	EBmac603			8	ACCGAACTAAATGAACTACTTCG	TGCAAACCTGTGCTATTAAGGG

19	EBmac871			8	TGCCTCTGTTGTGTTATTGT	CCCCAAGTGAACATTGAC
20	HVM09	3H			CTTCGACACCATCACCCAG	ACCAAAATCGCATCGAACAT
21	HVM74	6H		1	AGGAAGTCATTGCGTGAG	TGATCAAGAATGATAACATGG
22	Bmag217	7H	87.8	5	AATGCTCAAATATCTATCATGAA	GGGGCTGTCACAAGTATATAG
23	Bmag223	5H	65.6	5	TTAGTCACCCTCAACGGT	CCCCTAACTGCTGTGATG
24	Bmag378	2H	68.6	5	CTTTTGTTCCTCGTAGCATCTA	ATCCAACATAGTAGCAAAGCC
25	P181				GTCGTCTCCCTCCCTTCA	CATTGCCAGCACTGTTTC
26	P184				CCTACCAAACAACGGAATA	CAGCCAGAAGGTCTACGA
27	P34				GGCGAGGAACTGTTGTTG	GATCGGCTTCATCGTCTACT
28	P101				CCCCGTATAAACCACCCA	GGCAGAACTTCAGCACCC
29	P83				CTCGGCAAACAGAGGACA	TTGTAGCAGCGGATGGTC
30	P30				ACTGCCACTCCATTTAGG	CTGTCGTAGGCTTGCTTT
31	P90				CGCAAGCCACAGAGCACA	TCCGTCCGTTCTGTCATC
32	P9				ATCACAAACAGCCACTGTCCTA	GTGGTGAACCTTGCCCTTG
33	P45				CCCACAACACCAACAAAC	GCCCGTAGAATGAACAAGTA
34	HVBKASI				ATTGGCGTGACCGATATTTATGTTCA	CAAAACTGCAGCTAAGCAGGGGAACA
35	HVDHN7				TTAGGGCTACGGTTCAGATGTT	ACGTTGTTCTTCGCTGCTG
36	P32				GCAGAATGGCAGAAACAG	CAAGAATGAGCGAAAGGT
37	S29				AGAATCAAGATCGACCAAAC	AAAAACATGAACCGATGAA
38	GMS006				TGACCAGTAGGGGCAGTTTC	TTCTTCTCCCTCCCCAC
39	GMS027				CTTTTCTTTGACGATGCACC	TGAGTTTGTGAGAAGTGGATGG
40	P152				ACCAAGCCCACGAGTAGCA	CGACCCGAGGACGACAGAT
41	P121				CCCAGGAATAAGAACAGACAC	CACCGCCTAATAGCAACAA
42	P106				CGAGCCGTTGCTTAGGTC	TCTACTGCCAGGGCGTGA
43	S19				CCCTAGCCTTCCTTGAAG	TTACTCAGCAATGGCACTAG
44	P61				CAAATGGAGCCAAGCAAC	CCATCCTTGACGCACATC
45	GMS021				CTATCACACGACGCAACATG	CCTGAGAAAGAAAGCGCAAC
46	GMS046				ATGTATTTATCACCCACCCAGC	AAGGCATTAGAACC GG CAC
47	P53				AGGGAAAGAAATCCTAAC	TTGACTTGCTTATACACCT
48	P150				TAAGTAGGTTTGAGGAAGGGAA	CAACATAGACAAGGTGCTGGA
49	GMS032				ATTTGACGAGAAGGACCGG	CACTAAAGGGAACAAAAGCTGG
50	HVCMA				GCCTCGGTTTGGACATATAAAG	GTAAAGCAAATGTTGAGCAACG
51	HvES1A				TACGTATAACGACTAATGAGGG	TCTCCCCCGTAGTAATAG
52	GK240				ACGGTTGCTAATACCCCGTAG	GCTTTTGCTTTCTTTTCTCTG
53	GK276				CTAGAAGCAGCCACCCTTTA	TTTTCGTTACTCAAGCCGA

54	GK337				TGCATGTCGATGAGTACAACAA	CCCTTATCTTTCCTACCGTCCT
55	GK385				CGGTGGAAACTACCAAGCTG	TCATTCTTGCGAACGTACTCC
56	GK451				AGTAGCCGAAAGCATCACTAGC	TGTATTTAGCCTTGACGGAGT
57	GK487				GAGCGTAATGGTATAAGCCTGC	TGTATAGAGAAGGATTTCCCGC
58	GK489-1				CACTACCGCTGAGAGACCTTTT	TCTGGGTTGTTAGGGCATATTT
59	GK489-2				TGCACACGATTAGTCCTTTACG	GGCAACACCCTTGACTCCT
60	GK517				TGGGTGAACAATCCAACACTT	TAACGCAGGTGTCTAAGATGA
61	GK560				ATTTTACTTATTCGGTGGGTCG	AATGATAGGAAGAGCCGACATC
62	GK621				AGTAGCCGAAAGCATCACTAGC	ACAATCGCCCTATTAAGACTCG
63	GK630				GCAGCAGTTCTTCCATACCAAC	AGAGACGAAAGTCGGCCATAGT
64	GK727				TAACGCAGGTGTCTAAGATGA	TGGGTGAACAATCCAACACTT
65	GK735				TGGTGAGGATGTTGTTGTTGAC	ACGCTCTTCGTGTTCGAGAT

분양받은 보리의 품종 유사성 판단 기법은 PIC값과 밴드 형태로 구분한 결과 65개의 프라이머의 평균 PIC 값은 0.531이고 allele 수는 3.37개로 나타났으면 증폭된 밴드 형태는 누구라도 판단할 수 있는 밴드로 판명되었으며, 이중 7개는 아주 명확하게 나타났다 (표 6).

표 6. 증폭된 SSR 마커의 특성

번호	마커 이름		계	PIC	1-PIC	대립수	밴드형태
1	Bmac134	14 11 3 1 1	30	0.364	0.636	5	good
2	Bmac209	13 11 3 2 1	30	0.338	0.662	5	good
3	Bmac273	19 8 3	30	0.482	0.518	3	good
4	Bmag211	19 8 2 1	30	0.478	0.522	4	good
5	Bmag323	16 5 4 3 1 1	30	0.342	0.658	6	good
6	Bmag337	18 4 3 3 1 1	30	0.400	0.600	6	good
7	EBmac711	10 10 6 2 2	30	0.271	0.729	5	good
8	Bmag353	20 2 2 2 2 1 1	30	0.463	0.537	7	good
9	HVM49	28 1 1	30	0.873	0.127	3	good
10	HVM40	11 10 5 3 1	30	0.284	0.716	5	good
11	HVM67	12 12 4 2	30	0.342	0.658	4	good
12	HVMLOE	22 8	30	0.609	0.391	2	good
13	EBmac764	14 10 4 2	30	0.351	0.649	4	good
14	Bmac18	10 9 7 4	30	0.273	0.727	4	good
15	Bmag09	11 8 9 2	30	0.300	0.700	4	good
16	Bmag382	13 8 3 3 2 1	30	0.284	0.716	6	good
17	EBmac415	11 10 9	30	0.336	0.664	3	good
18	EBmac603	23 3 3 1	30	0.609	0.391	4	good
19	EBmac871	12 10 3 2 2 1	30	0.291	0.709	6	good

20	HVM09	21 9					30	0.580	0.420	2	good
21	HVM74	10 9 4 3 2 1 1					30	0.234	0.766	7	good
22	Bmag217	20 9 1					30	0.536	0.464	3	good
23	Bmag223	9 7 4 4 3 2 1					30	0.194	0.806	7	good
24	Bmag378	13 12 2 2 1					30	0.358	0.642	5	good
25	P181	9 57 16					82	0.533	0.467	3	Excellent
26	P184	1 33 13 35					82	0.369	0.631	4	Excellent
27	P34	1 5 41 35					82	0.436	0.564	4	Excellent
28	P101	23 43 13 3					82	0.380	0.620	4	Excellent
29	P83	25 46 11					82	0.426	0.574	3	good
30	P30	51 12 19					82	0.462	0.538	3	good
31	P90	35 47					82	0.511	0.489	2	good
32	P9	13 69					82	0.733	0.267	2	good
33	P45	4 18 60					82	0.586	0.414	3	good
34	HVBKASI	9 41 32					82	0.414	0.586	3	Excellent
35	HVDHN7	31 51					82	0.53	0.47	2	Excellent
36	P32	6 35 41					82	0.438	0.562	3	good
37	S29	32 37 13					82	0.381	0.619	3	good
38	GMS006	44 33 5					82	0.454	0.546	3	good
39	GMS027	14 50 18					82	0.449	0.551	3	good
40	P152	24 58					82	0.586	0.414	2	good
41	P121	51 31					82	0.53	0.47	2	good
42	P106	7 39 36					82	0.426	0.574	3	good
43	S19	73 9					82	0.805	0.195	2	Excellent
44	P61	15 67					82	0.701	0.299	2	good
45	GMS021	29 53					82	0.543	0.457	2	good
46	GMS046	46 26 10					82	0.43	0.57	3	good
47	P53	40 42					82	0.5	0.5	2	good
48	P150	39 38 5					82	0.445	0.555	3	good
49	GMS032	38 44					82	0.503	0.497	2	good
50	HVCMA	42 36 4					82	0.457	0.543	3	good
51	HvES1A	55 27					82	0.558	0.442	2	good
52	GK240	53 29					82	0.543	0.457	2	good
53	GK276	46 36					82	0.507	0.493	2	good
54	GK337	1 40 31 10					82	0.396	0.604	4	good
55	GK385	47 35					82	0.511	0.489	2	good
56	GK451	82					82	0.511	0.489	1	good
57	GK487	49 33					82	0.519	0.481	2	good
58	GK489-1	76 6					82	0.864	0.136	2	good
59	GK489-2	46 22 14					82	0.416	0.584	3	good
60	GK517	64 8 10					82	0.634	0.366	3	good
61	GK560	13 51 12 6					82	0.439	0.561	4	good
62	GK621	40 33 9					82	0.412	0.588	3	good
63	GK630	49 15 18					82	0.439	0.561	3	good
64	GK727	64 18					82	0.657	0.343	2	good
65	GK735	37 39 6					82	0.435	0.565	3	good

34.54 219.
00

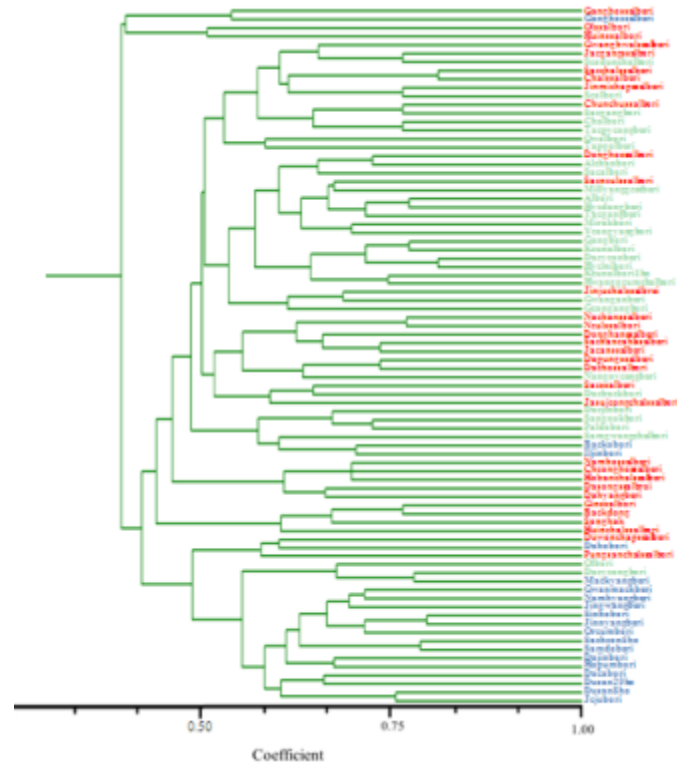


그림 2. 27개 형태적 마커와 88개 보리 품종을 이용하여 작성된 유전적 거리 관계.

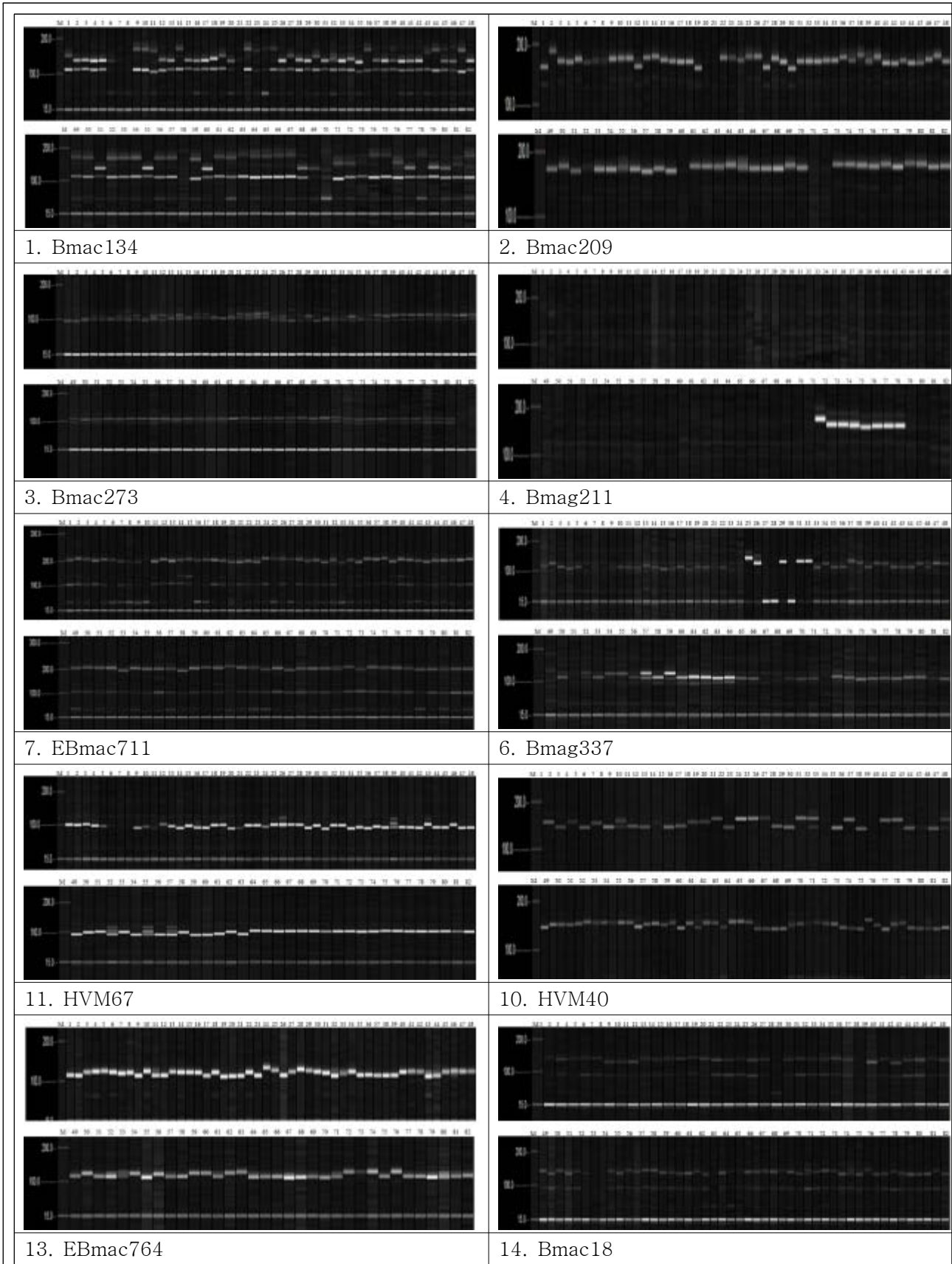


그림 3. PCR을 이용하여 SSR 마커와 각각의 보리 DNA의 증폭된 밴드 양상

4. Ring test

국내 보리품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축과 보리 품종식별에 효과적인 마커를 선별하기 위하여 국립종자원에서 교차지원 받은 15개의 마커를 이용하여 PCR 하였다 (표 7).

표 7. Ring test에 의하여 증폭된 SSR 마커의 특성

번호	마커 이름		계	PIC	1-PIC	대립수	밴드형태
1	Bmac0134	6 48 28	82	0.465	0.535	3	good
2	Bmac0209	72 10	82	0.786	0.214	3	good
3	Bmac0273	22 51 9	82	0.471	0.529	3	good
4	Bmag0211	18 34 30	82	0.354	0.646	3	good
5	Bmag0323	13 53 16	82	0.481	0.519	3	good
6	Bmag0337	13 53 16	82	0.481	0.519	3	good
7	EBmac0711	23 42 17	82	0.384	0.616	3	good
8	HVM40	34 33 15	82	0.367	0.633	3	good
9	HVM67	34 25 23	82	0.344	0.656	3	good
10	EBmac0764	16 36 30	82	0.365	0.635	3	good
11	Bmac0018	13 38 31	82	0.383	0.617	3	good
12	Bmag0009	13 19 50	82	0.451	0.549	3	good
13	HVM74	30 22 21 9	82	0.283	0.717	4	good
14	Bmag0378	5 75 2	82	0.841	0.159	3	good
15	Bmag0136	28 54	82	0.550	0.450	2	good
						8.00	45.00
					평균	0.999	5.63

제6절 [제4협동과제: 토마토, 무 형태적 특성과 DNA 검정에 의한 품종 특성 데이터베이스 구축 및 생물정보학 이용 프로그램 개발]

1. 토마토

1) 서론

토마토는 세계 종자시장 규모가 약 1조원에 달하는 고부가가치 글로벌 채소작물로 국내에서도 2001년 이후 토마토 재배면적이 증가하여 2012년에 6,344ha 에서 393,000톤을 생산하였고 종자시장도 2012년도에 186억 규모로 성장, 과채류 중에서 고추 다음으로 큰 비중을 차지하고 있다 (종자협회, 2014). 국내 토마토 시장이 확대는 신품종 육성의 활성화를 이끌었는데 이와 더불어 지적재산권인 품종보호권 강화 및 유사복제품종 개발 차단의 중요성이 강조되고 있다. 종자순도 검정 및 유전자원의 다양성 분석 등에 이용되는 분자마커는 표현형으로 구분하기 어려운 유사품종간 차이를 조사하는데 효과적으로 사용될 수 있다 (Kwon et al. 2010). 토마토는 다양한 종류의 분자마커가 개발된 작물 중 하나로 2012년에는 표준유전체 분석이 완료되어 genome-wide 분자마커 개발에 대한 연구가 활발히 이루어지고 있다 (Sim et al. 2012; Tomato Genome Consortium. 2012; Shirasawa et al. 2013). 본 연구에서는 품종보호 출원 심사의 정밀도를 향상시키기 위해 기존에 보고된 Simple Sequence Repeats (SSRs) 및 Insertions and Deletions (InDels)를 이용하여 신규 품종식별마커를 개발하였다. 이러한 마커들을 기반으로 국내에서 품종보호출원 및 유통되고 있는 토마토 품종들의 유전자형을 분석하여 DNA profiling을 수행하였고 또한 품종간 유연관계를 분석하였다. 이와 더불어 재배 시험을 통해 토마토 품종의 특성검정을 수행하였고 DNA profile과 함께 국가표준 데이터베이스를 구축하고 품종간 유연관계를 분석할 수 있는 프로그램을 개발하는데 최종목표를 두고 있다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종

국내에서 품종보호출원 및 유통되고 있는 토마토 품종의 특성검정 및 DNA profiling을 위해 농우바이오, 동부팜한농, 신젠타종묘 등 총 16개 종자회사에서 62개 F1 품종의 종자를 수집하였다 (Table 1).

Table 1. A collection of 62 F1 tomato cultivars used in this study

No.	품종	종묘회사	원예적 구분	품종보호현황	수집연도
1	핑크탑	농우바이오	완숙형	유통품종	2014
2	로꾸산마루	사카타코리아	완숙형	유통품종	2014
3	메디슨	신젠타코리아	완숙형	유통품종	2014
4	도태랑다이아	코레곤(다끼이)	완숙형	품종보호등록	2014
5	대프니스	신젠타코리아	완숙형	유통품종	2014
6	슈퍼에이스	농협중앙회 종묘센터	완숙형	유통품종	2014

7	프라임알렉산더	피피에스	완속형	유통품중	2014
8	티와이알토랑	농우바이오	완속형	품중보호등록	2014
9	썬글로브	농우바이오	완속형	유통품중	2014
10	서광	동부팜 흥농	완속형	유통품중	2014
11	포세이돈	동부팜 흥농	완속형	유통품중	2014
12	비너스	동원농산	완속형	유통품중	2014
13	가야찰플러스	신젠타코리아	완속형	유통품중	2014
14	TP-7플러스	신젠타코리아	완속형	유통품중	2014
15	광복	진흥종묘	완속형	유통품중	2014
16	슈퍼도태랑	코레곤(다끼이)	완속형	유통품중	2014
17	도태랑마스터	코레곤(다끼이)	완속형	유통품중	2014
18	홍광	현대종묘	완속형	유통품중	2014
19	마스카라	부농종묘	완속형	유통품중	2015
20	에스코트	부농종묘	완속형	유통품중	2015
21	SV0244TG	몬산토코리아	완속형	유통품중	2015
22	박커스	몬산토코리아	완속형	품중보호등록	2015
23	베데랑	부농종묘	완속형	유통품중	2015
24	블랙이글	부농종묘	완속형	품중보호출원	2015
25	빅스타	부농종묘	완속형	유통품중	2015
26	올키피	부농종묘	완속형	유통품중	2015
27	청강	몬산토코리아	완속형	유통품중	2015
28	케이스타	부농종묘	완속형	유통품중	2015
29	스틱스티와이	몬산토코리아	완속형	품중보호등록	2015
30	라피토	몬산토코리아	완속형	유통품중	2015
31	SV0339TG	몬산토코리아	완속형	유통품중	2015
32	B블로킹	코레곤(다끼이)	대목용	유통품중	2014
33	신청강	몬산토코리아	대목용	품중보호등록	2015
34	미니찰	농우바이오	대추형	품중보호등록	2014
35	골든슈가	부농종묘	대추형	유통품중	2015
36	TY센스큐	농우바이오	대추형	품중보호등록	2014
37	루비볼	농협중앙회 종묘센터	대추형	유통품중	2014
38	미니마루	농우바이오	대추형	유통품중	2014
39	란둘리노	신젠타코리아	대추형	유통품중	2014
40	스위티레드꼬마	진흥종묘	대추형	유통품중	2014
41	베타티니	피피에스	대추형	유통품중	2014

42	비타민니	부농종묘	대추형	유통품종	2015
43	티리찰	농우바이오	대추형	유통품종	2015
44	TY티니	피피에스	대추형	유통품종	2015
45	지코레드	가나종묘	대추형	유통품종	2015
46	TY캔디	부농종묘	대추형	유통품종	2015
47	갤럭시	현대종묘	대추형	유통품종	2015
48	나이스폴드	부농종묘	대추형	유통품종	2015
49	슈가레드	아시아 종묘	대추형	유통품종	2015
50	슈가옐로우	아시아 종묘	대추형	유통품종	2015
51	텐텐	코레곤(다끼이)	방울형	유통품종	2014
52	블랙리치흑찰	진흥종묘	방울형	유통품종	2014
53	레드팡	농우바이오	방울형	품종보호등록	2014
54	요요캐틴	고농종묘	방울형	유통품종	2014
55	티아라	농우바이오	방울형	유통품종	2014
56	요요	고농종묘	방울형	유통품종	2014
57	13T510	농우바이오	방울형	유통품종	2014
58	TY엔돌핀	부농종묘	방울형	유통품종	2015
59	올레TY	몬산토코리아	방울형	품종보호등록	2015
60	TY스마트사마	코레곤(다끼이)	방울형	유통품종	2015
61	TY미라클	스카이종묘	방울형	품종보호등록	2015
62	유니콘	몬산토코리아	방울형	품종보호등록	2015

나. 유전자형 분석

공시품종의 DNA는 유묘기의 어린잎을 채취하여 CTAB 방법을 이용하여 분리하였고, 농도를 μL 당 20 ng로 맞추어 PCR 분석에 사용하였다. 유전자형 분석은 기존에 토마토에서 보고된 SSR 및 InDel 마커들을 대상으로 PIC값, 염색체상의 위치 및 대립유전자 크기를 고려하여 선발하였고 수행하였다. 형태적으로 큰 차이를 보여주는 ‘미니찰’ 등 8개의 품종을 이용하여 이러한 마커들의 품종간 다형성 여부를 조사하였다 (Table 2). PCR 반응은 40 ng DNA, 0.1 μM SSR primer, 0.2 mM dNTP, 1 unit의 Taq polymerase, 2 μl 의 10x buffer (20 mM Tris-HCl, 1 mM dithiothreitol, 0.1 mM EDTA, 100 mM NaCl, Stabilizer, 50% glycerol, pH 7.5) (GenesLabs, Korea)에 멸균된 증류수를 첨가하여 총 반응액을 20 μl 로 맞추었다. PCR 반응은 Veriti Thermal Cycler(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 pre-denaturation은 94°C에서 5분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 30초, extension은 72°C에서 45초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였다. 총 cycle 수는 40회이다. I분자마커의 PCR 증폭 산물은 2-3% agarose gel에서 전기영동을 하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하였다. 8개 품종에서 다형성을 보여주는 InDel 마커들은 나머지 54개 품종의 유전자형을 조사하는데 사용되었다.

품종 간 유연관계분석은 NTSYSpc v2.2 (Exter software, USA) 프로그램을 이용하여 실시하였다. 품종 간의 유전적 거리는 Jaccard coefficient 계산법에 따라 계산되었고 비가중산술법 (UPGMA, Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Average)을 이용하여 따라 dendrogram을 작성하였다.

Table 2. A subset of tomato varieties used for detecting polymorphic SSR and InDel markers

번호	품종	과실크기	과실색	과형	종자회사
1	미니찰	소과종	적색	대추형	농우바이오
2	핑크탑	대과종	핑크	고구형	농우바이오
3	텐텐	소과종	적색	원형	코레곤(다끼이)
4	B블로킹	중과종	적색	원형	코레곤(다끼이)
5	골든슈가	소과종	오렌지	대추형	부농종묘
6	로꾸산마루	대과종	적색	요구형	사카타코리아
7	메디슨	대과종	적색	고구형	신젠타코리아
8	블랙리치흑찰	소과종	갈색	원형	진흥종묘

다. 특성검정 및 이미지 분석

특성검정은 62개의 공시품종을 대상으로 국립종자원의 ‘토마토 특성평가기준 표준안’에 기초하여 총 25개의 형질(4개의 질적형질, 18개의 양적형질, 3개의 유사질적형질)에 대해 이루어졌다 (Table 3). 재배방법은 3월에 공시품종의 종자를 온실에서 과종하여 6주 이상 묘종을 육묘한 후 경기도 곤지암에 위치한 세종대학교 식물공학연구소 부설 실습농장에 정식하여 시설재배를 하였다. 특성검정은 2반복 시험구를 원칙으로 최소 조사개체 수(8개체 이상)를 안정적으로 확보한 후 실시하였다. 과실 관련 형질들은 4~18개 과실을 수확하여 횡단면과 종단면을 각각 스캔하여 Tomato Analyzer v3(Brewer et al. 2006)을 이용하여 이미지 분석을 수행하였다.

Table 3. List of 25 traits investigated in 62 F1 tomato cultivars

형질 구분	조사 형질
질적형질 (4개)	모배축의 안토시아닌 착색유무, 꽃자루 분리층의 유무, 성숙 전 과실의 어깨 녹색 유무, 식물체 성장형
양적형질 (18개)	잎길이, 잎너비, 꽃차례의 형태, 꽃자루 분리층, 소화경의 길이, 성숙 전 과실의 어깨녹색 분포 정도, 성숙 전 과실의 어깨녹색 정도, 성숙 전 과실의 녹색 정도, 과실 크기, 과실의 길이/너비 비율, 과실의 꼭지 부분의 함몰정도, 과실의 꼭지 주위 코르크화 크기, 과실 꽃자루혼적, 과실 꽃자리 부분의 모양, 과실 가로자른면 중심부의 크기, 과피의 두께, 과실의 심실 수, 과실의 과일색의 혼합여부
유사질적형질 (3개)	과실의 세로로 자른 면의 모양, 과실의 성숙 시 색깔, 과실의 성숙 시 과육 색

3) 결과 및 고찰

가. 신규 InDel 마커 개발 및 품종간 유연관계 분석

토마토 품종식별을 위한 신규 마커를 개발하기 위해 SGN 데이터베이스(DB)에서 검색된 2,687개의 토마토 SSR 마커 중에서 PIC값과 대립유전자의 수를 바탕으로 242개를 선발하였다. 또한 Yang et al. (2015)이 토마토 표준유전체를 이용하여 탐색한 2,272개의 InDels 중 PIC값, 염색체상의 위치 및 대립유전자 크기를 고려하여 76개를 선발하였다. 공시품종 중 형태적으로 다양한 8개 품종을 선발하여 이들의 다형성 여부를 조사하여 대립유전자 구분이 용이한 6개 SSR과 35개 InDel 마커를 선발하였고 공시품종의 유전자형 분석을 수행하였다 (Fig. 1)에서 보는 바와 같다.

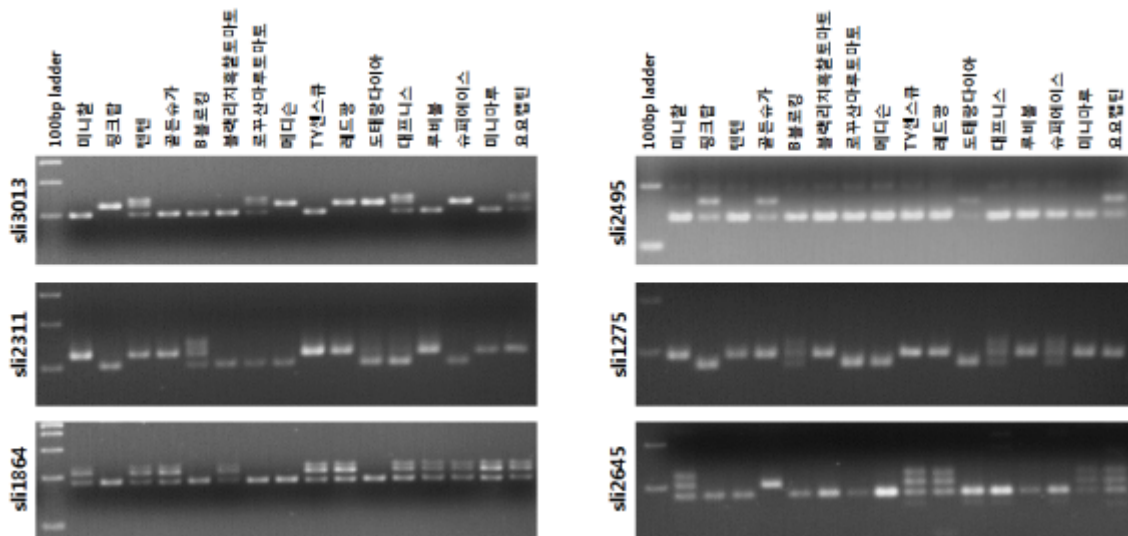


Fig. 1. Gel pictures of InDel marker genotyping in the F₁ commercial tomato cultivars

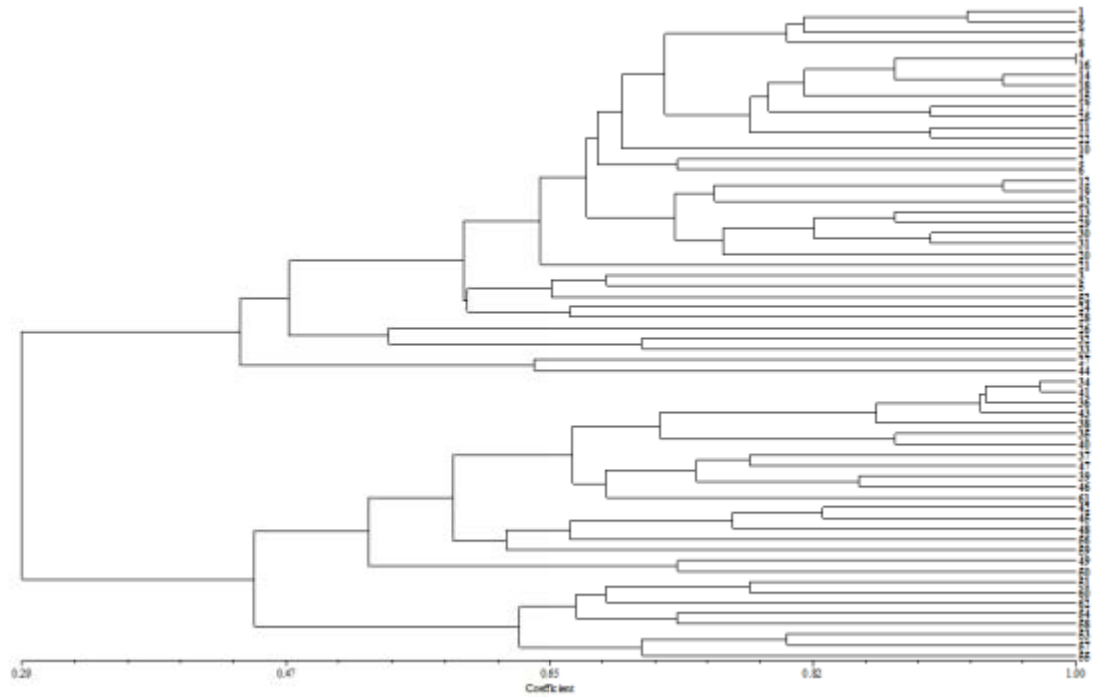
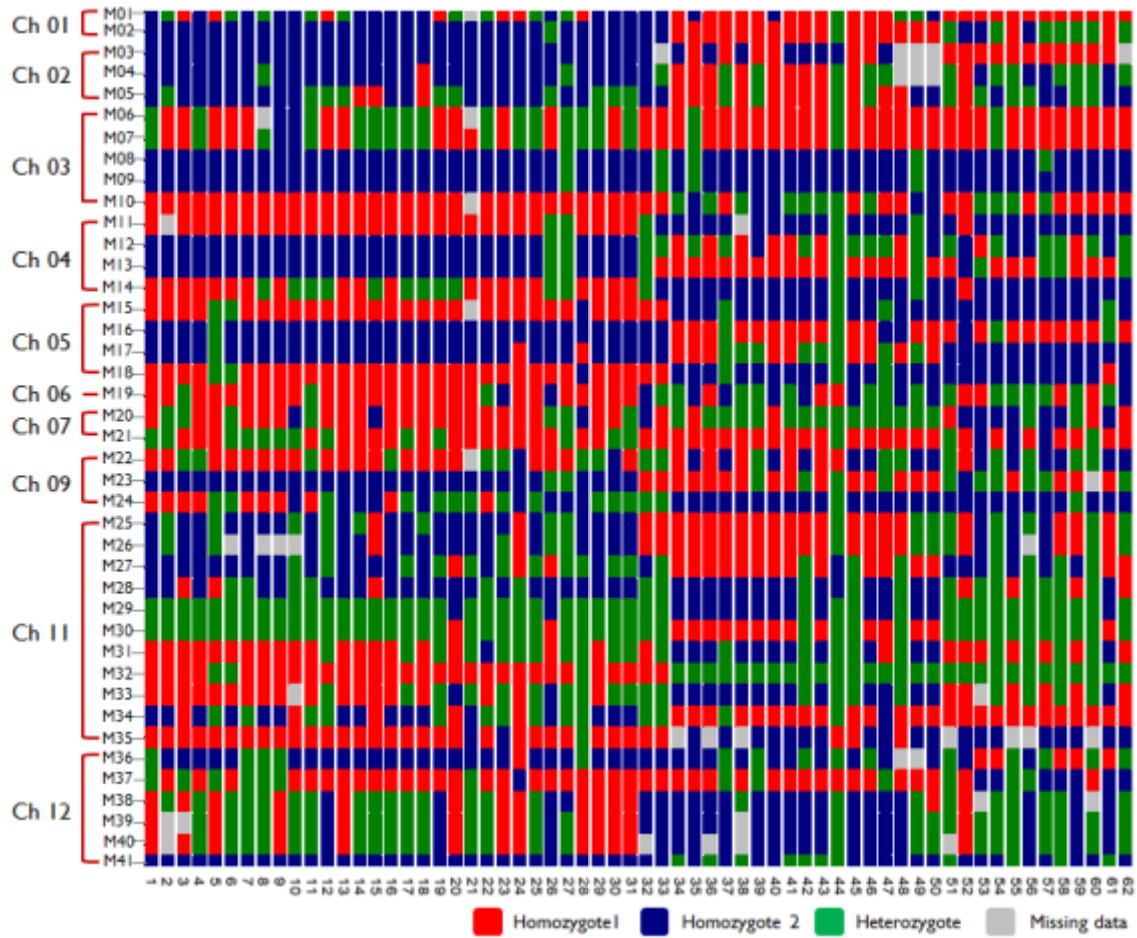
Fig. 2. Graphical genotypes of 62 F₁ commercial tomato cultivars based on 6 SSR and 35 InDel markers

Fig. 3. UPGMA dendrogram of 62 F₁ commercial tomato cultivars based on the 41 markers.

신규 InDel 마커들의 유전자형 데이터를 토대로 62개 공시품종간 유전적 거리를 계산하여 품종간 유사도를 분석하였는데 60개 품종은 InDel 마커로 구별할 수 있었다 (Fig. 2, 3). 하지만 “도태랑다이아”와 “슈퍼도태랑” 품종의 구별은 어려웠는데, 이러한 품종들을 구별하기 위해서는 추가적인 마커 개발이 필요하다. 본 연구에서 개발된 신규 품종식별마커는 유사품종간 차이를 구분하고 국가표준 DB를 구축하는데 유용한 자원이 활용될 것으로 보인다.

나. 토마토 SSR마커에 대한 교차분석

2세부(국립종자원)에서 개발한 토마토 품종식별용 SSR 마커 34개에 대한 교차분석을 실시하였다. 신규마커 개발 시 마커의 다형성 유무를 조사할 때 사용했던 8개의 품종들을 대상으로 각각의 마커에 대해 PCR 증폭 후 3% Metaphor gel에서 전기영동을 하여 대립유전자들의



차이를 1차로 확인한 후 국립종자원에서 사용한 품종들을 포함하여 48개 품종에 대한 유전자형 분석을 실시하였다. 총 34개 마커 중 23개 마커(67.6%)에서 재현성이 확인되었는데 (Table 4, Fig. 4), 다형성이 보이지 않은 11개의 마커의 경우, 3% Metaphor gel에서 200V 2시간 전기영동 조건으로는 품종 간 대립유전자가 구별되지 않았다. 교차분석은 국립종자원에

서 사용한 공시품종을 대상으로 수행되었기 때문에 본 연구에서 11개의 SSR 마커가 다형성을 보여주지 않은 것은 3% Metaphor gel 전기영동의 분리능 때문인 것으로 판단된다. 즉, 국립종자원에서는 이러한 SSR 마커의 분석이 3% Metaphor보다 분리능이 우수한 QIAXcel Advanced System(QIAGEN, USA)를 이용하여 수행되었기 때문에 대립유전자의 차이의 식별이 가능했을 것으로 보인다.

Table 4. Polymorphic SSR markers used for the ring test

No.	Marker name	Chromosome	F: Primer sequence (5' -3')	R: Primer sequence (5' -3')	Product size(bp)
1	SSR9	1	CCCTTTGCAAGTTCTTCTTCA	TTCATGAGCCAACATAGGAGG	160-210
2	SSR13	5	GGGTCACATACACTCATACTAAGGA	CAAATCGCGACATGTGTAAGA	90-120
3	SSR19	9	CCGTTACCTTGGTCCATCAC	GGGAGATGCCACATCACATA	150-210
4	SSR20	12	GAGGACGACAACAACAACGA	GACATGCCACTTAGATCCACAA	150-200
5	SSR26	2	CGCCTATCGATACCACCACT	ATTGATCCGTTTGGTTCTGC	180-200
6	SSR32	2	TGGAAGAAGCAGTAGCATTG	CAACGAACATCCTCCGTTCT	180-200
7	SSR47	6	TCCTCAAGAAATGAAGCTCTGA	CCTTGAGATAACAACCACAA	180-210
8	SSR50	2	CCGTGACCCTCTTTACAAGC	TTGCTTTCTTCTTCGCCATT	200-230
9	SSR76	11	ACGGGTCGCTTTGAAACAA	CCACCGGATTCTTCTTCGTA	200-250
10	SSR86	3	AGGGCAACAAATCCCTCTTT	GGAGACGAGGCTGCTTACAC	210-290
11	SSR92	1	AAGAAGAAGGATCGATCGAAGA	TCATGACCACGATACTACATGTTTC	180-200
12	LEE8	9	GAGCACCCATTAATTTGTTACG	GTGGCGGATCTAGAAAATTTAAACT G	190-250
13	TOM166	9	GAGCGAGCAGAAAGGTGAAT	GAGCCTGAAAACATAGAAGT	210-250
14	SSR99	9	GCCTCGGATTCAATAGCATTAA	CACAAAGAAGCAAACAACCTCCA	180-210
15	SSR104	2	TTCCATTTGAATTCCAACCC	CCCCTGCACATCAACTGAC	700-900
16	SSR111	3	TTCTTCCCTTCCATCAGTTCT	TTTGCTGCTATACTGCTGACA	190-210
17	SSR115	5	CACCCTTTATTGAGATTCTCTCT	ATTGAGGGTATGCAACAGCC	190-210
18	SSR214	4	AAATTTCCCAACACTTGCCAC	CCCACCACTATCCAAACCC	210-250
19	SSR255	5	TGTGAATACAATTTGCACCC	GGGTTACTAATGCACAAGCGA	240-290
20	SSR288	1	TCGTGGGAATTTGTTAACCC	TCTTCATCGTCTCCTCCTG	280-310
21	SSR331	2	CGCCTATCGATACCACCACT	ATTGATCCGTTTGGTTCTGC	180-200
22	SSR450	4	AATGAAGAACCATTCCGCAC	ACATGAGCCCAATGAACCTC	280-300
23	SSR602	5	GGGTCACATACACTCATACTAAGGA	GGCAATCATAGCCACTTGGT	300-320

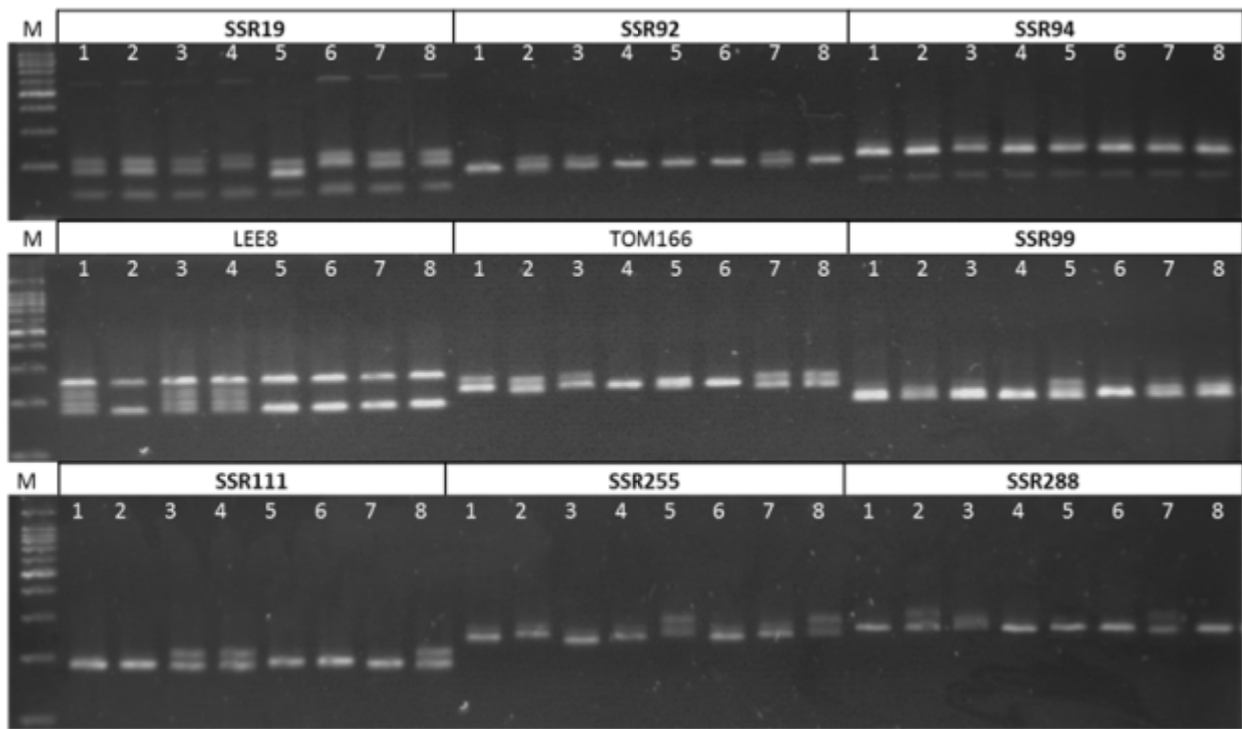


Fig. 4. The ring test of polymorphic SSR markers for a subset of eight tomato varieties. M=100 bp ladder; 1=Minichal (미니찰); 2=Pinktop (핑크탑); 3=Tenten (텐텐); 4=Golden Sugar (골든슈가); 5=B-blocking (B블로킹); 6=Blackrich (블랙리치흑찰); 7=Roggusan Maru (로꾸산마루); 8=메디슨 (Madison).

다. 형태적 특성검정

꽃차례 형태를 비롯하여 8개 형질에 대한 품종별 조사결과는 Table 5에서 보여주고 있다. 과실 성숙시 색깔은 완숙형 토마토 품종은 분홍색이, 방울 및 대추형 품종은 빨간색이 많았으며 오렌지색(골든슈가, 나이스골드), 갈색(블랙이글, 블랙리치흑찰)도 관찰되었다. 이 밖에 과형 등 다른 17개의 형질들에서도 품종간 변이가 관찰되었다 (Fig 5).

Table 5. Phenotypic data of selected traits with variation in 62 tomato varieties

No.	품종	꽃차례 형태 ¹	소화경 길이 (cm)	과실 크기 (cm ²)	과실꼭지 주위의 코르크화 크기(cm)	과실 성숙전 어깨녹색 분포 정도 ²	과실 세로로 자른면의 모양 ³	과실꼭지 부분의 함몰 정도 ⁴	과실 성숙시 색깔 ⁵
1	핑크탑	1	0.98	32.16	2.03	3/5	2	5	4
2	로꾸산마루	1	0.97	20.69	1.48	5	2	3	4
3	메디슨	1	1.27	38.44	1.42	3	2	7	4/5
4	도태랑다이아	1	1.12	30.31	1.97	3	2	5	4
5	대프니스	1	1.00	37.03	1.43	3	2	6	5
6	슈퍼에이스	1	1.02	32.10	1.70	3	2	6	4

7	프라임 알렉산더	1	1.10	30.25	1.85	5	2/3	6	4
8	티와이알토랑	1	1.08	29.62	1.92	5	2	4	4/5
9	썬글로브	1/2	0.97	27.48	1.54	3/5	2/3	4	4
10	서광	1	1.21	34.02	1.48	3/5	2	5	4
11	포세이돈	1	1.30	32.28	2.03	3/5	2	5	4/5
12	비너스	1	1.17	28.14	1.88	5	4	4	4
13	가야찰플러스	1	0.87	28.47	1.62	3	2	5	4
14	TP-7플러스	1	0.98	32.18	1.98	5	2	4	4
15	광복	1	1.27	23.24	2.20	5	2	4	4
16	슈퍼도태랑	1	1.03	29.63	2.10	3/5	2	4	4
17	도태랑마스터	1	0.87	30.69	1.90	5	2	6	4
18	홍광	1/2	0.92	28.00	2.00	3/5	2	5	4
19	마스카라	1	1.05	22.65	1.32	3/5	3	5	4
20	에스코트	1	1.12	25.81	1.92	3/5	2	5	4
21	SV0244TG	1/2	1.00	26.29	1.37	3/5	2	5	4
22	박커스	1	1.03	36.64	1.68	5	2	7	4
23	베테랑	1	1.30	30.26	1.73	5	2/3	3	4
24	블랙이글	1	0.97	7.13	0.67	7	3	3	7
25	빅스타	1	1.20	22.46	1.78	5	2	5	4
26	올키퍼	1	0.92	9.62	0.83	5	3	3	5
27	청강	1	0.95	10.51	0.78	3	2	3	4/5
28	케이스타	1	1.03	26.57	1.62	3	2	5	4
29	스틱스티와이	1/2	1.17	33.56	1.82	5	2	5	4
30	라피토	1	1.47	35.90	1.37	5	2	5	4
31	SV0339TG	1	1.17	23.64	1.45	5/7	2/3	5	4/5
32	B블로킹	1	0.85	8.57	0.80	3/5	3	3	5
33	신청강	1	0.78	5.85	0.48	0	2/3	2	5
34	미니찰	1.5	0.95	8.25	0.32	5/7	5	2	5
35	골든슈가	2	0.73	6.28	0.27	5	4	1	3
36	TY센스큐	1/2	1.05	9.75	0.35	5	6	1	5
37	루비볼	2	0.78	7.09	0.43	4	3	1	5
38	미니마루	2	0.95	8.15	0.36	5	5	1	5
39	란돌리노	1	0.90	7.84	0.35	0	5	1	5
40	스위티레드꼬 마	2	0.92	8.04	0.25	3/5	6	1	5
41	베타티니	2	0.92	7.61	0.28	5	5	1	5
42	비타미니	2	0.73	5.73	0.30	3/5	4	3	5
43	티리찰	2	1.17	9.07	1.03	5	5	2	5

44	TY티니	1	0.93	8.14	0.38	3/5	4	2	5
45	지코레드	2	1.08	9.21	0.33	5	7	1	5
46	TY캔디	1	0.87	8.43	0.80	5/7	6	1	5
47	겔럭시	2	0.88	8.65	0.37	5	5	1	5
48	나이스폴드	1	1.05	7.95	0.30	5	5	1	3
49	슈가레드	1	0.85	9.68	0.31	5	5	2	5
50	슈가옐로우	-	-	-	-	-	-	-	-
51	텐텐	2	0.80	6.60	0.57	5	2/3	3	5
52	블랙리치흑찰	1	0.82	10.74	0.72	5	3	3	7
53	레드팡	2	0.78	7.39	0.58	3	2/3	3	5
54	요요캡틴	1	0.80	6.70	0.48	3/5	3	1	5
55	티아라	2	0.80	7.81	0.60	3/5	2/3	3	5
56	요요	1/2	0.70	7.84	0.55	5	3	3	5
57	13T510	2	0.75	7.45	0.55	3/5	2/3	3	5
58	TY엔들핀	2	0.73	6.99	0.40	5/7	3	2	5
59	올레TY	2	0.67	7.21	0.43	5	2	3	5
60	TY스마트사마	1	0.85	7.98	0.51	3/5	3	3	5
61	TY미라클	2	0.87	8.23	0.35	5	3	1	5
62	유니콘	2	0.72	7.00	0.51	3/5	3	2	5

¹ 1=일반적으로 단화방, 2=부분적으로 단화방 또는 복화방, 3=일반적으로 복화방

² 0=없음, 3=작다, 5=중간, 7=크다

³ 1=납작하다, 2=약간 납작하다, 3=둥글다, 4=직사각형, 5=원통형, 6=심장형, 7=거꿀달걀형, 8=달걀형, 9=가지형, 10=거꿀심장형

⁴ 1=없다, 3=약하다, 5=중간, 7=심하다, 9=매우 심하다

⁵ 1=크림색, 2=노란색, 3=오렌지색, 4=분홍색, 5=빨강색, 7=갈색

반복간 차이는 x/x로 표시함

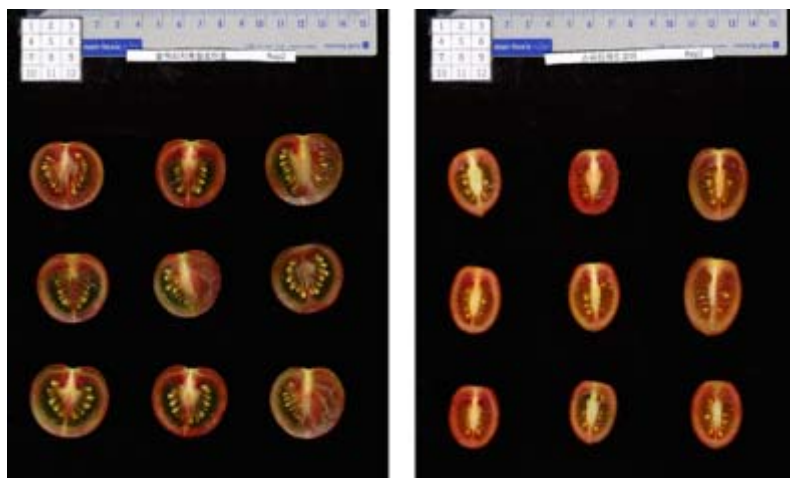


Fig. 5. Image analysis of tomato fruit shapes.

2. 무

1) 서론

무 (*Raphanus sativus* L.)는 전 세계적으로 재배되는 배추과에 속하는 채소이다. 세계 채소 종자시장에서 무의 시장점유율은 11위, 생산액은 155 백만불 정도로 추정되며, 중국, 인도, 한국, 일본 등 아시아 지역에서 특히 많이 재배되고 있다. 국내 채소종자시장에서 무의 수출량 및 수출액은 고추와 수위를 다투며, 수출량 291톤, 수입액 8.8 백만불에 이른다 (종자협회, 2013). 국내 무 육종 기술력은 세계적 수준으로, 1967년 흥농종묘에서 세계최초로 자가불화합성을 이용한 상업용 F1품종 ‘불암대형봄무’의 육성을 계기로 1대 잡종품종의 개발이 활발해졌다. 또, 종자단가가 높은 일본시장을 목표로 한 F1채종, 육성 및 판매가 증가하였다.

무는 형태 및 농업형질에 따라 다음과 같이 5개 품종으로 구분된다 (Kitamura 1958): *R. sativus* var. *sativus* L. (syn. var. *radicular* Pers.) (20일무), var. *hortensis* Becker (동아시아의 대형무), var. *niger* Kerner (검은무), var. *chinensis* Gallizioli (기름무) and var. *caudatus* Hooker & Anderson (꼬투리무). 우리나라에서 소비하는 무는 대부분 *R. sativus* var. *hortensis* Becker (동아시아의 대형무)에 속하며, 양식요리용으로 20일무가 일부 재배되고 있다.

무의 신품종 육성이 증가함에 따라 육종가의 권리를 보호하고, 품종의 무단복제 등 분쟁 발생 시 정확한 판단기준이 되는 표준DB구축이 요구된다. 작물의 유전적 다양성은 표현형 및 유전형 분석으로 이루어진다. 표현형은 품종을 구별하는 편리한 방법으로, 국제식물신품종보호동맹(UPOV)에서도 재배심사를 통해 표현형을 기준으로 신품종의 권리를 보호한다 (Hong et al., 2015). 그러나 표현형 분석은 한번에 여러 형질을 조사하기 어렵고, 환경의 영향을 받기 쉬운 단점이 있다. 이에 반하여 DNA 기반의 유전형 분석은, 환경조건과 식물의 생육단계의 영향을 받지 않으며 안정적으로 품종의 특성평가 및 구별이 가능하다.

무 표현형 분석에서는, 무의 재배작형, 원산지, 무와 잎의 형태에 따라 유전자원이 유집되는 것으로 보고되어 있다 (George and Evans 1981; Iwata et al., 2004). 유전형 분석을 위해서 여러가지 분자표지방법이 활용되고 있다. 2000년 이후, RAPD (random amplified polymorphic DNA) 기술을 이용한 무 유전자원 다양성에 대한 연구가 활발히 이루어졌다 (Yamagishi et al. 1998; Madhou et al. 2005). 또한, AFLP (amplified fragment length polymorphism), ISSR (inter simple sequence repeat), SRAP (sequence-related amplified polymorphism) 마커를 이용한 유전자원에 대한 다양성 분석도 조사되었다 (Liu et al. 2008). RAPD, AFLP, SRAP 등의 분자표지는 유전자지문법을 이용하여 분석하는 방법으로 DNA서열의 유사성을 기초로 하여 생성된 밴드의 패턴으로 계통간의 유연관계를 보여주는 방법이다. SSR (simple sequence repeat) 분자표지는 한 유전자좌에 다양한 대립유전자형이 존재하여 다형성이 매우 높게 나타나며, 중/속간에서도 높은 적용성을 보이고, 실험의 재현성이 좋아 유전자원의 분석 시 유리한 점이 많다. SSR 분자표지는 게놈 유래의 SSR과 EST(expressed sequence tag)유래의 SSR (EST-SSR)로 나눌 수 있다. EST-SSR은 게놈 유래 SSR에 비하여 다형의 출현 빈도는 낮으나, 보존성이 높은 유전자 염기서열을 바탕으로 개발된 분자표지여서 중/속 간 비교에도 사용하기 편리하다. SSR분자표지를 이용하여, 벼, 마늘, 딸기 등 다수 유전자원의 유연관계가 조사 보고되었다.

본 연구에서는 무의 농업 특성 국가표준 데이터베이스 구축을 목표로, 품종보호출원 및 생산 판매신고 된 무 120품종의 표현형 및 유전자형을 조사하였다. 표현형 분석은 국립종자원 무 재배 및 특성조사 매뉴얼에 따라 34개 농업형질을 조사하였다. 유전형 분석은, 무 SSR마커 데이터베이스를 활용하여, 다형성을 보이며 PCR 증폭이 안정적으로 이루어지는 SSR 마커 60개를 선발하여 120품종 간 유연관계를 분석하였다. 마지막으로 국립종자원 (2세부)에서 개발한 무 SSR 마커에 대해서, 3% 아가로스 전기영동 시스템에서도 품종식별이 가능하고 재현성이 있는지를 알아보기 위해 교차분석을 실시하였다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종

국립종자원 홈페이지에서 품종보호출원 및 생산판매신고 된 무 품종을 검색하여 120개 품종을 수집하였다 (Table 1). 2014년도에 52품종, 2015년도에 68품종을 수집하였다. 120품종은 품종보호출원 66품종, 생산판매신고 54품종으로 구성되었다. 종자수집은 직접 구입하거나, 시중에 유통되지 않는 품종에 대해서는 국립종자원으로부터 종자를 분양받았다. 이상의 120개 품종을 공시하여 무 특성 데이터베이스 구축을 위한 표현형 검정 및 유전자형 분석을 실시하였다.

Table 1. List of the tested 120 radish F1 cultivars, names of company that produce seeds, their assignment to a horticultural type, protection of new variety or production and sales report, and collected year.

No.	품종명	종묘회사	원예적 구분	품종보호현황	수집연도
1	국보	권농종묘	대형무	생산판매신고	2014
2	멋진맛갈	농우바이오	대형무	품종보호출원	2015
3	서호골드	농우바이오	대형무	생산판매신고	2015
4	서호	농우바이오	대형무	생산판매신고	2014
5	강호골드	농협종묘	대형무	품종보호출원	2014
6	싱싱무	농협종묘	대형무	품종보호출원	2015
7	청운	몬산토코리아	대형무	생산판매신고	2014
8	청복	몬산토코리아	대형무	생산판매신고	2014
9	청운플러스	몬산토코리아	대형무	품종보호출원	2014
10	금수강산	사카타코리아	대형무	생산판매신고	2014
11	장군	사카타코리아	대형무	품종보호출원	2015
12	신세계	사카타코리아	대형무	품종보호출원	2014
13	설중매	삼성종묘	대형무	품종보호출원	2014
14	TS-1	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2015
15	보르도	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2014
16	대동	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2014
17	장원	신젠타종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
18	만풍	원예특작과학원	대형무	품종보호출원	2015

19	신소고	충원종묘	소형무	생산판매신고	2015
20	신소승	충원종묘	소형무	생산판매신고	2015
21	설원청자	진흥종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
22	송광	진흥종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
23	가을일품	충원종묘	대형무	품종보호출원	2014
24	설란일품	충원종묘	대형무	품종보호출원	2014
25	소고	충원종묘	소형무	품종보호출원	2014
26	소승	충원종묘	소형무	품종보호출원	2014
27	진광	현대종묘(주)	대형무	품종보호출원	2014
28	초월	PPS	대형무	품종보호출원	2015
29	삼복다발	농우바이오	대형무	품종보호출원	2014
30	서광다발	농우바이오	대형무	품종보호출원	2014
31	황금다발	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
32	탑그린	권농종묘	대형무	품종보호출원	2014
33	대들보	농우바이오	대형무	품종보호출원	2014
34	청대봄	농우바이오	대형무	품종보호출원	2014
35	생그린	농협종묘	대형무	품종보호출원	2014
36	신생	농협종묘	대형무	품종보호출원	2014
37	대한	대한종묘(주)	대형무	생산판매신고	2015
38	감동	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2014
39	늘푸른봄	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
40	백광	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
41	백봉	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
42	삼박자	동부팜한농	대형무	품종보호출원	2015
43	상감	동부팜한농	대형무	품종보호출원	2014
44	속성대형봄무	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
45	신청일품	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
46	청일품	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
47	맛추임봄	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2014
48	새푸른봄	동부팜한농	대형무	품종보호출원	2015
49	어깨등	신젠타종묘(주)	대형무	품종보호출원	2014
50	하우스마춤봄	신젠타종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
51	대복봄	충원종묘	대형무	품종보호출원	2015
52	YR신청장군	코레곤	대형무	생산판매신고	2014
53	봄미인	코레곤	단무지무	품종보호출원	2014
54	전무후무	코레곤	대형무	품종보호출원	2015
55	청록플러스무	PPS	대형무	생산판매신고	2014
56	평정	농우바이오	대형무	품종보호출원	2015
57	조생맛동	농우바이오	대형무	품종보호출원	2015
58	만사형통	농우바이오	대형무	품종보호출원	2015

59	멋진맛동	농우바이오	대형무	생산판매신고	2015
60	슈퍼길조	농우바이오	대형무	품종보호출원	2014
61	강동	농협경제지주 주식 회사	대형무	품종보호출원	2015
62	대지월동	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2014
63	신대지	동부팜한농	대형무	품종보호출원	2015
64	관운	명산	대형무	생산판매신고	2014
65	관동	몬산토코리아	대형무	생산판매신고	2014
66	탐스런	몬산토코리아	대형무	품종보호출원	2014
67	누비라	사카타코리아	대형무	생산판매신고	2015
68	신기원	사카타코리아	대형무	품종보호출원	2014
69	청해무	사카타코리아	대형무	품종보호출원	2015
70	만추대청	삼성종묘	대형무	품종보호출원	2014
71	강추무	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2014
72	태청	신젠타종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
73	대평무	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2014
74	탑동	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2014
75	탐나고원	진흥종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
76	GS 제주	충원종묘	대형무	생산판매신고	2014
77	YR 오래	코레곤	대형무	품종보호출원	2014
78	미금	현대종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
79	이엑스미노	(주)코레곤	단무지무	품종보호출원	2015
80	슈퍼모델	동부팜한농	단무지무	생산판매신고	2015
81	장녹수단무지	동부팜한농	단무지무	생산판매신고	2015
82	스프링스타	코레곤	단무지무	생산판매신고	2014
83	아이피미노	코레곤	단무지무	품종보호출원	2015
84	초비	코레곤	단무지무	생산판매신고	2015
85	금봉	권농종묘	소형무	품종보호출원	2014
86	선춘무	농우바이오	소형무	품종보호출원	2014
87	소춘	농우바이오	소형무	품종보호출원	2015
88	기찬	농우바이오	소형무	품종보호출원	2014
89	여름달랑	농우바이오	소형무	품종보호출원	2014
90	청치미	농우바이오	소형무	품종보호출원	2014
91	올봄알타리	농협경제지주주식 회사	소형무	품종보호출원	2015
92	초봄알타리	동부팜한농	소형무	생산판매신고	2015
93	신남강알타리무	동부팜한농	소형무	생산판매신고	2015
94	금초롱	사카타코리아	소형무	품종보호출원	2014
95	대양1호	세종대학교	소형무	생산판매신고	2015
96	새롬	신젠타종묘(주)	소형무	생산판매신고	2014
97	백옥단침	현대종묘(주)	소형무	품종보호출원	2015

98	게걸	현대종묘(주)	소형무	생산판매신고	2015
99	YR명품열	진흥종묘(주)	열무	생산판매신고	2015
100	동풍열	진흥종묘(주)	열무	품종보호출원	2015
101	신만복열무	사카타코리아	열무	생산판매신고	2014
102	왕중왕열	사카타코리아	열무	생산판매신고	2015
103	파워흑광	진흥종묘(주)	열무	생산판매신고	2015
104	흑광열	진흥종묘(주)	열무	품종보호출원	2015
105	흑단열무 II	사카타코리아	열무	품종보호출원	2015
106	TROPIC IVORY	바이오통	대형무	생산판매신고	2015
107	R67	신젠타종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
108	S50140	신젠타종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
109	에이치씨-4	충원종묘	대형무	생산판매신고	2015
110	에이치알엔666	현대종묘(주)	대형무	품종보호출원	2015
111	여름마지메	동부팜한농	대형무	품종보호출원	2015
112	장형봄무	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2015
113	지알-26	충원종묘	대형무	품종보호출원	2015
114	지알-28	충원종묘	대형무	품종보호출원	2015
115	디알에이씨0813	동부팜한농	대형무	생산판매신고	2014
116	CR301	세농종묘	대형무	생산판매신고	2015
117	R1181	대일종묘	대형무	생산판매신고	2015
118	R64	신젠타종묘(주)	대형무	생산판매신고	2015
119	R4001	대일종묘	대형무	생산판매신고	2015
120	적환20일무	동원농산종묘(주)	20일 무	생산판매신고	2015

나. 재배시험 및 특성조사

무 유통종자에 대한 특성조사를 위하여, 2014년 8월 (1차 가을과종), 2015년 4월 (1차 여름과종), 2015년 8월 (2차 가을과종), 2016년 4월 (2차 여름과종)을 실시하였다. 장호원 시험포장에 1구당 2립씩 14구를 2반복 직파하였다. 발아 후 수음을 실시하여, 1구당 식물체 1개체를 남기도록 했다. 국립종자원의 무 신품종 심사를 위한 재배 및 특성조사 매뉴얼에 의거하여 재배 및 특성평가를 실시하였다 (Table 2 and 3). 특성평가 항목 중 배축의 안토시아닌 착색여부는 육안으로, 자엽크기의 측정은 품종 당 3개체씩 수집하여 유효기에 스캔하였다. 잎자세 및 잎몸 털의 유무와 강약은 과종 후 45일경 조사하였다. 그리고 수확 후, 잎, 근부, 수확기에 관한 조사를 실시하였다. 조사형질에 대하여 주성분분석을 실시하여, 무의 표현형을 결정하는 주요인자를 분석하였다. 주성분분석은 SPSS (version 12.0, SPSS Inc.)로 계산하였다. 품종간 유연관계를 분석하기 위하여, 계급값의 유무에 따라 1과 0으로 전환시킨 후 각각을 하나의 운영분류단위(OTU, operation taxonomic unit)로 하여 기초자료 행렬을 작성하였다. 유집분석은 NTSYSpc Ver. 2.2프로그램 (Exeter software, USA)을 이용하여 Jaccard coefficient 계산법에 따라 유사도 지수를 계산한 후, 비가중산술법 (UPGMA, Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Average)에 따라 유집하였다.

Table 2. Outline of cultivation methods for database construction of radish varieties.

구분	방법
시험 장소	경기도 이천 시험포장
재식 거리	75×40cm (2줄 재배)
재식 주수	20주×2반복
소요 면적	1536 m ² (6m ² /구)
파종 방법	직접파종 (파종일 4월 11일, 8월 28일)
재배법	표준영농교본 준수

Table 3. List of evaluated traits and their grading scales

no	특성	계급: 표현형태
1	배수성	2: 2배체, 4: 4배체
2	모 : 배축의 안토시아닌 착색	1: 없다, 9: 있다
3	떡잎 : 크기	3: 작다, 5: 중간, 7: 크다
4	잎 : 부착부위의 너비	3: 좁다, 5: 중간, 7: 넓다
5	잎 : 자세	3: 곧추서다, 5: 약간서다, 7: 눕다
6	잎 : 길이	1: 짧다, 2: 중간, 3: 길다
7	잎몸:모양	1: 좁은 달걀형, 2: 달걀형, 3: 넓은 달걀형
8	잎몸 : 끝모양	1: 뾰족하다, 2: 둥글다
9	잎몸 : 색	1: 황록색, 2: 녹색, 3: 회록색
10	잎몸 :색의 강도	3: 열다, 5: 중간, 7: 짙다
11	잎몸 : 엽질	1: 없다, 9: 있다
12	잎몸 : 엽질의수	1: 매우 적다, 3: 적다, 5: 중간, 7: 많다, 9: 매우 많다
13	잎몸 : 가장자리 결각	1: 없다, 9: 있다
14	잎몸:가장자리결각의깊이	3: 얕다, 5: 중간, 7: 깊다
15.1	잎몸 : 털의 다소	3: 적다, 5: 중간, 7: 많다
15.2	잎몸 : 털의 강도	3: 약하다, 5: 중간, 7: 강하다
16	잎자루 : 안토시아닌 착색	1: 없다, 9: 있다
17	잎자루 : 안토시아닌 착색의 강도	3: 열다, 5: 중간, 7: 짙다
18	무 : 길이	1: 매우 짧다, 3: 짧다, 5: 중간, 7: 길다, 9: 매우 길다
19	무 : 굵기	3: 가늘다, 5: 중간, 7: 굵다
20	무 : 뿌리의 너비	3: 좁다, 5: 중간, 7: 넓다
21	무 : 모양	1:알타리형,2:누운타원형,3:원형,4:타원형,5:달걀형, 6: 넓은직사각형, 7: 직사각형, 8: 좁은직사각형, 9: 좁은역삼각형, 10: 고드름모양
22	무 : 정수리 모양	1: 오목, 2: 평평, 3: 볼록
23	무 : 밑둥 모양	1: 매우뾰족하다, 2: 뾰족하다, 3: 둥그스름하다,

		4: 둥글다, 5: 평평하다
24	무 : 껍질색	1: 단일색, 2: 두가지 색
25	무 : 윗부분의 색	1: 흰색, 2: 분홍색, 3: 빨강색, 4: 보라색, 5: 미색, 6: 담록색, 7: 녹색, 8: 농록색, 9: 흑색
26	무 : 윗부분 붉은색 발현	1: 주홍색, 2: 홍적색, 3: 진빨강색
27	두 가지 색 무 : 흰 부위의 넓이	1: 매우좁다, 3: 좁다, 5: 중간, 7: 넓다, 9: 매우넓다
28	무 : 피층의 두께	3: 얇다, 5: 중간, 7: 두껍다
29.1	무 : 속살의 투명도	1: 반투명, 2: 불투명
29.2	무 : 속살색	1: 흰색, 2: 미색, 3: 연한녹색, 4: 녹색, 5: 연한자주색, 6: 자주색, 7: 흰색+녹색, 8: 흰색+자주색, 9: 녹색+자주색
30	수확기	1: 매우 빠르다, 3: 빠르다, 5: 중간, 7: 늦다, 9: 매우 늦다
31	무 바람들이 경향	1: 없거나, 3: 조금있다, 5: 중간, 7: 많다, 9: 매우 많다
32	추대성	1: 매우 빠르다, 3: 빠르다, 5: 중간, 7: 늦다, 9: 매우 늦다

다. 다형성 SSR마커의 탐색 및 PCR-Agarose 전기영동법을 이용한 유전자형 분석

유전자형 분석을 위하여, 무 120개 품종의 종자 각 10립씩을 50공 트레이에 1구당 2립씩 파종하였다. 발아 후 수습하여, 1구당 식물체 1개체를 남도록 했다. 발아 후 1주일 이상 생육시킨 후, 표현형이 균일하며 생육상태가 정상인 두세 개체로부터 유엽을 2-3장 채취하여 DNA 추출에 공시하였다. 채취한 잎 약 100mg를 Tissue Lyser II (QIAGEN, USA)를 이용하여 분쇄하고, GeneJET Genomic DNA Purification Kit (Thermos Scientific, USA)을 이용하여, 사용설명서에 따라 DNA를 추출하였다. 추출한 DNA는 NanoDrop (NanoDrop Technologies, USA)으로 정량하고, 100ng/ul로 희석하여 PCR반응에 사용하였다.

PCR 반응은 한 시료당 10 ul로 하고, 반응액 조성은 100 ng genomic DNA, 5 ul Dyne Ready-2x-Go [Star Plus Taq with Dye] (Dynebio Inc. Korea), 0.8 ul forward primer (10uM), 0.8 ul reverse primer (10uM) 및 멸균수를 혼합하여 반응하였다. PCR 반응 조건은, 첫 cycle에서 94도 5분, 다음 cycle로 94도 10초, 55도 20초, 72도 30초를 35회 반복한 후, 마지막 cycle에서 72도 10분간 수행하고, 4도에서 PCR산물을 보관하였다. PCR반응은 Verti 96-well DNA Thermal Cycler (Applied Biosystems, USA) 및 T100 Thermal Cycler (Bio-Rad, USA)로 수행하였다. PCR산물은 3% agarose gel을 이용하여, 100volt에서 15분 및 200volt에서 90분간 전기영동한 후 UV하에서 사진 촬영을 하였다.

품종별 유전자형 분석을 위하여 총 218개의 SSR 마커 (EST-SSR마커 138개, genomic SSR 마커 80개)를 테스트 하였다 (Nakatsuji et al., 2011; Shirasawa et al., 2011; Wang et al., 2015). 이 중, 재현성이 높으며 증폭이 양호하고 다형성 높은 SSR마커 60개 (EST-SSR마커 55개, genomic SSR마커 5개)를 선발하였다. SSR 분석은 PCR 증폭 후 3% agarose gel에서 밴드 패턴을 조사하였다 (Table 4).

품종 간 유연관계를 분석하기 위하여, 영동결과로부터 밴드의 유무에 따라 1과 0으로 전환시킨 후 각각을 하나의 운영분류단위(OTU, operation taxonomic unit)로 하여 기초자료 행렬을 작성하였다. 유집분석은 NTSYSpc Ver. 2.2프로그램 (Exter software, USA)을 이용하여 Jaccard coefficient 계산법에 따라 유사도 지수를 계산한 후, 비가중산술법 (UPGMA,

Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Average)에 따라 유집하였다. 표현형 유집 분석 결과와 유전형 유집분석 결과의 상관관계를 알아보기 위하여, 두 거리행렬간의 유사도 지수를 Mantel test로 계산하였다. Mantel test는 NTSYSpc내 MxComp 기능으로 계산하였다.

Table 4. Description of 55 EST-SSRs and 5 genomic-SSR sselected to assess genetic diversity in 120 radish F1 cultivars.

No.	Marker name	Forward primer sequence (5'-3')	Reverse primer sequence (5'-3')	Estimated size of PCR product (bp)	The number of alleles	PIC	Chr. ^a	References
EST-SSRs								
1	RSS3402	GAATCTTATTGAA ATCAGCCATGA	GAGCCGTTTGTGTC TTACGAGC	270-310	4	0.46	Chr.1	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
2	RSS0430	GCAATGATGGAG CCTGATCT	AACTGCTTTAGC GCATTCGT	130-170	5	0.74	Chr.1	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
3	RSS2736	CGGTGGGTTTCT TCTCAAAA	CTACCGCTCCTC TTTGTGCT	200-250	5	0.67	Chr.1	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
4	RSS2047	CCTCAGAAACGC CAAAAGAG	ACAGGTGATCGA GTTGTCCT	160-210	4	0.70	Chr.1	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
5	RSS2081	ACGATCATCGGA TGCTTTTC	AATGCATTCACA GCTCGATG	120-210	5	0.73	Chr.2	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
6	RSS0715	ATGGACAGTGAC TTCCCTG	ACTACCGTCGCG TGATCTCT	180-220	5	0.70	Chr.2	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
7	RSS2898	ATGATTGCCTCCT CCTCCTT	AGGCTTCTCACC AGACTCCA	250-300	5	0.72	Chr.2	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
8	RSS2114	TTGCGTATTTAGA CGAGGGC	GGTCGCATGAGT TCCTTCTC	160-200	4	0.73	Chr.2	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
9	RSS0073_a	ATCGAGACAAGG GAAGGGTT	TCAGTCCATCCA ACAGACCA	180-240	6	0.64	Chr.2	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
10	RSS1549	TTGGTGATGGTG CTGCTAAA	TGCGAAGGGAAG AGAAATGT	480-520	2	0.49	Chr.3	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
11	RSS0977	CATCCCAAGGCCT AAGATGA	AGAAGCAAGGAA AGCATGGA	260-410	5	0.43	Chr.3	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
12	RSS2359	CTCAGCAGCTACT CCGTTTG	TGATGTTTTGGC TCACTTGC	250-310	3	0.65	Chr.3	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
13	RSS0033	TTGGCTCACACTT TACCTCG	CAACAGCACCGT AATCGCTA	140-200	4	0.70	Chr.4	Shirasawa et al. (2011),

14	RSS0178	TGTTTCCTTCGCT CGATTCT	TCCGACAACCTT TCTCCCAC	140-180	5	0.71	Chr.4	Wang et al. (2015) Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
15	RSS1719	CTCGGGCTTATC GTTACCAA	GACACTGCTTGC CCTTTAGC	270-350	3	0.56	Chr.5	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
16	RSS1146	CGCACCGTCAACT TCTCAG	CATGGACTTGTG TACGCACC	380-540	6	0.68	Chr.5	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
17	RSS1421	CGGAGATTCCAT ACAGAGGC	AGTCTCCATGTG CTCCATCC	250-310	5	0.71	Chr.5	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
18	RSS3682	AGGCGTGAGTGG AGAAGAAA	AGCGCTTGACGA TACCTCAT	70-100	3	0.67	Chr.5	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
19	RSS1457	GATGCAGATCCC ACACACTG	TAGCTCCACCAC CATTTTCC	120-180	5	0.60	Chr.5	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
20	RSS0881	GACTTCTGGAAA CAGCCCAC	TATTTCCCGGGG CTAAATTC	150-200	6	0.74	Chr.6	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
21	RSS1020	TCCGAACGCTCT GAAAACCTT	GGCAAGAACTCA ACCTCTCG	290-320	2	0.45	Chr.6	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
22	RSS0454	GCGTCTTTCCTCA GAACCAA	GACGATCCAAGG GATGAAGA	180-220	5	0.76	Chr.6	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
23	RSS3540	TCGGACACGGTT TTCCTAAC	CCTCAAGCACTC CTTCTTCG	170-200	3	0.58	Chr.7	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
24	RSS3262	TCCAGGCGATAT CTCCTAAC	TGAGAAACCAGA AGGGGATG	240-260	2	0.38	Chr.7	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
25	RSS0403	TCACGAGAACGA GGATCTGA	TCTGGAGCTTCC TCGTCAAT	160-190	3	0.56	Chr.7	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
26	RSS0080	TCACTCGAGAGC ACAAATGG	GGTGTAGCACGA TGTTGACG	210-250	3	0.39	Chr.7	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
27	RSS2901	ACCACCTCCGACC CTAAAAC	GGGGTAGTCTTC TTCCTCCG	220-280	4	0.67	Chr.8	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
28	RSS1433	GAAACGGCCAGA AAATCAAA	GGTTTACCAGACA AGAACCAG	250-530	3	0.63	Chr.8	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
29	RSS0015	TCGTCTCCGTTCC TCCTCTA	GTACCAAAGCGC AAACAACA	240-280	3	0.66	Chr.8	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
30	RSS1427	ATCTTCGATCCAT CGTCTCG	TGCCTTACATGA ATACCGAAAA	140-170	3	0.58	Chr.8	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)

31	RSS2112	TAGCTTCGGAGG AAAGTGGA	GCCGTGTAAGGA AGTGGAAG	160-190	3	0.60	Chr.9	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
32	RSS1592	ACCTGTGAGACT CCGTTGCT	AAGGGCTGTCTG GAACCTGA	210-250	4	0.69	Chr.9	Shirasawa et al. (2011), Wang et al. (2015)
33	RSS0198	TCTGGGACATTTTC AAACAAGG	CCATAAGCGCTC CATTTCATT	280-300	2	0.43		Shirasawa et al. (2011)
34	RSS0692	TCCATCTCCGTTA TCTTCGC	CAAAGTTGATGG CTCGGATT	340-380	2	0.45		Shirasawa et al. (2011)
35	RSS1018	CTTTTGTTTGGCG TGGAAGT	CCCATCTCGCCA TAACAAGT	400-640	3	0.64		Shirasawa et al. (2011)
36	RSS1674	ACACGTAGAAAAG GGTGGACG	CAAAGTCGAAGA AAGACAGCTT	140-180	4	0.73		Shirasawa et al. (2011)
37	RSS2868	TTTGATCAGAGA AAAGAAACAAAT C	TCGGAAGATTGA ATTGACCC	180-210	3	0.43		Shirasawa et al. (2011)
38	RSS3091	AACCACATCCCAA GAAGACG	ATGACTTCCCTT CCATCACG	300-380	4	0.55		Shirasawa et al. (2011)
39	RSS3362	AAAACCCCTTCTC TTCCTCG	GCGTAGGTTTCAG TAGCGTCC	150-180	4	0.71		Shirasawa et al. (2011)
40	RSS1127	ACCACACACCTAA CCCCAAA	AGGTCGTGAGGT GCGTCTAT	180-200	2	0.42		Shirasawa et al. (2011)
41	RSS1870	GCCCTTTGTTTTT GTCCCTT	TGAGAACGTCGT GGCAGTAG	180-200	4	0.52		Shirasawa et al. (2011)
42	RSS0225	GCTCCGCCACG ATTTTT	AAGCAGACCTCC GTGAAGAA	160-180	3	0.51		Shirasawa et al. (2011)
43	RSS0361	CATGTGTTCCAAA TTCGTGC	ACAGTGCTGAGT GTCGTTGG	340-550	5	0.67		Shirasawa et al. (2011)
44	Rs1SSR25	AGATCTTGAGC TGGTGAGACATT C	CACTACAAAAGA AAAGGATGGAGA G	130-170	3	0.64		Nakatsuji et al. (2011)
45	Rs1SSR72B	GGAATCACATTCC TTCTTCTTCT	CATTACAAAACG TTTCACA	90-100	2	0.48		Nakatsuji et al. (2011)
46	Rs1SSR502	TATCATTCACCAA TCTCTAGCCAAT	CAGCTCTGTTTT AGGATCAGTGAG T	140-160	3	0.63		Nakatsuji et al. (2011)
47	Rs1SSR2473	ATAAAGGTGAAA GAGAGAGTGACG A	GGTTATCAACAG CTTCACCATCTT A	120-150	4	0.67		Nakatsuji et al. (2011)
48	Rs1SSR4293	AATCGGGCGAAA ATTAGAAAGTAT T	TATCTCTTGCTG AATGAAGGATAC C	300-600	3	0.64		Nakatsuji et al. (2011)
49	Rs2SSR1281	CCCCATGTCTTTC TTGTAACATATTC	AACAATAACAAC GAGAGGGTATCA G	160-190	3	0.65		Nakatsuji et al. (2011)
50	RS2SSR18	AGATCTTGAGC TGGTGAGACATT C	CACTACAAAAGA AAAGGATGGAGA G	140-180	3	0.64		Nakatsuji et al. (2011)
51	RS2SSR3335	TATAATCACTCTC CGTTCACCTTTC	GCTCTCACTTAC CGTATAAACCAA A	140-170	3	0.56		Nakatsuji et al. (2011)
52	RS2SSR6751	GGAATTATCAGA TCGTTGTTGACAT	AAGAAAGGAGCA GTTTCATCTCC	100-150	5	0.58		Nakatsuji et al. (2011)
53	BRMS005	ACCTCCTGCAGAT TCGTGTC	GCTGACCTTTTCT TACCGCTC	110-150	4	0.68		Radish DB(MSU)
54	Ra2-E11	GGAGCCAGGAGA GAAGAAGG	CCCAAACTTCC AAGAAAAGC	140-180	4	0.57		Radish DB(MSU)
55	BN26A	TAAACTTGTGAGA CGCCGTTATC	CCCGTAAATCAA GCAAATGG	60-90	3	0.47		Radish DB(MSU)

genomic SSRs

1	RR197	ACGAGCTAAAGC TCATTAGGGTAA	TCGGCAAGAATA CAAAGTGAGTAA	110-140	4	0.74	Nakatsuji et al. (2011)
2	RsSA012	GGATCGTTCCTTT TTAGGGTAAT	GCTAAAAATCCG TGAGAAAGAG	120-190	7	0.80	Nakatsuji et al. (2011)
3	RsSA027	CTAGCCGTTTCCA AATTTGTTC	AGTACTTTAACC ACTGCCCAACA	130-170	5	0.78	Nakatsuji et al. (2011)
4	RsSA033	ACAATTTTACGAC AGTAAACATGAA	CCGAGTTGATTA AAACACACATAC A	180-200	3	0.55	Nakatsuji et al. (2011)
5	RsSR042	ATAAAGCAGCAG AAGATGGTGAG	GAATGAAACTCC TTTAAGAAGAAG C	130-150	3	0.56	Nakatsuji et al. (2011)
Total				226			
Mean				3.77		0.61	

a 32 EST-SSRs were selected from 50 radish core-markers designated by Wang et al. (2015).

라. 국립종자원 개발 무 SSR마커에 대한 교차분석

국립종자원 (2세부)에서 개발한 무 SSR마커(IPET-SSR)에 대하여, 본 연구실에서 운영중인 유전자형 분석시스템 (3% 아가로스 젤을 이용한 전기영동시스템) 에서 재현성실험 및 활용 가능 여부를 확인하였다. 2세부로부터 제공받은 무 다형성 마커에 대하여 PCR반응 및 전기영동 조건은 종래의 본 연구실의 실험방법에 준하여 실시하였다 (Table 5).

Table 5. List of 22 radish SSR primer pairs developed by Korea seed & variety service

No.	Primer designation	Forward primer	Reverse primer	Repeat motif
1	RsSA020	TCAGGGGTAAAACCGTCAATTA	AGGATCGGAGATACGATTCAA	(CT)17
2	RsSH016	GTTTGTGTTGTTGTTGTGTCACCT	CAGAAGCAAGCACTATTTGAGAA	(CT)17(GT)3 (CT)10
3	RsSR025	ACACTTTTCAGTCACCGACACATA	ACTTTCTTTAGGTAACCCACCA	(GA)20
4	RS118	TGGGAAGAAGCCTCAGGAAT	CGGTCACTTTTGTTGCCTTC	(CA)12
5	RS119	CGCAAGAAGAAGCAGGTACG	AAATCCTCCGTGCGCATCTCT	(GT)14
6	RS122	AGAACGCCTCGAAGAAGAGG	TCGTCTTAATCTCAACACCTGC	(GT)11
7	RS124	TTTAACTCATTCCCCCTCCAA	GTTTCTAGGGTTTCGCTGGG	(CA)13
8	RS125	GAGGAAGAAGGACGAAACGG	GCACGAATCCATCGTCTCAC	(GT)7
9	RS131	AGTGGGTGTTGGAAGGGAAG	GGAAATTCCTGGTTTGGTGAA	(CA)17(GT)9
10	RS135	TCCACACACGCCTGAGAAGT	CTCGAGGAATCCTGCAAACC	(CT)11
11	RS139	CTTCACCTCGAAAATCAATG	GCATCCAGTTCATCCTCCCT	(CT)21
12	RS150	GCTGCTACTGAGTTGCGTCC	GCGCATAACCGAAAGCCTAT	(GT)12
13	RS177	CCAATTCCCCACATAGGCTT	CACCTTCAAGACGCCGAA	(GT)12
14	RS188	GGTCAAACCTTTTTCCCCAA	CAACGGAAGACATCTCTCGCTA	(CA)13
15	RS191	TGGTTGATGGGATTCAAGGA	TCAAAAAGAGCAATGTGGGG	(CA)13
16	RS194	TTTAACTCATTCCCCCTCCAA	GTTTCTAGGGTTTCGCTGGG	(CA)11
17	RS208	AGTACCACACGCAAACCTCG	GGATCCTGCTCATTCAAGAGA	(CA)10
18	RS216	GGTCAAACCTTTTTCCCCAA	CAACGGAAGACATCTCTCGCTA	(CA)10
19	RS231	ACGACCACTTCACGAAACGA	GAACAGAAACAGTGGGCGTG	(CA)9
20	BRMS096-2	AGTCGAGATCTCGTTCGTGTCTCCC	TGAAGAAGGATTGAAGCTGTTGTTG	-
21	BRMS196	CAGAAGTGGAGGTAGTAAAACCAA	ATCTTCCTCATTCTCATTGCTAC	-
22	BRMS287	CTGTTTCTGCTGTACCGAGTGGTAG	GATACATGGTGGGATAAGGTTGCT	-

3) 결과 및 고찰

가. 재배 및 특성조사

국립종자원의 무 특성조사기준에 따라 양적, 질적 형질을 특성 평가하였다. 여름 파종에서는 58개 품종을, 가을 파종에서는 전 수집 품종을 파종하였다 (Fig. 1). 1, 2차 파종 모두에서 1구당 무종자 2립씩 20구 2반복으로 파종한 후, 솟음을 통해 구당 1개 식물체만 남겼다. 발아율이 50% 이하로 떨어지는 품종 및 자엽의 형태가 기형인 품종도 존재하였다.



Fig. 1. Picture of radish field in Icheon, Kyungi-do (September, 2015)

여름 파종 실험에서는 잎의 길이와 형태, 추대성에 대하여 주로 조사하였다. 여름파종의 경우 대다수의 품종이 조기 추대하여, 근부발달이 제대로 이루어지지 않아 근부에 관한 특성조사가 매우 어려웠다. 이에 전체 수집품종 (여름파종분을 포함)에 대하여 가을파종을 실시하였다. 전체 수집종의 추대시기를 재확인하기 위하여, 2차 봄파종을 실시하였다. 에서 일부품종에 대해본 보고서에는 1차 여름파종 및 2차 가을파종에서 수집된 특성조사 결과에 대하여 정리하였다 (Table 6, Fig.2-7).

Table 6. Phenotypic data of selected traits with variations in 120 radish cultivars

No.	품종명	특성	2. 배축도 시아닌 착색	6. 앞: 길이	12. 앞: 몸: 엽: 절의 수	18. 무 길이	19. 무 굵기	21. 무 모양	24. 무 껍질 의 착색	25. 무 윗부 분의 색	30. 수확 기	31. 무 바람 들이 경향	32. 추대 성
1	국보		9	5	5	5	5	4	2	7	5	3	1
2	멋진맛갈		9	5	5	5	5	4	2	7	5	1	1
3	서호골드		9	5	5	5	7	4	2	7	5	3	1
4	서호		9	5	5	5	7	4	2	7	5	1	1
5	강호골드		1	5	3	3	7	4	2	6	7	1	1
6	싱싱무		1	7	5	5	7	4	2	7	7	1	1
7	청운		9	7	5	5	7	4	2	7	5	1	1
8	청복		9	5	3	5	5	4	2	6	5	1	9
9	청운플러스		9	7	7	5	7	4	2	7	5	1	1
10	금수강산		1	5	5	3	7	4	2	7	7	1	1
11	장군		9	5	5	5	7	4	2	6	7	1	9
12	신세계		9	5	3	3	7	4	2	7	5	1	1
13	설중매		1	5	5	5	5	4	2	7	9	1	9
14	TS-1		9	5	5	5	7	4	2	7	3	1	1
15	보르도		9	5	5	5	5	4	1	4	7	1	9
16	대동		9	7	5	5	7	4	2	6	5	1	1
17	장원		1	5	5	5	7	4	2	7	5	1	1
18	만풍		9	5	5	5	7	4	2	7	7	1	1
19	신소고		9	5	3	3	7	1	2	6	3	3	1
20	신소승		9	5	5	3	5	1	2	6	3	3	9
21	설원청자		9	7	5	5	7	4	2	6	5	1	1
22	송광		9	5	5	5	5	4	2	7	5	1	1
23	가을일품		1	5	5	5	7	4	2	7	5	1	1
24	설란일품		1	5	5	5	7	4	2	6	7	1	9
25	소고		9	5	3	5	5	1	2	6	3	3	9
26	소승		9	5	3	5	5	1	2	6	3	5	9
27	진광		1	5	5	5	7	4	2	7	5	1	3
28	초월		1	5	3	5	7	4	2	7	5	1	3
29	삼복다발		9	5	3	3	7	4	2	6	5	1	9
30	서광다발		1	5	5	5	7	4	2	7	5	3	9
31	황금다발		1	5	5	5	7	4	2	6	5	1	7
32	탑그린		9	7	7	5	5	4	2	6	7	1	5
33	대들보		1	7	3	5	7	4	2	6	7	1	9
34	청대봄		9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	9
35	생그린		1	7	5	7	5	7	2	5	9	1	9
36	신생		1	7	5	5	5	4	2	6	7	1	1
37	대환		9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	1
38	감동		9	5	3	5	5	4	2	7	7	1	9
39	늘푸른봄		9	5	5	5	7	4	2	6	9	1	9
40	백광		1	7	7	7	5	8	1	5	9	1	9
41	백봉		9	5	5	5	5	8	2	7	7	1	7
42	삼박자		9	5	5	5	5	8	2	6	7	1	9
43	상감		9	5	3	5	5	7	2	6	7	1	9

44	속성대형봄무	9	7	5	5	5	8	2	6	9	1	9
45	신청일품	9	5	5	5	5	8	2	7	7	1	9
46	청일품	9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	7
47	맛추임봄	9	5	3	5	5	7	2	6	7	1	5
48	새푸른봄	9	5	5	5	5	7	2	7	7	1	9
49	어깨동	9	5	5	5	5	8	2	7	7	1	9
50	하우스마춤봄	1	5	5	5	5	4	2	6	7	1	7
51	대복봄	9	5	5	5	7	4	2	7	7	1	7
52	YR신청장군	9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	9
53	봄미인	1	5	7	7	5	7	1	5	7	1	5
54	전무후무	9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	9
55	청록플러스무	9	5	5	5	7	4	2	7	5	1	1
56	평정	9	7	5	5	7	4	2	7	7	1	1
57	조생맛동	9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	9
58	만사형통	9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	1
59	멋진맛동	9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	1
60	슈퍼길조	1	5	5	5	7	4	2	6	5	1	7
61	강동	9	5	5	5	7	4	2	6	7	1	1
62	대지월동	1	7	5	5	7	4	2	6	7	1	5
63	신대지	1	7	5	5	7	4	2	6	7	1	9
64	관운	9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	9
65	관동	9	7	5	5	5	4	2	6	7	1	1
66	탐스런	9	5	5	5	7	4	2	6	7	1	1
67	누비라(시험용)	9	5	5	5	5	4	2	6	9	1	3
68	신기원	9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	1
69	청해무	9	5	5	5	5	4	2	6	7	1	9
70	만추대청	9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	5
71	강추무	9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	1
72	태청	1	5	5	5	7	4	2	7	7	1	7
73	대평무	9	5	5	5	7	4	2	7	7	1	1
74	탐동	9	5	5	5	5	4	2	7	7	1	9
75	탐나고원	9	5	5	5	7	4	2	6	7	1	1
76	GS 제주	1	5	3	5	7	4	2	7	5	1	9
77	YR 오래	9	5	5	5	7	4	2	7	7	1	9
78	미금	1	7	5	5	7	4	2	6	5	1	1
79	이엑스미노	1	5	7	7	3	8	1	5	7	1	1
80	슈퍼모델	1	5	7	7	5	8	1	5	7	1	1
81	장녹수단무지	1	5	7	7	3	8	1	5	7	1	1
82	스프링스타	1	5	9	7	3	8	1	5	7	1	9
83	아이피미노	1	5	9	7	3	8	1	5	7	3	1
84	초비	1	5	7	7	5	8	1	5	7	1	1
85	금봉	9	5	5	5	5	1	2	6	3	3	9
86	선춘무	9	5	3	5	7	1	2	6	3	3	3
87	소춘	9	5	5	5	5	1	2	6	3	3	9
88	기찬	9	5	5	3	5	4	2	6	3	3	7
89	여름달랑	9	5	5	5	5	4	2	6	5	3	5
90	청치미	9	5	5	5	5	4	2	7	5	1	1
91	올봄알타리	9	5	3	3	7	1	2	7	3	5	5

92	초봄알타리	9	5	3	3	7	1	2	7	3	7	7
93	신남강알타리무	9	5	5	5	5	1	2	7	3	5	1
94	금초롱	9	5	5	3	5	4	2	7	5	1	1
95	대양1호	9	5	3	3	5	1	2	7	3	1	5
96	새롬	9	5	3	3	5	1	2	6	3	3	1
97	백옥단침	9	5	1	3	7	4	1	5	3	3	1
98	계걸	9	7	5	3	5	5	1	5	1	1	1
99	YR명품열	1	5	5	3	7	4	2	7	5	1	1
100	동풍열	9	7	5	5	7	5	2	7	3	1	1
101	신만복열무	9	7	7	3	5	5	2	6	3	1	1
102	왕중왕열	9	7	5	3	7	4	2	7	3	3	1
103	파워흑광	9	5	5	5	5	4	2	7	5	1	1
104	흑광열	1	7	5	3	7	5	2	6	3	1	1
105	흑단열무 II	9	7	5	3	5	4	2	7	5	1	1
106	TROPIC IVORY	9	5	1	7	5	8	1	5	5	7	1
107	R67	1	7	5	7	5	8	2	6	7	1	9
108	S50140	1	7	7	7	5	8	2	6	7	1	9
109	에이치씨-4	1	5	5	7	5	8	2	5	7	1	9
110	에이치알엔666	1	7	5	7	5	8	1	5	7	3	5
111	여름마지메	1	5	5	7	5	7	2	6	7	1	1
112	장형봄무	9	5	5	7	5	8	2	6	7	1	9
113	지알-26	1	5	5	7	5	8	2	6	7	1	9
114	지알-28	1	5	7	7	5	8	2	6	7	1	9
115	디알에이씨0813	1	5	7	5	5	8	2	6	7	1	5
116	CR 301	1	5	1	5	5	4	1	5	7	5	1
117	R 1181	9	5	3	5	5	4	1	5	7	1	1
118	R 64	1	5	5	7	5	8	2	6	7	1	7
119	R4001	1	5	5	5	5	4	1	5	7	1	1
120	적환20일무	9	3	1	3	3	3	1	3	1	9	1

다음은 주요형질에 대하여 조사값을 설명하였다.

① 배축의 안토시아닌 착색여부: 여름과중 후, 본엽이 완전 전개한 때에 배축의 안토시아닌 착색여부를 조사하였다 (Fig. 3). 품종에 따라 안토시아닌이 있고 없는 개체가 섞여 있거나, 약하게 발현되는 경우가 있어 조사에 주의를 요했다. 120개 조사품종 중 안토시아닌 착색이 나타난 품종은 85 품종에 달했다.



Fig. 3. Seedling: anthocyanin coloration of hypocotyl. Frequency distribution for characteristic (left) and picture of seedlings (right)

② 잎몸 엽절의 수: 성숙기에 충분히 전개된 잎의 엽절 유무 및 엽절의 수를 조사하였다 (Fig. 4). 엽절은 13장부터 23장까지 분포하였으며, 평균 18장으로 나타났다.



Fig. 4. Leaf blade: number of lobes. Frequency distribution for characteristic (left) and picture of leaf blade (right)

③ 무 길이: 무의 길이는 수확 후 무의 뿌리부터 잎 부착부위까지의 최장거리를 측정하였다. 길이는 10cm 이하의 소형무부터 40cm이상의 대형무까지 다양하였다. 40cm 이상의 무는 주로 일본용무 혹은 국내 가공용 (단무지용)무가 이에 해당했다. 대부분의 무는 20-30cm의 중간길이에 해당했다. (Fig.5)

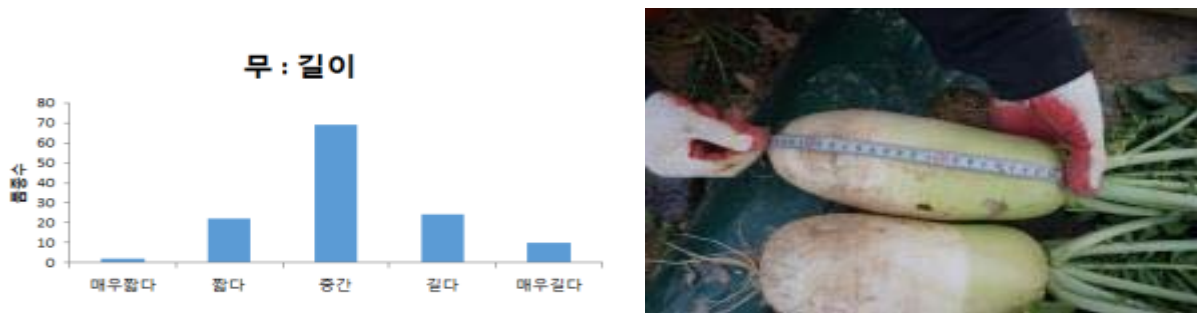


Fig. 5. Frequency distribution for leaf length in 120 radish cultivars (right), and picture of measuring root length (right)

④ 무 모양: 여름과종에서 무를 수확하여, 멀칭위에 정리하고, 디지털카메라로 무를 촬영하였다. 사진 영상을 보며 무 모양을 조사하였다. 계급값의 구분이 모호하였으나, 종자원 특성 조사 매뉴얼에 실린 무그림과 촬영한 무 사진을 대조하며 계급값을 결정하였다. 대형무 품종은 대부분 타원형, 알타리게 소형무는 알타리형, 일본무와 가공용무는 좁은 직사각형으로 조사되었다 (Fig.6).

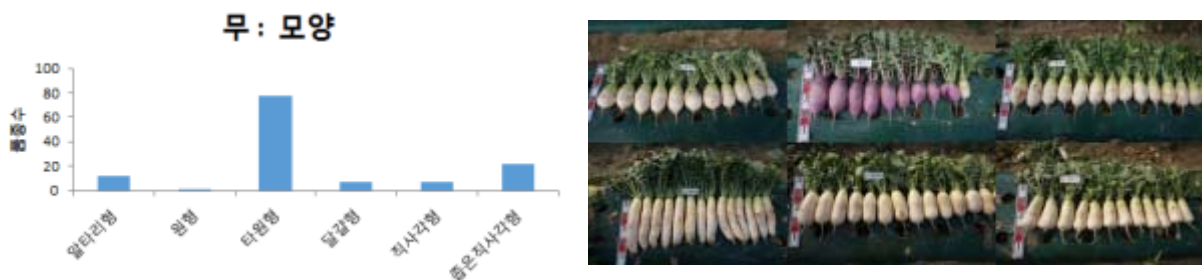


Fig. 6. Frequency distribution for root shape in 120 radish cultivars, (right), and picture of harvested radishes (right)

⑤ 추대성 : 2차 여름 파종 58개 품종에 대하여, 50% 추대형성기에 추대기를 조사하였다 (Fig. 7). 일반무는 2년생 작물로, 1차년도에 일정기간의 저온에 노출되면, 2차년도에 화아가 분화되고 추대한다. 추대시기 조사는 여름 작기에서 잘 관찰 되었다. 표현형의 계급은 매우 빠름, 빠름, 중간, 늦음, 매우 늦음의 5단계로 나누어 조사하였다. 시판품종 중 추대시기는 조추대성과 만추대성을 크게 나뉘었다.



Fig. 7. Radish: bolting time. Frequency distribution for characteristic (left) and picture to measure the bolting time in radish (right)

나. 다형성 SSR마커 탐색 및 PCR-Agarose 전기영동법을 이용한 유전자형 분석

품종간 다형성을 나타내는 Simple sequence repeat (SSR)마커 탐색을 위하여, Nakatsuji et al., (2011)과 Shirasawa et al., (2011)가 발표한 EST-SSR마커 리스트를 참조하였다. 리스트에서 SSR motif수가 많으며, PCR 증폭이 잘되고, 논문의 공시 품종간 다형성을 많이 보인 마커 218개를 선발하여 OligoDNA를 합성하였다. 초기 선발작업으로, 24개 품종을 가지고 PCR 증폭 및 품종간 다형성 검출여부를 테스트하였다. 밴드가 뚜렷하며 품종간 분리가 잘 되는 EST-SSR마커를 55개와 5개의 genomic SSR마커를 선발하였다 (Table 4 and 7, Fig. 8). 120개 수집품종에 대하여 DNA추출하고, 60개 다형성 마커에 대하여 유전자형분석을 실시하였다.

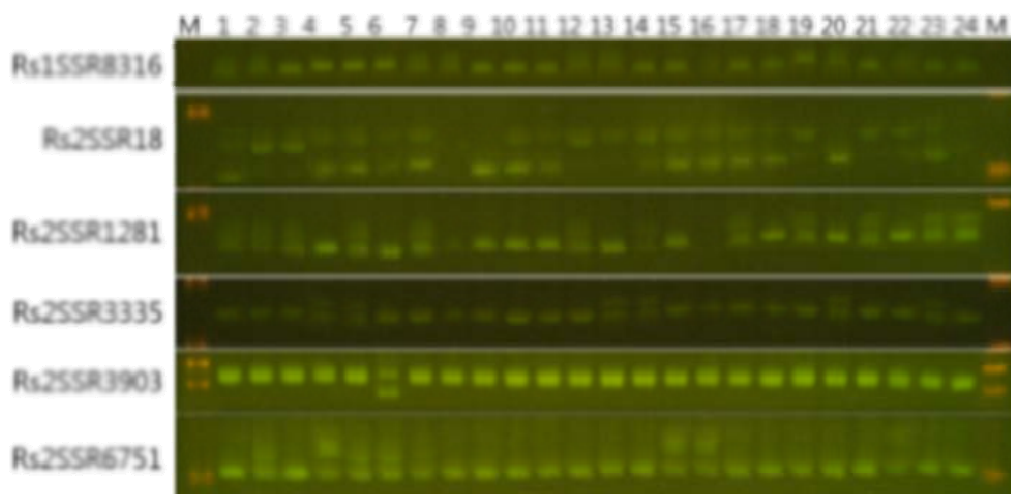


Fig. 8. Gel pictures of 6 SSR markers with 24 radish varieties. M indicates a DNA ladder and the numbers 1-24 indicate 24 varieties listed in Table 6.

Table 7. List of 24 commercial radish varieties for prescreening of primers

No.	품종명	No.	품종명
1	대들보	13	아이피미노
2	삼복다발	14	상감무
3	슈퍼길조	15	신기원
4	청치미	16	신세계
5	여름달랑	17	청해무
6	기찬	18	장군무
7	청대봄	19	흑단열무II
8	청운플러스	20	만추대청
9	탐스런	21	설중매무
10	전무후무	22	강호골드
11	YR오래	23	생그린봄무
12	봄미인	24	싱싱무

다. 표현형에 관한 주성분 분석

주성분분석 결과, 상관행렬의 고유값 1이상을 주성분으로 계산할 경우, 11개의 주성분이 표현형 변이의 76%를 설명할 수 있었다. 이 중, 3개의 주성분이 표현형의 39%를 설명하였다. 제1 주성분은 수확시기를 결정하는 무의 형태 (19%), 제2성분은 잎과 뿌리의 착색 (13%), 제3성분은 근육내 착색 및 바람들이 경향 (7%) 으로 대표되었다 (Table 8). 이와 같이, 국내 유통중인 무 품종은 표현형적으로, 무의 형태, 식물체의 착색 및 수확시기에서 다양성을 나타내었다.

라. 표현형과 SSR마커를 이용한 유연관계분석

본 연구에서 조사한 표현형 데이터 (농업형질, 34개 항목)와 유전형 데이터 (SSR마커 60개)를 가지고, 무 120개 품종의 유연관계를 분석하였다. 표현형 조사에서는 34개 조사 형질 중, 배수성은 모두 2배체로, 잎몸 가장자리 결각의 유무는 모두 있다는 단일값으로 조사되었다. 표현형의 유사도는 계급값을 0, 1로 전환하여 유집분석을 실시하였다 (Fig.9). 그 결과, 120품종이 0.60-0.95의 유사도지수를 나타내었으며, 크게 세 그룹으로 유집분석되었다. I 그룹은 두 개의 하위집단 (Ia, Ib) 으로 구성되었다. Ia는 한국의 대형무, Ib는 한국의 소형무와 열무로 구성되었다. II그룹은 한국의 가공용 무와 일본무가 유집되었고, III그룹에는 20일무에 해당하는 적환20일무 (120) 가 독립된 그룹으로 분리되어 존재하였다. 한국채소종자발달사 (2008)에 따르면, 한국의 가공용 무는 일본의 재래종 품종인 미농, 이상이 국내에 도입된 것으로 보고되어 있어, 가공용무와 일본무가 함께 유집된 결과를 지지한다. 한 편, 붉은색 근피의 20일무인 적환20일무는 한국, 일본, 중국의 무와 대별되는 특성을 나타내어 독립된 그룹을 형성하였다.

SSR마커 분석결과, 60개 마커에서 총 226개의 밴드가 검출 되었다 (Table 4). 시도한 마커 중, EST-SSRs 약 40%, genomic-SSRs 약 6%에서 PCR밴드가 안정되게 증폭되고, 다형성이 높게 나타났다. 60개 마커의 PIC값은 0.38-0.72, 평균 0.61로 나타났다. 이는 중국의 32개 무 품

종에 대하여 SSR마커 28개로 유전적 다형성 평가를 실시한 결과와 유사했다 (Jiang et al., 2012). 증폭된 밴드의 유무로 유사도 값을 구하고, 이를 근거로 UPGMA법에 따라 유집분석을 실시하였다 (Fig.10). 무 120품종의 유사도 값은 0.41-0.99의 범위로 나타났고, 60개의 마커를 이용하면 120개 품종 모두 식별 가능하였다. 유집분석 결과, 크게 4개의 그룹으로 분류되었다. I그룹은 3개의 하위그룹으로 나뉘는데, Ia. 한국 대형무, Ib. 한국대형무와 중국무, Ic는 일본무와 한국의 가공용무가 분류되었다. II 그룹에는 소형무, III 그룹에는 열무, IV 그룹에는 적환20일무가 단독으로 그룹을 형성하였다. Ia의 관동 (65)과 강추무 (71)는 유사도 지수가 0.99로 가장 높게 나타났다. Ia 그룹의 중심에 위치하는 관동은 여러 품종과 유전적 거리가 매우 높게 나타났다. 관동(65)은 한국의 여름부터 겨울에 걸쳐 년중 재배되는 인기품종으로, 관동의 모부계는 한국무 육종에 널리 사용된 것으로 알려져 있어, 여러품종과 유전적배경이 유사한 유집결과를 뒷받침한다 (한국채소종자발달사 2008). 적환20일무 (120)는 표현형 유집분석 결과와 동일하게 단독으로 분류되었다. 이는, Kong 등 (2011)의 보고에서 156개의 무 자원을 분석한 결과, *R. sativus* var. *hortensis* Becker (East Asian big and long radish)와 var. *sativus* L. (European small radish)를 별개의 그룹으로 분류한 결과와도 일치했다.

유전형과 표현형의 유집분석결과는 유사한 결과를 나타내었다. 표현형의 유집분석에서는 32개 형질의 결과를 이용하여 120개 품종을 크게 세 그룹으로 분류하였다 (Fig.9). I그룹은 한국의 대형무, 소형무 열무, II그룹은 한국의 가공용 무와 일본무, III그룹에는 20일무에 해당하는 적환20일무 (120) 로 나뉘었다. 유전형 유집분석에는 60개 SSR마커를 이용하여 120개 품종을 크게 네 그룹으로 분류하였다 (Fig.10). I그룹은 한국의 대형무, 일본무와 한국의 가공용무가 분류되었다. II 그룹에는 소형무, III 그룹에는 열무, IV 그룹에는 적환20일무가 그룹을 형성하였다. 표현형 계통수에서는 유전형 계통수와 달리, 한국의 가공용무와 일본무가 독립된 그룹으로 분류되고, 대형무, 소형무, 열무가 같은 그룹으로 유집분석 되었다. 표현형과 유전형 유집분석 결과의 유사도를 알아보기 위하여, 두 개의 distance matrix간의 상관관계를 Mantel test를 이용하여 알아보았다. 그 결과, 상관계수 $r = 0.48863$ ($p = 0.0001$)로 통계적으로 유의하나 약한 상관관계를 나타냈다.

Table 8. Eigenvalues and proportion of the total variance in 120 radish F1 cultivars, as explained by the first nine principal components for the 34 agronomic traits.

형질	주성분 (PCs)										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
무모양	0.886	-0.019	-0.044	-0.026	0.050	-0.008	-0.012	-0.075	0.052	-0.023	-0.118
무밑등모양	-0.860	-0.045	-0.128	0.013	-0.017	0.206	-0.158	0.032	-0.079	0.006	0.073
무길이	0.815	-0.011	0.009	0.143	0.100	0.131	-0.074	-0.020	-0.133	0.164	-0.048
무뿌리의너비	0.732	0.039	-0.227	0.081	-0.005	-0.181	0.022	-0.049	0.032	0.093	0.224
무정수리모양	0.709	-0.165	-0.146	0.044	-0.257	0.194	-0.209	0.037	0.113	-0.075	0.032
수확기	0.688	-0.060	0.435	0.168	0.085	0.168	0.006	-0.061	-0.069	-0.163	-0.012
배측안토시아닌착색	-0.516	0.021	0.232	-0.007	-0.105	-0.289	-0.214	-0.075	-0.293	-0.087	-0.307
흰부위의넓이	-0.514	-0.426	0.386	-0.234	0.272	0.267	0.105	-0.217	0.117	0.068	0.040
안토시아닌착색	-0.106	0.959	0.007	-0.028	0.011	0.039	-0.092	-0.017	0.085	-0.052	-0.075

안토시아닌의강도	-0.041	0.926	0.195	-0.022	0.004	-0.012	0.010	0.043	-0.029	0.034	0.030
무윗부분의붉은색발현	-0.183	0.606	-0.353	-0.027	0.018	0.120	-0.247	-0.126	0.266	-0.193	-0.243
무윗부분의색	-0.397	-0.590	0.335	-0.114	0.201	0.193	0.063	0.090	-0.041	-0.011	-0.132
무속살색	-0.142	0.097	0.795	-0.110	0.099	0.067	-0.056	0.023	-0.014	-0.016	-0.048
무바람들이경향	-0.376	0.298	-0.538	-0.043	-0.375	0.153	-0.224	-0.137	-0.039	0.191	-0.059
무겉질의착색	-0.452	-0.449	0.481	-0.155	0.297	0.259	0.072	-0.227	0.054	-0.023	-0.056
털의다소	0.138	0.018	-0.007	0.911	0.044	-0.085	-0.076	-0.027	-0.042	0.038	0.000
털의강도	0.060	-0.010	-0.109	0.903	0.014	0.121	-0.013	0.008	0.024	-0.060	0.061
엽질	-0.120	-0.011	0.181	0.047	0.894	0.008	-0.012	-0.026	0.053	-0.065	0.038
엽질의수	0.502	-0.099	-0.005	0.047	0.645	-0.024	0.139	0.207	-0.028	0.077	-0.002
무속살의투명도	-0.042	0.021	-0.150	-0.086	0.032	-0.818	0.148	0.016	0.172	0.042	-0.012
가장자리의결각의깊이	0.138	-0.002	0.069	0.217	-0.092	-0.454	-0.201	0.451	-0.166	-0.144	0.274
잎길이	0.128	-0.137	-0.034	-0.041	0.124	-0.152	0.789	0.035	0.011	0.070	-0.056
무굵기	-0.414	-0.227	0.301	-0.062	-0.180	0.197	0.481	0.257	0.160	0.025	0.062
잎자세	0.130	-0.059	0.217	0.203	0.177	-0.328	-0.455	-0.124	0.354	0.353	-0.066
추대성	0.176	0.093	0.304	0.022	0.142	0.083	-0.048	-0.699	-0.114	0.175	0.196
잎몸모양	-0.045	0.059	0.160	-0.037	0.213	0.000	0.178	0.654	0.095	0.001	-0.006
잎몸녹색의강도	0.140	-0.041	0.382	-0.039	-0.033	0.283	-0.258	0.464	0.207	0.325	0.018
떡잎크기	-0.149	-0.178	0.105	0.035	-0.062	0.119	0.074	-0.129	-0.702	0.014	-0.049
잎몸끝모양	-0.087	-0.038	0.281	0.147	-0.281	0.175	0.199	0.115	0.486	-0.212	-0.356
잎부착부위의너비	-0.210	-0.114	0.262	-0.131	0.057	-0.275	0.357	0.086	0.470	-0.157	0.219
잎몸색	0.005	-0.057	-0.065	-0.030	-0.040	-0.005	0.051	-0.074	-0.089	0.881	0.000
무피층의두께	-0.052	-0.054	-0.007	0.057	0.016	-0.006	-0.006	-0.067	0.041	-0.019	0.860
상관행렬의 고유값	5.94	4.14	2.33	2.23	1.84	1.79	1.34	1.21	1.19	1.15	1.05
설명된 총 분산 %	18.56	12.94	7.29	6.96	5.75	5.59	4.17	3.78	3.71	3.61	3.30
누적된 총 분산 %	18.56	31.50	38.79	45.75	51.50	57.09	61.27	65.05	68.75	72.36	75.66

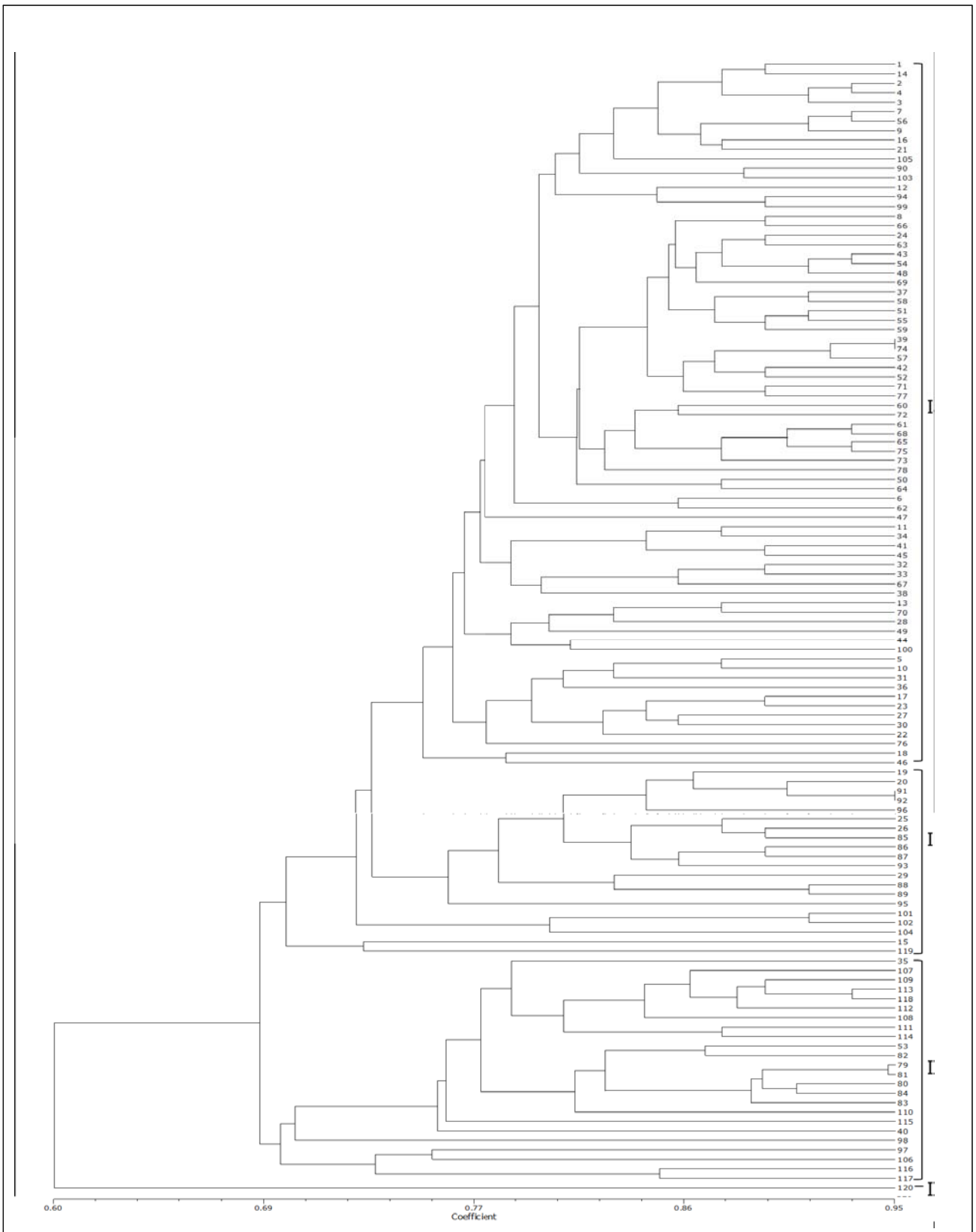


Fig. 9. A dendrogram showing the phenotypic relationships based on the 29 agronomic traits among 120 radish F1 cultivars. Numbers indicate the cultivar codes as listed in Table 1.

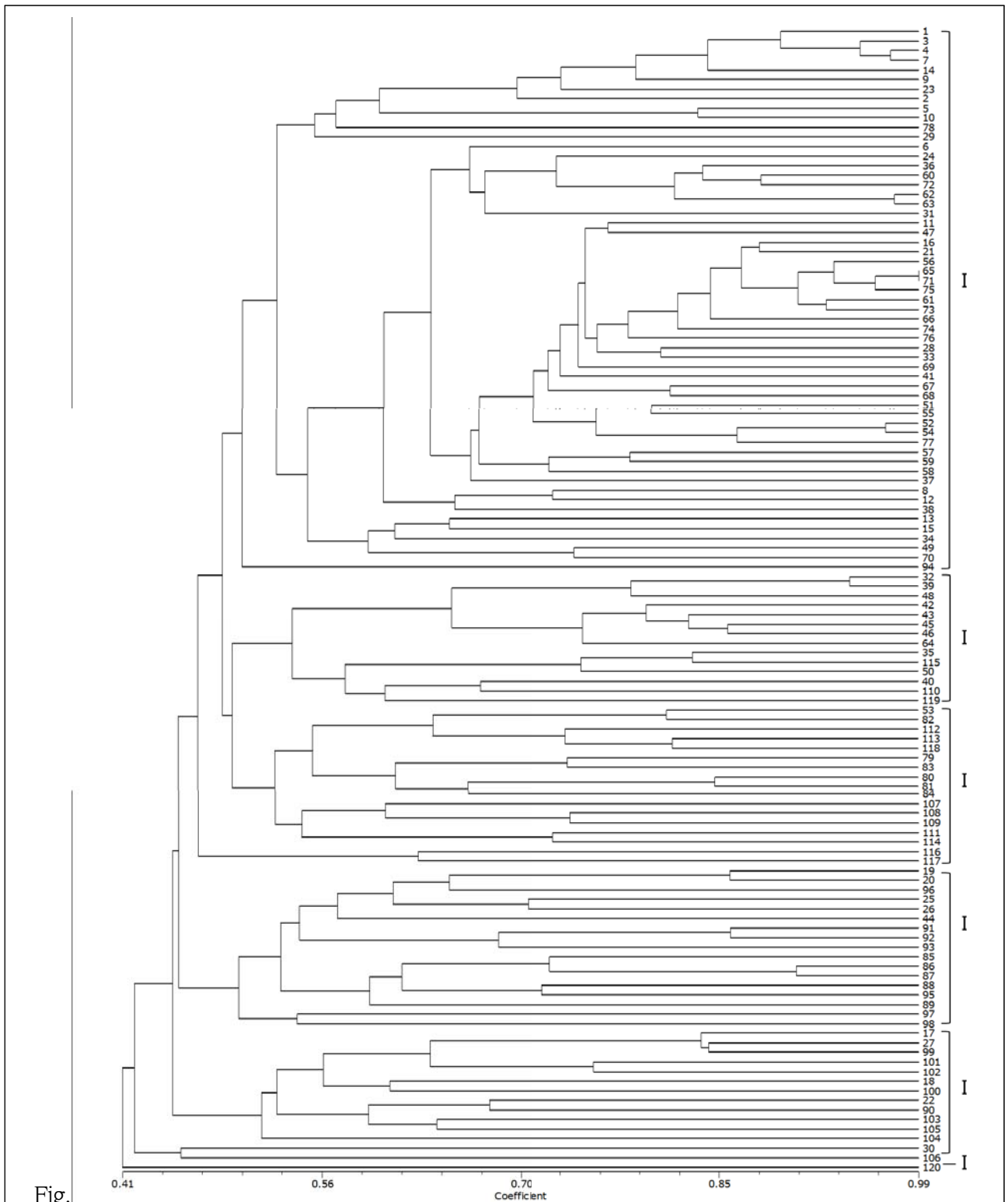


Fig.

10. A dendrogram showing the genetic similarity based on the 60 SSR markers among 120 radish F1 cultivars. Numbers indicate the cultivar codes as listed in Table 1.

라. 국립종자원 개발 무 SSR마커에 대한 교차분석

국립종자원(2세부)에서 개발한 무 품종구별용 SSR마커 세트 22개에 대한 교차분석을 실시하였다 (Table 5). 22개 마커 중 세종대에서 분석에 사용한 3개의 마커 (RsSA020, RsSH016,

RsSR025)를 제외한 19개 마커에 대하여, 8개 품종을 공시하여 PCR 증폭 후 3% Agarose gel 에서 전기영동하여 밴드의 증폭 및 다형성 여부를 판단하였다 (Fig. 11). 전기영동은 100볼트 15분 영동 후 200볼트에서 90분간 추가로 영동하였고, 완충액은 0.5×TBE를 사용하였다. 그 결과, 19개 마커 중 15개 마커가 3% Agarose gel에서도 다형성과 재현성이 확인 되어, 국립종자원에서 개발한 마커의 대부분을 3% Agarose 시스템에서도 이용 가능 할 것으로 판단되었다. RS122, RS124, RS125, BRMS096-2 마커의 경우, 3% Agarose gel - 200볼트 90분 전기영동 조건에서는 다형성이 보이지 않아 아가로스 전기영동에서는 품종 식별용 마커로 사용하기는 어려울 것으로 생각되었다. 단, 본 실험에 공시한 8개 품종이 유전적으로 거리가 매우 가까워 다형이 검출되지 않았을 가능성도 있어, 공시품종을 늘려 추가로 시험할 예정이다. 추후 무의 품종구분용 마커세트를 결정할 때 Agarose 전기영동시스템에서도 손쉽게 식별이 가능한 마커를 우선적으로 선정하게 되면, 실험실 규모가 작은 연구기관이나 육종회사에서도 많은 장비를 구비하지 않더라도 품종구별 실험을 쉽게 진행할 수 있을 것으로 기대된다. 추가로, 다형성이 높게 나타난 12개 마커에 대하여, DNA샘플 수를 24개 품종으로 늘려 재현성 실험을 실시하였다 (Fig 12). 그 결과 대부분의 마커에서 밴드패턴이 명확하게 잘 분리 되는 것으로 확인되었다.

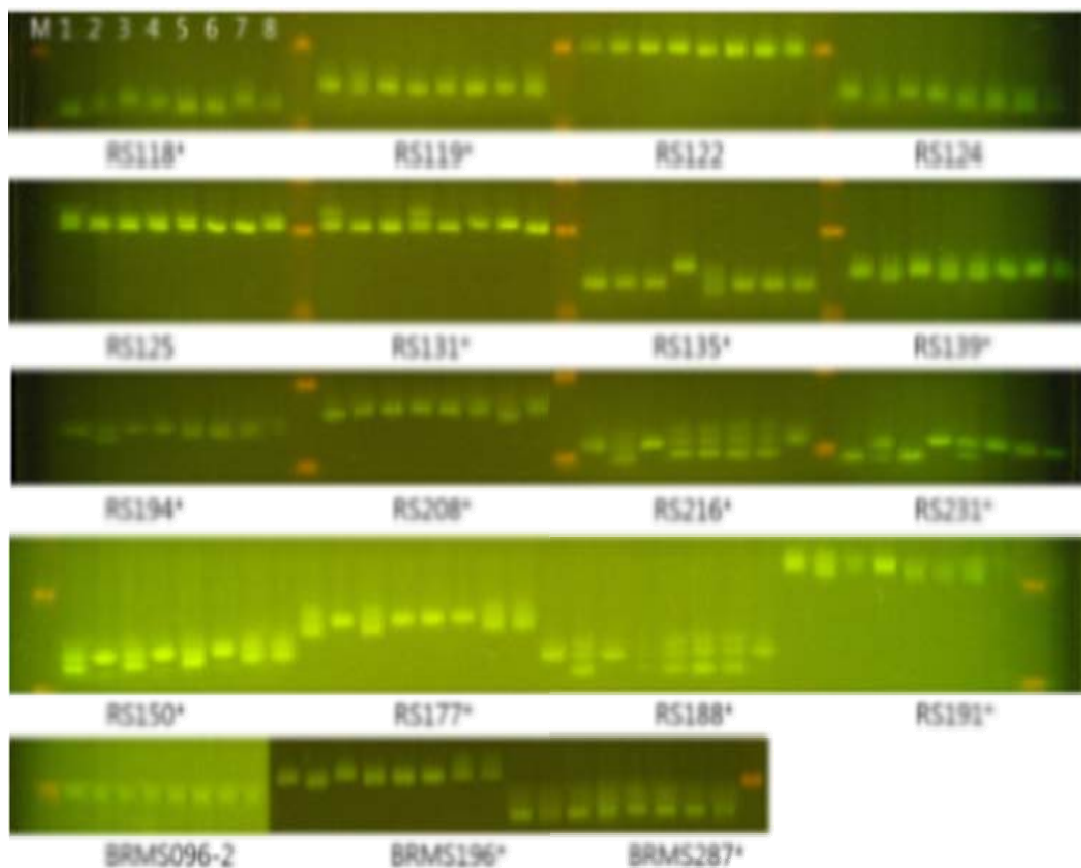


Fig. 11. A set of 19 IPET-SSR primer pairs was tested to select polymorphic SSR markers between 8 varieties. Among the 19 primer pairs, 15 markers(*) showed high polymorphism, reproducibility and easy scoring. M indicates a DNA ladder and the numbers 1-8 indicate 8 varieties listed in Table 9.

Table 9. List of 8 commercial radish varieties tested for IPET-SSR markers. PCR products were separated using 3% agarose gel electrophoresis system

No.	품종명	No.	품종명
1	대들보	5	여름달랑
2	삼복다발	6	기찬
3	슈퍼길조	7	청대봄
4	청치미	8	청운플러스

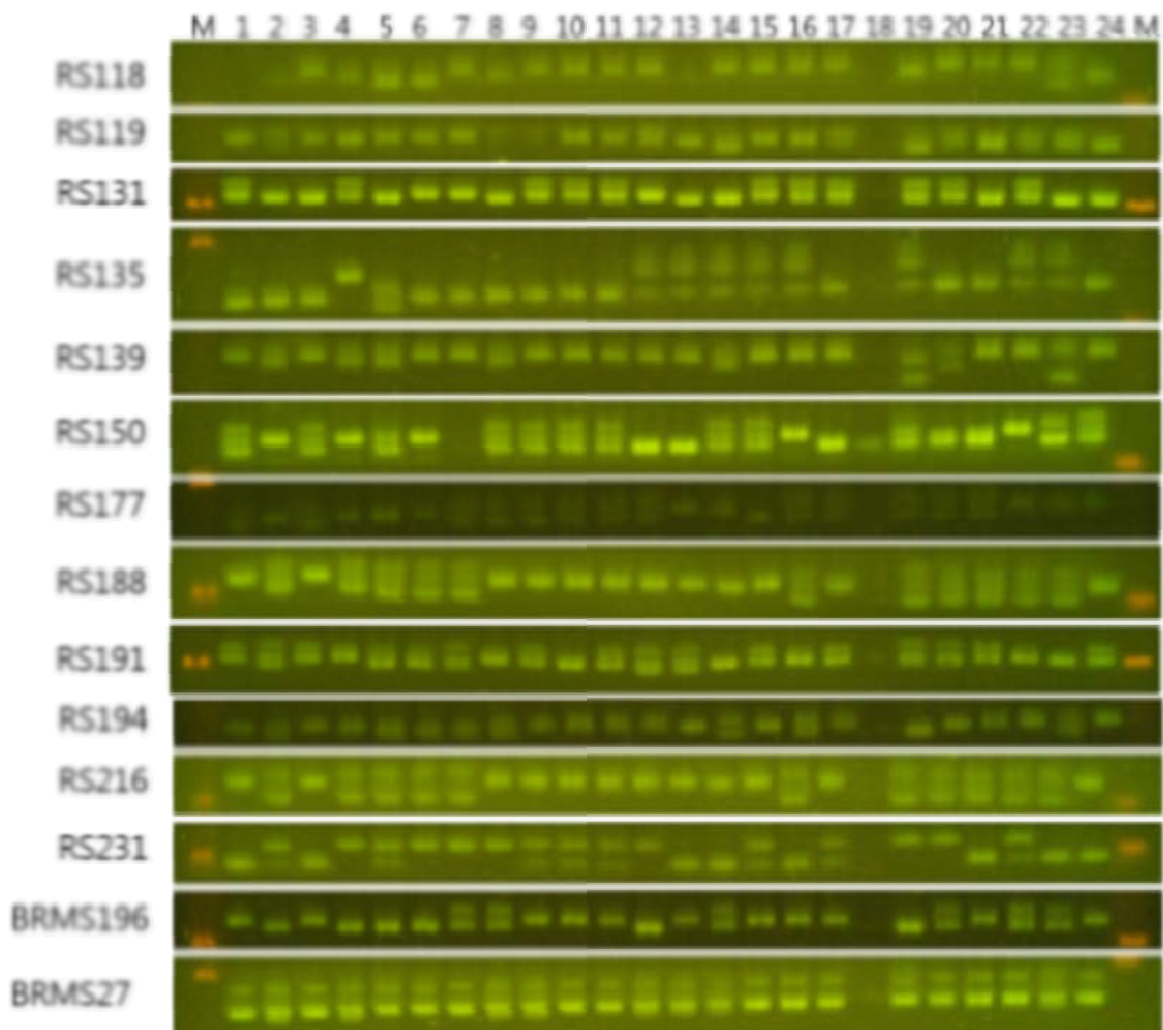


Fig. 12. The selected 14 IPET-SSR markers showing polymorphism among 24 radish varieties. PCR products were separated using 3% Agarose gel electrophoresis system. M indicates a DNA ladder and the numbers 1-24 indicate 24 varieties listed in Table 6.

□ 품종간 유전거리 분석 프로그램 개발

기존에 개발된 유전거리 분석기술을 검색하고 활용하여 DB 웹환경에서 보다 효율적으로 품종간 유사도를 평가할 수 있도록 ㈜씨더스와 협력하여 프로그램을 개발하였다. 신규 DB 웹페이지는 본 과제에서 연구된 13종 작물(벼, 콩, 보리, 고추, 토마토, 무, 배추, 수박, 상추, 장미, 국화, 블루베리, 배)의 품종별 형질특성 및 DNA profile 데이터베이스를 포함할 수 있도록 구성하였다 (Fig. 1). 이러한 웹기반의 DB는 사용자가 데이터를 업로드 할 수 있게 하여 향후 추가적인 품종에 대한 정보를 DB에 입력할 수 있게 하였다. 이와 더불어 유사도 분석 기능을 첨가하여 DB에 있는 InDel, SSR, SNP 등 분자표지의 유전자형 데이터를 이용하여 품종간 유전적 거리를 산출하고 비가중산술법 (UPGMA, Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Average)을 통해 dendrogram을 작성할 수 있다 (Fig. 2). 또한 품종간 유전적 차이를 시각적으로 표현하고 이를 통해 유전체상에서 품종간 재조합에 의한 variation block을 탐색할 수 있는 graphical genotype (GGT) 분석 기능을 포함시켰다 (Fig. 2).

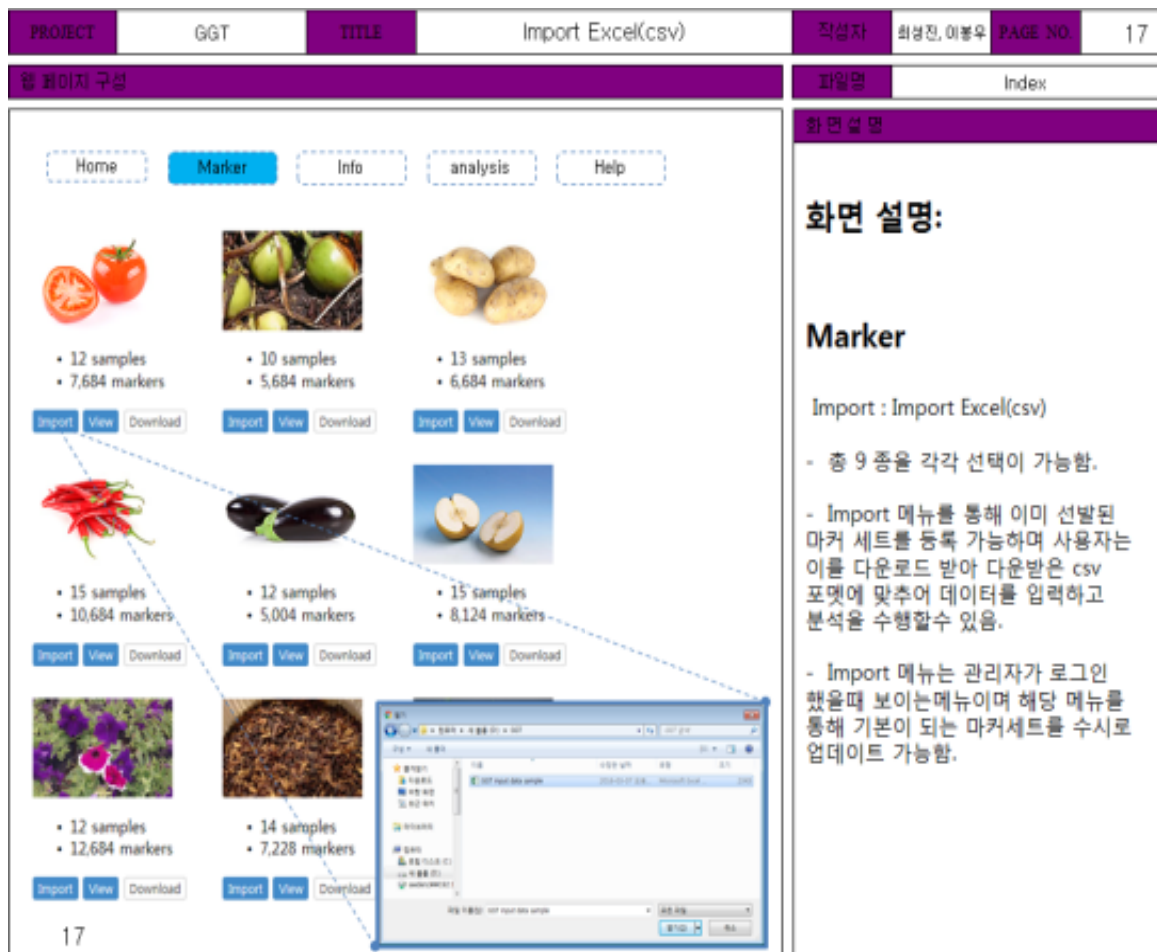


Fig. 1. A new web-based DB for phenotypic and genotypic data of the 13 crop species developed in this study

PROJECT	GGT	TITLE	분석할 샘플 조합 선택 및 분석진행	작성자	최성진, 이봉우	PAGE NO.	21
웹 페이지 구성				파일명			
				Analysis			
<p>Home Marker Info analysis Help</p> <p>Analysis</p> <p>File input D:\GGT\GGT input d\ 찾아보기...</p> <p><input type="checkbox"/> All <input checked="" type="checkbox"/> Sample1 <input checked="" type="checkbox"/> Sample2 <input checked="" type="checkbox"/> Sample3 <input checked="" type="checkbox"/> Sample4 <input type="checkbox"/> Sample5 <input type="checkbox"/> Sample6 <input type="checkbox"/> Sample7 <input type="checkbox"/> Sample8 <input type="checkbox"/> Sample9 <input type="checkbox"/> Sample10 <input type="checkbox"/> Sample11 <input type="checkbox"/> Sample12</p> <p style="text-align: center;">분석</p> <p>Dendrogram GGT Image Genetic Distances</p>				<p>화면 설명:</p> <p>Analysis</p> <p>분석 : 선택된 샘플(개체) 를 분석</p> <p>- 분석 버튼을 클릭하면 3가지 형태로 아웃풋이 제공됨.</p> <p>- Dendrogram : 현재 분석상 GGT2 프로그램에서 제공하는 방식의 개체간 유사도 비교를 확인할수 없음.</p>			

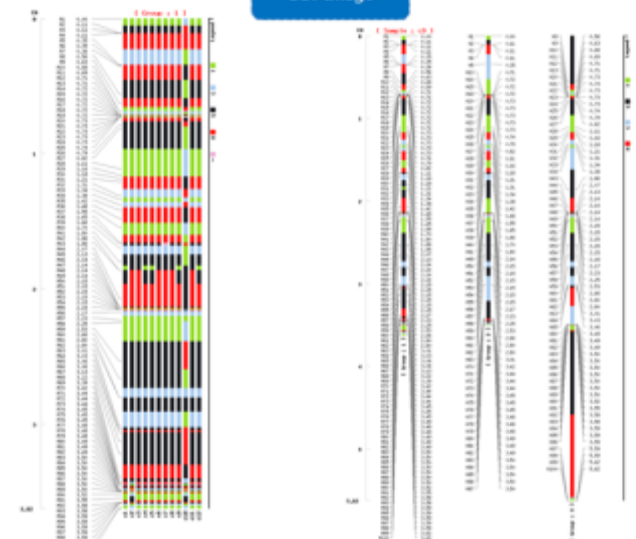
PROJECT	GGT	TITLE	GGT Image View	작성자	최성진, 이봉우	PAGE NO.	22
웹 페이지 구성				파일명			
				GGT			
<p>Home Marker Info analysis Help</p> <p>GGT Image</p> 				<p>화면 설명:</p> <p>Analysis</p> <p>GGT Image View : GGT image</p> <p>- 좌 : 하나의 Chromosome 을 샘플 (개체)간 비교 가능한 형태로 나열하며 Chromosome 을 변경하면서 view가 가능</p> <p>- 우 : 좌 그림에서 하나의 샘플(개체) 를 클릭하면 해당 종의 Chromosome을 모두 표현하여 상세하게 볼 수 있음.</p>			

Fig. 2. Analysis tools for evaluation of genetic differentiation between cultivars using molecular markers in the new web-based DB.

제7절 [제5협동과제: 고추 품종 형태적 특성 데이터베이스 구축]

1) 연구방법

1. 공시품종 및 시험재배 방법

공시품종은 현재 보호등록 또는 생산판매 신고된 유통품종 300점을 수집하여 시험재료로 하였고 그중 보호출원 품종이 128점, 생산판매신고 품종이 172점 이었다. 2016년 시험재료 중 ‘독주역강’ 등 19품종은 2014년도 특성평가를 실시한 품종들이나 국립종자원 조사결과 유전적 연관도가 100인 그룹으로 분류되어 재평가를 실시하였다(표 1-1~3). 과종은 원조믹스 상토를 이용하여 72구 트레이에 하였고, 영양고추연구소 포장에 노지정식 하였다. 재배양식은 품종당 10주씩 3반복으로 하였고, 재식거리는 120cm×40cm으로 하였다. 재배관리는 표준영농교본 ‘고추재배(농촌진흥청 2008)’ 를 기준으로 재배하였다.

표1-1. 2014년 특성평가 시험재료 목록

순번	품종명	회사명	비고	순번	품종명	회사명	비고
1	강한건	이서종묘	출원	51	PR장마당	케이원종묘	
2	강한대군	케이원종묘		52	PR전설	코레곤종묘	
3	거대한고추	사카타		53	PR진검승부	삼성종묘	출원
4	거창한	사카타	출원	54	PR천기	세계종묘	
5	건초조은	케이원종묘		55	PR천년미소	선진종묘	
6	국풍조생	피피에스		56	PR케이스타	코레곤종묘	출원
7	나잘난	농우바이오		57	PR화권	세계종묘	
8	남자의자격	신젠타종묘	출원중	58	PR화통	우정종묘	
9	대권선언	동부팜한농	출원중	59	본가네	농우바이오	
10	독주역강	아시아종묘		60	빅스타	농우바이오	
11	맘모스	아시아종묘		61	서방님	농원	
12	멋진사나이	신젠타종묘		62	훈민정음	우정종묘	
13	무한질주	신젠타종묘	출원	63	적벽대전	누넴종묘	출원
14	백승	피피에스		64	파워스피드	동부팜한농	출원
15	불탑	동부팜한농		65	킹콩PR	동부팜한농	
16	세계일	사카타	출원	66	PR일거양득	동원	
17	슈퍼바이킹	동부팜한농		67	PR선샤인	명산종묘	
18	신마구따	아시아종묘		68	강력야무진	명산종묘	
19	신역강홍장군	코레곤종묘		69	PR신태풍	명산종묘	
20	신초롱	사카타	출원	70	포르테	명산종묘	
21	역강수문장	아시아종묘		71	PR농가왕	삼성종묘	출원
22	일당백골드	신젠타종묘	출원	72	PR돈방석	삼성종묘	출원
23	점핑	아시아종묘		73	부부	삼성종묘	
24	진짜사나이	신젠타종묘	출원	74	건초왕	삼성종묘	출원
25	쭉쭉빵빵	동방종묘		75	글래머	삼성종묘	출원
26	챔프왕	아시아종묘		76	PR건초왕	삼성종묘	출원
27	천군만마	삼성종묘	출원	77	PR고향산천	삼성종묘	출원

28	천리안	사카타		78	PR두배로	선진종묘	
29	천재일우	씨드랜드		79	예쁜독야청청	신젠타종묘	출원
30	타네강	아시아종묘	출원	80	불도장	신젠타종묘	출원
31	폭탄선언	동부팜한농		81	PR상록	씨드랜드	
32	해비치	누넴종묘		82	PR삼박자	씨드랜드	
33	PR기가찬	코레곤종묘		83	역시나	아시아종묘	
24	PR내고향	씨드랜드		84	로또킹	아시아종묘	
35	PR다조은	선진종묘		85	광택나	아시아종묘	
36	PR동네잔치	삼성종묘		86	팔광	이서종묘	
37	신PR로또	아시아종묘		87	파죽지세	이서종묘	
38	PR백년해로	씨드랜드		88	일월산천	이서종묘	
39	PR산올림	한국다끼이		89	PR한가득	제농씨앗	
40	PR삼고초려	삼성종묘	출원	90	PR누네띠네	제농씨앗	
41	PR삼사극찬	삼성종묘	출원	91	PR홍타령	코레곤종묘	
42	PR새바람	씨드랜드		92	PR열광	코레곤종묘	
43	PR선비촌	선진종묘		93	블티나플러스	코레곤종묘	
44	PR소득왕	씨드랜드		94	PR수퍼홍장군	코레곤종묘	
45	PR스마트	농우바이오	출원	95	신동건	피피에스	
46	PR신명난	선진종묘		96	PR거물	피피에스	
47	PR씩슬이	농우바이오	출원	97	PR풍년가	한국다끼이	
48	PR열	삼성종묘	출원	98	금마루	홍농씨앗	출원
49	PR완결자	우정종묘		99	독립선언	동부팜한농	
50	PR우람찬	선진종묘		100	PR영영	명산종묘	

표1-2. 2015년 특성평가 시험재료 목록

순번	품종명	회사명	비고	순번	품종명	회사명	비고
1	PR천명	이서	보호등록	51	SS-33	삼성종묘	보호등록
2	PR역발산	코레곤	보호등록	52	이플러스	삼성종묘	보호등록
3	PR매콤	코레곤	보호등록	53	비25	삼성종묘	보호등록
4	맙시나	한터리	보호등록	54	신화창조	삼성종묘	보호등록
5	칠북1호	경북대산한협력단	보호등록	55	절대강자	삼성종묘	보호등록
6	풍곡1호	경북대 산한협력단	보호등록	56	농가왕	삼성종묘	보호등록
7	양강1호	경북대 산한협력단	보호등록	57	하이그린풋	삼성종묘	보호등록
8	신상	경북대 산한협력단	보호등록	58	강력금당	신젠타	보호등록
9	양강2호	경북대 산한협력단	보호등록	59	슈퍼비가림	신젠타	보호등록
10	양강3호	경북대 산한협력단	보호등록	60	천상	신젠타	보호등록
11	영고1호	경북대 산한협력단	보호등록	61	상감	신젠타	보호등록
12	영고2호	경북농업기술원	보호등록	62	큰대매울신	신젠타	보호등록
13	영고3호	경북농업기술원	보호등록	63	독야청청	신젠타	보호등록
14	영고4호	경북농업기술원	보호등록	64	금향	신젠타	보호등록
15	영고5호	경북농업기술원	보호등록	65	일송정	신젠타	보호등록
16	영고6호	경북농업기술원	보호등록	66	일당백	신젠타	보호등록
17	영고2호	경북농업기술원	보호등록	67	기립박수	신젠타	보호등록
18	영고4호	경북농업기술원	보호등록	68	만사형통	신젠타	보호등록
19	케이피에프	와치요시다카	보호등록	69	무한질주	신젠타	보호등록
20	대촌	농우바이오	보호등록	70	모닝풋	신젠타	보호등록
21	천향맛	농우바이오	보호등록	71	피알드래곤2호	에코씨드	보호등록
22	룽그린맛	농우바이오	보호등록	72	피알아폴로	에코씨드	보호등록

23	PR마니따	농우바이오	보호등록	73	에스엔253	서울대산학협력단	보호등록
24	생력211호	국립원예특작	보호등록	74	에스엔254	서울대산학협력단	보호등록
25	생력213호	국립원예특작	보호등록	75	에스엔255	서울대산학협력단	보호등록
26	생력216호	국립원예특작	보호등록	76	당조마일드	제일종묘	보호등록
27	생력214호	국립원예특작	보호등록	77	대들보	한국다끼이	보호등록
28	세원2호	국립원예특작	보호등록	78	금수강산	한국다끼이	보호등록
29	세원3호	국립원예특작	보호등록	79	TPE010	다끼이종묘	보호등록
30	세원4호	국립원예특작	보호등록	80	미락홍	현대종묘	보호등록
31	원강1호	국립원예특작	보호등록	81	위풍당당	현대종묘	보호등록
32	원강2호	국립원예특작	보호등록	82	한입맛	KS종묘	보호등록
33	AR1호	국립원예특작	보호등록	83	초지일관	KS종묘	보호등록
24	AR2호	국립원예특작	보호등록	84	거룩한	사카타코리아	보호출원
35	AR3호	국립원예특작	보호등록	85	대들보	코레곤종묘	보호등록
36	스타트07	국립원예특작	보호등록	86	무병지대	동부팜한농	보호출원
37	원강3호	국립원예특작	보호등록	87	무단지대	동부팜한농	보호출원
38	빨리따	동부팜한농	보호등록	88	신통방통	아시아종묘	보호등록
39	천하태평	동부팜한농	보호등록	89	큰사랑	농우바이오	보호출원
40	신사랑꽃	동원농산종묘	보호등록	90	금되는	이서종묘	생산판매
41	지천명	동원농산종묘	보호등록	91	기대만발	동부팜한농	생산판매
42	정통	바이엘크롭사이언스	보호등록	92	병강세	동부팜한농	생산판매
43	대통	바이엘크롭사이언스	보호등록	93	최강선언	동부팜한농	생산판매
44	친통	바이엘크롭사이언스	보호등록	94	PR관심백배	삼성종묘	생산판매
45	강력대통	바이엘크롭사이언스	보호등록	95	PR청록	씨드랜드	생산판매
46	BN54	사카타	보호등록	96	PR청춘	권농종묘	생산판매
47	불세출	사카타	보호등록	97	아시아점보	아시아종묘	보호등록
48	신세계	사카타	보호등록	98	셋별	피피에스	보호출원
49	우리건	삼성종묘	보호등록	99	PR청양	동부팜한농	보호출원
50	제왕	삼성종묘	보호등록	100	에코스타	다끼이종묘	보호출원

표1-3. 2016년 특성평가 시험재료 목록

순번	품종명	회사명	비고	순번	품종명	회사명	비고
1	독주역강	아시아종묘	생산판매	51	다복한가정	사카타	보호출원
2	PR새바람	씨드랜드	생산판매	52	PR인생역전	삼성종묘	생산판매
3	PR선비촌	선진종묘	생산판매	53	역대최강	삼성종묘	생산판매
4	PR누네티네	제농씨앗	생산판매	54	PR액션	삼성종묘	생산판매
5	신마구따	아시아종묘	생산판매	55	PR부부	삼성종묘	생산판매
6	PR우람찬	선진종묘	생산판매	56	PR전국통일	삼성종묘	생산판매
7	PR신명난	선진종묘	생산판매	57	PR구구팔팔	삼성종묘	생산판매
8	서방님	농원종묘	생산판매	58	PR스마일	선진종묘	생산판매
9	훈민정음	우정종묘	생산판매	59	PR그랑프리	선진종묘	생산판매
10	일월산천	이서종묘	생산판매	60	PR연속타	선진종묘	생산판매
11	폭탄선언	동부팜	생산판매	61	PR완전정복	선진종묘	생산판매
12	파죽지세	이서종묘	생산판매	62	PR보람찬	선진종묘	생산판매
13	PR내고향	씨드랜드	생산판매	63	PR행복예감	선진종묘	생산판매

14	PR다조은	선진종묘	생산판매	64	PR완전대박	선진종묘	생산판매
15	백승	피피에스	생산판매	65	PR동방플래	세계종묘	생산판매
16	슈퍼바이킹	동부팜	생산판매	66	PR무적자	세계종묘	생산판매
17	역강수문장	아시아종묘	생산판매	67	PR무결점	세계종묘	생산판매
18	PR전설	코레곤	생산판매	68	국보	세미니스	생산판매
19	불티나플러스	코레곤	생산판매	69	금마루	세미니스	보호출원
20	AR레전드	고추와육종	보호출원	70	안성맞춤	세미니스	생산판매
21	AR지존	고추와육종	보호출원	71	일당백	신젠타	생산판매
22	청춘60	권농종묘	생산판매	72	PR백두홍	씨드랜드	생산판매
23	청춘88	권농종묘	생산판매	73	PR열청	씨드랜드	생산판매
24	PR조대강	권농종묘	생산판매	74	백년동안	씨드랜드	생산판매
25	21세기고추	농우바이오	생산판매	75	구워먹네	아시아종묘	생산판매
26	강건	농우바이오	생산판매	76	엄청나	아시아종묘	생산판매
27	마니따	농우바이오	생산판매	77	아시아터널	아시아종묘	생산판매
28	조생신탭	농우바이오	생산판매	78	타네강	아시아종묘	보호출원
29	신흥	농우바이오	생산판매	79	PR진대건	아시아종묘	생산판매
30	배로따	농우바이오	생산판매	80	AT신호탄	아시아종묘	보호출원
31	케이비전	농우바이오	생산판매	81	신슈퍼엄청나	아시아종묘	생산판매
32	진력질주	농우바이오	생산판매	82	PR농부의꿈	우정종묘	생산판매
33	맛갈찬	농협종묘	생산판매	83	명예의전당	우정종묘	생산판매
24	단한방	누넴종묘	생산판매	84	화덕	우정종묘	생산판매
35	불꽃처림	누넴종묘	생산판매	85	PR불방망이	이서종묘	생산판매
36	PR행진	누넴종묘	생산판매	86	PR하이라이트	이서종묘	생산판매
37	가이드	바이엘	생산판매	87	홍장군비가림	코레곤	생산판매
38	오색명장	바이엘	생산판매	88	PR기적	코레곤	생산판매
39	소나타비가림	다끼이	생산판매	89	PR지존	코레곤	생산판매
40	비가림스피드	동부	생산판매	90	신역강홍장군	코레곤	생산판매
41	미소천국	동부	생산판매	91	신비	피피에스	생산판매
42	최강선언	동부	생산판매	92	만물	피피에스	생산판매
43	불폭포	동부한농	생산판매	93	PR빠름	피피에스	생산판매
44	강탄보석	동부홍농	보호출원	94	조생거물	피피에스	생산판매
45	명콤비	동부한농	생산판매	95	셋별	피피에스	생산판매
46	만사초월	동부홍농	생산판매	96	짱짱1호	하나종묘	생산판매
47	PR핵폭탄	명산종묘	생산판매	97	히든카드	하나종묘	생산판매
48	순하길상	사카타	생산판매	98	매운시대	하나종묘	생산판매
49	신초롱	사카타	생산판매	99	PR에베레스트	한결씨드	생산판매
50	거룩한	사카타	생산판매	100	PR이조은	케이원종묘	생산판매

2. 품종특성 조사

특성평가는 국립종자원 ‘고추재배시험 매뉴얼’을 기준으로 시기별로 육묘기간(3~5월)에는 모 하배축의 안토시아닌, 꽃자루, 꽃 조사 3항목, 생육초기(5~7월) 식물체, 단축절간, 줄기, 잎, 개화기 조사 등 17항목, 생육최성기(7~8월) 과실, 과실자루, 성숙기 특성 27개 항목 등 총 양적, 질적, 유사질적 형질 47항목을 조사한 후 계급으로 구분하여 특성을 파악하였다. 이미 지 정보는 품종의 특이성을 구별할 수 있는 잎, 과실, 착과상태를 촬영하여 이미지화 하였다.

2) 연구결과

1. 유묘 조사

유묘기에 떡잎의 하배측 부분의 안토시아닌 착색 여부를 조사하였으며, 조금이라도 발견되면 있는 것으로 간주하므로 착색 농도의 차이가 있긴 하지만 표현 형태는 300품종 모두 ‘있다’ 를 나타내었다(그림 1).



그림 1. 유묘기 하배측 안토시아닌 착색(좌: 짙은 착색, 우: 옅은 착색)

2. 식물체 특성 조사

식물체 성장습성은 287품종이 ‘직립’ 이었고, 직립형이 아닌 13품종은 대부분이 관상용이었다. 양적형질인 주간길이는 257품종이 ‘중간’ 표현형을 나타내었다. 단축절간은 관상용 2품종을 제외하고, 298품종이 ‘없다’ 로 조사되었고, 절간길이는 ‘중간’ 표현형이 270품종으로 가장 많았다. 안토시아닌의 착색은 ‘있다’ 가 294품종 이었고, 마디 솜털정도는 ‘약하다’ 가 153품종, ‘중간’ 이 112품종이었다. 식물체 초장은 ‘중간’ 이 239품종으로 가장 많은 품종수를 나타냈다(표 2).

표 2. 식물체 특성 조사

특 성	표 현 형 태	품 종 수			
		2014년	2015년	2016년	합계
1. 식물체 : 성장습성(QN)	직립	100	87	100	287
	반직립	0	11	0	11
	포복형	0	2	0	2
2. 식물체: 주간길이(QN)	짧다	0	7	5	12
	중간	84	92	81	257
	길다	26	1	14	41
3. 식물체 : 단축절간(QL)	없다	100	98	100	298
	있다	0	2	0	2
4. 식물체 절간 길이(QN)	짧다	0	6	1	7
	중간	82	92	96	270
	길다	18	2	3	23
5. 마디부위 안토시아닌착색(QL)	없다	0	6	0	6
	있다	100	94	100	294
6. 마디부위 솜털정도(QN)	없거나매우약	4	7	12	23
	약하다	39	49	65	153

	중간	54	37	21	112
	강하다	3	6	2	11
	매우 강하다	0	1	0	1
7. 식물체 : 초장(QN)	매우짧다	0	4	0	4
	짧다	3	13	21	37
	중간	90	78	71	239
	길다	9	5	8	22
	매우길다	0	0	0	0

3. 잎 특성 조사

식물체 잎 특성조사 결과 잎몸 길이와 잎몸 너비는 ‘중간’ 이 264품종, 250품종으로 가장 많았고, 잎의 녹색 강도도 ‘중간’ 표현형이 가장 많았다. 잎 모양은 ‘난형’ 이 274품종으로 가장 많았으나, 넓은 타원형 모양은 없었다. 잎 가장자리 물결과 잎 요철은 290품종이 ‘약하다’, 잎 가로단면의 모양은 243품종이 ‘평평하다’ 였다. 잎 광택은 300품종 모두가 ‘중간’ 표현형으로 조사되었다(표 3).

표 3. 식물체 잎 특성 조사표

특 성	표 현 형 태	품 종 수			
		2014년	2015년	2016년	합계
8. 잎 : 잎몸길이(QN)	매우짧다	0	3	0	3
	짧다	0	12	4	16
	중간	88	85	91	264
	길다	12	0	5	17
	매우길다	0	0	0	0
9. 잎 : 잎몸 너비(QN)	매우좁다	0	1	0	1
	좁다	5	19	9	33
	중간	89	77	84	250
	넓다	6	3	7	16
10. 잎 : 녹색의 강도(QN)	매우 열다	0	1	0	1
	열다	1	6	0	7
	중간	96	88	100	284
	질다	3	5	0	8
	매우 질다	0	0	0	0
11. 잎 : 모양(PQ)	피침형	0	24	2	26
	난형	100	76	98	274
	넓은 타원형	0	0	0	0
12. 잎 : 가장자리 물결모양(QN)	없거나 매우 약	0	2	0	2
	하다	100	93	97	290
	약하다	0	2	3	5
	중간	0	3	0	3
	강하다	0	0	0	0

13. 잎 : 요철(QN)	없거나 매우약약	0	0	0	0
	하다	99	93	98	290
	중간	1	7	2	10
	강하다	0	0	0	0
	매우 강하다	0	0	0	0
14. 잎 : 가로로 자른 면의 모양(QN)	매우 오목하다	0	0	0	0
	약간 오목하다	5	4	45	54
	평평하다	95	96	52	243
	약간 볼록하다	0	0	3	3
	매우 볼록하다	0	0	0	0
15. 잎 광택(QN)	매우 약하다	0	0	0	0
	약하다	0	0	0	0
	중간	100	100	100	300
	강하다	0	0	0	0
	매우 강하다	0	0	0	0

4. 과실 특성 조사

과실 특성 조사 결과 꽃자루 자세는 256품종이 ‘매우하향’ 이었고, 약의 안토시아닌 착색은 ‘없다’ 가 293품종 이었다. 과실 성숙기 전의 색은 294품종이 ‘녹색’ 이었다. 과실 성숙전 색의 강도는 ‘열다’ 가 41품종, ‘중간’ 이 254품종, ‘질다’ 가 5품종으로 조사되었다(그림 2).



그림 2. 과실 성숙기 색의 강도(좌:열다, 우:질다)

과실의 안토시아닌 착색은 관상용을 제외한 296품종이 ‘없다’ 였고, 과실 자세는 293품종이 ‘하향’ 이었고, 양적형질은 과실 길이, 직경, 길이/직경 비율은 ‘중간’ 이 가장 많았다. 과실 세로단면의 모양은 ‘좁은 삼각형’ 이 288품종, 가로면은 270품종이 ‘각이 있는’ 으로 조사되었다. 과실의 꼭지제의 부위 과피 굴곡은 ‘약하다’ 가 266품종, 과실 표면의 주름은 ‘약하게 주름’ 이 213품종 이었다(표3-1).

표 3-1. 과실 특성 조사표

특 성	표 현 형 태	품 종 수			
		2014년	2015년	2016년	합계
16. 꽃자루 : 자세(PQ)	직립	2	11	0	13
	약간 하향	12	14	5	31
	매우 하향	86	75	95	256
17. 꽃 : 약의 안토시아닌 착색 (QL)	없다	100	94	99	293
	있다	0	6	1	7
18. 과실 성숙기 전의 색	녹색 빛 흰색	0	4	0	4
	녹색	100	94	100	294
	자주색	0	2	0	2
19. 과실 : 성숙전 색의 강도(QN)	매우 열다	0	0	0	0
	열다	13	19	9	41
	중간	86	77	91	254
	질다	1	4	0	5
	매우 질다	0	0	0	0
20. 과실 : 안토시아닌 착색(QL)	없다	100	96	100	296
	있다	0	4	0	4
21. 과실 : 자세(PQ)	직립	0	7	0	7
	수평	0	0	0	0
	하향	100	93	100	293
22. 과실 : 직경(QN)	매우 좁다	0	0	0	0
	좁다	3	16	5	24
	중간	94	82	95	271
	넓다	2	1	0	3
	매우 넓다	0	1	0	1
23. 과실 : 길이/직경 비율(QN)	매우작다	0	4	0	4
	작다	0	12	4	16
	중간	89	76	94	259
	크다	11	28	2	41
	매우크다	0	0	0	0
24. 과실: 세로로 자른 면의 모양(PQ)	누운타원형	0	1	0	1
	원형	0	0	0	0
	심장형	0	3	1	4
	삼각형	0	6	0	6
	좁은삼각형	100	89	99	288
	별형	0	1	0	1
25. 과실 : 가로로 자른 면의 모양 (PQ)	타원형	8	4	10	22
	각이 있는 원형	92	94	84	270
	원형	0	2	6	8
26. 꼭지부위 제외 과피 굴곡(QN)	없거나 매우약	17	5	2	24
	약하다	83	88	95	266
	중간	0	5	3	8
	심하다	0	2	0	2
	매우 심하다	0	0	0	0
27. 과실:표면질감(QN)	거의매끈	46	17	14	77
	약하게 주름	52	75	86	213
	강하게주름	2	8	0	10

과실 성숙기 색은 1품종을 제외하고는 299품종이 ‘적색’ 이었고, 성숙기 색의 강도는 297품종이 ‘중간’, 과실 광택은 293품종이 ‘중간’ 으로 조사되었다. 과실 꼭지함몰은 파프리카 품종을 제외한 299품종이 ‘없다’ 였고, 과끝 모양은 276품종이 ‘약간 뽕족하다’ 로 조사되었다. 과실 심실사이 홈깊이는 300품종 모두가 ‘없거나 매우 얇다’ 였고, 과실 심실수는 ‘주로 2개’ 가 128품종, ‘2개 내지 3개’ 가 161품종 이었다.(표3-2). 과실 속살의 두께는 ‘중간’ 이 273품종, 과실 자루길어도 ‘중간’ 등급이 가장 많은 281품종으로 나타났다(그림 3).



그림 3. 과실 자루 길이(좌:길다, 중간: 중간, 우:짧다)

표3-2. 과실 특성 조사표

특 성	표 현 형 태	품 중 수			
		2014년	2015년	2016년	합계
28.과실:성숙기색(PQ)	황색	0	0	0	0
	주황색	0	1	0	1
	적색	100	99	100	299
29.과실:성숙기색 강도(QN)	약하다	0	3	0	3
	중간	100	97	100	297
	강하다	0	0	0	0
30.과실:광택(QN)	약하다	4	3	0	7
	중간	96	97	100	293
	강하다	0	0	0	0
31.과실 꼭지 함몰(QL)	없다	100	99	100	299
	있다	0	1	0	1
32. 과실 과끝의 모양(PQ)	매우 뽕족하다	7	15	0	22
	약간 뽕족하다	93	83	100	276
	둥글다	0	0	0	0
	약간 함몰되다	0	2	0	2
	매우 함몰되다	0	0	0	0
33. 과실 심실사이 홈 깊이 (QN)	없거나 매우얇다	100	100	100	300
	얇다	0	0	0	0
	중간	0	0	0	0
	깊다	0	0	0	0
34. 과실 : 심실수(최빈수)(QN)	주로 2개	0	51	77	128
	2개 내지 3개	100	43	18	161
	주로 3개	0	5	4	9

	3개 내지 4개 주로 4개 이상	0 0	1 0	1 0	2 0
35. 과실 : 속살의 두께(QN)	매우 얇다 얇다 중간 두껍다 매우 두껍다	0 3 97 0 0	6 5 87 1 1	0 1 89 10 0	6 9 273 11 1
36. 과실자루: 길이(QN)	매우 짧다 짧다 중간 길다 매우 길다	0 2 95 3 0	0 8 90 2 0	0 1 96 3 0	0 11 281 8 0
37. 과실자루:두께(QN)	얇다 중간 두껍다	2 92 6	11 88 1	2 98 0	15 278 7
38. 꽃받침: 모양(QL)	노출형 감싸는 형	91 9	92 8	94 6	277 23
39. 과실:태좌매운맛(QL)	없다 있다	48 52	73 27	68 32	189 111
40. 개화기 (두번째마디개화시기)(QN)	빠르다 중간 늦다	0 76 24	2 87 11	15 85 0	17 248 35
41.성숙기(50%착색)	매우빠르다 빠르다 중간 늦다 매우늦다	0 9 91 0 0	0 2 81 10 7	0 2 76 22 0	0 13 248 32 0



그림 4. 꽃받침 모양(좌:감싸는 형, 우: 노출형)

꽃받침 모양은 277품종이 ‘노출형’ 이었고, 23품종이 ‘감싸는 형’ 이었다(그림 4). 과실 태좌의 매운맛은 ‘없다’ 가 189품종, ‘있다’ 가 111품종으로 조사되었고, 두 번째 마디 개화시기를 나타내는 개화기는 248품종이 ‘중간’ 이었고(그림 5), 성숙기는 248품종이 ‘중간’ 으로 나타났고, ‘매우 늦다’ 로 조사된 품종은 없었다(표3-2).



그림 5. 성숙기(좌; 빠르다, 우: 느리다)

5. 유전적 연관도 100 그룹의 형태적 특성 비교

가. A그룹의 특성 비교

A그룹은 모두 4품종이 연관도 100으로 조사되었는데(제1세부과제), 질적형질은 매운맛을 제외하고는 모두 같은 결과를 나타내었다. 매운맛은 2품종이 ‘있다’, 나머지 2품종은 ‘없다’로 조사되었고, 양적형질은 마디안토시아닌 착색 정도만 약간의 차이를 나타내었다(표4-1).

표 4-1. A그룹 특성조사표

비고	질적형질					양적형질
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토시아닌	꽃받침 모양	매운맛	마디안토시아닌 착색
A-1	있다	없다	없다	노출형	있다	약하다
A-2	있다	없다	없다	노출형	없다	중간
A-3	있다	없다	없다	노출형	있다	중간
A-4	있다	없다	없다	노출형	없다	중간

나. B그룹의 특성 비교

B그룹은 2품종이 연관도 100으로 조사되었는데, A그룹과 마찬가지로 질적형질은 매운맛을 제외하고는 모두 같은 결과를 나타내었다. B-1품종은 매운맛이 ‘있다’, B-2품종은 ‘없다’로 조사되었고, 양적형질은 마디솜털 정도만 ‘매우 약하다’와 ‘약하다’로 차이가 있었다(표4-2).

표 4-2. B그룹 특성조사표

비고	질적형질					양적형질
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토시아닌	꽃받침 모양	매운맛	마디솜털
B-1	있다	없다	없다	노출형	있다	매우약하다
B-2	있다	없다	없다	노출형	없다	약하다

다. C그룹의 특성 비교

C그룹은 4품종으로 C-1품종만 매운맛이 ‘없다’ 로 나머지 3품종과 차이가 있었고, 양적형질인 마디솜털 특성에서도 ‘매우 약하다’ 로 다른 품종들과 차이가 있었다(표4-3).

표 4-3. C그룹 특성조사표

비교	질적형질					양적형질
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토시아닌	꽃받침 모양	매운맛	마디솜털
C-1	있다	없다	없다	노출형	없다	매우약하다
C-2	있다	없다	없다	노출형	있다	약하다
C-3	있다	없다	없다	노출형	있다	약하다
C-4	있다	없다	없다	노출형	있다	약하다

라. D그룹의 특성 비교

D그룹은 2품종으로 질적형질, 양적형질 모두에서 같은 형태적 특성을 나타내었다(표4-4).

표 4-4. D그룹 특성조사표

비교	질적형질					양적형질
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토시아닌	꽃받침 모양	매운맛	초장
D-1	있다	없다	없다	노출형	있다	중간
D-2	있다	없다	없다	노출형	있다	짧다

마. E그룹 특성 비교

E그룹은 2품종으로 질적형질에서는 모두 같은 특성결과를 나타냈으며, 양적형질 인 초장 특성에서만 차이를 나타내었다(표4-5).

표 4-5. E그룹 특성조사표

비교	질적형질					양적형질
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토시아닌	꽃받침 모양	매운맛	초장
E-1	있다	없다	없다	노출형	있다	중간
E-2	있다	없다	없다	노출형	있다	길다

바. F그룹 특성 비교

F그룹은 2품종으로 질적형질인 매운맛 항목에서 ‘있다’와 ‘없다’로 차이가 있었으며, 양적형질인 초장 특성에서 차이를 나타내었다(표4-6).

표 4-6. F그룹 특성조사표

비교	질적형질					양적형질
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토시아닌	꽃받침 모양	매운맛	초장
F-1	있다	없다	없다	노출형	있다	중간
F-2	있다	없다	없다	노출형	없다	짧다

사. G그룹 특성 비교

G그룹은 3품종으로 질적형질에서는 차이를 찾을 수 없었고, 양적형질인 주간길이가 G-3 품종이 ‘길다’로 차이가 있었고, 유사질적형질에서 과실 가로면의 모양이 G-1품종이 ‘타원형’, 개화기에서는 G-2품종이 ‘빠르다’ 표현형을 나타내 차이가 있었다(표4-7).

표 4-7. G그룹 특성조사표

비교	질적형질					양적형질	유사질적형질	
	하배축 안토시아닌	단축 절간	약안토 시아닌	꽃받침 모양	매운맛	주간 길이	과실 가로면	개화기
G-1	있다	없다	없다	노출형	없다	중간	타원형	중간
G-2	있다	없다	없다	노출형	없다	중간	각이있는	빠르다
G-3	있다	없다	없다	노출형	없다	길다	각이있는	중간

제7절 [제6협동과제: 분자표지 및 특성분석을 통한 수박 품종 판별 시스템 구축]

1) 서론

박과 식물(Cucurbitaceae) 중 수박속(*Citrullus*) 식물은 남아프리카가 원산인 시트루루스 라나투스(*Citrullus lanatus*), 북아프리카와 중동 원산인 시트루루스 콜로신디스(*Citrullus colocynthis*), 서남 아프리카 원산인 시트루루스 에시어호서스(*Citrullus ecirrhosus*) 및 시트루루스 나우디니아누스(*Citrullus naudinianus*), 인도 원산인 시트루루스 피스투로서스(*Citrullus fistulosus*) 5종으로 분류된다. 우리가 식용으로 먹는 수박은 시트루루스 라나투스 var. 라나투스(*Citrullus lanatus* var. *lanatus*)에 포함되는 것으로 알려져 있다. 또한, 수박은 과형에 따라 타원형계 및 원형계, 성장형에 따라 왜성형 및 포복형으로 구분하고 있다.

한국 수박의 재배면적은 대략 34,000ha에 이르며 메론, 오이, 호박이 속해 있는 박과 작물 중 가장 넓은 지역에서 재배되고 있다. 수박은 한국 전체의 채소 재배면적의 10%에서 재배되고 있으며 이는 고추, 배추, 무에 이어 4위를 차지하고 있다(2001년).

한편, 현재 품종 구별은 전통적인 멘델의 법칙을 적용한 표현형 위주의 형태학적 형질 및 효소나 단백질 변이와 같은 생화학적 특성에 의해 이루어지고 있다. 그러나, 이와 같은 방식은 변이의 빈도가 낮고 전 작물에 대한 적용에 한계가 있으며, 생산자의 재배 조건에 따라 다른 결과를 초래할 수 있어서 정확한 품종 판별이 곤란하기 때문에 분자 수준에서의 품종 구별 방법이 활발하게 연구되고 있다. 예를 들면, 네덜란드에서는 장미 및 토마토에 대해 각 품종별 DNA 프로파일을 데이터베이스화하였고, 일본은 벼 등의 작물에 대한 품종 식별용 분자 마커를 개발하여 품종 보호에 활용하고 있다.

분자표지는 DNA 염기서열의 차이를 대상으로 모든 조직에서 탐지할 수 있으며, 환경적인 영향과 유전자 간의 다면 발현에 의한 영향을 받지 않는다는 장점을 가지고 있다. 현재 주요 작물에 대한 게놈 유전자 지도 작성이 활발하게 진행되고 있고, 분자표지는 육종의 선별 과정에 실제로 활용되고 있다. 식물의 육종 연구에 이용할 수 있는 분자표지가 다양하게 개발되어 왔으며 개발된 분자표지를 대량으로 검증하고 판별할 수 있는 기술과 실험 기구도 매우 빠르게 개발되고 있다. 시간이 많이 소요되는 기술보다는 PCR을 이용한 RAPD(Random Amplified polymorphic DNA), AFLP(Amplified fragment length polymorphism), SSR(Simple Sequence Repeat) 및 SNP(Single nucleotide polymorphism) 분석 등 다양한 분자표지 기술이 폭넓게 이용되고 있다. 분자표지 중 공우성 표지(codominant marker)를 이용하면 유전자의 동형접합(homozygous) 여부를 판별할 수 있으며, 형질이 발현되기 전에 조사가 가능하여 품종 육성에 있어서 빠른 판별이 가능하다는 장점이 있다.

SNP(Single nucleotide polymorphism)는 개체 간의 DNA에 나타나는 하나의 염기 차이로, 매우 다양한 종의 게놈에 걸쳐서 존재한다. 식물체 게놈에 나타나는 빈번한 SNP는 유전자 지도제작(mapping), 분자표지 보조 육종(marker assisted breeding) 및 유전자지도 기반 클로닝(map-based cloning)을 가능하게 한다. SNP는 게놈 유전자 표지 중 가장 많으며, 이러한 SNP를 검출하기 위해서 실험의 용이성 및 비용을 고려한 다양한 SNP 검출 방법과 실험장비가 개발되고 있다.

HRM(high resolution melting) 분석 기술은 핵산 서열에서의 변이를 확인하기 위해 사용된 상대적으로 새로운 포스트 PCR 분석 방법이다. 이 방법은 PCR 해리곡선에서 작은 차이를 감지하는 것을 기초로 한다. 이것은 RT-PCR 기기와 연결되어 사용된 염료를 갖는 보다 개선된 dsDNA에 의해 가능하게 된다. dsDNA의 온도에 따른 해리 정도의 차이를 HRM 분석을 위해, 특이적으로 고안된 소프트웨어를 사용하여 데이터를 분석하고 처리한다.

종자란 증식용 또는 재배용으로 쓰이는 씨앗 · 버섯종균 또는 영양체를 일컫는 말인데 상업적으로 판매되는 종자에 대해 1998년 새로이 시행된 종자산업법에서는 신품종 육성자의 권리를 법적으로 보호하기 위해 식물신품종 보호제도를 채택하고 있으며 이는 육성자가 신품종을 육성하였을 때 당해 신품종을 출원하여 품종보호권이 설정되면 독점적 권리를 행사 할 수 있도록 함으로써 육성자의 지적재산권을 최대한 보호해주는 일종의 특허제도인데 품종보호를 받기 위해서는 신품종으로 인정받아야 하며 이를 위해서 분자표지 및 형태조사를 통해 분석되고 있다.

국내에서는 농업유전자원센터와 국립종자원에서 특성 조사 기준을 제시하고 있다. 이 중, 국립종자원에는 채소종자 총 42품목에 대해서 품종 등록이 이루어져 있으며 수박은 2013년 현재, 115 품종 출원에 53 품종이 등록 되어 있고 이를 구별하기 위해서 20~30개의 simple sequence repeat(SSR) 마커를 사용하고 있으며(Kwon et al. 2010) 형태조사에 있어서는 48개의 항목으로 이루어진 색인을 활용하여 품종구별을 실시하고 있다. 현재 급변하는 소비자의 요구에 맞춰 출원되는 품종이 다양해지고 있으며 그 수도 지속적으로 증가하고 있어 신규 마커의 개발 및 새로운 형태를 지닌 품종에 대한 객관적인 평가기준이 필요한 실정이나 기존에 사용되고 있는 SSR마커의 경우 개발과정이 복잡하고 개발 이후 활용 시 다수의 마커를 동시에 분석 하는데 있어서는 분석방법에 한계가 있으므로 (Semange et al. 2006) single nucleotide polymorphism (SNP)와 같은 신규 마커의 개발과 고품질, 기능성 및 내병성 수박에 대한 객관적인 형태조사의 지표가 필요한 실정이다.

2) 재료 및 방법

가. 실험에 활용된 유전자원

객관적인 평가 기준 확립에 앞서 국내에서 대표적으로 육성 판매되는 F₁ 품종들과 주 수출 및 수입 국가인 중국과 일본의 일부 품종(우점품종 및 특이형질 품종)을 포함하여 총 41~67품종의 F₁ 품종을 준비하였고 (표 1과 2) SNP 마커 개발을 위해서 고정이 된 8종의 육성재료(원종 및 계통) 및 유전자원이 사용되었다 (표 3). 2차년도에 사용한 품종은 1~41번까지 특성조사에 사용하였고 나머지는 마커 검정시 같이 사용하였다.

표 1. 공시재료 (1차년도)

연번	품종명	회사명	연번	품종명	회사명
1	스피드꿀	농우바이오	22	새이지뢰왕	농업종묘센터
2	환상꿀	농우바이오	23	마니다라	신젠타종묘
3	우리꿀	농우바이오	24	포미나	농업종묘센터
4	희망꿀	농우바이오	25	제황꿀	코레곤
5	메가스피드꿀	농우바이오	26	피코후레쉬1호	파트너종묘
6	슈퍼꿀	농업종묘센터	27	피코후레쉬2호	파트너종묘
7	드레곤	농업종묘센터	28	리코스위트1호	파트너종묘

8	흑보	농업종묘센터	29	리코스위트2호	파트너종묘
9	새로나꿀	농업종묘센터	30	챔피온	해외
10	골드맛	농업종묘센터	31	양원	해외
11	킹라이코	농업종묘센터	32	정품쌍성	해외
12	삼복꿀	동부팜한농	33	미관	해외
13	당당한	동부팜한농	34	황피정훈1호	해외
14	대박꿀	동부팜한농	35	학농	해외
15	정통꿀	동부팜한농	36	흑관	해외
16	에이스꿀	몬산토코리아	37	미국흑장군	해외
17	세미꿀	사카타코리아	38	흑정괴	해외
18	흑미	삼성종묘	39	일본타이가부시	해외
19	씨제로	신젠타종묘	40	일본블랙부시	해외
20	달고나꿀	신젠타종묘	41	원세	해외
21	명가왕꿀명가왕수박	서울종묘			

표2. 공시품종 (2차년도)

연번	품종명	회사명	연번	품종명	회사명
1	스피드꿀	농우바이오	35	설봉대보	중국
2	환상꿀	농우바이오	36	nw-132	일본
3	우리꿀	농우바이오	37	비홍단	일본
4	희망꿀	농우바이오	38	원한	일본
5	메가스피드꿀	농우바이오	39	미화회	일본
6	슈퍼꿀	농업협동조합중앙회	40	아크시아	일본
7	드레곤	농업협동조합중앙회	41	고시쓰무스메	일본
8	흑보	농업협동조합중앙회	42	활기찬꿀	현대종묘
9	새로나꿀	농업협동조합중앙회	43	넘버원꿀	아시아종묘
10	골드맛	농업협동조합중앙회	44	대황	코레곤
11	삼복꿀	동부팜한농	45	백마강	코레곤
12	당당한	동부팜한농	46	태양꿀	농우바이오
13	대박꿀	동부팜한농	47	만나	코레곤
14	정통꿀	동부팜한농	48	참조아복	제일종묘
15	에이스꿀	몬산토코리아	49	고향꿀	동부한농
16	달고나꿀	신젠타종묘	50	은세상	홍농
17	마니다라	신젠타종묘	51	노다지꿀	진홍
18	포미나	농업협동조합중앙회	52	복중꿀	KS종묘
19	제황꿀	코레곤	53	로알제리	명산
20	리코후레쉬1호	파트너종묘	54	불이	동원농산
21	리코후레쉬2호	파트너종묘	55	정통꿀	홍농
22	리코스위트1호	파트너종묘	56	조은꿀	홍농
23	리코스위트2호	파트너종묘	57	현대꿀	현대
24	챔피온	중국	58	제왕꿀	코레곤
25	양원	중국	59	설강102	아시아종묘
26	미관	중국	60	조존꿀	동부한농
27	황피정훈1호	중국	61	환희꿀	동부한농
28	흑미플러스	삼성종묘	62	서태자	아시아종묘
29	조생흑미	삼성종묘	63	칠복꿀	제일종묘
30	흑미	삼성종묘	64	감수꿀	현대종묘
31	SS꿀플러스	삼성종묘	65	부라보꿀	농우바이오
32	황소옥	중국	66	윈더폴꿀	농우바이오
33	소옥9호	중국	67	슈퍼골드	아시아종묘
34	금흙	중국			

표 3. SNP 마커개발을 위해 사용한 계통

	과피 색	호피	과육색	기능성	줄기
계통 2	녹색	호피	황색	일반	일반
계통 6	황색	호피	적색	일반	일반
계통 15	녹색	호피	적색	일반	일반
계통 16	흑색	호피	적색	일반	일반
계통 A	녹색	무지	적색	일반	일반
계통 B	녹색	호피	적색	고라이코펜	일반
계통 C	녹색	호피	적색	일반	Branchless
계통 D	녹색	호피	적색	일반	Bush/Dwarf

나. 국내 및 해외 수박 F1 품종 형태조사

과실특성을 균일하게 확인하기 위해서 각 품종의 수박에 대해 10개체(5개체*2반복) 이상씩 2월말에 파종하였고 3월 중순에 참박을 대목으로 하는 접붙이기를 실시 한 후, 본 포장에 정식은 3월 말에 진행 하였다 (그림 1). 정식 이전까지의 과정은 본 사의 안성 본장에서 육종부 수박팀의 도움을 받아 진행하였고 정식 이후 정식에서 수확까지의 과정은 충북 진천 농가와 직접 계약하여 진행하였다.

형태조사는 객관적인 평가기준이 확립되지 않았기 때문에 국립종자원 재배 시험 심사를 위해 활용되는 “수박 형태조사 요령” 을 기준으로 형태조사를 실시하였다. 이 매뉴얼은 유묘, 성체묘의 세부적인 형태뿐만 아니라 과실 및 종자의 특성까지 조사가 필요하였으므로 수확 시기까지 1주일에 2회 이상 형태조사를 실시하였다. 특성조사 방법은 길이나 크기와 같이 수치로 표시가 가능한 항목에 대해서는 수치를 표시하였고 절대적인 수치를 상대적인 수치로 환산하여 정도를 표시하여 데이터베이스에 등록이 가능하도록 하였다. 또한 색의 진하기와 같이 수치로 표시하기 어려운 경우에는 각 등급에 해당하는 상대적인 수치를 대변하는 기준 품종을 정한 후 그 기준에 준하는 정도의 각 품종의 등급을 정하였다 (Table 3: 일부표시, 전체표 별도첨부)

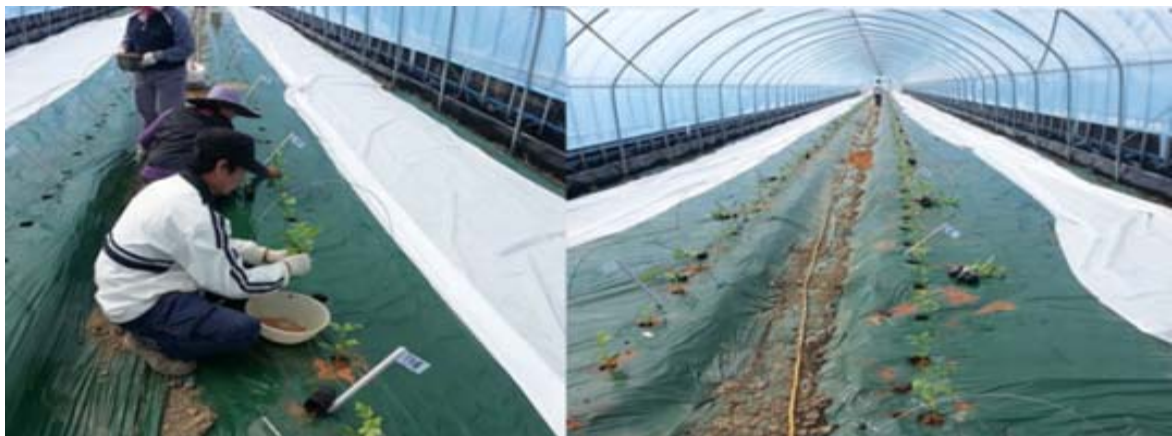


그림 2098. 진천 수박 정식 (좌), 정식 후 (우)

표 3. 특성조사 리스트 (국립종자원)

품종이름	식물체		잎몸							
	마디 사이의 길이(cm)	마디 사이의 길이	잎몸길이(cm)	잎몸 길이	잎몸 너비 (cm)	잎몸 너비	길이/너비 비	길이/너비 비	잎몸 색	잎몸색의 강도
스피드꿀	11.0	5	12.0	4	12.0	5	1.00	6	2	6
	10.0	5	18.0	7	17.0	7	1.06	6	2	6
	12.0	6	17.0	7	13.0	5	1.31	6	2	6
	11.0	6	14.0	5	13.0	5	1.08	6	2	6
	14.0	7	17.0	7	15.0	6	1.13	6	2	6
	11.6	6	15.6	6	14.0	6	1.1	6	2	6
환상꿀	12.0	6	16.0	6	16.0	7	1.00	6	2	6
	11.0	6	13.0	5	13.0	5	1.00	6	2	6
	12.0	6	9.0	3	10.0	4	0.90	5	2	6
	10.0	5	13.0	5	11.0	4	1.18	6	2	6
	10.0	5	16.0	6	13.0	5	1.23	6	2	6
	14.0	7	12.5	5	15.0	6	0.83	5	2	6
우리꿀	11.5	6	13.3	5	13.0	5	1.0	6	2	6
	10.0	5	13.5	5	12.5	5	1.08	6	2	6
	9.0	4	14.0	5	13.0	5	1.08	6	2	6
	10.0	5	18.0	7	15.5	7	1.16	6	2	6
	10.0	5	15.0	6	13.0	5	1.15	6	2	6
	10.0	5	13.0	5	12.5	5	1.04	6	2	6
	10.0	5	15.0	6	13.5	6	1.11	6	2	6
9.8	5	14.8	6	13.3	6	1.1	6	2	6	

다. 수박 과육 경도 측정

수박 과육 샘플링은 세로로 절반을 절단한 후 과육 중앙부분에서 5 cm길이의 정육면체로 잘라서 준비하였다. 본 실험에 사용된 기계는 Stable Micro System사의 TA-XT2i 모델로 탁자에 놓고 쓸 수 있는 형태로서 탐침의 두께를 실험목적에 따라 교체가 가능하고 측정된 경도를 제조사에서 제공하는 소프트웨어를 통해서 수치화 및 도식화가 가능한 장점이 있다(그림 4). Texture analyzer의 측정은 5 mm의 probe를 이용하여 과육표면으로부터 측정되는 깊이(10 mm), 측정 시 probe의 과육에 침투하는 속도 (1 mm/s)로 과육의 경도를 측정하였고(농촌진흥청, 2003) 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 작성할 수 있다(그림5). 이러한 방법으로 경도 값을 품종 별 각 개체 별로 측정하여 평균값을 구하였고 편차를 표시하여 대체적인 경도의 정도를 알아볼 수 있도록 정리하였다.

라. 수박 물질분석

① 라이코핀 함량 분석

수박 라이코핀 추출 후 측정은 주로 high performance liquid chromatography (HPLC)를 이용해 이루어지는 것이 일반적인데 이 방법은 추출 과정이 복잡하고 여러단계를 거치면서 실험자에 따라 실험환경에 따라 편차가 큰 방법이고 기계 또한 큰 편이고 고가의 실험기계이기 때문에 실험실에서 구비하여 운용하기 어려운 방법이라 할 수 있다. 이와 같은 이유로 해서 수박 lycopene 측정시 HPLC의 실험결과와 correlation을 보이고 간편한 방법으로 알려진 (Lee et al. 2014) Acetone추출-spectrophotometer 측정법(실험 재료 및 방법 참고)을 이용해서 측정하였는데 본 연구에서의 수박 라이코핀 추출은 동결건조시료를 조직분쇄기로 분쇄 후 1g을 취하여 10 ml acetone을 첨가한 후 16 시간동안 shaking 하였다. 이후 41품종 (품종당 5개체 이상 반복)시료는 spin down 하여 상층액을 취해 UV- spectrophotometer(UV1800, Simadzu, Japan)를 이용하여 503nm에서 흡광도를 측정하였다.

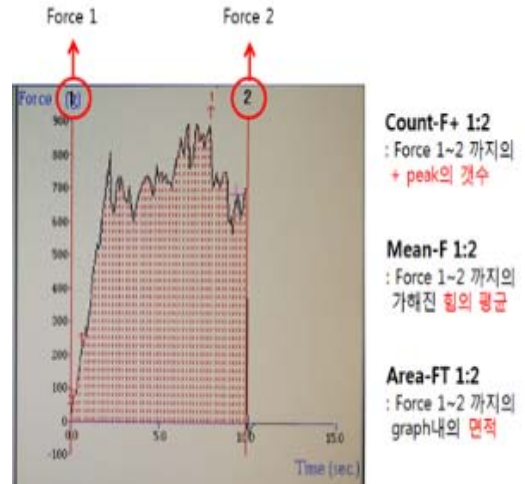


그림 2. 수박 과육 경도측정

라이코핀 함량은 아래와 같은 식에 의해 계산하였다.

$$\text{Lycopene}(\mu\text{g/g}) = (x/y) \times A_{503} \times 3.12$$

(여기서 x는 acetone(ml)의 양을 나타내고, y는 과일 조직의 무게(g)이며, A503은 503nm에서의 흡광도 값이고, 3.12는 정지계수임)

② 수박 종자 FT-IR 분석

종자 FT-IR 분석은 생명공학연구원 (김석원 박사팀)의 도움으로 진행되었다. 종자는 freeze-drying하여 과쇄한 뒤 MeOH로 추출(3반복)한 뒤 각 5 ul씩 silicon plate에 로딩하여 FT-IR 데이터를 수집하였다. 얻어진 데이터는 PCA 분석하였다.

③ 수박 당, 카로티노이드 등 분석

수박 과육의 당, 카로티노이드 등 분석은 충남대학교 분석센터에 의뢰하여 진행하였다.

마. 수박의 품종식별을 위한 SNP 마커 개발

많은 수의 품종 식별을 위한 SNP 마커를 개발하기 위해서는 근연관계가 가까운 품종 간에 다형성까지도 확인이 가능해야 하므로 원종 간 근연관계 확인 후 근연관계가 가까운 원종 간 서열비교를 통해 마커를 개발하는 것이 품종식별용 마커를 개발할 수 있는 가능성을 높이는 방법이다. 따라서 현재 국립종자원에서 수박 품종 식별용 마커세트 정보를 분양 받아 근연관계 확인을 위한 36개 마커

로 자사의 품종들의 26개 원종에 대해 보다 높은 해상도로 많은 다형성을 확보하기 위해 모세관을 이용한 자동화 전기영동 장치(Fragment analyzer, Advanced analytical, USA)를 이용하여 다형성 조사를 실시하였고 근연관계 분석은 국립종자원에서 근연관계 분석용으로 사용하고 있는 프로그램인 NTSYS 혹은 R/hclust를 이용하여 수행하였고 분석에 앞서 rawdata를 작성하여야 하는데 표 5에서 보여주는 것과 같이 그 마커로 발생하는 allele에 대해서는 세로열에 표시하고 각 allele이 유무를 가로열에 1/0으로 표시하였다 (vy 5). 근연관계가 가까운 4개의 원종 (계통2, 5, 15, 16)과 다양한 표현형을 포함하기 위해 특이한 표현형을 지닌 4 계통을 추가하여 총 8개 계통에 대해 next generation sequencing (NGS)를 수행하였다 (그림 9 and 표 3). NGS를 수행 시 Illumina 사의 Hiseq 2500으로 short reads sequencing을 이용하였고 더 많은 데이터 량을 확보하기 위해 paired-end를 옵션으로 해서 반응을 진행하였다.

SSR 및 SNP 분석을 위해 수박종자에서 genomic DNA를 다음과 같이 추출하였다. 수박 종자의 가운데 부분을 펀처(puncher, 지름 3mm)로 뚫어서 샘플을 준비하고 스테인레스 (Stainless) 구슬 1개를 넣고, 비드 비터(bead beater)로 2분간 작동시켜 종자를 파쇄하였다. 파쇄된 종자에 추출버퍼(extraction buffer)를 넣고 섞은 후 원심분리하여 고형분은 제거하였다. 상층액과 동일 부피의 세포용해 버퍼(cell lysis buffer)를 첨가한 후 65°C에서 30분간 처리하였다. 이어 다시 원심분리한 후 단백질 침전 버퍼를 첨가하고 원심분리하여 침전물을 제거하였으며, 그 상층액에 이소프로필알콜을 섞어주었다. 원심분리하여 핵산을 침전시키고 상층액은 제거한 뒤 70% 에탄올로 씻어 준 다음, 에탄올을 날려 보낸 뒤 물에 녹여 실험에 사용하였다.

SSR 마커 결과를 보기위해 아마로즈 전기영동을 하였으며 SNP는 HRM 방법으로 확인하였다. HRM은 다음과 같이 수행하였다. 추출한 DNA 및 프라이머 세트를 이용하여 HRM을 수행하였다. HRM 반응을 수행하기 위한 반응액 조성은 다음과 같다. DNA 5µl, dNTP 혼합물 2µl, 10X 버퍼 2µl, 프라이머 0.1µl, Taq polymerase 0.1µl, CytoNine 0.5µl, 물 8.4µl. 반응 조건은 처음 94°C에서 4분간 처리한 후 95°C에서 10초, 57°C에서 20초, 72°C에서 30초로 37회 반복하였다. 반응 완료후 90°C에서 60°C로 점차 내리면서 형광세기를 측정하였다.

바. NGS 및 서열분석

Next Generation Sequencing(NGS)를 수행하기 위해 수박 잎에서 kit(바이오니아, 한국)를 사용하여 genomic DNA를 추출하였다. 추출방법은 kit내 사용방법을 따랐다. 추출된 DNA는 agarose gel 전기영동으로 분해여부를 확인하였다. NGS는 테라젠바이오에 의뢰하여 진행하였으며 일차적인 SNP 및 indel 추출 또한 테라젠바이오에서 수행되었다. 얻어진 SNP, indel 중 모든 계통에서 호모인 것만 선발하였고 또한 각 계통의 depth가 10 이상인 것들만 선발하여 이후 분석에 사용하였다.

서열분석은 R을 활용하여 수행하였다. 계통간 유사성 분석 및 클러스터링은 R에서 dist, hclust를 사용하여 분석하였다. SNP밀도 계산은 1 kb 당 SNP의 개수를 측정하였으며 그 결과는 R을 이용하여 그래프로 표시하였다. SNP분포를 색으로 표시하기 위해 먼저 각 계통별 SNP를 이용하여 클러스터링을 수행한 후 기준서열과 동일한 SNP는 연두색, 서열이 다르면 빨강색으로 표시하였다.

수박 유전자에 대한 정보는 CuGenDB(www.icugi.org)의 유전정보(version 1)를 활용하였

다. Pathway 분석은 Plant MetGenMAP(bioinfo.bti.cornell.edu/cgi-bin/MetGenMAP)에서 사용방법에 따라 데이터를 입력하여 분석하였다. P value 0.05를 기준으로 분류하고 이어서 multitest correction방법으로 FDR을 적용하였다.

3) 결과 및 고찰

가. 국내 및 해외 수박 특성 평가 기준의 수집 및 평가

국내 국립종자원을 제외한 국·내외 특성 평가 기관은 종자은행의 성격이 강하므로 보유하고 있는 종자의 종류의 다양성이 평가기준 설정에 영향을 미친다. 실례로 미국은 germplasm resources information network (GRIN national genetic resources program)에 의해 수박만 52,128종을 보유하고 있고 (<http://www.ars-grin.gov/>) 일본의 national institute of agrobiological sciences (NIAS)는 일본과 중국 이탈리아등 일부 지역에서 수집한 225종을 핵심집단을 보유하고 있다 (http://nias.affrc.go.jp/index_ehtml). 일본의 평가 지표는 60가지는 미국의 99가지에 포함되며 미국의 경우 생리장애 및 내병성은 16가지인 반면 일본은 3가지로 매우 차이가 컸고 미국은 건조 저항성이나 강한 햇빛조사의 저항성 토양저항성과 같은 내재해성이 포함된 반면 일본은 포함되지 않았고 수송성, 저장성, 생식기관(주로 암꽃 및 자방)에 관한 내용이 세분화되어 있었고 일본의 경우는 없거나 몇 개의 항목만 조사항목에 포함되어 있었다. 국내의 경우, 미국의 경우와 대조해 국내 국립종자원의 평가기준을 비교해본 결과, 국내 시장의 선호도 및 좁은 다양성 내에서 표현형으로 구별이 가능해야 하므로 잎, 과실, 자방의 모양이나 구조의 차이를 세분화해서 조사하도록 형태조사의 기준을 정한 것이 두드러진 차이점으로 확인되었다 (Table 3 and 4).

표 4. 특성조사 국가간 비교

기관명(국가)	조사 형질	조사 기준	형질 종류
농업유전자원센터(한국)	83	상대적	배수체, 형태적 형질, 내병성, 품질
국립종자원(한국)	48	상대적	배수체, 형태적 형질
USDA-ARS, NGRP, GRIN (미국)	99	절대적, 수치적, 중요도	배수체, 형태적 형질, 내병성, 환경 적응성, 품질, 생리적 장애
NIAS Genebank(일본)	60	상대적	형태적 형질, 수량 및 품질, 내병성 (극히 일부)

표 5. 특성조사 매뉴얼 비교

번호	미국 (GRIN)	일본 (NIAS)	한국 (국립종자원)
1			배수성
2	Seed size	○	크기
3			1차 엽절의 정도
4			2차 엽절의 정도

5			요철
6			대리석 무늬
7	Leaf length	O	길이
8	Leaf width	O	너비
9			길이/너비의 비
10	Petiole length	O	길이
11	Number of leaves	O	
12	Main vine length	O	
13	Internode length	O	마디 사이의 길이
14	First male flower	O	
15	Time of female flower	O	
16	Number of female flower	O	
17	Fruit shape	O	세로로 자른 면의 모양
18	Fruit weight	O	무게
19			과실 크기
20	Fruit skin color	O	과피의 바탕색
21			과피 바탕색의 강도
22	Number of stripes	O	
23	Seed shape	O	
24	Seed color	O	종피의 바탕색
25	Seed thickness	O	
26	Seed length	O	
27	Seed width	O	
28	Design on seed coat	O	종피의 2차색
29			종피 2차색의 분포
30			바탕색 면적에 대한 2차색의 면적
31			배꼽의 반점
32	Cotyledon shape	O	떡잎의 모양
33	Cotyledon size	O	떡잎의 크기
34	Cotyledon color	O	떡잎의 녹색 강도
35	Blotchon cotyledon	O	떡잎의 반점
36	Hypocotyl length		배축의 길이
37	Hypocotyl diameter		
38	Mainvine diameter	O	
39	Leaf color	O	색
40			색의강도
41	Leaf blotch	O	
42	Plant habit	O	
43	Plant vigor	O	
44	Petal size		
45	Ovary shape	O	
46	Ovary size		크기
47	Ovary pubescence		솜털의 정도

48	Sex type		
49	Days to male flowering		
50	Number of male flower		
51	Anther dehiscence		
52	Amount of pollen		
53	Germination rate of pollen		
54	Peduncle length		
55	Peduncle diameter		꽃자리의 크기
56			과실자루 달린 부위의 크기
57			과실자루 달린 부위의 함몰
58	Abscission layer		
59	Peduncle attachment		꽃자리부위의 모양
60			꽃자리부위의 함몰
61	Fruit ribs	O	골의 분포
62			골의 정도
63	Gloss of fruit	O	
64	Smoothness of fruit	O	
65	Color of stripes on fruit	O	
66	Number of stripes on fruit		
67			줄무늬
68			줄무늬의 유형
69			줄무늬 색의 강도
70			줄무늬의 너비
71			대리석 무늬의 강도
72	Stem-end fruit shape	O	
73	Blossom-end fruit shape	O	
74	Flower scar shape of fruit		
75	Resistance to anthracnose		
76	Resistance to fusarium wilt		
77	Resistance to powderymildew		
78	Resistance to sclerotiniarot		
79	Resistance to gummystemblight		
80	Resistance to aphidspalmi		
81	Earliness of fruit bearing	O	
82	Fruit bearing node	O	
83	Resistance to cucumber mosaic virus		
84	Resistance to watermelon mosaic virus		
85	Resistance to cucumber green mottle mosaic virus		
86	Resistance to acute wilt		
87	Resistance to spider mite	O	
88	Resistance to root knot nematode		
89	Resistance to cucurbit leaf beetle		

90	Amount of root per plant		
91	Growth under low temperature		
92	Fruit setting under low temperature		
93	Sugar accumulation under low temperature		
94	Fruit setting under high temperature		
95	Drought tolerance		
96	Excess soil moisture tolerance		
97	Tolerance to poor sunshine		
98	Flesh color (reddish type)	O	주요색
99			과육 주요색의 강도
100	Flesh color (white yellowish type)	O	
101	Brix value of fruit time fruits	O	당도
102	Flesh firmness	O	과육의 경도
103	Blandness of flesh	O	
104	Quantity of fibers in flesh	O	
105	Yellow straight in flesh	O	
106	Fruit skin thickness	O	과피의두께
107	Cracking habit of fruit in field	O	
108	Quantity of seeds per fruit	O	종자의 수
109	Days to ripening	O	
110	Location of seeds in fruit	O	
111	Quantity of sterile seeds in fruit	O	
112	Storability of fruit		
113	Juiciness	O	
114	Cracking of flesh	O	
115	Bitterness of fruit	O	
116	Acidity of fruit	O	
117	Firmness of fruit skin	O	
118	Pressed dehiscent		
119	Fruit cracking by cutting	O	
120	Hallow degree of fruit	O	
121	Uniformity of fruit		

나. 국내 및 해외 F₁ 수박의 특성 평가

① 1차년도

형태조사는 객관적인 평가기준이 확립되지 않았기 때문에 국립종자원 재배 시험 심사를 위해 활용되는 “수박 형태조사 요령”을 기준으로 형태조사를 실시하였다. 이 매뉴얼은 유묘, 성체묘의 세부적인 형태뿐만 아니라 과실 및 종자의 특성까지 조사가 필요하였으므로 수확 시기까지 1주일에 2회 이상 형태조사를 실시하였다.

• 수박 유묘시기 형태조사

유묘시기에서의 형태조사는 배축의 길이, 떡잎의 모양, 크기, 녹색의 강도 및 반점 여

부를 형태조사를 해야 하는데 실제 조사 결과, 유묘시기의 품종별 차이나 그룹을 나눌 수 있는 두드러지는 차이는 확인 할 수 없었다. 차이가 나타나더라도 동일품종 개체 간 일치성을 확인하기 어려웠기 때문에 유묘 생육시기의 습도와 온도와 같은 환경에 영향을 받거나 종자의 크기와는 상관없이 종자의 충실도에 의한 초기 생육의 차이라 판단된다.

• 수박 잎 형태조사

수박 잎의 전형적인 모양은 잎 양쪽에 결각이 있는 특이한 형태로 국립종자원 형태조사 매뉴얼의 항목에는 잎몸이라 표현한다. 잎몸의 형태 조사 시, 엽병이 시작하는 잎 부분과 잎의 끝부분까지 잎몸의 길이와 가장 아래쪽 결각 바로 아래의 잎 양쪽 잎 끝 사이를 너비로 측정하여 길이와 너비의 비율을 계산해서 잎몸의 모양을 확인하였다. 식물체의 마디 사이의 길이는 정도를 나타내는 상대적인 수치와 실측치인 절대적인 수치는 4 (9-10 cm), 5 (10-12 cm), 6 (12-13 cm), 7 (14cm이상)와 같은 기준으로 각각의 값을 표시하였다. 마디의 길이는 일반적으로 6에 해당했으며 타이거부쉬(39)와 블랙 부쉬(40)의 경우는 일반 수박에 비해 2/3길이로 큰 차이를 보였다. 잎몸 길이와 너비의 경우 큰 차이를 보이지 않았지만 길이와 너비 비율(너비/길이)을 조사했을 때 희망꽃(4), 새로나꽃(9), 골드맛(10)은 다소 넓은 모양에 해당하는 1.2로 조사되었고 부쉬타입인 타이거부쉬(39)와 블랙 부쉬(40)의 경우는 각각 1.0과 0.9를 보여 일반적인 1.1에 비해 다소 긴 모양을 보였다. 또한 잎자루의 경우 중국 품종인 챔피언후1호(34)가 다소 짧게(4)로 확인되었고 또한 챔피언후1호는 황피의 형태를 가진 품종이라 다른 일반적인 품종들과는 달리 황록색의 잎을 가진걸로 조사되었다. 그 외에는 일반적인 길이인 6과 5품종 미만의 7정도의 길이를 보였다. 그 외 녹색의 강도 엽결의 정도, 요철 그리고 대리석 무늬 유무는 두드러지는 품종이 없이 비슷한 경향을 보였다 (Figure 2).



그림 3 수박 잎 형태 조사. 노드 간격(A), 잎장(B), 잎색(C), 잎색 강도 (D)

• 수박 꽃 형태조사

수박의 꽃의 형태조사는 주로 생식기관인 자방을 집중적으로 조사하는 항목으로 이루어져 있다. 자방은 2주에 걸쳐 4회 이상 조사하였고 조사 시 한 개체에서 3개 이상의 자방을 조사하여 평균을 내어 개체간의 오차를 줄이고자 하였다. 조사 결과, 자방의 길이는 주로 1.5cm ~ 2.0cm, 너비는 1.0cm ~ 1.5cm로 분포되어 있어서 길이와 너비의 비 (길이/너비) 1 ~ 2로 폭 넓게 형성되어 있었고 스펀의 정도도 5(중간)-7(매우많음)으로 분포되어 있었다. 하지만 자방 형태의 경우는 같은 개체 내에서도 자방이 맺히는 위치나 맺히는 시기에 따라 편차가 크게 나타났기 때문에 품종을 대변해 주는 특별한 특징이라 보기는 어려워 몇 년간에 걸친 데이터가 축적 되어야 그 경향을 확인 할 수 있을 것이라 판단된다.

• 수박 과실 형태조사

소비자가 소비를 결정하는 요인은 과실의 형태를 판단해 구입을 결정하므로 국내 국립종자원의 형태조사 매뉴얼에도 이와 같은 상황을 반영하듯 품종 식별에 과실에 대한 특성이 가장 많이 분포되어 있다 (48항목 중 21항목). 각 품종의 품질을 결정하는 가장 큰 항목으로는 무게, 모양, 과피의 색(진하기), 과피의 줄무늬 (진하기), 꽃자리등을 중요시 한다. 조사 결과를 보면 첫 번째, 무게는 포미나(24)와 같은 소형과의 경우 5kg미만으로 확인되었고 나머지는 품종에 따라 6-9kg으로 다양했고 같은 품종 내에서도 품종에 따라서 균일성이 차이가 나는 경우가 있었는데 이는 각 품종을 개발하는 육종회사의 육종 방식에 따른 차이로 판단되며 자식의 횡수를 많이 하거나 교배 조합이 안정된 경우에 균일성이 높아진다고 알려져 있다. 두 번째 요인인 모양은 원형(1)이 21품종, 단타원형(2)이 16품종, 타원형보다 짧고 단타원형보다 긴 경우(3)은 5품종으로 확인되어 국내는 단타원형이 높은 비율로 확인되었고 중국은 원형계의 비율이 다소 높은 것으로 확인되었다. 세 번째로 과피의 바탕색은 잎몸 색이 황록색이었던 챔피정후1호(34)가 과피의 바탕색이 노란색이었고 나머지는 모두 녹색이었다. 네 번째로 줄무늬색 넓이는 농협종묘의 킹라이코가 줄무늬 너비가 6 (3cm이상)으로 확인되었고 5 (2-3cm)는 9품종 4 (1-2cm)는 31품종으로 줄무늬 모양은 다소 좁고 진한 색을 선호하는 것을 확인할 수 있었다. 다섯 번째로 꽃자리의 크기는 작은 품종(2)이 23품종이며 중간(3)인 경우는 18품종으로 꽃자리는 작은 크기로 육성이 진행되고 있음을 확인할 수 있었다 (그림3).



그림 4. 수박 외형비교 (A) 줄무늬 색 강도, (B) 줄무늬 두께, (C) pistil scar 크기 (D) 바탕색 강도

② 2차년도

형태조사는 기본적으로 1차년도와 동일하게 수행하였다. 실험에 사용한 품종은 1~41번 품종으로 유묘시기에는 품종간 차이를 보기 어려웠기 때문에 1차년도와 마찬가지로 특성조사를 수행하지는 않았다. 마디사이 길이를 측정하였는데 11~14cm 사이를 보여주었다. 가장 긴 마디를 가지고 있는 품종은 우리꿀로서 평균 14.4cm였고 가장 짧은 마디를 가지고 있는 품종은 중국품종인 황피정흔1호로 평균 11.2cm의 마디 길이를 가지고 있었다 (표 6).

표 6. 노드간 길이 (internode length)

연번	품종명	마디사이길이(cm)	연번	품종명	마디사이길이(cm)
1	스피드꿀	13.3	22	리코스위트1호	13.1
2	환상꿀	13.7	23	리코스위트2호	12.1
3	우리꿀	14.4	24	챔피온	12.6
4	희망꿀	13.3	25	양원	12.7
5	메가스피드꿀	12.9	26	미관	12.3
6	슈퍼꿀	12.9	27	황피정흔1호	11.2
7	드레곤	12.4	28	흑미플러스	12.3
8	흑보	13.1	29	조생흑미	12.2
9	새로나꿀	12.5	30	흑미	12.3
10	콜드맛	12.6	31	ss꿀플러스	12.9
11	삼복꿀	12.8	32	황소옥	12.0
12	당당한	12.7	33	소옥9호	12.0
13	대박꿀	12.7	34	금흙	12.5
14	정통꿀	12.6	35	설봉대보	11.7
15	에이스꿀	13.0	36	nw-132	11.8
16	달고나꿀	13.3	37	비홍단	12.3
17	마니다라	12.9	38	원한	12.4
18	포미나	12.8	39	미화희	12.3
19	제황꿀	12.6	40	아크시아	11.9
20	리코후레쉬1호	13.1	41	고시쯔무스메	12.3
21	리코후레쉬2호	12.7			

• 수박잎 형태조사

잎몸의 형태 조사 시, 엽병이 시작하는 잎 부분과 잎의 끝부분까지 잎몸의 길이와 가장 아래쪽 결각 바로 아래의 잎 양쪽 잎 끝 사이를 너비로 측정하여 길이와 너비의 비율을 계산해서 잎몸의 모양을 확인하였다 (표 7).

표 7. 수박 잎 특성

연번	품종명	길이(cm)	너비(cm)	길이/너비의 비	1차엽절	2차엽절	요철	대리석 무늬
1	스피드꿀	18.0	15.4	1.2	1.6	1.9	1.9	1.0
2	환상꿀	18.9	16.6	1.2	1.6	2.0	2.1	1.0
3	우리꿀	18.4	18.0	1.0	2.3	2.2	2.2	1.0
4	희망꿀	18.4	18.0	1.0	2.3	2.0	2.4	1.0

5	메가스피드꿀	18.0	17.7	1.0	2.0	2.0	3.0	1.0
6	슈퍼꿀	18.5	17.0	1.1	2.2	2.6	3.0	1.0
7	드레곤	15.4	15.1	1.0	2.1	2.0	2.1	1.0
8	흑보	17.3	16.9	1.0	2.4	2.6	2.4	1.0
9	세로나꿀	18.0	16.4	1.1	2.3	2.2	2.5	1.0
10	골드맛	17.7	16.4	1.1	2.4	2.0	3.0	1.0
11	삼복꿀	17.9	16.5	1.1	2.3	2.0	3.0	1.0
12	당당한	17.2	16.0	1.1	2.4	2.0	2.4	1.0
13	대박꿀	19.5	18.6	1.1	2.0	2.0	2.7	1.0
14	정통꿀	16.5	16.9	1.0	2.8	2.0	2.2	1.0
15	에이스꿀	17.7	16.7	1.1	2.6	2.0	2.0	1.0
16	달고나꿀	18.8	20.4	0.9	2.1	2.5	2.6	1.0
17	마니다라	17.2	16.2	1.1	2.6	2.0	2.5	1.0
18	포미나	17.5	16.0	1.1	2.9	2.0	3.0	1.0
19	제황꿀	17.5	16.4	1.1	2.6	2.2	2.8	1.0
20	리코후레쉬1호	16.6	16.0	1.0	2.5	2.0	2.3	1.0
21	리코후레쉬2호	16.5	15.4	1.1	2.1	3.0	1.8	1.0
22	리코스위트1호	19.6	18.2	1.1	2.1	2.0	1.8	1.0
23	리코스위트2호	18.8	16.9	1.1	2.9	3.0	3.0	1.0
24	챔피언	19.1	18.9	1.0	2.6	2.1	1.7	1.0
25	양원	17.9	16.6	1.1	2.6	2.0	1.8	1.0
26	미관	19.4	17.5	1.1	2.4	2.0	3.0	1.0
27	황피정훈1호	14.2	13.9	1.0	2.6	2.0	3.0	1.0
28	흑미플러스	17.8	17.0	1.1	2.7	2.0	2.1	1.0
29	조생흑미	17.7	16.6	1.1	2.7	2.0	1.7	1.0
30	흑미	19.6	18.3	1.1	2.7	2.0	2.4	1.0
31	ss꿀플러스	19.3	17.9	1.1	2.4	2.2	2.0	2.8
32	황소옥	16.1	14.9	1.1	2.9	2.0	1.9	1.0
33	소옥9호	19.0	17.8	1.1	2.4	2.8	2.6	1.0
34	금흙	17.0	15.1	1.1	2.3	2.0	2.0	1.0
35	설봉대보	16.3	14.3	1.1	2.8	2.4	2.7	1.0
36	nw-132	16.2	15.1	1.1	2.7	2.5	2.7	1.0
37	비홍단	17.4	15.4	1.1	2.8	2.5	2.3	1.0
38	원한	15.4	13.1	1.2	2.7	2.0	3.0	1.0
39	미화희	14.9	13.0	1.2	2.6	3.0	2.1	1.0
40	아크시아	17.6	15.3	1.2	2.8	3.0	3.0	1.0
41	고시쯔무스메	16.6	15.9	1.0	3.0	2.0	2.8	1.0

잎길이는 일본품종인 미화희가 가장 짧았으며 가장 긴 품종은 흑미, 리코스위트1호 였다. 농우바이오 품종은 길이가 대체적으로 비슷하였으나 너비는 상당히 차이를 보였다.

잎의 길이나 너비 이외의 특성은 그 특성에 따른 값을 부여하여 측정하였다. 예를 들면 1차엽절의 정도는 1(약하다), 2(중간), 3(강하다)의 값을 부여하였다. 1차엽절의 정도는 평균 2정도 되나 스피드와 환상꿀은 1점대를 보였다. 한편 대리석 무늬는 대부분의 품종에서 관찰되지 않았으나 ss꿀플러스에서는 대리석 무늬를 볼 수 있었다.

- 수박 과실 형태조사

과의 형태나 맛은 수박을 구매하는 주요 판단 요소이다. 특히 중요한 특성은 과의 크기, 무게, 과피색, 무늬진하기 등이다. 과에 대해서는 총 23항목에 대해 특성을 조사하였다.

표 8. 수박 과실 특성

연번	품종명	무게 (kg)	세로로자른 면 모양#	과피색#	꽃자리 크기	과피두 께	길이	너비
1	스피드꿀	7.6	2.0	1.0	0.3	1.1	28.2	23.0
2	환상꿀	6.9	2.0	1.0	0.4	1.1	26.2	22.3
3	우리꿀	9.0	2.0	1.0	0.6	1.2	29.2	24.2
4	희망꿀	9.0	3.0	1.0	0.6	0.8	30.9	24.0
5	메가스피드꿀	7.5	2.0	1.0	0.5	0.9	27.6	22.2
6	슈퍼꿀	8.6	2.0	1.0	0.4	0.9	29.4	23.8
7	드레곤	7.7	1.0	1.0	0.8	0.9	25.7	23.8
8	후보	8.9	1.0	1.0	0.7	0.7	27.4	24.4
9	새로나꿀	9.1	2.8	1.0	0.5	1.1	30.3	24.2
10	골드맛	7.7	3.0	1.0	0.4	0.9	29.8	22.0
11	삼복꿀	8.2	3.0	1.0	0.4	0.9	28.8	23.6
12	당당한	8.6	2.0	1.0	0.7	1.0	28.9	23.9
13	대박꿀	9.3	2.0	1.0	0.4	1.0	30.2	25.0
14	정통꿀	9.4	2.0	1.0	0.7	1.0	29.2	24.4
15	에이스꿀	8.4	1.0	1.0	0.3	1.1	27.7	23.5
16	달고나꿀	9.0	1.0	1.0	1.5	1.3	26.6	25.1
17	마니다라	9.0	1.6	1.0	0.4	1.1	28.9	24.6
18	포미나	4.6	3.0	1.0	0.9	0.5	27.6	18.3
19	제황꿀	7.2	2.0	1.0	0.3	1.0	28.2	22.7
20	리코후레쉬1호	8.0	1.0	1.0	1.1	1.1	25.8	24.2
21	리코후레쉬2호	6.7	1.0	1.0	0.8	1.0	24.6	23.1
22	리코스위트1호	8.6	3.0	1.0	0.7	1.5	30.3	22.6
23	리코스위트2호	8.1	1.0	1.0	0.6	1.3	26.3	23.8
24	챔피온	9.3	1.0	1.0	0.9	1.1	27.3	25.9
25	양원	8.9	1.2	1.0	0.8	1.1	27.1	24.9
26	미관	9.7	1.0	1.0	0.7	1.2	27.1	26.7
27	황피정흔1호	7.6	1.2	2.0	0.9	1.4	26.3	23.8
28	후미플러스	8.1	2.0	1.0	0.6	1.1	28.0	23.0
29	조생후미	9.3	2.8	1.0	0.5	1.3	29.9	24.1
30	후미	8.8	2.6	1.0	0.6	1.3	29.6	23.3
31	ss꿀플러스	9.6	2.8	1.0	0.4	1.3	30.1	24.2
32	황소옥	4.1	1.3	1.0	1.1	0.6	21.6	18.4
33	소옥9호	5.6	3.0	1.0	0.3	1.2	32.6	18.2
34	금흙	8.7	1.0	1.0	1.0	1.2	27.3	25.2
35	설봉대보	8.5	3.0	1.0	0.5	1.1	31.4	21.8
36	nw-132	9.4	1.0	1.0	1.5	1.2	26.4	25.9
37	비홍단	4.0	2.0	1.0	0.8	0.6	22.9	17.9
38	원한	4.8	1.0	1.0	0.6	1.2	22.3	20.3
39	미화희	4.1	1.0	1.0	0.9	0.9	20.7	19.1
40	아크시아	5.6	3.0	1.0	0.2	1.3	31.5	18.4
41	고시쯔무스메	4.6	1.0	1.0	1.4	1.0	22.0	19.4

연번	품종명	길이/너비 비	당도	과육색#	과육색강도
1	스피드꿀	1.2	13.1	3.0	3.0
2	환상꿀	1.2	12.0	3.0	3.0
3	우리꿀	1.2	13.0	3.0	2.0
4	희망꿀	1.3	14.0	3.0	2.3
5	메가스피드꿀	1.2	13.1	3.0	3.0
6	슈퍼꿀	1.2	13.8	3.0	2.8
7	드레곤	1.1	13.2	3.0	2.3

8	흑보	1.1	13.4	3.0	2.3
9	새로나꿀	1.3	13.2	3.0	3.0
10	골드맛	1.4	15.1	1.0	3.0
11	삼복꿀	1.2	13.6	3.0	2.0
12	당당한	1.2	14.2	3.0	2.3
13	대박꿀	1.2	13.8	3.0	2.5
14	정통꿀	1.2	13.7	3.0	2.0
15	에이스꿀	1.2	12.8	3.0	3.0
16	달고나꿀	1.1	13.5	3.0	2.3
17	마니다라	1.2	12.3	3.0	2.3
18	포미나	1.5	15.8	3.0	2.0
19	제황꿀	1.2	13.7	3.0	2.3
20	리코후레쉬1호	1.1	14.5	3.0	2.3
21	리코후레쉬2호	1.1	14.4	3.0	2.0
22	리코스위트1호	1.3	15.5	3.0	3.0
23	리코스위트2호	1.1	15.3	3.0	3.0
24	챔피언	1.1	13.8	3.0	2.0
25	양원	1.1	13.6	3.0	2.0
26	미관	1.0	13.0	3.0	2.0
27	황피정흔1호	1.1	14.4	3.0	2.0
28	흑미플러스	1.2	13.5	3.0	2.0
29	조생흑미	1.2	14.0	3.0	2.3
30	흑미	1.3	14.1	3.0	2.0
31	ss꿀플러스	1.2	12.9	3.0	2.3
32	황소옥	1.2	13.7	1.0	1.0
33	소옥9호	1.8	14.2	1.0	2.0
34	금흙	1.1	13.4	3.0	1.8
35	설봉대보	1.4	12.9	3.0	1.3
36	nw-132	1.0	13.1	3.0	1.0
37	비홍단	1.3	13.3	3.0	2.0
38	원한	1.1	13.2	1.0	2.0
39	미화회	1.1	13.6	1.0	1.0
40	아크시아	1.7	14.1	3.0	2.0
41	고시쯔무스메	1.1	15.0	3.0	1.0







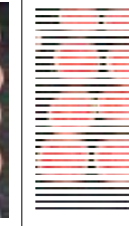
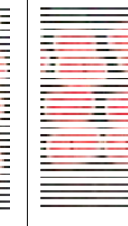
세로로 자른 모양. 1, 원형. 2, 타원형. 3, 좁고 긴 타원형

과피색. 1, 녹색. 2, 황색.

과육색. 1, 노란색. 2, 분홍빛 적색. 3, 적색

조사결과 중 주요 결과를 표8에 나타내었다. 과의 무게는 보통 7~9kg 정도 되나 포미나와 같이 4.6kg되는 소형과도 있다. 세로로 잘라보면 타원형인 품종이 많았으며 드레곤이나 흑보와 같이 원형에 가까운 품종도 있다 (표 9). 과피는 대부분 녹색이었으며 황피정흔1호만 노란색이었다. 그러나 과육색을 보면 역시 대부분은 적색이나 골드맛, 황소옥, 소옥9호 등은 과육색이 노란색이었다. 당도는 12~15까지의 분포를 보였는데 포미나가 가장 높은 당도를 보여 주었다. 실제 식미테스트를 하였을 때 대체적으로 단맛을 느낄 수가 있었으며 당도와 반드시 비례하지는 않았다.

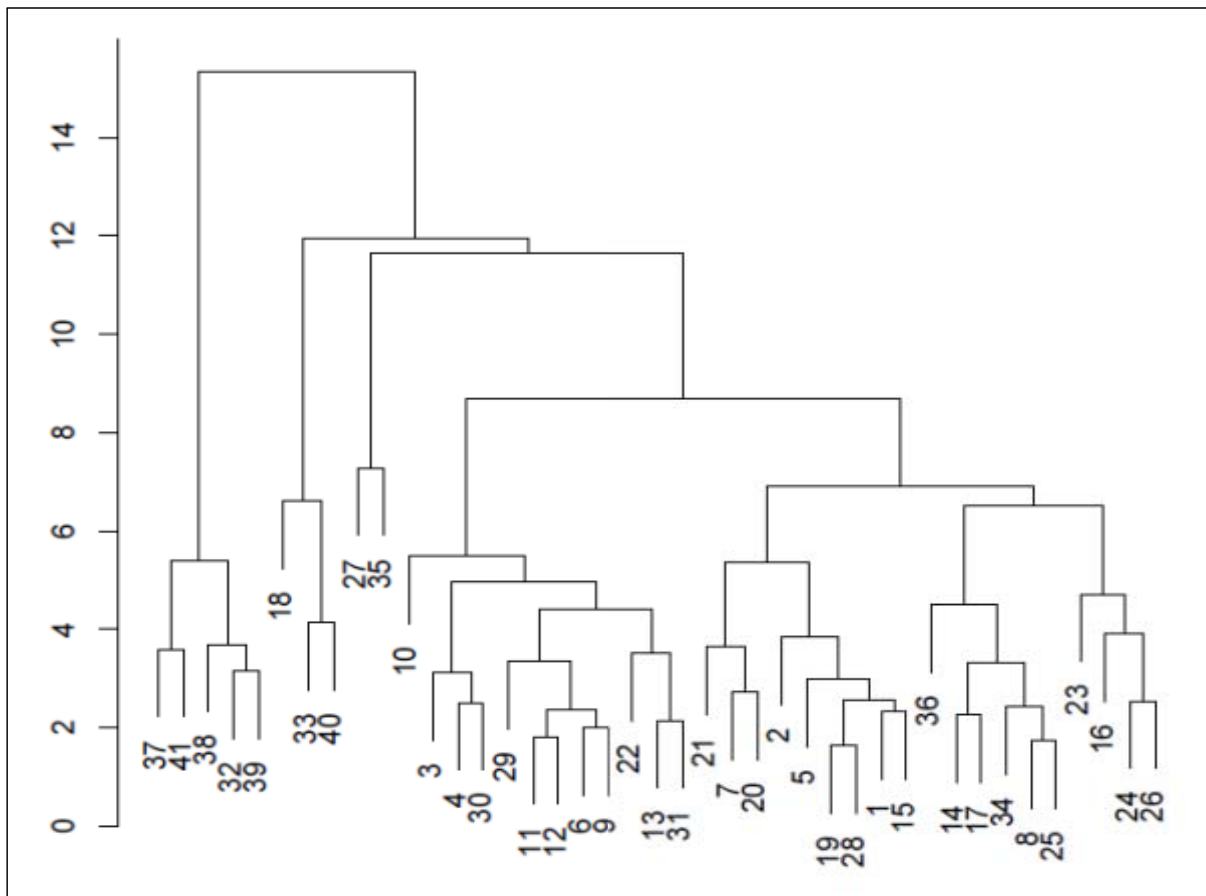
표 9. 수박 과육색

							
환상꽃	우리꽃	희망꽃	드레곤	골드맛	삼복꽃	리코후레쉬1호	리코스위트1호

• 근연관계 분석

41품종에 대해 얻은 특성 데이터를 이용하여 근연관계를 분석해 보았다. 이때 품종간 차이가 적은 데이터는 제외하고 22개의 특성 데이터만을 사용하였다. 근연관계는 R을 이용하여 dist, hclust로 분석한 후 plot하여 그림으로 나타내었다 (그림 5).

그림 5. 형태특성에 따른 근연관계 분석



Dendrogram상의 숫자는 특성표에서 나타난 것과 동일한 것이다. 예를 들어 1번은 스피드 수박을 나타낸다. 결과를 보면 먼저 스피드와 가장 가까운 특성을 보이는 품종은 에이스꽃이다. 또한 제황꽃, 흑미플러스도 스피드와 유사하다. 일본 품종인 37,38,39,41은 서로 유사

한 특성을 보이는 것으로 나타났으며 40번 또한 아주 다른 품종은 아닌 것으로 보인다. 파트너 종묘 20(리코후레쉬1호)는 21(리코후레쉬2호)와 비슷한 반면 22(리코스위트1호)는 23(리코스위트2호)와 상당히 다른 특성을 보이는 것으로 나타났다.

이러한 형태적 데이터를 이용한 근연관계를 마커를 이용한 결과와 비교해 보면 재밌는 결론을 도출할 수도 있다고 생각된다.

다. 새로운 형태조사 지표 확립

• 수박 과육 경도

현재 과육경도에 관한 형태조사 항목은 국립종자원의 매뉴얼에 포함되어 있지만 직접 입으로 씹어서 확인하는 관능검사로 이루어지기 때문에 육성가나 검사관에 따라 결과가 차이가 날수 있는 상황이다. 이를 보완하기 위해서 현재 검사 기관에서는 휴대용 경도계를 사용해서 수치화하는 시도는 이루어지고 있으나 이 또한 고정되어 있지 않기 때문에 검

사 위치와 검사관에 따라 결과가 달라지는 문제점이 있다. 따라서 본 연구에서는 휴대용 경도계보다 정밀한 계측을 위해 탁상용 경도계(Texture analyzer)를 이용하여 경도 측정을 하여 국내 F1 품종의 절대적인 경도 수치를 구하고 이를 바탕으로 형성되는 상대적인 수치인 레벨의 단계를 수립하고자 한다.

그림 5의 결과에서 나타난 바에 의하면 숙기가 상대적으로 빠른 조생종의 경우(24, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 41)가 평균값이 20미만으로 나타났고 대부분의 수박 과육은 20-30의 평균값을 나타 내었다. 평균값을 30을 초과하는 품종도 10 개미만의 품종에서 확인되었는데 이중 몬산토에서 개발된 에이스플(16)은 평균값이 40을 넘을 정도로 과육의 경도 면에서는 월등히 높은 결과를 보였다 (그림 5)

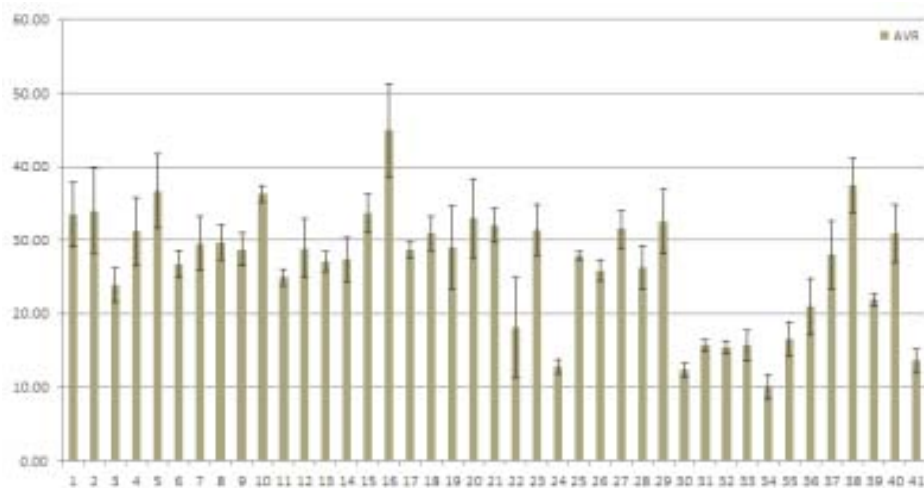


그림 5. 수박 과육 경도 분포

• 수박 라이코펜 함량

라이코펜은 토마토와 수박과 같은 붉은 과육의 채소에 많이 함량 되어 있는 항산화성 물질로 최근 그 중요성이 높아지고 있는 기능성 물질 중 하나이다. 이러한 상황 속에서

소비자의 변화하는 기호를 충족하기 위해 품종 육성이 몇 개의 육종회사에서 진행되고 있으므로 라이코펜 함량에 관한 기준설정이 시급하다. 현재 국내뿐 아니라 해외의 형태조사 항목에 포함되어 있지 않은 상태이므로 본 연구에서는 일반 품종과 라이코펜 고함량 품종과의 상대적인 수치의 차이를 확인함으로써 품종 육성에 있어서 라이코펜 고함량 수박 품종 설정 기준을 제시하고자 한다.

UV-spectrophotometer를 이용한 수박 라이코펜 측정은 41품종(품종당 5개체 이상)을 대상으로 측정하였고 대부분 품종의 수치(mg/g)는 20-40에 주로 형성되었고 라이코펜의 양이 극히 적을 것이라 판단되는 황색 과육의 수박인 골드맛(10)은 예상대로 라이코펜 측정 결과 아주 낮은 수준(5 이하)으로 확인되었으나 고함량 라이코펜으로 품종 등록된 킹라이코(11), 리코후레쉬 1호(26), 리코후레쉬 2호(27), 리코스위트 1호(29), 리코스위트 2호(30)은 일반 품종에 비해서 큰 차이가 없었는데 (일반품종임에도 불구하고 라이코펜 고함량 품종보다 함량이 높은 품종도 보임) 본 연구 이전에 본사의 품종(킹라이코)와 일반품종과 HPLC로 함량 측정 결과는 킹라이코가 상대적으로 많게는 2배 이상 고함량이었던 결과와 상반되는 바, 추후 위에서 분류된 고함량 라이코펜 품종 (5품종)과 일반 품종군과의 HPLC 분석을 통해 정밀한 분석을 수행할 필요가 있을 것으로 보인다 (Figure 7).

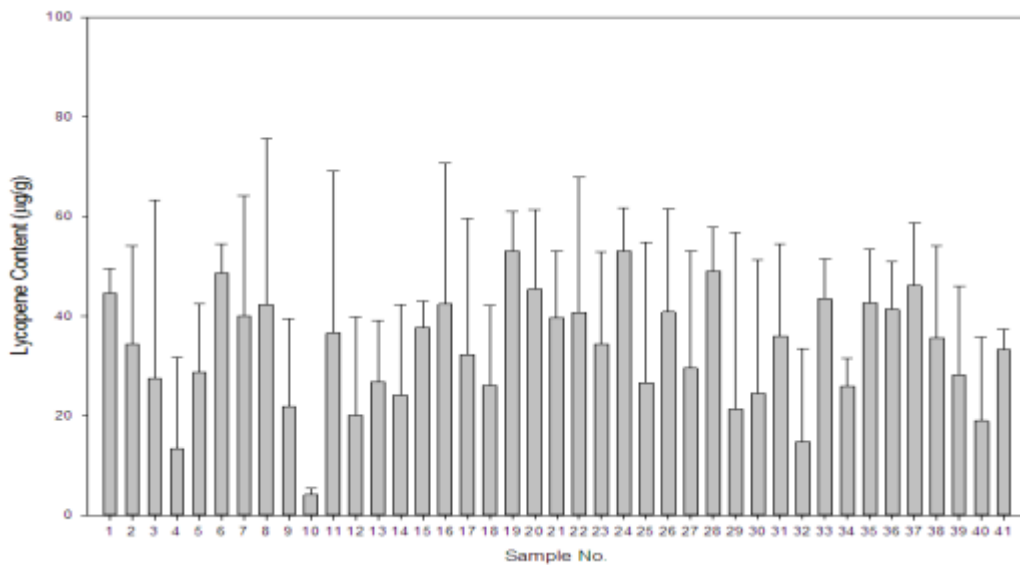


그림 6. 라이코펜 함량 분포

• 수박종자 대사체 분석

수박 종자의 대사체 분석을 통해 품종구별이 가능한지 조사해 보았다. 이 조사는 생명공학연구원 김석원 박사팀의 도움으로 진행되었다. 실험재료로는 시판품종, 개발중인 품종 등 39개 품종을 대상으로 하였다. 종자를 파쇄하여 메탄올로 추출한 뒤 IR 스펙트럼을 얻고 PCA 분석으로 대사체 패턴을 분석하였다.

그림 7은 얻어진 대사체 패턴을 보여준다. 품종별로 상당한 차이가 보이기는 하지만 실제 눈으로 비교하기는 어려운 것을 알수 있다. 이 데이터를 다변량통계분석을 하고 품종별

결과를 평균하면 그림 8과 같이 얻어진다. 일부 품종은 구별하기 어려우나 상당수 품종들은 대사체 분석으로 구별이 가능한 것을 알 수 있다. 회사별로 구별가능한지 조사하였으나 회사별로 그룹핑이 되지는 않았다.



그림 7. 수박종자 FT-IR 스펙트럼

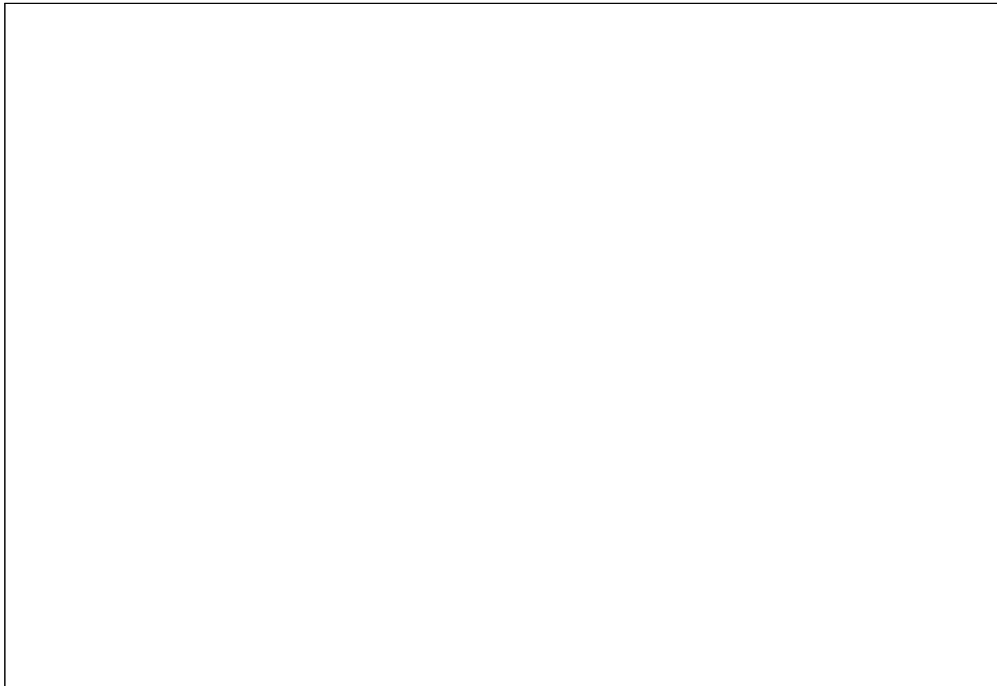
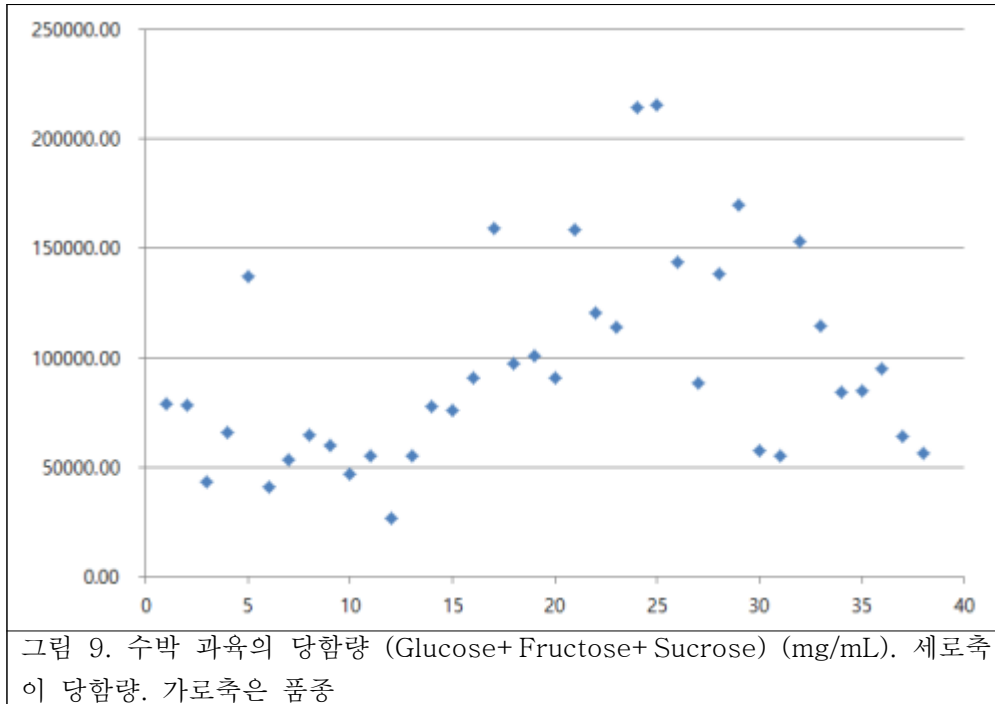


그림 8. 수박종자 FT-IR 스펙트럼 PCA 분석결과. 각 회사별로 다른 마크를 사용하여 구별하였다.

• 수박 과육 당함량 분석

수박의 당도는 중요한 형질로 소비자의 제품선택 시 가장 중요한 결정인자이다. 일반적으로 브릭스를 측정하나 이는 실제 사람이 느끼는 단맛을 정확하게 반영하지는 못한다. 따라서 수박 과육의 주요 당성분 분석을 통해 품종간 차이를 조사해 보았다. 당성분 분석은 충남대학교 분석센터를 통해 수행되었다. 실험재료로는 39개 시판 및 개발완료 품종을 대상으로 진행되었으며 수확 후 바로 과육을 채취하여 얼린 뒤 분석센터로 전달하였다.



대체적으로 50~100 g/mL사이에 분포하였으나 일부 품종은 훨씬 많은 당 농도를 가지고 있었다. 가장 많은 것과 가장 낮은 것 사이에 최대 4배이상 차이 나는 것을 알 수 있었다.

다) 마커 개발

품종 식별이 가능한 single nucleotide polymorphism (이하 SNP)마커를 개발하기 위해서는 우선 근연관계 분석이 필수적인데 이는 유전적 거리가 가까운 순계인 개체들을 선발하여 마커가 개발되어야 많은 품종이 추가되어도 다형성이 있을 가능성이 높기 때문이다. 따라서 품종식별에 사용되는 SNP마커를 개발하기 위해서는 품종의 기본단위이면서 순계로 고정되어 있으면서 유전적 거리가 가까운 원종들을 대상으로 서열분석을 수행한 후 서열 간 비교를 통해 SNP 마커를 개발하는 것이 효율적이다. 유전적 거리가 가까운 원종을 찾기 위해 우선 자사에 13품종의 모계와 부계를 대상으로 국립종자원에서 개발되어 품종식별에 활용되고 있는 36개의 마커를 활용하여 다형성을 확인하였다 (그림 10). 다형성을 확인한 후 근연관계 분석을 위해 각 품종들이 가지는 allele의 특성을 세로열은 allele의 사이즈의 차이별로 구별하였고 가로열은 품종별로 차이를 두어서 rawdata를 작성할 수 있었다.

NTSYSpc (ver. 2.21m)(Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램 옵션 중 하나인 Jaccard 방법에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average(UPGMA) 방법을 통해 유전적 근연관계를 분석하였다 (그림 11).

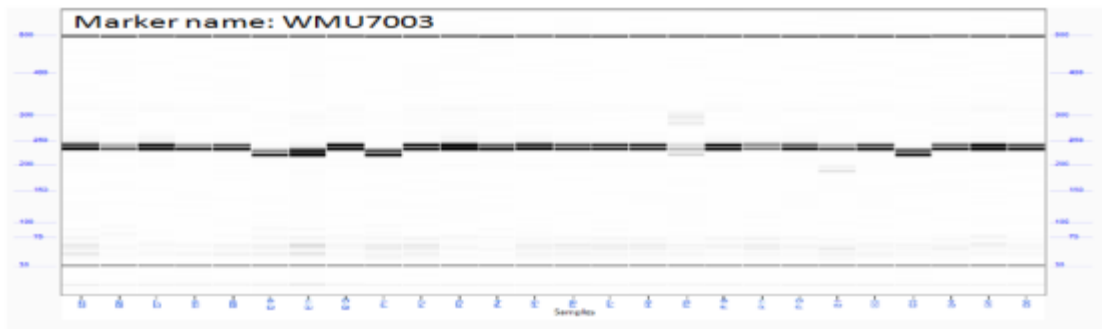


그림 10. 26개 라인에 대한 SSR 마커 분석

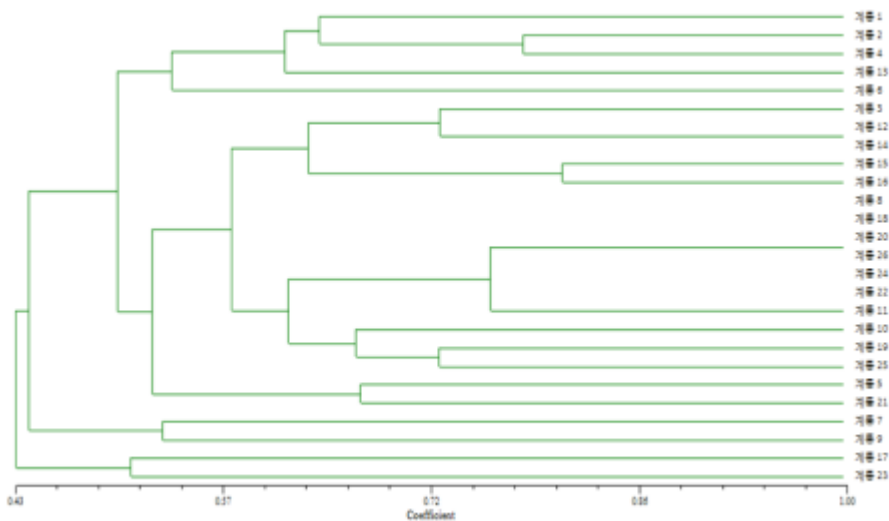


그림 11. 26개 수박계통의 근연관계

• 품종식별용 SNP마커 개발을 위한 SNP탐색

차세대 유전체 서열 분석법 (next generation-sequencing; NGS)이 소개된 후, 기술의 개발 및 발달에 발 맞춰 SNP는 현재 가장 많이 활용되고 있는 마커의 형태로서 다양한 연구에 활용되고 있는 마커이다 (Kim and Misra 2007) 가까운 근연관계를 보이는 4개의 모·부계와 일반적인 수박과는 두드러지는 특징을 가지는 4가지의 계통 (표 3)을 대상으로 NGS를 수행한 결과, 100 bp 길이의 8천만 개에서 1억 개의 read를 얻었고 이를 중국 Beijing genome institute (BGI)에서 작성한 reference genome에 read mapping 한 결과 90%이상의 read가 성공적으로 mapping이 되었음을 확인되었고 평균 20X의 read depth를 보인 것으로 확인되어 추후 분석을 통해 품종 식별을 위한 SNP 분석이 성공적으로 진행될 가능성이 높다고 판단 된다 (표 6).

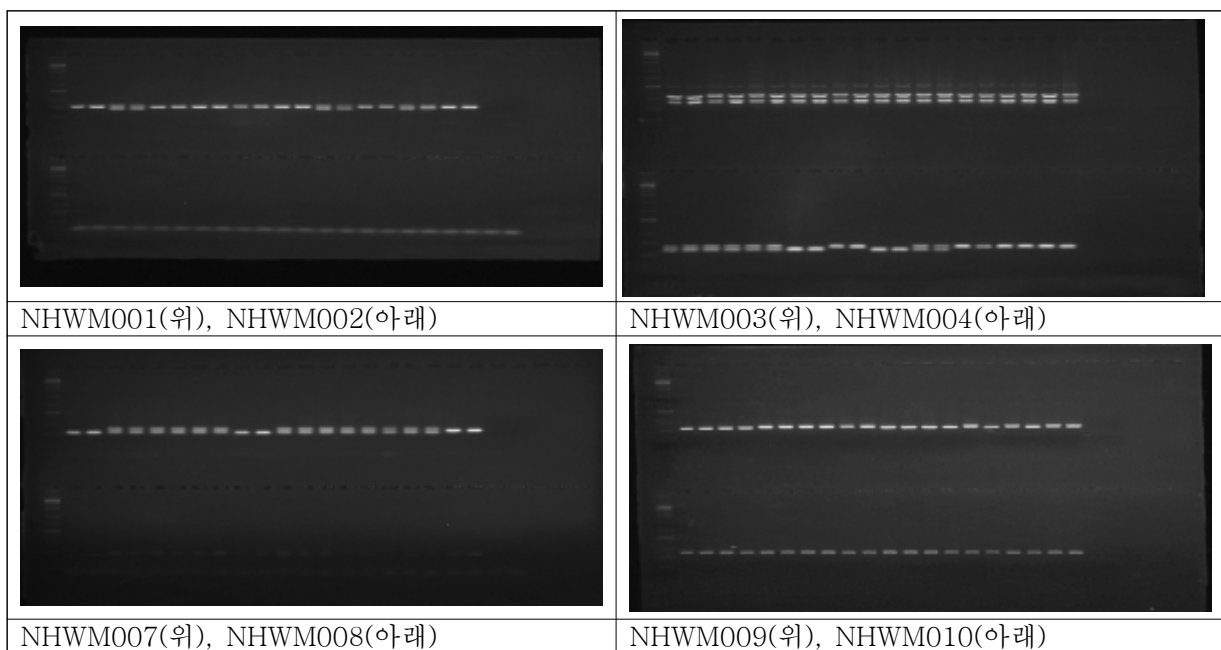
표 6. NGS 결과 요약

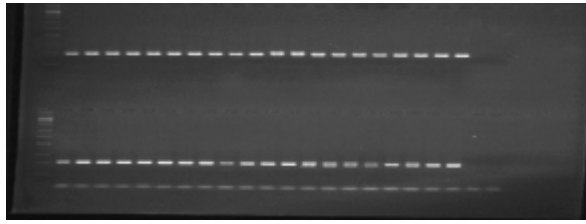
Sample name	Read length	Totalraw sequence	Total reads	Mapped reads	Mapping rate(%)	Paired reads	Paired reads rate (%)	Depth (x)
계통 2	100	7451162200	74511622	69688412	93.5	54125759	72.6	21.1
계통 5	100	8032875300	80328753	73732835	91.8	54398403	67.7	22.3
계통 15	100	8679183200	86791832	80894231	93.2	61198194	70.5	24.5
계통 16	100	8147832300	81478323	76766686	94.2	58406163	71.7	23.3
계통 A	100	10068269500	100682695	95141853	94.5	72902668	72.4	28.8
계통 B	100	8593949300	85939493	79362127	92.3	57378761	66.8	24
계통 C	100	8986323900	89863239	83042565	92.4	60266949	67.1	25.2
계통 D	100	8937947500	89379475	83214827	93.1	62515685	69.9	25.2

먼저 depth가 10이상인 데이터를 선택하고 hetero로 나온 데이터는 제거하였다. 또한 계통간 비교를 하기 위해 한 계통이라도 데이터가 제대로 나오지 않은 경우는 데이터 분석에 사용하지 않았다. 이렇게 데이터를 필터링하고 나서 얻어진 SNP 수는 183,227개 였고 Indel은 27,419개 였다.

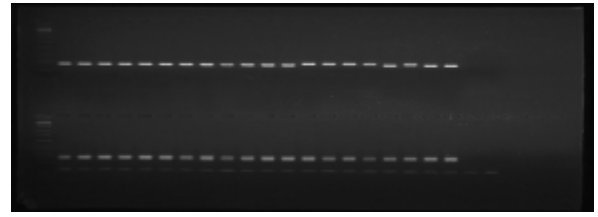
먼저 SSR 마커를 개발하기 위해 32개의 SSR마커를 선택하였다. 각 SSR 마커는 계통간 다형성이 있는 것 중 가급적 다양한 염색체에서 선발하고 서로 붙어있는 것은 한 개만 선택하였다. 이렇게 선택한 SSR 마커의 품종간 다형성 유무를 판단해 보기 위해 10개 수박 품종 (슈퍼꿀, 드레곤, 스피드꿀, 환상꿀, 씨제로, 달고나꿀, 리코후레쉬1호, 리코스위트1호, 흑미, 조생흑미)를 선택하여 실험에 사용하였다. 실험결과 14개 SSR 마커가 다형성을 보여주었다 (그림 12).

그림 12. SSR marker test

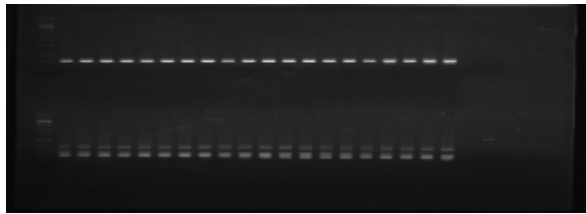




NHWM015(위), NHWM016(아래)



NHWM025(위), NHWM026(아래)



NHWM027(위), NHWM028(아래)

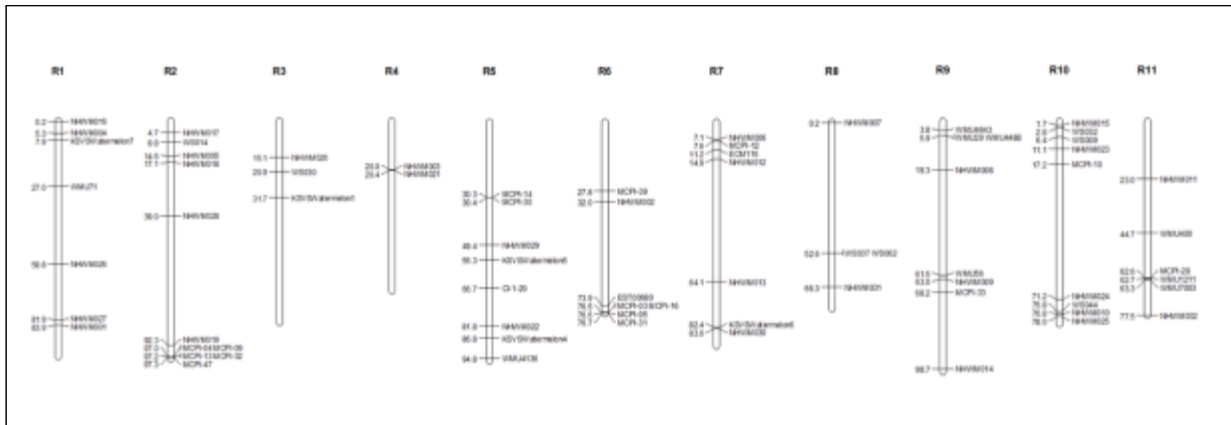


NHWM031(위), NHWM032(아래)

샘플순서는 좌로부터 각 2라인씩 슈퍼꿀, 드레곤, 스피드꿀, 환상꿀, 씨제로, 달고나꿀, 리코후레쉬1호, 리코스위트1호, 흑미, 조생흑미 순이다. 전체 SSR 마커 테스트 결과 중 일부를 제시하였다.

한편 기존에 보유하고 있던 SSR 마커와 신규 개발한 SSR 마커의 위치를 각 염색체 위에 표시를 해 보았다 (그림 13).

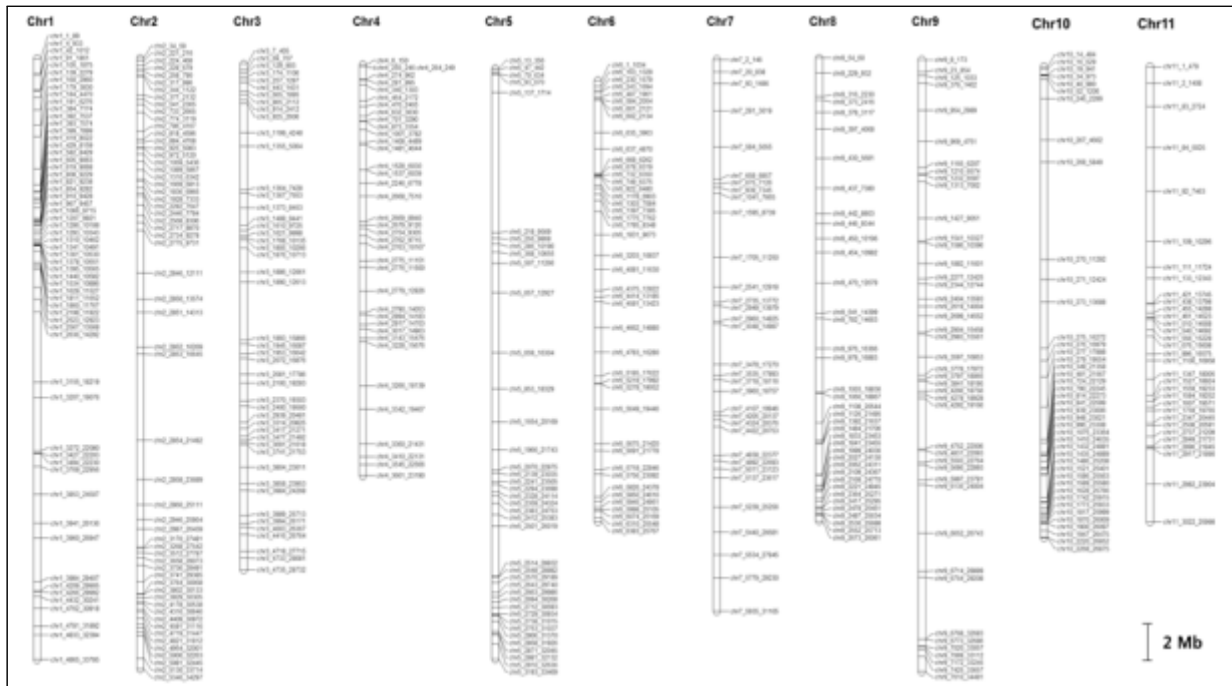
그림 13. 염색체상의 SSR 마커 위치



SSR 마커의 염색체상 위치를 보면 균일하게 분포하지 않는 것을 볼 수 있다. 특히 염색체 6번, 10번은 양 끝쪽에 마커가 주로 분포하고 있음을 알 수 있다. 기존의 마커가 커버할 수 없는 부분에 위치하는 마커를 개발할 필요가 있다고 사료된다.

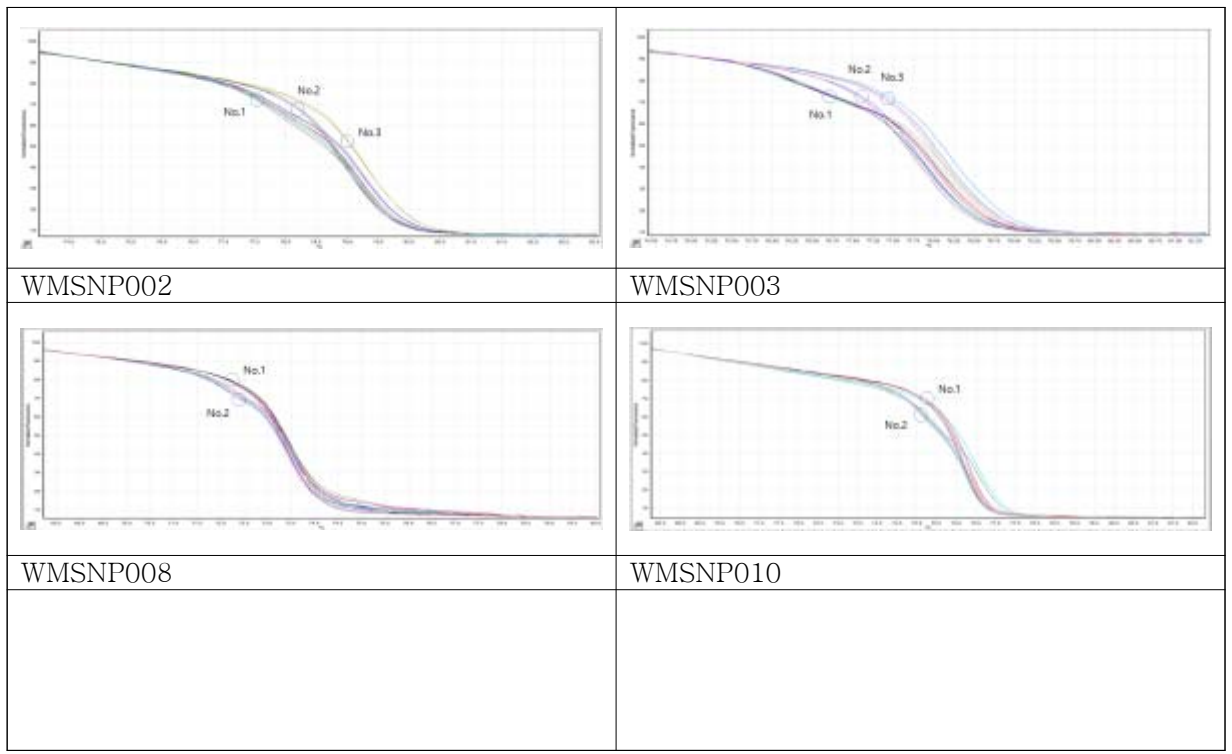
SNP 마커를 선별하기 위해서 NGS에 사용한 계통간 다형성 유무를 먼저 조사하였다. 다형성 값이 높은 SNP 중 474개를 선별하였다 (그림 14).

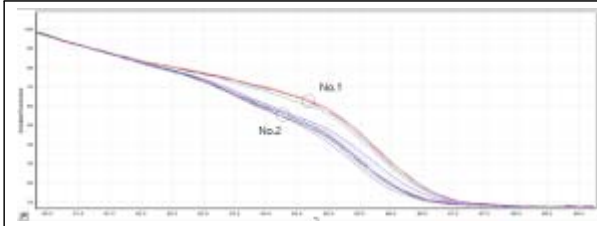
그림 14. PIC 값이 높은 SNP



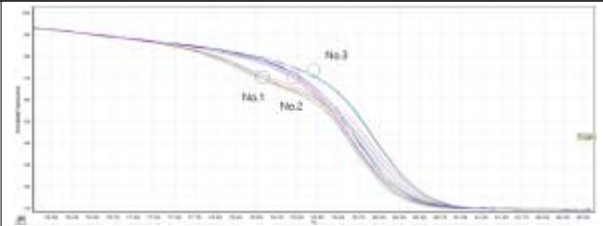
이들 중 다시 22개의 SNP를 선택하여 HRM으로 품종간 다형성을 조사해 보았다. 실험에 사용한 품종은 SSR 마커 테스트에 사용한 10개 품종을 사용하였다. 그 결과 16개의 SNP가 품종간 다형성을 보여 주었다 (그림 15). 마커에 따라 2개 혹은 3가지 서로 다른 패턴을 확인할 수 있었다. HRM 실험결과 중 대표적인 패턴을 그림 15에 나타내었다.

그림 15. SNP 마커의 HRM 분석





WMSNP013



WMSNP016

각 품종별 HRM 패턴을 정리해 보면 다음과 같다 (표 7).

표 7. 10개 수박 품종의 HRM 분석 결과

마커	슈퍼꿀	드레곤	스피드 꿀	환상꿀	씨제로	달고나 꿀	리코후 레쉬1 호	리코스 위트1 호	흑미	조생흑 미
WMSN P001	1,2	2,3	2	2	1	3	2	1	1	1
WMSN P002	2	1	1	1	1	1	2	2	3	1
WMSN P003	1	2	3	3	1	1	1	1	1	1
WMSN P004	1	2	1	1	2	3	1	1	2	1
WMSN P005	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1
WMSN P006	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
WMSN P007	PCR 안 됨.									
WMSN P008	1	1	2	2	2	1	2	2	2	1
WMSN P009	2	2	3	3	3	2	3	3	1	1
WMSN P010	1	1,2	2	2	1,2	1	2	2	1,2	1
WMSN P011	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
WMSN P012	1	1	1	1	2	1,2	1	1	1	1
WMSN P013	1	1	2	2	1	2	1	2	2	2
WMSN P014	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
WMSN P015	1	1,2	2	2	1	2	2	2	2	1
WMSN P016	1	1,3	2	1	1	3	2	2	2	2
WMSN P017	1	1,2	2	2	2	1	2	1	1	2
WMSN P018	1	2	2	2	2	1	2	2	1,2	2
WMSN P019	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
WMSN P020	PCR 안 됨.									

WMSN P021	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1
WMSN P022	1	1	2	2	1	1	2	1	1	1

표 7에서 숫자는 HRM 패턴을 나타낸다. 다른 숫자는 서로 다른 패턴을 의미한다. 숫자가 두 개인 품종은 두 가지 서로 다른 패턴이 섞여 나오는 경우이다. 다형성을 보이는 SNP 마커를 이용할 경우 10가지 품종을 충분히 구별할 수 있었다. 이론적으로 16개의 SNP 마커로 구별가능한 품종이 6만가지가 넘는다. 다만 실제상황은 다를 수 있으므로 더 많은 품종에 대해 실험을 실시해 보았다. 표 2의 66개 품종에 대해 15개 SNP로 분석하였다. 그 결과 각 품종은 15개 SNP로 충분히 구별가능하였다. 결과 중 일부를 표 8에 나타내었다.

표 8. 66개 수박 품종의 HRM 패턴

	WMSNP01	WMSNP02	WMSNP03	WMSNP04	WMSNP05	WMSNP09
스피드꿀	2	1	1	2	1	1
환상꿀	1	1	1	2	1	1
우리꿀	2	1	3	1	1	1,2
희망꿀	2	2	3	2	1	1
메가스피드꿀	2	1	3	2	1	3
슈퍼꿀	2	2	3	2	1	2
드레곤	1	1	1,2	1	1	2
후보	1	2	2	1	1	2
새로나꿀	3	1	1	2	1,2	1
폴드맛	1	2	1	1	1	1
삼복꿀	1	2	3	1	1	2
당당한	2,3	1	1	2	1	2
대박꿀	2	1	1	3	1	1
정통꿀	2	2	1	2	1	2
에이스꿀	2	1	3	1	1	1
달고나꿀	1	2	1	2	1	2
마니다라	1	1	3	2	3	2
제황꿀	2	2	3	2,3	3	1
리코후레쉬1호	1	2	3	2	1	2
리코후레쉬2호	1	2	2	2	1	2
리코스위트1호	1	2	3	2	1	2
리코스위트2호	2	2	1	1	1	2
챔피언	1,2	2	2	2	1	2,3
양원	1	2	2	2,3	1	2
미관	2	2	1,2	1	1	1
황피정혼1호	2	2	2	1	3	3
흑미플러스	2	2	1	2	3	3
조생흑미	2	1	3	2	1	3
흑미	3	3	3	1	1	3
ss꿀플러스	3	1	1	2	1	1
황소옥	2	3	1	2	1	3
소옥9호	1	1	1	2,3	3	3
금흙	2	1	2	1,2	1,3	1
설봉대보	2	2	1	1	1	1

nw-132	1	1	2	1	2	1
비홍단	1	1	1	2	3	3
원한	2	2	2	2	1	2
미화회	2	3	3	1	3	1
아크시아	2	2	2	1	1	1
고시쯔무스메	2	1	1	1	1	1
활기찬꿀	2	1	1	2	2	1
넘버원꿀	2,3	2	3	1	1	2
대황	2	2,3	3	3	1	1,2
백마강	2,3	2	3	2	3	1
태양꿀	2	2	2	3	1	2
만나	2	1	3	2	1	1
참조아복	2,3	3	1	3	3	1
고향꿀	2	2	3	2	1	1
온세상	2	1	3	2	1	1
노다지꿀	2	2	3	2	2	1,2
복중꿀	2,3	2	3	1	1,2	1
로얄제리	2	1	3	2	1	1,2
불이	2	1	4	2	1	1
정통꿀	3	1,3	4	2	1	2
조은꿀	2	1	4	2	1,2	1
현대꿀	1	1	3	1	3	1,2
제왕꿀	2	2,3	3	1	3	1
설강102	1	1	4	1	1	1
조존꿀	2	1,3	4	1,3	1	1
환희꿀	2	1,2	3	1	1	1
서태자	1	2	3	1,2	1	1
칠복꿀	1	2	3	1	1	1
감수꿀	1	2	2,3	1	1	1
부라보꿀	1	1	3	2	3	3
원더풀꿀	1	1	4	1	1	1
슈퍼골드	1	1	3	2	1	1
*각 마커로 HRM 분석을 하였을 때 얻어진 패턴. 숫자 두 개가 있는 것은 두 가지 패턴이 나온 것으로 실험 오류라고 생각됨.						

이러한 결과는 SSR 마커 뿐 아니라 SNP로도 품종판별이 가능함을 보여주는 것이다. SSR에 비해 SNP는 선택가능한 마커가 많고 SSR마커가 없는 부위에서도 SNP 마커를 찾을 수 있어 보다 유용하게 사용할 수 있을 것으로 사료된다. 다만 HRM을 이용한 SNP 판별의 경우 조건의 최적화가 필요할 것으로 판단된다.

라. 수박 NGS 결과 분석

마커 개발 및 특성분석에 활용하기 위해 수박 8개 계통에 대해 re-sequencing을 수행하였다. 총 읽은 read 수는 약 689백만개 이고 총 약 68.9 Gb 가 얻어졌다. 맵핑률은 평균 92%이상이었으며 depth는 평균 22배 정도였다. 얻어진 서열결과를 이용하여 얻은 SNP는 총 183,277개였으며 indel은 27,419개였다. 염색체별로 보면 1만~2.5만개, indel은 1700~3400개 정도였다. 염색체에 따른 분포를 보면 SNP 및 indel 모두 비슷한 패턴을 보여주었다. 염색체 1번과 6번에서 SNP와 indel이 많이 발견되는 반면 염색체 8번에서는 가장 적은 수가 발견되었다. 이러한 차이는 염색체의 크기와는 상관이 없어 보인다. 염색체1번과 6번의 크기는 약

34 M bp와 27 M bp이며 8번은 26 M bp로 6번과 8번이 크기가 비슷하나 SNP, indel의 수는 상당한 차이가 있었다 (그림 16).

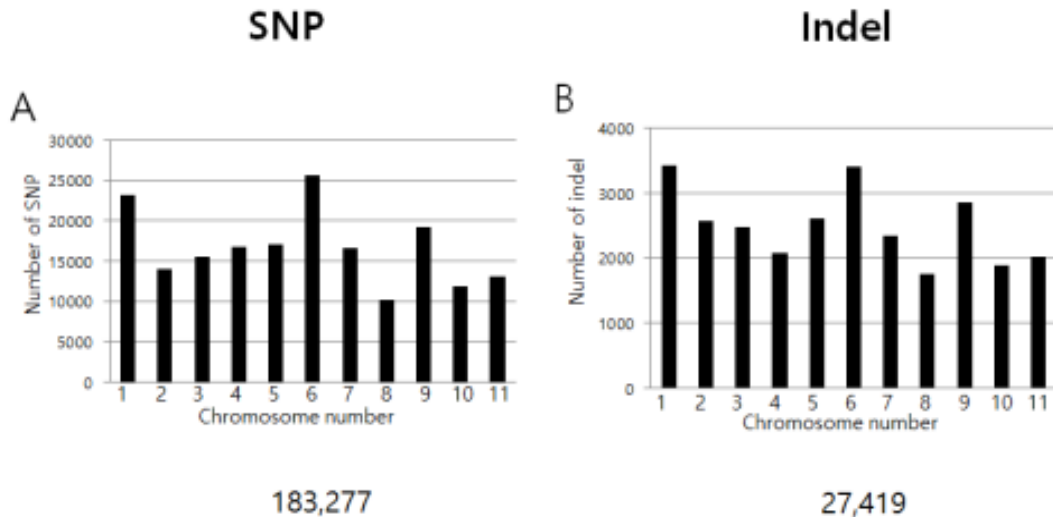


그림 16. 수박 염색체별 SNP, Indel 분포

각 염색체별 SNP분포를 보다 세밀하게 조사하기 위해 SNP밀도를 계산해 보았다. 전체적으로 보면 1kb 당 0.55개의 SNP가 발견되었고 indel의 경우 0.083개가 발견되어 SNP와 indel의 밀도는 6.6배 정도 차이가 났다. 1개의 SNP가 발견되는 평균길이는 1,804bp로서 미국 품종과 중국품종간 SNP밀도와(1,430bp당 1개의 SNP) 유사하였다(Guo et al. 2013). 한편 각 염색체별로 SNP 밀도가 상당히 높은 곳을 발견할 수 있었다. 염색체 8번은 대체적으로 낮은 SNP 밀도를 보여주었으며 염색체 6번의 끝부분은 특이하게도 SNP 밀도가 높은 곳이 집중되어 있었다 (그림 16).

Guo 등(2013)이 *C. lanatus* subsp. *vulgaris*, subsp. *mucospermus*에서 염색체별 다양성을 조사한 결과를 보면 염색체3번의 중간지역과 6번의 끝 부분이 가장 큰 다양성을 보여주었다. 본 연구에서는 염색체3번의 SNP 밀도가 다른 염색체와 큰 차이가 없었던 반면 염색체6번의 끝부분에서는 Guo 등의 연구결과와 유사한 결과를 얻을 수 있었다 (그림 16). 염색체6번의 SNP고밀도지역은 1.1M bp 정도의 크기이며 이 지역의 전후로 SNP밀도가 급격하게 떨어졌다.

염색체6번 SNP고밀도지역에서 계통간 SNP 분포를 살펴보기 위해 염색체6번의 SNP 분포를 색으로 표시하여 보았다. 염색체6번 SNP 고밀도 지역의 SNP는 크게 두 그룹으로 나눌 수 있었다. 163번, 438번 계통이 한 그룹을 형성하였고 나머지 계통은 두 번째 그룹으로 나뉘어 졌다. SNP고밀도지역에서 그룹 내 서열차이가 없고 그룹간 차이만 있었다. 즉 SNP 고밀도 지역이 계통간 다양성이 높은 지역은 아니었다.

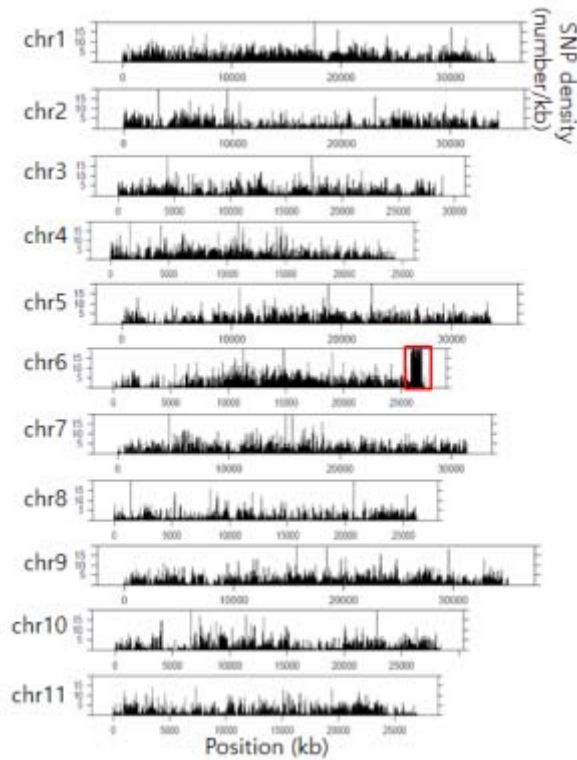


그림 16. 수박 염색체별 SNP, Indel 분포

마. 마커와 형태특성 간 연관성

품종간 유사성을 판단하는 데 마커를 많이 활용한다. 그러나 마커를 기반으로 판단할 경우와 형태적 특성을 기반으로 판별을 할 경우 차이가 날 가능성이 있다. 특히 마커가 형태적 특성과 연관된 마커가 아닐 경우는 더욱 차이가 날 가능성이 크다. 본 연구에서 NGS를 통해 많은 마커를 확보하였고 그 개체의 형태적 특성도 조사하였다. 이 데이터를 이용하여 마커에서 얻은 분류 결과와 형태적 특성에 기반한 분류 결과를 비교분석하였다.



그림 17. 원예적 특성과 마커 결과 비교

원예적 특성을 비교하여 계통간 유사도를 비교해 보면 3,4번이 비슷하고 6,7이 비슷하며 1,8번이 유사한 것으로 나온다. 한편 얻어진 모든 SNP를 활용하여 유사도를 비교하면 2,8번이 비슷하고 4,7번이 비슷한 계통으로 나온다. 두 결과를 비교해 보면 비슷한 부분도 있으나 상이한 부분이 상당히 있음을 알 수 있다. 예를 들어 2번과 7번 계통의 경우 원예적 특성으로 비교할 경우 어느 정도 유사한 것으로 알 수 있으나 마커로 보면 가장 다른 품종으로 나온다. 수만개의 마커를 사용하더라도 원예적 특성 결과와 상이한 것을 알 수 있으며 이는 유전인자 특성만으로 형질을 예측하기 어려운 점을 다시 한번 확인시켜 준 결과로 생각된다.

마커분석으로 계통간 혹은 품종간 유사도를 측정할 수 있으나 이를 통해 형질의 유사도를 예측할 수 없는 것으로 보인다.

바. 결론

본 연구를 통해 수박품종 판별을 위한 SNP, SSR 마커를 개발하였으며 이들 마커를 적용하여 시판품종의 판별이 가능하다는 것을 확인하였다. 또한 마커나 형태적 특성이외에 대사체 분석을 통해서도 품종 판별이 어느 정도는 가능함을 알 수 있었다. 향후 유전자가위 등을 활용한 품종이 육성될 경우 외형적 특성은 아주 유사하나 대사체 일부가 바뀌거나 비외형적 특성 (병저항성, 내재해성 등)이 바뀐 품종이 개발될 수 있다. 이런 경우도 신품종으로 판단할 수 있는 근거마련이 필요하다고 생각된다.

제9절 [제7협동과제: 장미 품종특성 데이터베이스 구축]

1) 서론

장미는 화훼류 중 전 세계적으로 생산과 소비 비중이 가장 큰 화종으로서 화훼산업에 매우 중요하다. 우리나라의 장미 재배면적은 1990년 159.0ha에서 2006년 863.5ha로 증가하였으나 2007년부터 최근까지 감소하고 있는 추세이며, 수출금액도 1998년 3,419천불에서 2010년 34,235천불로 10배정도 증가하였으나 최근 수출국 일본의 엔저 등 여건악화로 인하여 급속히 감소하고 있다(MIFAFF 2015). 장미의 품종개량을 위한 육종의 시작은 19세기 말 동양 원종 사계성 장미 *R. chinensis*와 *R. multiflora*가 유럽으로 도입되어, 인공교배를 통하여 꽃의 특성이 개량되어 꽃잎수가 많아지고 새로운 형태의 모양과 색깔로 다양하게 진화되면서 지금까지 25,000여 품종이 육성되었다(RDA 2001, Guoliang 2003). 우리나라는 1990년대 초 농촌진흥청 국립원예특작과학원에서부터 장미육종을 시작하여 1995년도 이후에 지방농업연구기관에서도 본격적인 육종사업을 추진하여 현재까지 220여품종이 육성 되었다. 2015년 농촌진흥청 조사에 의한 장미 로열티 추정 지급액은 28.4억원으로 46%를 차지하고 있다(RDA, 2015). 이에 따라 해외로 지불하는 로열티를 절감시키고자 농촌진흥청 장미사업단은 각도농업기술원과 함께 국내육성 장미품종 농가보급 사업을 추진하여 2009년 장미 전체재배면적의 13%에서 2016년에 29.5%까지 확대하였다(RDA, 2016).

국내 유통품종의 특성 DB 구축은 품종 육성 시 육종 목표 설정 등에 활용 가능하고 품종 보호 출원품종 심사의 정밀도를 향상시킬 수 있을 뿐만 아니라 품종의 권리 및 침해분쟁의 해결에 도움이 된다. 또한 품종 간 구별되는 최소거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 특성 차이, 작물별 특성에 대한 표준품종 선정 등 육종에 기초가 되는 정보를 제공함으로써 신 품종 육성에 기여하고자, 장미 유통품종의 형태적 품종특성 조사를 통하여 품종특성의 국가 표준 DB를 구축하고 표준품종 선정 및 품종보호 출원품종의 특성형질을 표준화하고자 본 연구를 수행하였다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종

장미의 유통품종에 대한 품종특성 데이터베이스 구축을 위하여 국내에서 유통되고 있는 총 70품종을 수집하였다. 그 중 외국품종은 44품종(마를린먼로, 미스홀랜드, 데니스, 모네, 굿 초이스, 실루엣, 앙상블, 굿타임, 코넬리, 반돌레로, 패니라인, 포미, 핑크파티, 미키, 아르만도, 립그로스, 몬테카를로, 레드폴, 보르도, 앤드리스러브, 클럽니카, 상그렐라, 쿨워터 등)과 국내 육성 26품종(오로라, 하트온, 레몬라떼, 탐핑크, 안다미로, 스위트스킨, 캔디파티, 실키, 레드크라운, 러브레터, 레드비, 셀리바, 아로마원 등)이다. 재배방법은 암면 큐브(7.5×7.5×6.0cm)에 삼목을 실시하여 균일하고 건전한 삼목묘를 양성하여, 코코피트 배지에 20×15cm(2조식)으로 정식하여 양액재배 표준재배법에 준하여 비순환식으로 재배하였다. 수

형관리는 동화지 확보를 위하여 절곡방식으로 하였다.

조사기준은 국립종자원에서 제공한 신품종 심사를 위한 작물별 재배 및 특성조사 매뉴얼과 UPOV Test Guideline에 따랐으며 만개 시 형태적인 특성을 조사하였다. 주요조사내용은 질적형질(QL)로서 안토시아닌 색, 개화지 측지 유무, 꽃잎 표면 색의 수 등과 양적형질(QN)로서 식물체 초장, 줄기 가시의 수, 잎 크기, 잎 녹색의 정도 등과 유사질적형질(PQ)로서 식물체 성장유형, 정단부 소엽 모양, 꽃 색 그룹 등을 조사하였다.

3) 결과 및 고찰

장미 품종특성의 국가표준 데이터베이스를 구축을 위한 자료로 활용하기 위하여 국내에서 유통되고 있는 절화장미의 70품종에 대하여 UPOV Test Guideline 조사 기준에 따라 형태적 특성을 조사하였다. 조사품종의 주요특성 별 이미지는 그림 1에서 그림8과 같다. 조사품종의 주요 형태적 특성 결과 품종의 계급치 별 분포는 식물체 초장에서는 크다 17, 중간 16, 작다 13, 매우크다 2, 매우작다 1 품종이었다. 줄기가시수는 중간 20, 적다 15, 많다 5, 없거나 매우 적다 4, 매우 많다 1 품종이었다. 잎 표면의 광택은 중간 25, 약하다 18, 강하다 8, 없거나 매우 약하다 2품종이었다. 소엽가장자리의 물결모양은 중간19, 강하다 18, 약하다 15, 매우 약하다 2품종이었다. 정단부 소엽 모양은 중간 타원형 28, 좁은 타원형 13, 원형 5, 난형 3품종이었다. 꽃잎의 수는 매우 많다 21, 중간 10, 적다 10, 많다 9, 매우 적다 3품종이었다. 꽃 색그룹은 적색 14, 분홍색 13, 백색혼색 6, 황색 5, 분홍색 혼색 4, 백색계통 3, 황색혼색 2, 오렌지 혼색 2, 보라색혼색 1품종이었다. 꽃 직경은 중간 26, 크다 21, 매우크다 1, 작다 1품종임. 꽃모양은 별모양 24, 불규칙한 원형 17, 원형 8품종이었다. 꽃잎 모양은 넓은 타원형 17, 원형 11, 긴타원형 11, 역심장형 8품종이었다. 유전자 분석 결과 유전적 유사도가 80%이상인 품종들은 12그룹으로 분류되었다.



그림 1. 조사품종의 「꽃 상면」 이미지



그림 2. 조사품종의 「꽃 측면」 이미지



그림 3. 조사품종의 「꽃잎」 이미지



그림 4. 조사품종의 「꽃받침」 이미지

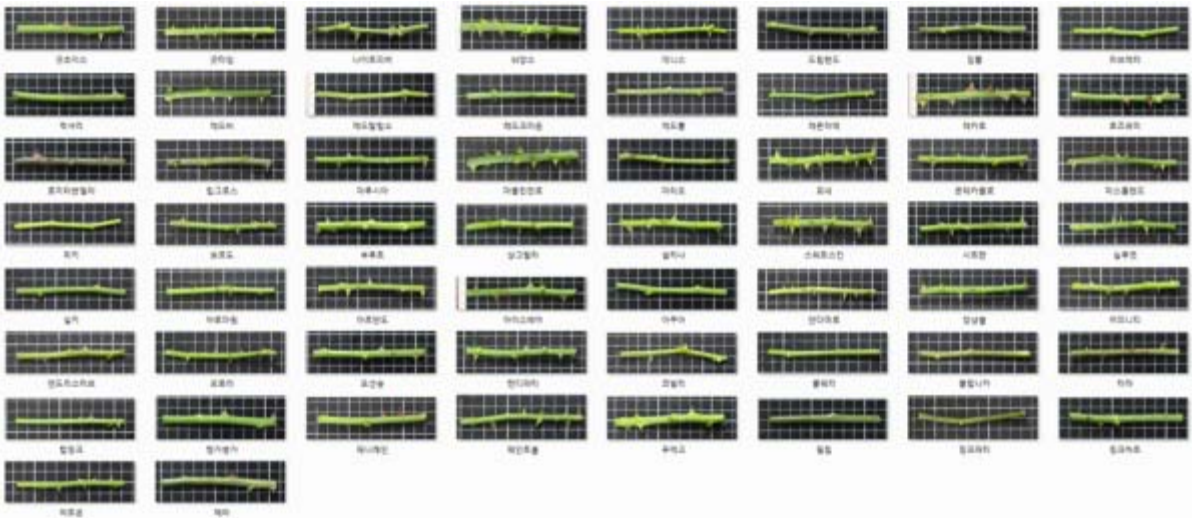


그림 5. 조사품종의 「줄기가시」 이미지

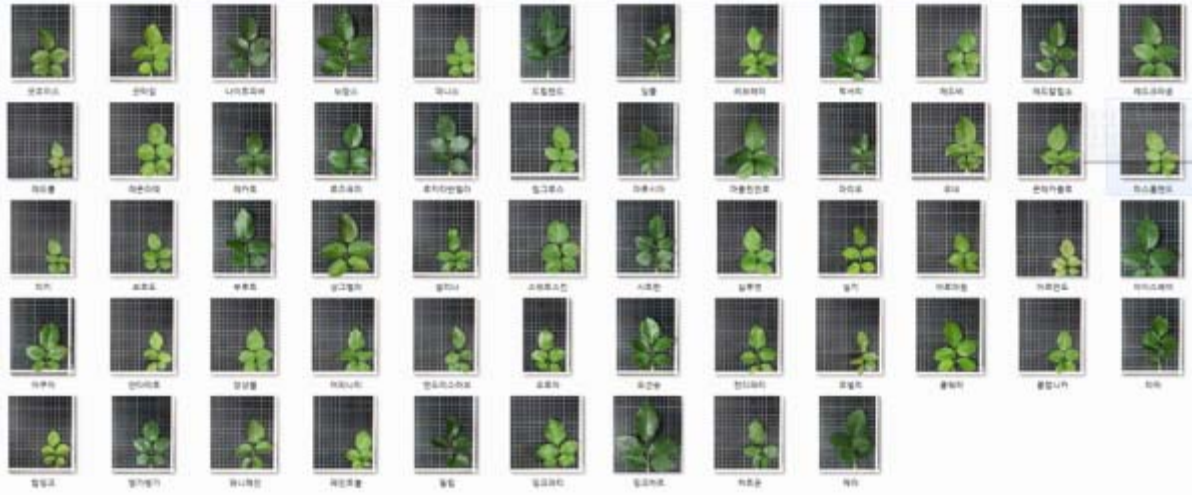


그림 6. 조사품종의 「잎 크기」 이미지



그림 7. 조사품종의 「정단부 소엽 모양」 이미지



그림 8. 조사품종의 「화기」 이미지

Table 1. Table 1. Morphological characteristics of according to UPOV test guideline of *R. hybrida* with red colored petals.

번호	특 성	푸에고		딤플		레드칼립소		나이트피버	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체:생장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	7	75.8cm	7	77.2cm	5	67.6cm	7	78.7cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	5		9		9		9	
6	줄기:가시의수	5	5개	5	5개	3	2개	5	6개
7	가시:주된색	1		3		3		3	
8	잎:크기	5	16.3*11.3	5	13.5*8.2	5	14.8*9.5	5	16*10.6
9	잎:녹색의정도(표면)	7	G139A	7	G139A	5	G136A	7	G139A
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	5		7		5		7	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	7		7		7		3	
13	정단부소엽:모양	2		3		2		2	
14	정단부소엽:기부의모양	3		4		2		2	
15	정단부소엽:정부의모양	3		1		3		3	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9	

17	개화지:측지의수		2		3		4		5
18	측지가없는품종:								
	개화지:꽃의수								
19	측지가있는품종:								
	개화지:측지당꽃의수		1		1		1		1
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양								
21	꽃:형태	3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	5	34.7매	7	41.7매	5	26.8매	5	37매
23	꽃:색그룹	10		10		10		10	
24	꽃:중심부분의색	5		5		5		5	
25	꽃:꽃잎의밀도	7		6		5		5	
26	꽃:직경	5	9.6cm	7	10.6cm	5	8.5cm	7	11.4cm
27	꽃:모양	1		2		2		2	
28	꽃:측면의윗부분모양	3		2		2		2	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	4		2		3		3	
30	꽃:향기	1		1		1		1	
31	꽃받침잎:전개정도	3		7		5		1	
32	꽃잎:한장씩개화하는 습성	1		1		1		1	
33	꽃잎:모양	2		5		3		3	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		1		3		3	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		5	
37	꽃잎:크기	5		5		3		5	
38	꽃잎:길이	5	4.3cm	3	4.3cm	3	3.8cm	3	4.9cm
39	꽃잎:너비	3	5.3cm	3	4.5cm	3	3.5cm	5	3.5cm
40	꽃잎:표면색의수	5		1		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종 :꽃잎:색강도의변화	1		1		2		2	
42	꽃잎:표면의주된색		RP53B		R45B		R45B		R46B
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의 크기	2		3		5		1	
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	4		4		4		1	
50	꽃잎:이면의주된색								
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	6		7		7		6	
52	자방:크기	2		3		5		5	
53	열매: 종단면의 모양	1		1		2		2	

번호	특 성	레드익스프레스		몬테카를로		레드폴		코넬리	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체:생장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	7	76.2cm	5	62.5cm	5	65.5cm	5	68cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	9		9		5		3	
6	줄기:가시의수	3	2.5개	5	4	1	-	3	
7	가시:주된색	4		1				1	
8	잎:크기	6	16.8*120	5	13.3*9.6	3	9.4*6.7	3	10.5*7.2
9	잎:녹색의정도(표면)	7	G139A	5	G135C	3	G138A	3	G137C
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	7		5		7		3	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	7		7		5		3	
13	정단부소엽:모양	1		2		2		1	
14	정단부소엽:기부의모양	1		3		2		3	
15	정단부소엽:정부의모양	3		2		2		2	
16	개화지:측지유무	9		1		9		9	
17	개화지:측지의수		3	1		1		1	
18	측지가없는품종:개화지:꽃의수			1					
19	측지가있는품종:개화지:측지당꽃의수		1			1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양			2		1		1	
21	꽃:형태	3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	5	33.5매	5	31매	1	19매	9	123매
23	꽃:색그룹	10		10		10		4	
24	꽃:중심부분의색	5		5		5		2	
25	꽃:꽃잎의밀도	7		5		5		7	
26	꽃:직경	7	11.5cm	7	10.5cm	5	8.0cm	3	6.2cm
27	꽃:모양	1		3		1		1	
28	꽃:측면의윗부분모양	3		1		1		1	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	2		2		2		2	
30	꽃:향기	1		1		3		2	
31	꽃받침잎:전개정도	3		5		7		3	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	2		1		1		1	
33	꽃잎:모양	1		3		5		3	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		3		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		7		3		1	
36	꽃잎:물결모양	1		3		1		1	
37	꽃잎:크기	7		5		5		3	
38	꽃잎:길이	7		3	4.5cm	3	3.8cm	1	2.2cm

39	꽃잎:너비	7		5	5.0cm	3	4.5cm	1	2.0cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1				1	
41	꽃잎표면이단색인품종: 꽃잎:색강도의변화	2		2		2		2	
42	꽃잎:표면의주된색		R46A		R46B		R45B		R44C
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크기	1		5		5		3	
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	4		1		3		4	
50	꽃잎:이면의주된색								
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	7		9		4		1	
52	자방:크기	3		5		1		1	
53	열매: 종단면의 모양	1		2		1		1	

번호	특 성	레드크라운		보르도		러브레터		레드비	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 생장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	7	72cm	5	62.5cm	3	51cm	5	66.5cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	3		5		5		3	
6	줄기:가시의수	7	8	5	4	1	-	5	6
7	가시:주된색	2		3				2	
8	잎:크기	3	12.2*10. 9	3	10.4*7. 3	3	13.2*9. 5	3	9.7*7.2
9	잎:녹색의정도(표면)	5	GN137D	3	G137B	3	GN137 A	3	YG138B
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	5		3		5		5	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	5		3		3		3	
13	정단부소엽:모양	3		1		4		2	
14	정단부소엽:기부의모양	2		3		2		2	
15	정단부소엽:정부의모양	2		2		2		3	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9	
17	개화지:측지의수	1		1		1		1	
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수								
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수	1		1		1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양	1		1		1		1	
21	꽃:형태	3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	3	22매	3	27매	3	27매	3	21매
23	꽃:색그룹	10		10		10		10	

24	꽃:중심부분의색	5		5		5		5	
25	꽃:꽃잎의밀도	5		3		5		5	
26	꽃:직경	5	9.3cm	7	10cm	5	8.5cm	5	9cm
27	꽃:모양	3		3		2		3	
28	꽃:측면의윗부분모양	1		2		2		2	
29	꽃:측면의아랫부분 모양	2		4		3		2	
30	꽃:향기	2		2		2		1	
31	꽃받침잎:전개정도	5		3		3		5	
32	꽃잎:한장씩개화하는습 성	1		1		1		1	
33	꽃잎:모양	2		2		1		5	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		5		3		7	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		1	
37	꽃잎:크기	7		3		5		5	
38	꽃잎:길이	5	5.6cm	3	4.0cm	3	3.5cm	3	4.3cm
39	꽃잎:너비	5	6.2cm	3	4.0cm	3	3.0cm	3	4.3cm
40	꽃잎:표면색의수	1		3		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종: 꽃잎:색강도의변화	2		2		2		2	
42	꽃잎:표면의주된색		R45B		R53A		R45A		R53B
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크 기	3		3		3		3	
49	꽃잎:표면 기부반점의 색	1		1		1		3	
50	꽃잎:이면의주된색								
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	7		7		7		7	
52	자방:크기	5		1		5		1	
53	열매: 종단면의 모양	2		1		2		2	

번호	특 성	셀리나		앤드리슬러브		클립니카		하트온	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 생장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	5	69cm	3	60cm	3	57.5cm	3	57.5cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		1	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	1		3		5			
6	줄기:가시의수	5	6	3	3	1	-	5	5
7	가시:주된색	2		3					
8	잎:크기	3	12.0*10	3	11.6*7.0	3	10.6*8.8	3	12*8.3
9	잎:녹색의정도(표면)	3	G137A	5	G137C	3	G137A	5	G137B
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	7		5		3		5	

12	소엽: 가장자리의 물결모양	3		7		7		7	
13	정단부소엽:모양	1		2		1		2	
14	정단부소엽:기부의모양	2		2		2		3	
15	정단부소엽:정부의모양	2		2		2		1	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9	
17	개화지:측지의수	1		1		1		1	
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수								
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수	1		1		1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양	1		1		1		1	
21	꽃:형태	3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	1	17매	1	26매	7	46매	7	42매
23	꽃:색그룹	10		10		10		5	
24	꽃:중심부분의색	5		5		5		4	
25	꽃:꽃잎의밀도	5		3		5		5	
26	꽃:직경	5	8cm	5	8.5cm	5	9cm	5	8.5cm
27	꽃:모양	2		3		3		3	
28	꽃:측면의윗부분모양	2		1		3		1	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	3		3		4		2	
30	꽃:향기	2		2		1		1	
31	꽃받침잎:전개정도	3		3		5		3	
32	꽃잎:한장씩개화하는습 성	1		1		1		1	
33	꽃잎:모양	5		3		5		3	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	5		5		5		5	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		1	
37	꽃잎:크기	5		5		5		3	
38	꽃잎:길이	3	3.7cm	3	4.2cm	3	4.5cm	3	3.8cm
39	꽃잎:너비	3	3.6cm	3	4cm	3	4.8cm	1	2.2cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종: 꽃잎:색강도의변화	2		2		2			
42	꽃잎:표면의주된색		R45C		R43A		R46B		RP69D
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크 기	3		1		3		3	
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	3		1		1		4	
50	꽃잎:이면의주된색								
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	7		7		1		4	
52	자방:크기	1		3		5		1	
53	열매: 종단면의 모양	2		2		2		1	

Table 2. Morphological characteristics of according to UPOV test guideline of *R. hybrida* with yellow and orange colored petals.

번호	특 성	레카토		마리오		타라		시트란	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 성장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	5	69cm	7	76.8cm	7	77.6cm	9	81.2cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	6		9		5		7	
6	줄기:가시의수	5	6개	7	6.5개	5	4개	5	6개
7	가시:주된색	3		3		3		3	
8	잎:크기	3	10.5*8.6	3	10.2*6.4	5	14.2*8.5	5	14.5*10.6
9	잎:녹색의정도(표면)	5	G136A	7	G139A	7	G137A	7	G139A
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	5		5		3		5	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	5		5		5		7	
13	정단부소엽:모양	2		1		4		2	
14	정단부소엽:기부의모양	3		3		3		3	
15	정단부소엽:정부의모양	3		3		4		2	
16	개화지:측지유무	9		9		1		9	
17	개화지:측지의수	6		3				4	
18	측지가없는품종:								
	개화지:꽃의수								
19	측지가있는품종:								
	개화지:측지당꽃의수	1		1		1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양								
21	꽃:형태	3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	5	31.3매	7	42.3매	7	42매	9	49.5매
23	꽃:색그룹	7		7		4		4	
24	꽃:중심부분의색	3		3		2		2	
25	꽃:꽃잎의밀도	6		7		5		5	
26	꽃:직경	7	10.2cm	5	9.5cm	5	9cm	7	10.5cm
27	꽃:모양	2		3		2		3	
28	꽃:측면의윗부분모양	2		2		2		2	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	4		3		3		3	
30	꽃:향기	2		2		2		3	
31	꽃받침잎:전개정도	9		3		5		1	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	1		1		1		1	
33	꽃잎:모양	1		5		2		5	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		5		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	1		3		3		3	
36	꽃잎:물결모양	3		1		1		1	
37	꽃잎:크기	5		5		5		5	

38	꽃잎:길이	3	4.6cm	3	4.2cm	3	4.0cm	5	4.5cm
39	꽃잎:너비	3	3.5cm	3	4.3cm	3	4.6cm	5	4.5cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종: 꽃잎:색강도의변화	2		1		3		3	
42	꽃잎:표면의주된색		ORN30A		Y021AB		Y13B		Y9B
43	꽃잎표면이2색이상인품 종:꽃잎:2차색				R39C				
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크 기	5		7		3		3	
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	5		5		4		4	
50	꽃잎:이면의주된색		YO20B						
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	4		4		4		4	
52	자방:크기	1		1		1		1	
53	열매: 종단면의 모양			1					

번호	특 성	어피니티		레몬라떼		패니레인	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 생장습성	1		1		1	
3	식물체:초장	7	77.4cm	5	62.8cm	3	58.5cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	5		5		3	
6	줄기:가시의수	7	6개	3	2개	3	3개
7	가시:주된색	2		2		3	
8	잎:크기	3	11.3*9	3	13.5*8.7	3	12.4*9.0
9	잎:녹색의정도(표면)	3	G139A	5	G137C	5	G137A
10	잎:안토시아닌색	1		1		1	
11	잎:표면의광택	5		3		7	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	7		3		3	
13	정단부소엽:모양	4		2		2	
14	정단부소엽:기부의모양	3		2		2	
15	정단부소엽:정부의모양	2		3		3	
16	개화지:측지유무	9		9		9	
17	개화지:측지의수	4		1		1	
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수						
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수	1		1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양			1		1	
21	꽃:형태	3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	9	51매	9	55매	3	24매
23	꽃:색그룹	4		4		4	
24	꽃:중심부분의색	2		2		2	
25	꽃:꽃잎의밀도	5		5		1	
26	꽃:직경	5	9.5cm	5	9.5cm	7	11cm

27	꽃:모양	3		3		1	
28	꽃:측면의윗부분모양	2		1		2	
29	꽃:측면의아랫부분모양	3		2		2	
30	꽃:향기	1		2		1	
31	꽃받침잎:전개정도	5		3		3	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	1		1		1	
33	꽃잎:모양	2		3		5	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	1		3		3	
36	꽃잎:물결모양	1		1		5	
37	꽃잎:크기	3		5		7	
38	꽃잎:길이	3	3.5cm	5	5.3cm	5	5.2cm
39	꽃잎:너비	3	4.3cm	3	4.0cm	5	5.0cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종:꽃잎:색강도의변화	2		2		2	
42	꽃잎:표면의주된색		Y4B		Y13B		Y13A
43	꽃잎표면이2색이상인품종:꽃잎:2차색						
47	꽃잎:표면의기부반점	9		1		1	
48	꽃잎:표면기부반점의크기	1					
49	꽃잎:표면기부반점의색	3					
50	꽃잎:이면의주된색						
51	바깥쪽수술:수술대의주요색	3		4		4	
52	자방:크기	1		5		5	
53	열매:종단면의모양			1		1	

Table 3. Morphological characteristics of according to UPOV test guideline of *R. hybrida* with pink colored petals.

번호	특성	아쿠아		럭셔리		드림랜드		부루트	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체:생장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	5	65.6cm	7	76.2cm	5	67.2cm	7	75.6cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9	
5	신초:안토시아닌 색의강도	2		1		9		9	
6	줄기:가시의수	1	0개	3	1개	3	2개	5	4개
7	가시:주된색			3		3		2	
8	잎:크기	3	11.7*10	5	12.5*11.2	7	9.8*12.5	7	17.3*11
9	잎:녹색의정도(표면)	5	G135A	7	G139A	7	G139A	5	G139A
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	5		5		7		5	
12	소엽:가장자리의물결모양	3		3		7		5	

13	정단부소엽:모양	2		2		1		2	
14	정단부소엽:기부의모양	2		4		3		3	
15	정단부소엽:정부의모양	3		2		1		2	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9	
17	개화지:측지의수		2		5		4		6
18	측지가없는품종:								
	개화지:꽃의수								
19	측지가있는품종:								
	개화지:측지당꽃의수		1		1		1		1
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양								
21	꽃:형태	3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	9	56매	9	59매	9	65매	9	51매
23	꽃:색그룹	8		8		9		8	
24	꽃:중심부분의색	4		4		4		4	
25	꽃:꽃잎의밀도	7		7		7		5	
26	꽃:직경	5	8.5cm	7	10cm	7	12cm	7	9.2cm
27	꽃:모양	2		3		2		2	
28	꽃:측면의윗부분모양	3		3		2		2	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	3		4		3		3	
30	꽃:향기	2		2		1		1	
31	꽃받침잎:전개정도	3		5		3		3	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	1		9		9		9	
33	꽃잎:모양	2		2		5		2	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		3		1		3	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		1	
37	꽃잎:크기	5		5		5		5	
38	꽃잎:길이	3	4.2cm	5	5.2cm	5	8.7cm	3	4.2cm
39	꽃잎:너비	5	5.0cm	5	5.4cm	5	4.8cm	5	5.0cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		2		1	
41	꽃잎표면이단색인품종:꽃 잎:색강도의변화	2		2				2	
42	꽃잎:표면의주된색		RP73B		RP69A		WNN155A		R36C
43	꽃잎표면이2색이상인품종: 꽃잎:2차색						RP70D		
45	꽃잎표면이2색이상인품종: 꽃잎:					3			
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		1		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크기	5		7				3	
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	1		5				3	
50	꽃잎:이면의주된색		RP68C				RP69A		
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	3		4		1		4	
52	자방:크기	3		1		1		3	
53	열매: 종단면의 모양	1		1					

번호	특 성	비너스베리		립그로스		탑핑크		안다미로		스위트스킨	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체:생장습성	1		1		1		1		1	
3	식물체:초장	5	65.5cm	3	56cm	3	59cm	3	54.5cm	3	59.5cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	9		3		5		5		3	
6	줄기:가시의수	3	2.5개	5	7개	3	2개	7	8개	9	14개
7	가시:주된색	3		3		2		2		3	
8	잎:크기	5	15.5*11.0	3	10.3*7.2	3	9.5*7.3	3	10.5*7	3	12*8.4
9	잎:녹색의정도(표면)	7	G137A	3	G137A	3	GN137D	3	G137B	5	GN137C
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	3		3		3		3		5	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	5		3		3		3		5	
13	정단부소엽:모양	2		1		2		2		4	
14	정단부소엽:기부의모양	3		2		3		3		2	
15	정단부소엽:정부의모양	3		2		3		2		3	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9		9	
17	개화지:측지의수		4	1		1		1		1	
18	측지가없는품종:										
	개화지:꽃의수										
19	측지가있는품종:			1		1		1		1	
	개화지:측지당꽃의수		1								
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양			1		1		1		1	
21	꽃:형태	3		3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	7	43.6매	3	23매	3	24매	9	54매	7	41매
23	꽃:색그룹	8		8		8		8		8	
24	꽃:중심부분의색	4		4		4		4		4	
25	꽃:꽃잎의밀도	5		3		3		5		5	
26	꽃:직경	7	10.2cm	7	11.3cm	5	9cm	5	8.5cm	5	8cm
27	꽃:모양	2		3		3		3		2	
28	꽃:측면의윗부분모양	3		3		2		1		1	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	3		3		3		3		4	
30	꽃:향기	1		1		1		3		2	
31	꽃받침잎:전개정도	3		3		3		3		3	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	9		9		1		1		1	
33	꽃잎:모양	5		1		1		1		1	
34	꽃잎:톱니모양	1		1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		5		3		3		3	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		1		1	
37	꽃잎:크기	5		5		3		3		5	

38	꽃잎:길이	5	5.3cm	5	5.5cm	3	3.8cm	3	4.2cm	3	4.3cm
39	꽃잎:너비	6	6.0cm	3	5cm	3	3.8cm	3	3.8cm	3	3.8cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		1		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종:꽃 잎:색강도의변화	2		2		3		2		2	
42	꽃잎:표면의주된색		RP69C		RP69B		R54D		RPN66 A		R49A
43	꽃잎표면이2색이상인품종 :꽃잎:2차색										
45	꽃잎표면이2색이상인품종 :꽃잎:										
47	꽃잎:표면의기부반점		1	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크기			5		7		3		7	
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색			4		1		4		3	
50	꽃잎:이면의주된색										
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	1		3		1		4		7	
52	자방:크기	1		5		3		3		7	
53	열매: 종단면의 모양	1		2		2		2		1	

번호	특 성	탱가벵가		이구아나		뉘앙스		로지타벤델라	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 생장습성	1		1		1		1	
3	식물체:초장	7	71.8cm	7	75.6cm	7	76cm	9	85.5cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	5		7		9		3	
6	줄기:가시의수	3	2개	5	4.5개	7	9개	5	7개
7	가시:주된색	3		3		3		5	
8	잎:크기	3	12*9.7	5	14.7*11. 2	7	17.2*13. 5	5	15.7*11. 2
9	잎:녹색의정도(표면)	5	G136A	7	G139A	7	G139A	7	G139A
10	잎:안토시아닌색	1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	5		7		5		5	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	5		7		5		5	
13	정단부소엽:모양	2		2		1		1	
14	정단부소엽:기부의모양	2		4		2		2	
15	정단부소엽:정부의모양	4		2		1		1	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9	
17	개화지:측지의수	4		3		3		4	
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수								
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수	1		1		1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양								
21	꽃:형태	3		3		3		3	

22	꽃:꽃잎의수	7	46.3매	7	42매	5	31.3매	5	31.3매
23	꽃:색그룹	8		8		9		9	
24	꽃:중심부분의색	4		4		4		4	
25	꽃:꽃잎의밀도	7		6		3		7	
26	꽃:직경	7	10.3cm	7	11cm	7	10.5cm	5	9.6cm
27	꽃:모양	2		2		3		2	
28	꽃:측면의윗부분모양	2		3		3		3	
29	꽃:측면의아랫부분 모양	4		4		4		3	
30	꽃:향기	1		2		2		2	
31	꽃받침잎:전개정도	1		5		3		5	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	1		1		9		9	
33	꽃잎:모양	2		2		4		2	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		3		1		1	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		3	
37	꽃잎:크기	5		5		5		5	
38	꽃잎:길이	5	4.2cm	5	5.9cm	5	5.2cm	3	4.5cm
39	꽃잎:너비	7	4.8cm	7	7.3cm	3	4.2cm	3	4.8cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		2		2	
41	꽃잎표면이단색인품종: 꽃잎:색강도의변화	2		2		2		3	
42	꽃잎:표면의주된색		RPN66A		RPN66B		RPN73B		RPN66C
43	꽃잎표면이2색이상인품종: 꽃잎:2차색						RPN57B (마지막 바깥꽃 잎)		RP65D (정부)
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9	
48	꽃잎:표면기부반점의크기	3		7		5		7	
49	꽃잎:표면기부반점의 색	3		5		1		1	
50	꽃잎:이면의주된색								
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	6		4		1		1	
52	자방:크기	3		1		5		1	
53	열매: 종단면의 모양	1		1		2			

번호	특 성	헤라		캔디파티		오션송		필립		핑크하트	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 생장습성	1		1		1		1		1	
3	식물체:초장	7	74cm	3	56.8cm	7	71.8cm	7	76.9cm	5	68.6cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	5		1		7		7		5	
6	줄기:가시의수	3	2	7	10개	5	4개	1	-	5	4개
7	가시:주된색	4		1		3					

										3	
8	앞:크기	5	16.2*1 2	3	12*9	5	13.5*11	5	14*10. 3	7	18*16
9	앞:녹색의정도(표면)	7	G139A	3	G137 C	5	G139A	7	G139A	7	G139A
10	앞:안토시아닌색	1		1		1		1		1	
11	앞:표면의광택	5		3		5		5		3	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	7		7		9		9		7	
13	정단부소엽:모양	2		2		2		2		1	
14	정단부소엽:기부의모양	2		2		1		2		2	
15	정단부소엽:정부의모양	3		2		3		2		2	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9		9	
17	개화지:측지의수	2		1			5		6		3
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수										
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수	1		1			1		1		1
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양			1							
21	꽃:형태	3		3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	9	103매	3	23매	5	38.7매	5	31.6매	9	53.5매
23	꽃:색그룹	8		8		14		9		8	
24	꽃:중심부분의색	4		4			보라색	4		4	
25	꽃:꽃잎의밀도	7		5		7		5		7	
26	꽃:직경	7	10.6cm	5	7.3cm	7	10cm	7	9.6cm	9	14.0cm
27	꽃:모양	3		1		2		2		1	
28	꽃:측면의윗부분모양	1		1		3		1		1	
29	꽃:측면의아랫부분 모양	4		3		4		2		2	
30	꽃:향기	2		1		2		2		2	
31	꽃반침잎:전개정도	1		5		3		7		1	
32	꽃잎:한장씩개화하는습 성	1		1		1		1		1	
33	꽃잎:모양	2		5		2		1		1	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		3		3		1		1	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		3		1	
37	꽃잎:크기	5		3		5		5		7	
38	꽃잎:길이	5	5.0cm	3	3.3cm	5	4.0cm	5	5.0cm	7	6.0cm
39	꽃잎:너비	5	6.5cm	3	3.8cm	5	4.3cm	5	4.8cm	5	5.0cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		1		2			
41	꽃잎표면이단색인품종: 꽃잎:색강도의변화	3		2		2					
42	꽃잎:표면의주된색		RP73C		RP66 A		V84C		RP65C		RP65C
43	꽃잎표면이2색이상인품 종:꽃잎:2차색								RPN66 A		
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		1			1	1	
48	꽃잎:표면기부반점의크 기	1		3							

49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	3	1	5		1	1
50	꽃잎:이면의주된색				YO20B		
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	1	6	1		1	1
52	자방:크기	1	1	5		5	7
53	열매: 종단면의 모양		1	1		1	2

Table 4. Morphological characteristics of according to UPOV test guideline of *R. hybrida* with white colored petals.

번호	특 성	로즈유미		마루시아		아이스베어	
		계급	실측치	계급	실측치	계급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 성장습성	1		1		1	
3	식물체:초장	5	68cm	7	79.7cm	9	82.2cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	1		1		1	
6	줄기:가시의수	5	6개	5	5개	5	5개
7	가시:주된색	4		3		3	
8	잎:크기	5	13.4*10.6	5	13.6*11.3	7	11.5*15
9	잎:녹색의정도(표면)	5	G136A	5	G136A	7	G139A
10	잎:안토시아닌색	1		1		1	
11	잎:표면의광택	3		3		5	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	5		7		7	
13	정단부소엽:모양	2		3		1	
14	정단부소엽:기부의모양	3		2		3	
15	정단부소엽:정부의모양	3		3		1	
16	개화지:측지유무	9		9		9	
17	개화지:측지의수		3		4		2
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수						
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수		1		1		1
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양						
21	꽃:형태	3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	5	38매	9	58.4매	9	54.5매
23	꽃:색그룹	1		1		1	
24	꽃:중심부분의색		백색		백색		백색
25	꽃:꽃잎의밀도	5		5		7	
26	꽃:직경	5	7.8cm	7	12.0cm	7	11.4cm
27	꽃:모양	3		3		3	
28	꽃:측면의위부분모양	2		3		3	
29	꽃: 측면의 아랫부분 모양	3		2		3	
30	꽃:향기	1		1		1	
31	꽃받침잎:전개정도	3		1		1	
32	꽃잎:한장씩개화하는습성	1		1		1	

33	꽃잎:모양	2		2		2	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		3		1	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1	
37	꽃잎:크기	5		7		7	
38	꽃잎:길이	3	3.8cm	7	5.5cm	5	5.8cm
39	꽃잎:너비	5	4.7cm	7	5.7cm	7	7.2cm
40	꽃잎:표면색의수	1		1		1	
41	꽃잎표면이단색인품종:꽃 잎:색강도의변화	2		2		2	
42	꽃잎:표면의주된색		W155A		W155A		W155C
43	꽃잎표면이2색이상인품종: 꽃잎:2차색						
44	꽃잎표면이3색이상인품종: 꽃잎:3차색						
45	꽃잎표면이2색이상인품종: 꽃잎:						
46	꽃잎표면이3색이상인품종: 꽃잎:						
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		1	
48	꽃잎:표면기부반점의크기	1		1			
49	꽃잎: 표면 기부반점의 색	3		3			
50	꽃잎:이면의주된색						
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	1		1		1	
52	자방:크기	3		3		5	
53	열매: 종단면의 모양	2		2		1	

Table 5. Morphological characteristics of according to UPOV test guideline of *R. hybrida* with bicolored petals.

번호	특 성	긋초이스		실루엣		포비		양상블		페인트블	
		계 급	실측치	계 급	실측치	계 급	실측치	계 급	실측치	계 급	실측치
1	식물체:생장유형	4		4		4		4		4	
2	덩굴성 제외: 식물체: 생장습성	1		1		1		1		1	
3	식물체:초장	3	58.3cm	5	64cm	3	58cm	1	49.5cm	3	59cm
4	신초:안토시아닌색	9		9		1		1		9	
5	신초: 안토시아닌 색의 강도	5		5						3	
6	줄기:가시의수	3	3개	5	7개	3	3개	5	6개	5	5개
7	가시:주된색	3		1		2		2		3	
8	잎:크기	5	13*9.5	3	11.7*8 .5	3	13.2*12 .6	3	11.1*9. 1	3	14.9*9 .9
9	잎:녹색의정도(표면)	3	GN137 A	3	G137B	7	G137A	3	G137A	3	G137 A
10	잎:안토시아닌색	9		1		1		1		1	
11	잎:표면의광택	3		5		5		1		1	
12	소엽: 가장자리의 물결모양	5		3		3		5		7	
13	정단부소엽:모양	2		4		2		2		2	
14	정단부소엽:기부의모	2		4		3		2		3	

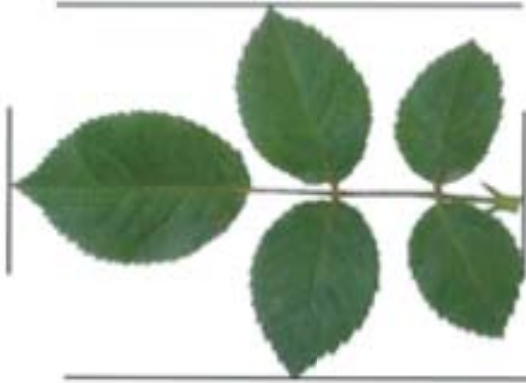
	양										
15	정단부소엽:정부의모양	2		3		3		3		3	
16	개화지:측지유무	9		9		9		9		9	
17	개화지:측지의수	1		1		1		1		1	
18	측지가없는품종: 개화지:꽃의수										
19	측지가있는품종: 개화지:측지당꽃의수	1		1		1		1		1	
20	꽃눈: 세로로 자른 면의 모양	1		1		1		1		1	
21	꽃:형태	3		3		3		3		3	
22	꽃:꽃잎의수	7	46매	3	21매	7	42매	3	21매	7	48매
23	꽃:색그룹	2		2		5		2		5	
24	꽃:중심부분의색	4		4		2		4		3	
25	꽃:꽃잎의밀도	3		3		5		3		5	
26	꽃:직경	5	8.7cm	5	9cm	7	9.8cm	5	8.1cm	5	9.3cm
27	꽃:모양	3		3		1		2		3	
28	꽃:측면의윗부분모양	1		1		2		3		2	
29	꽃:측면의아랫부분 모양	2		2		3		2		2	
30	꽃:향기	2		2		2		2		3	
31	꽃받침잎:전개정도	5		5		3		5		5	
32	꽃잎:한장씩개화하는 습성	9		1		1		1		1	
33	꽃잎:모양	3		1		5		2		1	
34	꽃잎:툽니모양	1		1		1		1		1	
35	꽃잎:가장자리의말림	3		3		3		3		3	
36	꽃잎:물결모양	1		1		1		1		1	
37	꽃잎:크기	3		5		5		3		5	
38	꽃잎:길이	3	3.6cm	5	4.3cm	5	5.cm	5	4.8cm	5	4.9cm
39	꽃잎:너비	3	3.5cm	5	4.0cm	5	5.7cm	3	3.8cm	3	4.6cm
40	꽃잎:표면색의수	2		2		2		2		2	
41	꽃잎표면이단색인품 종:꽃잎:색강도의변화	2									
42	꽃잎:표면의주된색		R44C		RP69 D		Y4D		RP69C		YO14 B
43	꽃잎표면이2색이상인 품종:꽃잎:2차색				RP68 A		R54C		R55A		RPN5 7B
44	꽃잎표면이3색이상인 품종:꽃잎:3차색										
45	꽃잎표면이2색이상인 품종:꽃잎:			3		3		3		3	
46	꽃잎표면이3색이상인 품종:꽃잎:										
47	꽃잎:표면의기부반점	9		9		9		9		1	
48	꽃잎:표면기부반점의 크기	3		3		3		5			
49	꽃잎:표면 기부반점의 색	4		4		3		3			
50	꽃잎:이면의주된색										
51	바깥쪽 수술: 수술대의 주요색	1		1		4		3			
52	자방:크기	1		3		5		3		3	
53	열매: 종단면의 모양	1		2		2		1		1	

○ 형태적 특성 조사기준 설정

- 줄기 가시의 수

번호	특 성	표현형태	계급	조사기준
6 QN	줄기: 가시의 수 (털과 유사하거나 매우 작은 가시 제외)	없거나 매우 적다	1	0개 1~3개 4~7개 8~10개 11개~
		적다	3	
		중간	5	
		많다	7	
		매우 많다	9	
<p>○ 조사시기</p> <p>- 만개한 꽃의 가지에서 조사</p> <p>○ 조사방법</p> <p>- 개화기 줄기 중간 부분의 가시 수를 1(매우 적다)에서 9(매우 많다)로 결정</p>				
				
<p>적다 중간 많다</p>				

- 잎 크기

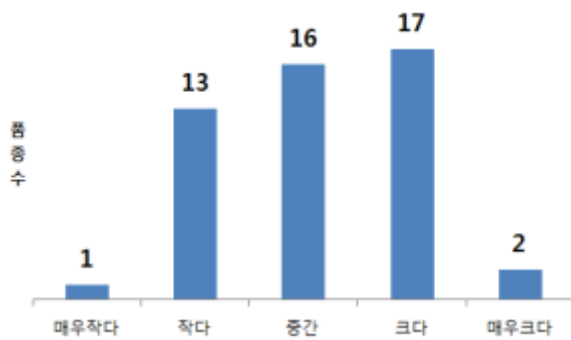
번호	특 성	표현형태	계급	조사기준
8 QN	잎: 크기	작다	3	12cm*8cm 15cm*10cm 10cm*12cm
		중간	5	
		크다	7	
<p>○ 조사시기</p> <p>- 만개한 꽃의 가지에서 조사</p> <p>○ 조사방법</p> <p>- 개화기 줄기 중간부분의 잘 발달된 5~7매 잎의 길이와 너비를 자로 측정</p>				
				

- 꽃잎의 수

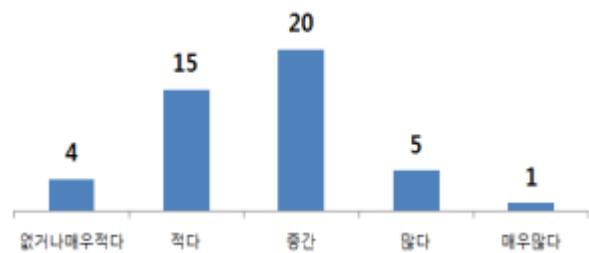
번호	특 성	표현형태	계급	조사기준
22	꽃: 꽃잎의 수 QN	매우 적다	1	10매~
(*)		적다	3	20매~
		중간	5	30매~
		많다	7	40매~
		매우 많다	9	50매이상
<p>○ 조사시기 - 개약 전 완전히 개화되었을 때 조사한다.</p> <p>○ 조사방법 - 1cm 이상의 완전히 모양을 갖춘 꽃잎 수 조사</p>				

- 꽃의 직경

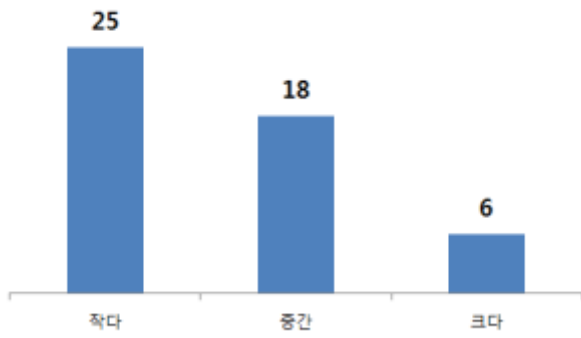
번호	특 성	표현형태	계급	조사기준
26	꽃: 직경 QN	매우 작다	1	4cm이하
(*)		작다	3	5~6cm
		중간	5	7~9cm
		크다	7	10~12cm
		매우 크다	9	13cm이상
<p>○ 조사시기 - 개약 전 완전히 개화되었을 때 조사한다.</p> <p>○ 조사방법 - 최대직경을 자로 측정한다</p>				
				



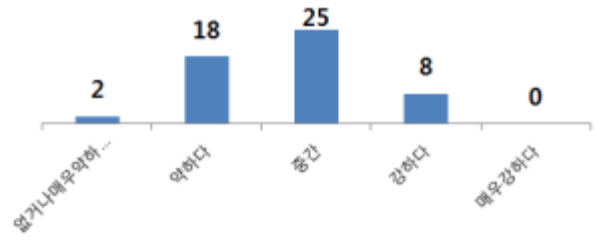
【식물체 초장】



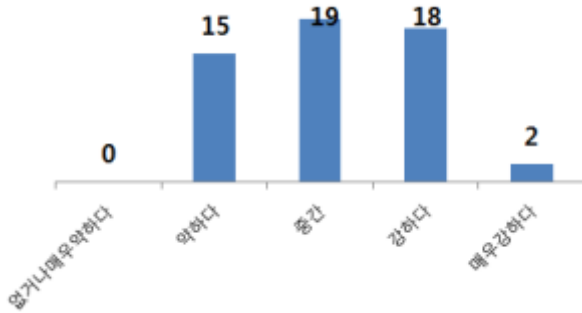
【줄기 가시의 수】



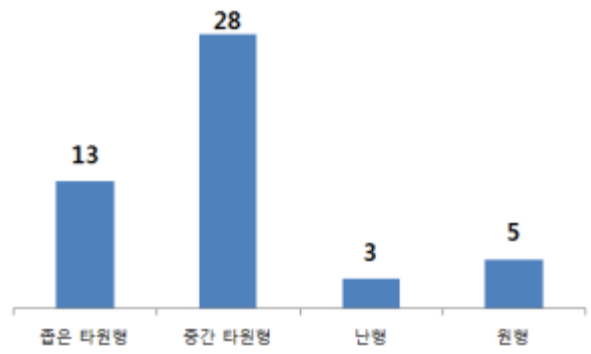
【잎 크기】



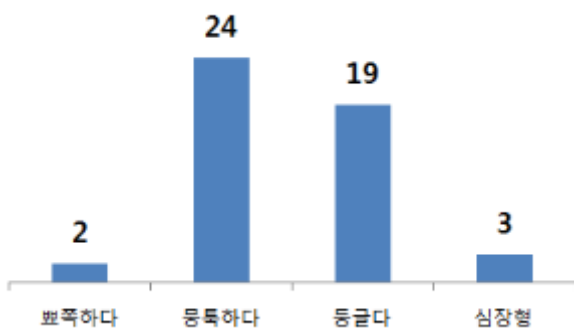
【잎 표면의 광택】



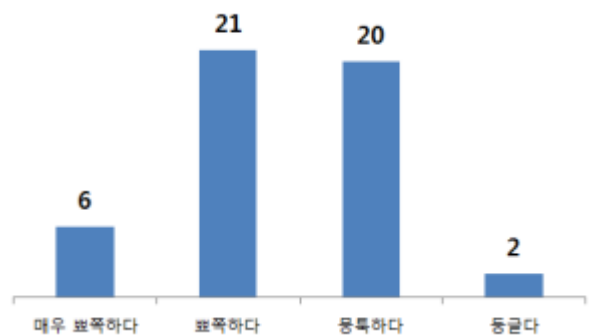
【소엽 가장자리의 물결모양】



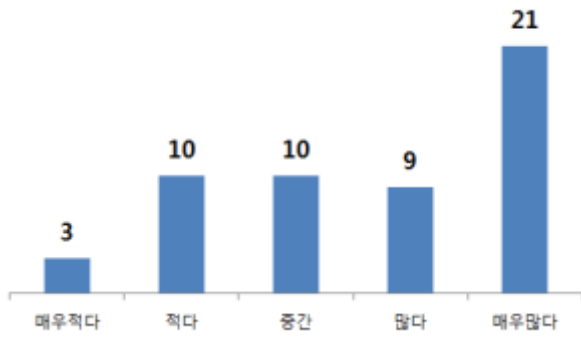
【정단부 소엽 모양】



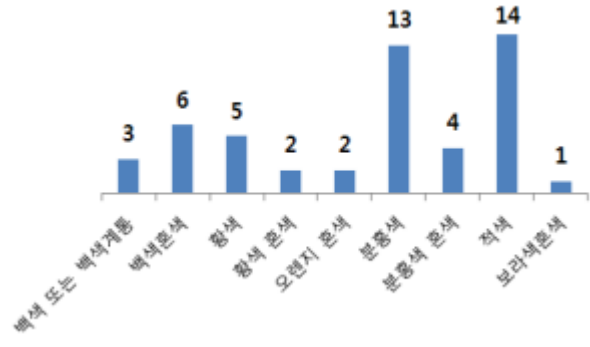
【정단부 소엽 기부 모양】



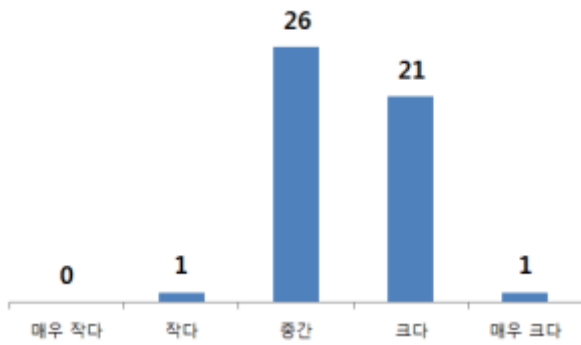
【정단부 소엽 정부의 모양】



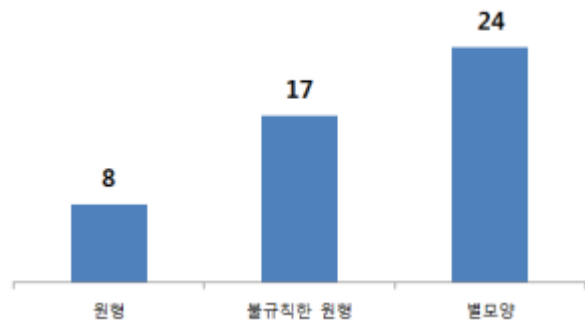
【꽃잎의 수】



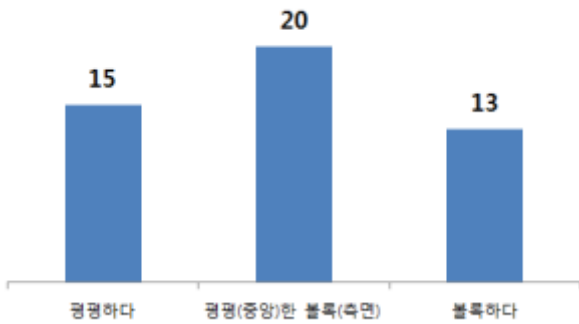
【꽃 색그룹】



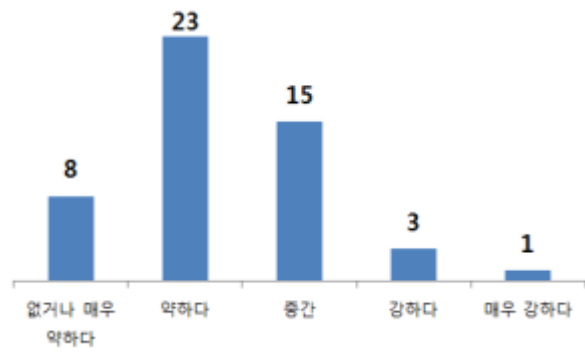
【꽃 직경】



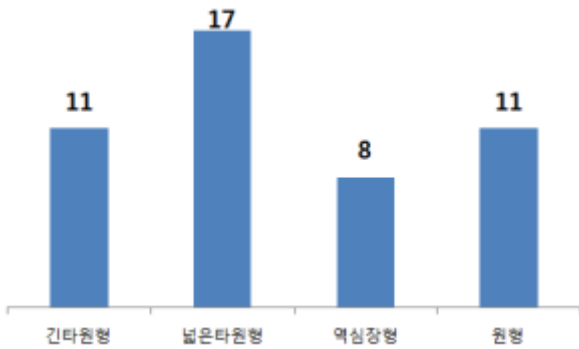
【꽃 모양】



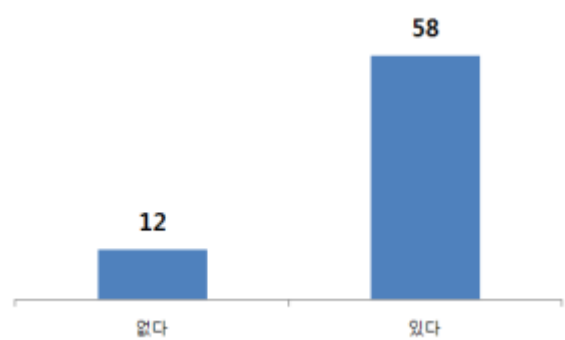
【꽃 측면의 윗부분 모양】



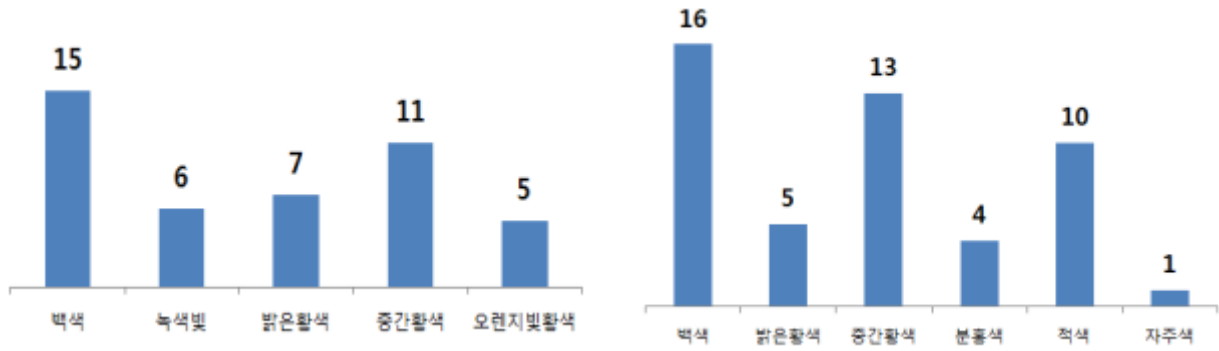
【꽃받침 전개정도】



【꽃잎 모양】



【꽃잎 기부의 반점】



【꽃잎표면 기부의 반점 색】

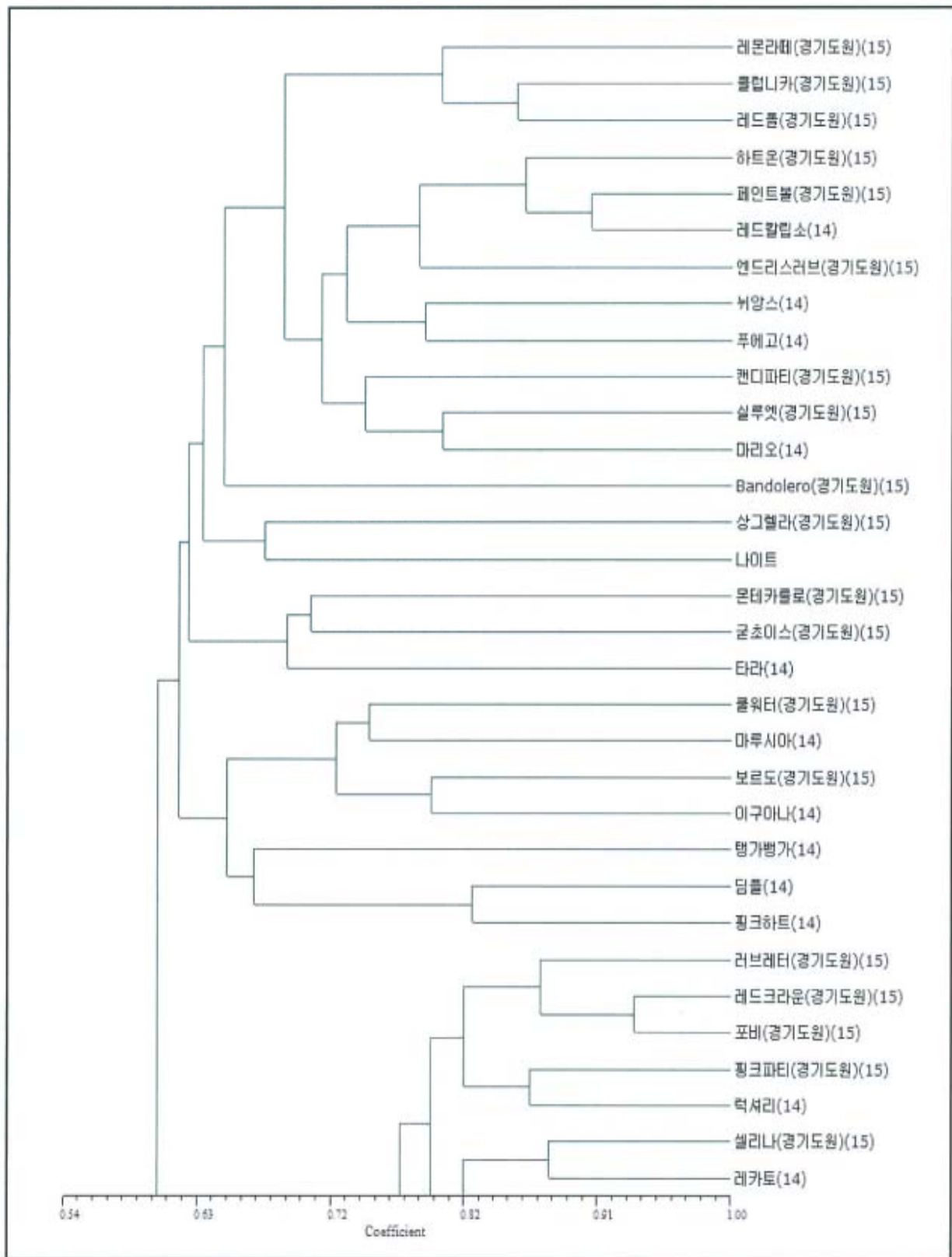
【바깥쪽 수술대의 주요색】

그림 9. 형태적 품종특성 조사 결과 품종의 분포도

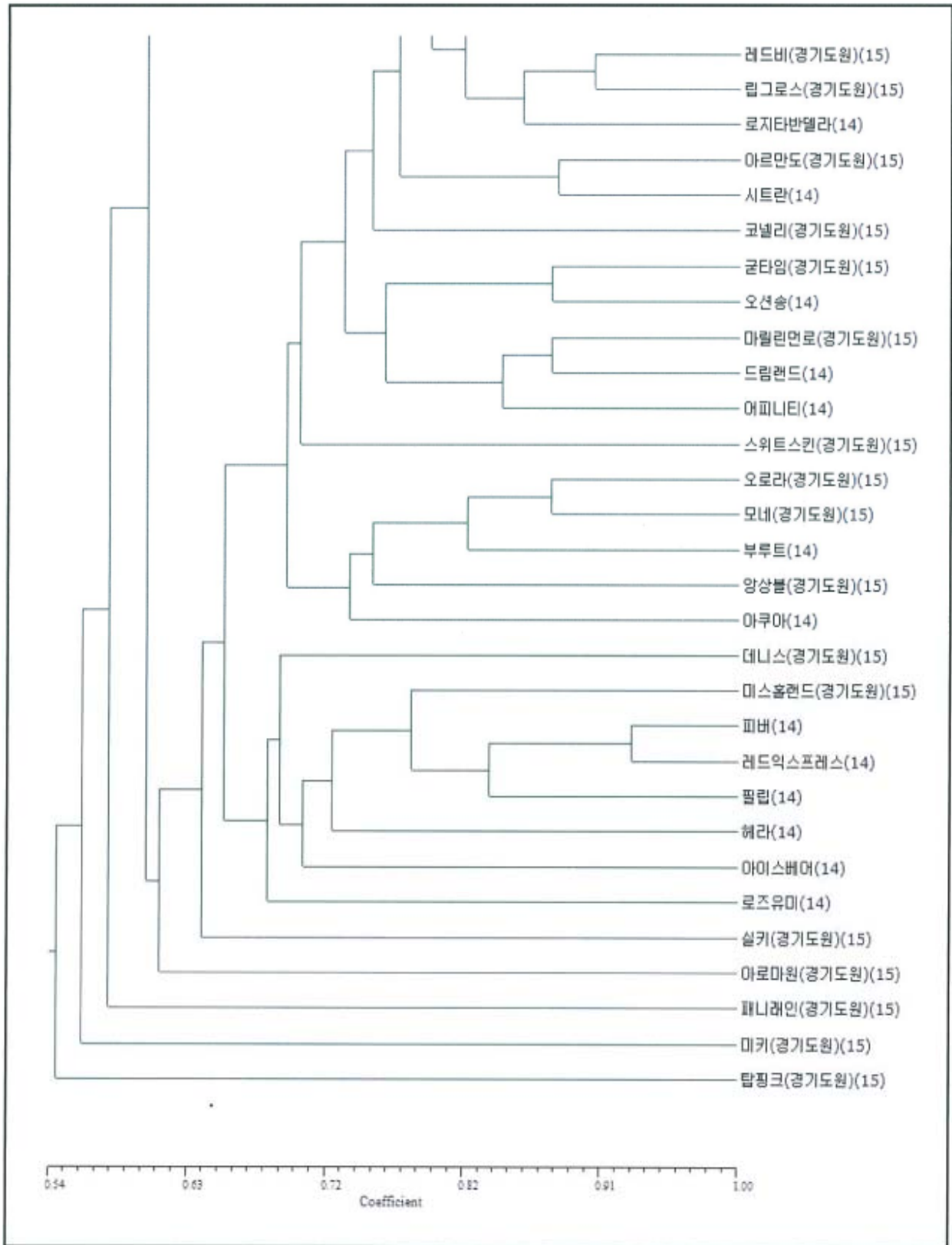
○ 유전자 분석 결과 (수행기관 : 국립종자원)

- 활용된 분지표지 : ‘Ro 19’ 등 16개, 전기영동 : 자동염기서열 분석장치(Genetic Analyzer 3730XL)
- 유전적 유사성 분석 프로그램 : NTSYS-pc 2.21m
- 품종 간 유전적 유사도

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
1	클럽니카	15년(2차)	85%
2	레드풀	15년(2차)	
3	페인트볼	15년(2차)	90%
4	레드칼립소	14년(1차)	
5	하트온	15년(2차)	86
6	실루엣	15년(2차)	80
7	마리오	14년(1차)	
8	보르도	15년(2차)	80
9	이구아나	14년(1차)	
10	덤플	14년(1차)	82
11	핑크하트	14년(1차)	
12	레드크라운	15년(2차)	93
13	포비	15년(2차)	
14	러브레터	15년(2차)	87
15	핑크파티	15년(2차)	86
16	럭서리	14년(1차)	
17	셀리나	15년(2차)	88
18	레가토	14년(1차)	
19	레드비	15년(2차)	90
20	립그로스	15년(2차)	
21	로지타반델라	14년(1차)	86
22	아르만도	15년(2차)	88
23	시트란	14년(1차)	
24	굳타임	15년(2차)	88
25	오션송	14년(1차)	
26	마릴린먼로	15년(2차)	88
27	드림랜드	14년(1차)	
28	어퍼니티	14년(1차)	84
29	오로라	15년(2차)	88
30	모네	15년(2차)	
31	부루트	14년(1차)	82
32	피버	14년(1차)	92
33	레드익스프레스	14년(1차)	
34	필립	14년(1차)	83



*(14): 2014년 시료; (15): 2015년 시료



*(14): 2014년 시료; (15): 2015년 시료

그림 10. 품종 간 연관관계도

○ 유전적 연관 그룹별 형태적 특성 비교

【제 1그룹】

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
12	레드크라운	15년(2차)	93
13	포비	15년(2차)	
14	러브레터	15년(2차)	87

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의수	꽃잎기부반점	꽃잎색수	꽃색그룹	꽃모양	소엽모양
레드크라운	많다	중간	적다	있다	1	적색	별모양	난형
포비	적다	중간	많다	있다	2	황색혼색	원형	중간타원형
러브레터	없거나 매우적다	중간	적다	있다	1	적색	불규칙한원형	중간타원형

【제 2그룹】

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
32	나이트피버	14년(1차)	92
33	레드익스프레스	14년(1차)	
34	필립	14년(1차)	83

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의수	꽃잎기부반점	꽃잎색수	꽃색그룹	꽃모양	소엽모양
나이트피버	중간	강하다	중간	있다	1	적색	불규칙한원형	중간타원형
레드익스프레스	적다	강하다	중간	있다	1	적색	원형	좁은타원형
필립	없거나 매우적다	중간	중간	없다	2	분홍색혼색	불규칙한원형	중간타원형

【제 3그룹】

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
3	페인트볼	14년(1차)	90
4	레드칼립소	14년(1차)	
5	하트온	14년(1차)	86

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의수	꽃잎기부반점	꽃잎색수	꽃색그룹	꽃모양	소엽모양
페인트볼	중간	없거나 매우약하다	많다	있다	2	황색혼색	별모양	중간타원형
레드칼립소	적다	중간	적다	있다	1	적색	불규칙한원형	중간타원형
하트온	중간	없거나 매우약하다	많다	없다	2	황색혼색	별모양	중간타원형

【제 4그룹】

연번	품 종 명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
19	레드비	15년(2차)	90
20	립그로스	15년(2차)	
21	로지타반델라	14년(1차)	86

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의수	꽃잎기부반점	꽃잎색수	꽃색그룹	꽃모양	소엽모양
레드비	중간	중간	적다	있다	1	적색	별모양	중간 타원형
립그로스	중간	약하다	적다	있다	1	분홍색	별모양	좁은 타원형
로지타반델라	중간	중간	중간	있다	2	분홍색 혼색	불규칙한 원형	좁은 타원형

【제 5그룹】

연번	품 종 명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
26	마릴린먼로	15년(2차)	88
27	드림랜드	14년(1차)	
28	어피니티	14년(1차)	84

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의수	꽃잎기부반점	꽃잎색수	꽃색그룹	꽃모양	소엽모양
마릴린먼로	많다	중간	중간	없다	1	백색	별모양	중간 타원형
드림랜드	적다	강하다	많다	없다	1	분홍색 혼색	불규칙한 원형	좁은 타원형
어피니티	많다	중간	많다	있다	2	황색	별모양	원형

【제 6그룹】

연번	품 종 명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)
24	굳타임	15(2년차)	88
25	오션송	14년(1차)	

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의수	꽃잎기부반점	꽃잎색수	꽃색그룹	꽃모양	소엽모양
굳타임	많다	약하다	중간	있다	1	황색	별모양	중간 타원형
오션송	중간	약하다	많다	없다	1	보라색 혼색	불규칙한 원형	중간 타원형

【제 7그룹】

연번	품 종 명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)					
22	아르만도	15(2년차)	88					
23	시트란	14년(1차)						
품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면 광택	꽃잎의 수	꽃잎 기부반점	꽃잎 색 수	꽃색 그룹	꽃 모양	소엽 모양
아르만도	중간	중간	많다	없다	1	분홍색	별모양	중간 타원형
시트란	중간	중간	매우 많다	있다	1	황색	별모양	중간 타원형

【제 8그룹】

연번	품 종 명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)					
17	셀리나	15(2년차)	88					
18	레카토	14년(1차)						
품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면 광택	꽃잎의 수	꽃잎 기부반점	꽃잎 색 수	꽃색 그룹	꽃 모양	소엽 모양
셀리나	중간	강하다	매우 적다	있다	1	적색	불규칙 한원형	좁은 타원형
레카토	중간	중간	중간	있다	2	오렌지 혼색	불규칙 한원형	중간 타원형

【제 9그룹】

연번	품 종 명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)					
15	핑크파티	15(2년차)	86					
16	럭셔리	14년(1차)						
품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)		유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면 광택	꽃잎의 수	꽃잎 기부반점	꽃잎 색 수	꽃색 그룹	꽃 모양	소엽 모양
핑크파티	적다	중간	많다	있다	1	자주색	불규칙 한원형	중간 타원형
럭셔리	적다	중간	매우 많다	있다	1	분홍색	불규칙 한원형	원형

【제 10그룹】

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)					
1	클립니카	15년(2년차)	85					
2	레드폴	15년(2년차)						

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)			유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의 수	꽃잎 기부반점	꽃잎색 수	꽃색 그룹	꽃 모양	소엽 모양	
클립니카	없거나 매우적다	약하다	많다	있다	1	적색	별모양	중간 타원형	
레드폴	없거나 매우적다	강하다	적다	있다	1	적색	원형	좁은 타원형	

【제 11그룹】

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)					
10	딤플	14년(1년차)	82					
11	핑크하트	14년(1년차)						

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)			유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의 수	꽃잎 기부반점	꽃잎색 수	꽃색 그룹	꽃 모양	소엽 모양	
딤플	중간	강하다	많다	있다	1	적색	원형	난형	
핑크하트	중간	약하다	매우 많다	없다	1	분홍색	원형	좁은 타원형	

【제 12그룹】

연번	품종명	분석시기	분석결과(유전적 유사도, %)					
6	실루엣	15년(2년차)	80					
7	마리오	14년(1년차)						

품종명	양적형질(QN)			질적형질(QL)			유사질적형질(PQ)		
	가시수	잎표면광택	꽃잎의 수	꽃잎 기부반점	꽃잎색 수	꽃색 그룹	꽃 모양	소엽 모양	
실루엣	중간	중간	적다	있다	2	분홍 혼색	별모양	원형	
마리오	중간	중간	중간	있다	2	오렌지 혼색	불규칙한 원형	좁은 타원형	

제10절 [제8협동과제: 국화 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종별 데이터베이스 구축]

1) 서론

국화의 기원은 중국에서는 약 5,000년 전부터, 일본에서는 17~18세기부터, 유럽에서는 18~19세기부터 재배되어 왔으나 품종개발의 근거는 분명하지 않다. 현재의 국화는 감국(*Dendranthema indicum* L.)과 구절초(*Dendranthema zawadskii* Herb.)를 중심으로 한 다수종의 혼합체인 것으로 생각된다(농촌진흥청, 2002). 국화의 재배동향은 절화류는 2015년 기준으로 재배면적 463.3ha, 총생산액은 610.9억원이며, 총생산량은 182.7백만본이다(농림축산식품 통계연보 2016). SSR(Simple Sequence Repeat) 마커는 기존에 개발된 DNA 표지인자보다 다형성 정도가 아주 높아서 유전적 다양성과 유연관계를 평가하는데 효율적이다. 이러한 이유로 최근 국내에서 SSR 마커를 이용하여 다양한 작물에서 품종판별 연구가 많이 활용되고 있다(Hong et al, 2013). 하지만 국화 유전체는 배수성의 문제로 안정적인 DNA 분자 표지 마커 개발이 어려움(Khaing et al, 2013)이 있다. 따라서 국화의 표준화된 데이터베이스 구축을 위해서는 정밀한 기자재를 이용한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 본 연구에서는 보리의 국가표준 데이터베이스 구축을 위해 제1세부과제로부터 분양받은 12개 SSR 마커를 이용하여 신규의 프라이머로부터 국화 품종식별에 효과적인 신규 분자표지를 선발함으로써 국화 품종별 DNA profile 데이터베이스 구축과 고온기와 자연일장 재배시기에 특성 비교 등 일련의 연구를 수행하여 얻어진 결과는 다음과 같다.

2) 재료 및 방법

가. 공시품종 및 형태적 특성 조사

국화 유통품종에 대한 형태적 특성 데이터베이스 구축을 위하여 2014년~2016년 충남농업기술원 화훼연구소 비가림 하우스에서 최근 국내에서 유통되어지고 있는 국화품종 62품종을 수집하여 사용하였다(Table 1). 정식 12~15일전에 원예용 상토에서 육묘하였으며, 토양에 재식밀도 150주/3.3㎡로 정식하였다. 정식시기는 기상환경에 따른 특성차이를 알아보기 위해 차광축성재배로 4월 말경에 정식하여 정식 5주후 단일처리를 실시하였으며, 자연일장에서는 8월 초순에 정식을 하였다. 단일처리를 실시하여 개화된 개체들은 국립종자원 신품종 심사 특성조사요령(<http://seed.go.kr>, 2008)에 준하여 생육 및 개화특성을 조사하고 이미지 특성을 정리하였다.

표 1. 특성분석을 위한 국화 시험재료

연번	품종명	품종 영문명	기관명	비고
1	보라미	Borami	충남화훼연구소	품종보호등록
2	무지개	Mujigae	충남화훼연구소	품종보호출원
3	휘파람	Hwiparam	충남화훼연구소	품종보호등록
4	예스모닝	Yes Morning	충남화훼연구소	품종보호등록

5	매직	Magic	경남화훼연구소	품종보호등록
6	옐로우캡	Yellow cap	경남화훼연구소	품종보호출원
7	일월	lilweol	국립원예특작과학원	품종보호등록
8	체리블릿섬	Cherry Blossom	국립원예특작과학원	품종보호등록
9	포리스트아로마	Ferest Aroma	국립원예특작과학원	품종보호출원
10	시크릿핑크	Secret Pink	국립원예특작과학원	품종보호등록
11	오렌지엔디	Orange ND	구미화훼연구소	품종보호등록
12	피치엔디	Peace ND	구미화훼연구소	품종보호등록
13	브라이트엔디	Bright ND	구미화훼연구소	품종보호출원
14	파워엔디	Power ND	구미화훼연구소	품종보호등록
15	드림라운드	Dream Round	경기도농업기술원	품종보호등록
16	파이어 핑크	Fire Pink	민간육종(대조품종)	품종보호등록
17	하이백산	Hi Baeksan	충남화훼연구소	품종보호출원
18	수미	Sumi	경남화훼연구소	품종보호등록
19	백마	Baekma	국립원예특작과학원	품종보호등록
20	신마	Jinba	일본(대조품종)	품종보호등록
21	예스루비	Yes Ruby	충남화훼연구소	품종보호등록
22	예스송	Yes Song	충남화훼연구소	품종보호등록
23	화이트송	White Song	충남화훼연구소	품종보호출원
24	예스홀릭	Yes Holic	충남화훼연구소	품종보호출원
25	예스 스타	Yes Star	충남화훼연구소	품종보호등록
26	옐로우키드	Yellow Kid	경남농업기술원	품종보호등록
27	러브마인	Love Mine	경남농업기술원	품종보호등록
28	조이크림	Joy Cream	경남농업기술원	품종보호출원
29	해피엔디	Happy ND	구미화훼연구소	품종보호등록
30	버블엔디	Bubble ND	구미화훼연구소	품종보호등록
31	신명	Sin Myeong	전북농업기술원	품종보호등록
32	조이핑크	Joy Pink	경남화훼연구소	품종보호등록
33	스윗캔디	Sweet candy	경남화훼연구소	품종보호등록
34	옐로우팡팡	Yellow Pangpang	국립원예특작과학원	품종보호출원
35	핑크 프라이드	Pink Pride	국립원예특작과학원	품종보호등록
36	드림 옐로우	Dream Yellow	경기농업기술원	품종보호등록
37	멘트리	Mentree	개인육종	품종보호등록
38	엔젤	Angel	국립원예특작과학원	품종보호출원
39	필드그린	Field Green	국립원예특작과학원	품종보호등록
40	아르거스	Arugus	네덜란드(대조품종)	품종보호등록
41	백선	Iwa-no-Hakusen	일본(대조품종)	품종보호등록
42	예스누리	Yes Nuri	충남화훼연구소	품종보호등록
43	드림프린스	Dream Prince	경기농업기술원	품종보호출원
44	바티칸	Vatican	네덜란드(대조품종)	품종보호등록
45	예스투게더	Yes Together	충남화훼연구소	품종보호등록
46	예스나우	Yes Now	충남화훼연구소	품종보호등록
47	그린위치	Green Which	경남화훼연구소	품종보호등록
48	퍼플콘	Purple Corn	경남화훼연구소	품종보호등록
49	프로기	Froggy	네덜란드(대조품종)	품종보호출원
50	블랙마블	Black Marble	국립원예특작과학원	품종보호출원
51	핑크베리	Pink Berry	국립원예특작과학원	품종보호등록
52	블루호프	Blue Hof	국립원예특작과학원	품종보호등록
53	골든아이	Golden Eye	경남화훼연구소	품종보호등록
54	포드	Ford	네덜란드(대조품종)	품종보호출원
55	예스코러스	Yes Chorus	충남화훼연구소	품종보호등록
56	옐로우마블	Yellow Marble	국립원예특작과학원	품종보호등록
57	매직스타	Magic Star	경남화훼연구소	품종보호등록
58	러빙유	Loving Yoy	경남화훼연구소	품종보호등록

59	에스루나	Yes Runa	충남화훼연구소	품종보호등록
60	그린엔젤	Green Angel	경남화훼연구소	품종보호출원
61	백설	Baekseol	충남화훼연구소	품종보호등록
62	영롱	Young Long	충남화훼연구소	품종보호등록

나. 재배시험 및 특성조사

국화 유통 품종에 대한 특성 데이터베이스 구축을 위하여 국립종자원에서 사용 중인 특성조사요령(종자¹⁸-68)의 89항목을 9월 상순 개화기에 조사(Table 2)하였다.

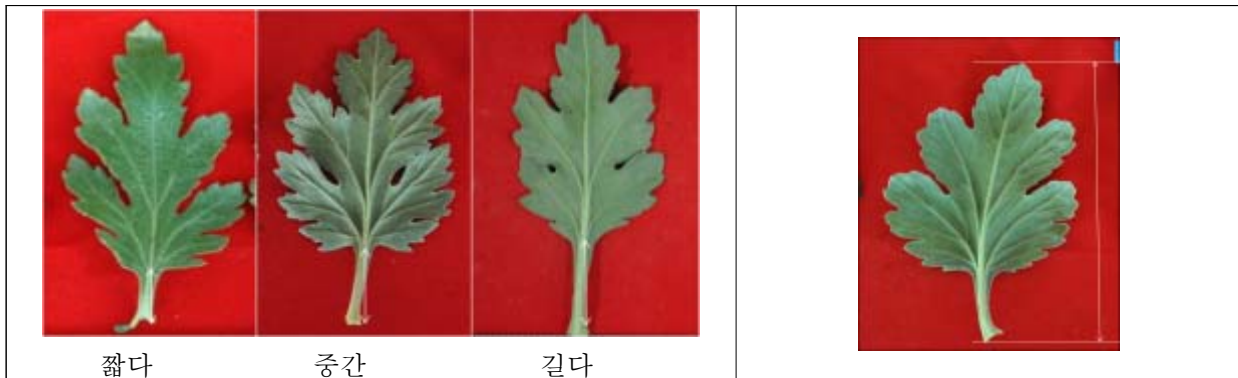
표 2. 특성검정을 위한 재배 개요

구 분	방 법
시험 장소	충남농업기술원 화훼연구소
재식 거리	12×12cm(10줄 재배)
재식 주수	20주×2반복
소요 면적	0.6㎡(0.3㎡/구)
파종 방법	정식 4월 27일 소등 6월 20일
재배법	표준영농교본 준수



1. 식물체: 초장

2. 턱잎 : 크기



8. 잎자루: 잎에 대한 상대적 길이

9. 잎 길이(잎자루 포함)



10. 잎: 너비



짧다

중간

길다

12. 잎: 전체 길이에 대한 정부 엽절의 길이



얇다

중간

굵다

13. 잎: 최하단 열편의 길이



적다

중간

많다

21. 잎 가장자리 : 톱니의 수



끝이 갈라짐

평행

끝이 모아짐

맞닿음

겹쳐짐

14. 잎 : 최하단 열편의 가장자리



뾰족하다

뭉툭하다

둥글다

절두형

심장형

비대칭

15. 잎 : 기부 주된 모양



24. 화서: 최대 너비

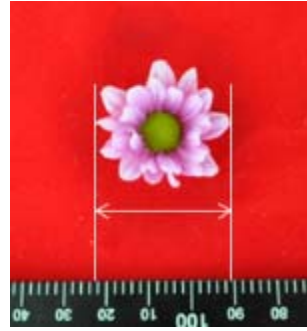


25. 화서: 첫 번째 측지와 줄기 사이의 각도

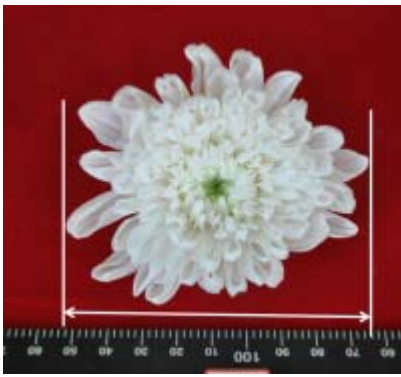


(카운트 시점)

27. 줄기당 두상화의 총수



32. 스프레이 품종, 꽃 : 직경



33. 스탠다드 품종, 꽃 : 직경



34. 스프레이 품종, 꽃 : 직경



35. 스탠다드 품종 꽃 : 높이



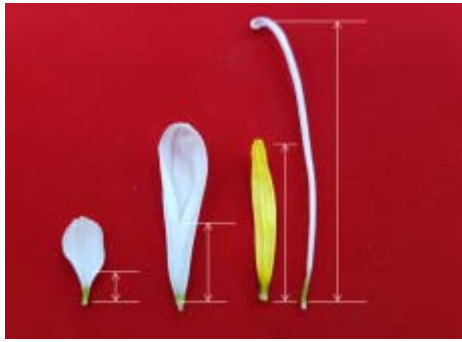
36. 꽃 : 꽃자루 길이



38. 홑꽃, 반겹꽃 품종, 꽃 : 설상화수

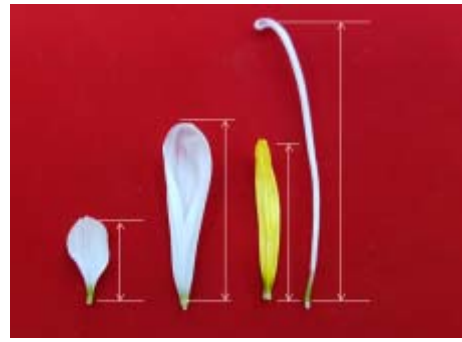


39. 겹꽃 품종, 꽃 : 설상화수의 밀도



짧다 중간 길다

47. 설상화 : 화관 튜브의 길이

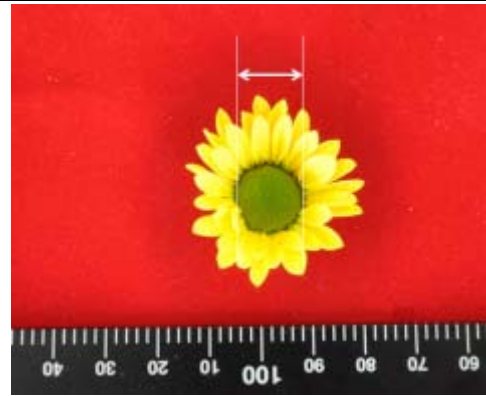


짧다 중간 길다

58. 설상화 : 길이



59. 설상화 : 너비



74. 홑꽃, 반겹꽃 품종, 화반 : 직경



작다 중간 크다

76. 홑꽃, 반겹꽃 품종

화반 : 꽃직경에 대한 화반의 직경

그림 1. 형태학적 특성조사를 위한 항목별 측정 요령

다. DNA 및 RNA 추출방법

○ 국화 유통 품종에 대한 DNA profile 데이터베이스 구축을 위하여 8협동과제로부터 총 64품종 (국내 58, 대조 6)의 국화를 수집하여 분석 재료로 사용하였음

○ DNA추출은 DNeasy Plant Mini kit (Qiagen, Valencia, CA,USA)을 사용하였으며, 추출한 국화 DNA의 상대적인 순도나 농도를 확인하기 위해 분광광도계인 NanoDrop

ND-1000(NanoDrop Technologies, Inc., Wilmington, DE, USA)으로 정량하여 10 ng/ml로 희석하여 PCR반응에 사용하였음

라. 프라이머의 확보 및 SSR마커 선발

- 국내 유통국화에 대한 재현성이 높은 품종구분 분자표지 마커를 선발하기 위해 제 2세부 과제에서 개발된 국화 SSR마커 14 set(Table 4)를 2014~5년 특성조사 대상 국화품종에 적용하여 마커 테스트 및 유전자형 profiling을 수행하였음
- PCR 반응은 국화 게놈 DNA 20ng, 0.5 iM의 SSR primer, 2μl dNTP mixture (2.5mM), Taq polymerase 1 units, 2.5μl의 10 x PCR buffer (50mM KCl, 20mM Tris-HCl, pH 8.0, 2mM MgCl₂)(GenetBio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25μl로 맞추었음
- 모든 primer set에 대해 PCR(S1000, BioRad, USA)은 30회 실시했으며, pre-denaturation은 95°C에서 4분, denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 55°C에서 45초, extension은 72°C에서 60초, final-extension은 72°C에서 10분간 수행하였음
- 유전자 증폭 산물은 1.5% Agarose Gel에서 전기영동하고 PCR 증폭 유무를 확인하였음
- SSR증폭 산물 2ul을 20ul의 증류수에 희석한 후 AdvanCETM parallel capillary electrophoresis systems을 이용하여 전기 영동하였고 polymorphism은 PROSize[®] 2.0 data analysis software를 이용하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였음

표 3. 국내 유통국화 DNA profiling에 활용된 프라이머 셋 정보

Primer set ID	Primer ID	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
1	CRY-40	TGAGATCATTCCCAACCTCC	CTAGCGTCCAAAGAATTGGC
2	CRY-43	CCCCCTCTTCTTCTTCAACC	CAATAGAAAGCGCGTGACAA
3	CRY-44	AGTGACCCGAGCCAGATAGA	CCGACAAATCATTTCGGTCT
4	CRY-84	TAACAAGGGGTTTCAGCGTC	TCAGGAAGAACAACCCAACC
5	CRY-125	CCCAGAGAAGCGTGAGATTT	TCCCCTGCTACTACCACCAC
6	CRY-139	AGCTAAAACAAACAAGCGGC	GCGTTAACTGTGTGCGGTGA
7	CRY-200	CTGTTGAGCAGTTCAGGCAC	GTGTGATCGAGGCGATTTTT
8	CRY-201	ACACCGAATAGGACGGACAG	TTTTTCTGAAGTCCCGACCAC
9	CRY-366	CCAAAATGGAGACCAGGAGA	TCCAGTTGCTTCAGTTGGAA
10	CRY-427	TCTTCTCACACGCCAAACAC	AGCTGCCACTCGCTATCACT
11	CRY-457	CGATCACCATTCTTTCCCA	CCGATAAGTTCGTCTCTTGGT
12	CRY-468	TGGTTATGGGTGACCCTGAT	AAGAAAGTGCAGGCCAAGAA
13	CRY-500	AGGAAGAAGATCGACACCCA	AAGTTCGGGTTTCCCCATAC
14	CRY-543	CACAACCAGACAAGCCTTCA	ACTAACGGCGGTAGCTGAGA

마. 다형성 지수 및 유연관계 분석

- PowerMarker (ver 3.25) 프로그램을 이용하여 major band를 다형성을 기초로Number of

allele (N), Major Allele Frequency (MAF), Gene Diversity (GD) 및 Polymorphic Information Content (PIC)에 대한 분석을 수행하였음

- PowerMarker에 포함되어있는 CS Chord 1967 distance를 이용하여 각각의 품종에 대한 유전적 거리를 분석 후, UPGMA 방법을 이용하여 phylogenetic tree를 작성하여 분석하였음
- 국화의 집단구조 분석은 Structure 2.2 model-based software (Pritchard et al., 2000)을 사용하였음
- 이 모델에서 집단에 대한 예측을 위해서 모든 SSR loci에 대해 독립이고, Hardy-Weinberg equilibrium (HWE)을 따른다고 가정하였음. 각 locus의 allele frequency를 바탕으로 집단의 수(K)을 추론하였고, 각 개체는 admixture group에 포함되는 것을 허용하였음
- 분석을 한 시뮬레이션을 위해 100,000의 random sampling을 하였고, 이를 3반복 수행하였음. 유사도가 70%가 되면 같은 group으로 간주하였음

3) 결과

1. 작물별 특성에 대한 표준품종 선정

국내에서 주로 유통되는 절화용 국화를 농가에 보급하는 육묘업체로부터 분양받은 품종은 표2와 같다. 총 분양받은 국화품종은 62종이며, 육성기관으로는 국립식량과학원에서 13품종, 충남화훼연구소 17품종, 경남화훼연구소 14품종, 구미화훼연구소 6품종, 네덜란드 육종회사 4품종, 경기도농업기술원 3품종, 전북농업기술원 1품종, 민간육성 2품종, 일본 육종회사 육성 2품종이었다. 이와 같이 국내 유통되고 있는 국화 유전자원으로 62품종을 구축하였다.

2. 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화

국화의 형질특성 중 양적형질을 대상으로 총 조사항목 46개 항목 중 해당사항이 있는 25개 항목을 조사하였다. 국화를 정식하고 가을철 자연일장 하에서 개화기 때 전체주를 관찰하였을 때 초장은 길다 형태가 ‘체리블러섬’ 등 43품종으로 가장 많았고 턱잎의 크기는 작다 형태가 ‘옐로캡’ 등 28품종으로 가장 많이 분포하였다. 잎에 대한 잎자루 상대적 길이는 중간 형태가 ‘보라미’ 등 36품종, 잎자루 포함 잎 길이는 중간 형태가 ‘보라미’ 등 36품종으로 가장 많이 분포하였다. 잎의 너비는 중간 형태가 ‘보라미’ 등 32품종, 잎 길이 / 잎 너비의 비율은 중간형태가 ‘보라미’ 등 42품종으로 가장 많이 분포하였다. 잎 전체 길이에 대한 정부 엽절의 길이는 중간 형태가 ‘보라미’ 등 38품종이 잎 최하단 엽편의 길이는 중간 형태가 ‘보라미’ 등 31품종, 잎 가장자리 톱니의 수는 중간형태가 ‘일월’ 등 32품종으로 가장 많이 분포하였다.

개화기 때 조사되는 화서의 최대너비는 중간 형태가 ‘보라미’ 등 40품종, 화서에서 첫 번째 측지와 줄기 사이의 각도는 중간형태가 ‘보라미’ 등 40품종이 가장 많이 분포하였다. 줄기당 두상화의 총수는 중간형태가 ‘보라미’ 등 38품종, 스프레이국화 꽃 직경은 중간 형태가 ‘보라미’ 등 32품종이 가장 많이 분포하였다. 스탠다드국화 품종의 꽃 직경은 중간 형태가 ‘신마’ 등 5품종, 스프레이품종 꽃의 높이는 낮다 형태가 ‘일월’ 등 40품종, 스

텐다드품종 꽃의 높이는 중간 형태가 '신마' 등 5품종으로 가장 많이 분포하였다.

국화 꽃의 꽃자루 길이는 중간 형태가 '보라미' 등 42품종, 홑꽃, 반겹꽃 품종의 설상화수는 중간 형태가 34품종, 겹꽃품종의 설상화수 밀도는 중간 형태가 '백마' 등 7품종으로 가장 많이 분포하였다. 설상화 화관 튜브의 길이는 중간 형태가 '예스루비' 등 42품종, 설상화 길이는 중간 형태가 '보라미' 등 28품종으로 가장 많이 분포하였다. 설상화의 너비는 짧다 형태가 '파이어핑크' 등 47품종, 설상화의 길이/너비의 비율은 중간 형태가 '파이어핑크' 등 27품종으로 가장 많이 분포하였다.

홑꽃과 반겹꽃 품종의 화반 직경은 중간 형태가 '보라미' 등 25품종, 홑꽃, 반겹꽃 품종의 꽃 직경에 대한 화반의 직경비율은 중간 형태가 '보라미' 등 29품종이 가장 많이 분포하였다(표 4).

표 4. 작물별 양적형질 특성에 대한 표준품종 선정

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
1 (* QN	식물체: 초장	짧다	3	85cm 이하	2	골든아이
		중간	5	85~100cm	17	신마
		길다	7	100cm 이상	43	체리블릿섬
○ 조사시기 및 방법 : 개화기에 자로 지제부부터 꽃의 최고점까지 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
6 (+ QN	턱잎: 크기	없거나 매우작다	1	0.5cm 이하	13	예스루비
		작다	3	0.5~1.0cm	28	옐로캡
		중간	5	1.0~1.5cm	18	보라미
		길다	7	1.5cm 이상	3	매직스타
○ 조사시기 및 방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 엽 밑에 있는 턱잎의 가장 긴 거리를 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
8 QN	잎자루: 잎에 대한 상대적 길이	짧다	3	2.0cm 이하	21	일월
		중간	5	2.0~3.0cm	36	보라미
		길다	7	3.0cm 이상	5	예스루비
○ 조사시기 및 방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎자루 길이는 잎의 전체 길이에 대한 비율을 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
9 (* QN	잎 길이 (잎자루 포함)	짧다	3	10.0cm 이하	21	파이어핑크
		중간	5	10.0~13.0cm	36	보라미
		길다	7	13.0cm 이상	5	매직스타
○ 조사시기 및 방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎자루를 포함한 가장 길은 길이를 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
10 (* QN	잎: 너비	좁다	3	5.0cm 이하	15	파이어핑크
		중간	5	5.0~7.0cm	33	보라미
		넓다	7	7.0cm 이상	14	에스루비
○ 조사시기 및 방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎의 너비는 가장 넓은 부분을 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
11 (* QN	잎: 길이/너비의 비율	낮다	3	1.5 이하	1	드림옐로우
		중간	5	1.5~2.0	42	보라미
		길다	7	2.0 이상	19	옐로캡
○ 조사방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎의 너비와 길이에 대하여 비율을 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
12 (*)(+ QN	잎: 전체 길이에 대한 정부엽절의 길이	짧다	3	3.0cm 이하	19	휘파람
		중간	5	3.0~5.0cm	38	보라미
		길다	7	5.0cm 이상	5	매직스타
○ 조사방법 : 줄기를 3등분한 중간부위 잎의 정부엽절의 길이를 측정하고 전체 길이와 비교한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
13 (*)(+ QN	잎: 최하단 열편의 길이	얇다	3	2.0cm 이하	24	옐로캡
		중간	5	2.0~4.0cm	31	보라미
		길다	7	4.0cm 이상	7	에스루비
○ 조사방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎의 기부 부근에서 가장 길은 면을 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
21 (+ QN	잎 가장자리: 톱니의 수	적다	3	40개 이하	26	보라미
		중간	5	40~70개	32	일월
		많다	7	70개 이상	4	시크릿핑크
○ 조사시기 및 방법 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎 가장자리의 톱니의 수를 카운트 한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
24 QN	화서: 최대 너비	좁다	3	12.0cm 이하	7	엔젤
		중간	5	12.0~20.0cm	40	보라미
		많다	7	20.0cm 이상	10	드림라운드
○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 꽃이 핀 상태에서 가장 넓은 부분을 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
25 (*)(+) QN	화서: 첫 번째 측 지와 줄기 사이의 각도	작다	3	25° 이하	6	휘파람
		중간	5	25°~40°	40	보라미
		크다	7	40° 이상	9	스윗캔디

○ 조사시기 및 방법 : 각도계를 이용하여 첫 번째 측지와 주지의 각도를 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
27 QN	줄기당 두상화의 총수	적다	3	15개 이하	14	그린위치
		중간	5	15~35	38	보라미
		많다	7	35개 이상	10	파이어핑크

○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 국화 한 주당 착색된 봉오리 이상을 카운트 한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
32 (* QN	스프레이품종 꽃 : 직경	작다	3	4.0cm 이하	11	엘로캡
		중간	5	4.0~6.0	32	보라미
		크다	7	6.0cm 이상	11	매직스타

○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 상태에서 중앙의 꽃 직경을 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
33 (* QN	스탠다드품종 꽃 : 직경	작다	3	10.0cm 이하	1	그린엔젤
		중간	5	10.0~13.0	5	신마
		크다	7	13.0cm 이상	2	영롱

○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거한 상태에서 중앙의 꽃을 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
34 (+) QN	스프레이품종 꽃 : 높이	낮다	3	1.0cm 이하	40	일월
		중간	5	1.0~2.2	12	보라미
		높다	7	2.2cm 이상	2	그린위치

○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 상태에서 중앙의 꽃을 선택하여 총포부터 꽃잎 끝까지 자로 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
35 (+) QN	스탠다드 품종 꽃 : 높이	낮다	3	40.0cm 이하	1	그린엔젤
		중간	5	40.0~60.0	5	신마
		높다	7	60.0cm 이상	2	영롱
○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거한 상태에서 중앙의 꽃이 개화기일 때 자를 이용하여 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
36 QN	꽃 : 꽃자루 길이	짧다	3	4.0cm 이하	6	바티칸
		중간	5	4.0~8.0	42	보라미
		길다	7	8.0cm 이상	14	매직
○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 상태에서 두 번째 화서의 꽃을 대상으로 줄기부착 점부터 꽃받침까지 자를 이용하여 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
38 (*) QN	홀꽃, 반겹꽃 품종 꽃 : 설상화수	적다	3	25개 이하	12	아르거스
		중간	5	25.0~45.0	34	보라미
		많다	7	45.0개 이상	4	엘로캡
○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 상태에서 중앙의 꽃을 선택하여 설상화수를 하나씩 카운트 한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
39 (*) QN	겹꽃 품종 꽃 : 설상화수의 밀도	성기다	3	200개 이하	2	신마
		중간	5	200~350	7	백마
		조밀하다	7	350개 이상	3	영롱
○ 조사시기 및 방법 : 측지를 제거하지 않은 상태에서 중앙의 꽃을 선택하여 설상화수를 하나씩 카운트 한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
47 (*) QN	설상화 : 화관 튜브의 길이	짧다	3	0.35cm 이하	11	보라미
		중간	5	0.35~0.6	42	에스루비
		길다	7	0.6cm 이상	9	엘로캡
○ 조사시기 및 방법 : 개화기에 설상화수를 하나씩 뽑아 화관 튜브의 길이를 측정한다.						

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
58 (*) QN	설상화 : 길이	짧다	3	2.0cm 이하	26	옐로캡
		중간	5	2.0~4.0	28	보라미
		길다	7	4.0cm 이상	8	신마

○ 조사시기 및 방법 : 개화기에 설상화의 가장 길은 부위를 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
59 (*) QN	설상화 : 너비	짧다	3	0.6cm 이하	47	파이어핑크
		중간	5	0.6~1.2	8	에스루비
		길다	7	1.2cm 이상	7	신마

○ 조사시기 및 방법 : 개화기에 설상화의 가장 넓은 부위를 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
60 (*) QN	설상화 : 길이/너비의 비율	낮다	3	2.5cm 이하	19	보라미
		중간	5	2.5~3.5	27	파이어핑크
		높다	7	3.5cm 이상	16	일월

○ 조사시기 및 방법 : 개화기에 설상화의 길이/너비 비율을 구한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
74 QN	홀꽃, 반겹꽃 품종 화반 : 직경	작다	3	1.1cm 이하	10	파이어핑크
		중간	5	1.1~1.4	25	보라미
		크다	7	1.4cm 이상	7	에스루비

○ 조사시기 및 방법 : 개화기에 화반의 가장 넓은 부위를 측정한다.

번호	특성	표현형태	계급	조사기준	품종수	표준품종
76 (*)(+) QN	홀꽃, 반겹꽃 품종 화반 : 꽃직경에 대한 화반의 직경	작다	3	3.5cm 이하	14	옐로우키드
		중간	5	3.5~5.5	29	보라미
		크다	7	5.5cm 이상	6	파이어핑크

○ 조사시기 및 방법 : 꽃 직경에 대한 화반의 직경 비율을 측정한다.

3. 질적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화

국화의 형질특성 중 질적형질과 유사질적 형질을 대상으로 총 조사항목 43개 항목 중 해당사항이 있는 30개 항목을 조사하였다.

식물체의 성장유형은 표현형태가 단일줄기형으로 ‘보라미’ 등 62품종 이었고 줄기색은

자주빛 또는 갈색빛 녹색의 형태가 ‘드림라운드’ 등 27품종으로 가장 많이 분포하였다.

잎의 최하단 열편의 가장자리는 맞닿음 형태가 ‘보라미’ 등 25품종이, 잎 기부의 주된 모양은 심장형 형태가 ‘엘로캡’ 등 20품종으로 가장 많이 분포하였다. 단일줄기형 화서의 형태는 산방화서 형태가 ‘보라미’ 등 44품종이 꽃의 형태는 홑꽃 형태가 ‘보라미’ 등 43품종으로 가장 많이 분포하였다.

설상화 종류는 1개 형태가 ‘보라미’ 등 62품종, 설상화의 주된 형태는 타원형 형태가 ‘보라미’ 등 33품종으로 가장 많이 분포하였다. 설상화의 표면은 용골판이 있다 형태가 ‘라이어핑크’ 등 59품종이, 설상화의 가장 넓은 부분의 가로로 자른 모양의 적당히 오목한 형태가 ‘보라미’ 등 23품종으로 가장 많이 분포하였다. 빨대 모양 설상화가 제외된 설상화 가장자리 말림은 약하게 뒤로말린 형태가 ‘보라미’ 등 26품종이, 빨대 모양 설상화가 제외된 설상화 가장자리 말림의 위치는 기부에서 1/4형태가 ‘보라미’ 등 16품종으로 가장 많이 분포하였다. 깔데기, 주걱, 빨대모양 설상화의 튜브의 모양은 편원형 형태가 ‘백마’ 등 9품종, 설상화 세로축은 곧게 뻗은 형태가 ‘보라미’ 등 34품종으로 가장 많이 분포하였다. 굽게 뻗은 설상화를 제외한 설상화 세로축 직선이 아닌 부분은 말단에서 1/2 형태인 ‘매직’ 등 19품종, 설상화 세로축 굽은 정도는 약하다 형태가 ‘보라미’ 등 28품종으로 가장 많이 분포하였다.

반겹꽃, 데이지형겹꽃, 겹꽃품종의 설상화 안쪽열의 세로축은 곧게 뻗은 형태의 ‘엘로우 팡팡’ 등 2품종, 설상화 선단의 모양은 흠이파인 형태가 ‘엘로캡’ 등 19품종으로 가장 많이 분포하였다. 설상화 표면의 수는 1개의 표현형태가 ‘보라미’ 등 54품종 이었고 설상화 표면의 수는 황색이 ‘엘로캡’ 등 18품종으로 가장 많았고 백색>자주색>복색 순이었다. 설상화 표면 2차색의 분포는 기부 끝이 ‘매직’ 등 3품종 이었고 설상화 표면 2차색의 무늬는 무늬없는 단색이 ‘에스모닝’ 등 9품종으로 가장 많이 분포하였다. 설상화 표면과 비교한 이면의 색은 유사하다는 형태가 ‘보라미’ 등 61품종 이었다.

데이지형품종 화반을 가로로 자른면의 모양은 완만한 반구형 형태가 ‘보라미’ 등 22품종 이었고 화반 개약전의 색은 녹색형태가 ‘에스홀릭’ 등 35품종으로 가장 많이 분포하였다. 데이지형 화반의 개약전 중앙의 검은 반점의 크기는 없다 형태가 ‘보라미’ 등 46품종으로 가장 많았고 화반의 개약시의 색은 녹색 형태가 ‘보라미’ 등 25품종으로 가장 많이 분포하였다.

아네모네형 품종의 통상화 형태는 끝이 갈라진 꽃잎 모양 형태가 ‘일월’ 등 4품종이 통상화의 길이는 짧다 형태가 ‘일월’ 등 4품종으로 가장 많이 분포하였다. 일장조절에 의한 주년생산품종이면서 개화소요기간은 7주 품종이 ‘휘파람’ 등 27품종 > 7.5주 품종이 ‘보라미’ 등 14품종 > 8.0주 품종은 ‘일월’ 등 13품종 순으로 분포 하였다(표 5).

표 5. 작물별 질적형질 특성에 대한 표준품종 선정

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
2	식물체 : 생장유형	단일줄기형	1	62	보라미
(+)(*) QL		관목형	2	0	-

○ 조사방법 : 정아우세성을 가진 품종으로 하나의줄기를 발생시키는 지 확인한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
5 PQ	줄기 : 색	녹색	1	32	보라미
		자주빛 또는 갈색빛 녹색	2	30	-
		갈색	3		드림라운드
		자주색	4	0	-

○ 조사방법 : 개화기 때 전반적으로 뚜렷하게 나타나는 색을 RHS칼라차트로 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
14 PQ	잎 : 최하단 열편의 가장자리	끝이 갈라짐	1	8	골든아이
		평행	2	17	엘로캡
		끝이 모아짐	3	3	멘트리
		맞닿음	4	25	보라미
		겹쳐짐	5	9	핑크프라이드

○ 조사시기 : 줄기를 3등분한 중간부위의 잎을 채취하여 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
15 (*)(+) PQ	잎 : 기부 주된 모양	뾰족하다	1	8	백마
		몽푹하다	2	18	보라미
		둥글다	3	11	휘파람
		절두형	4	1	백설
		심장형	5	20	엘로캡
		비대칭	6	4	드림라운드

○ 조사시기 : 줄기를 3등분한 중간부위의 엽을 채취하여 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
23 (+) PQ	단일줄기형 품종(특성2): 화서:형태	원뿔형	1	0	-
		심한반구형	2	0	-
		원통형	3	10	신마
		산방화서	4	44	보라미
		평평한 산방화서	5	8	러브마인

○ 조사시기 : 개화시 때 화서를 보고 판단한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
30 (*)(+) PQ	꽃: 형태	설상화 없는 꽃	1	0	-
		홀꽃	2	43	보라미
		반겹꽃	3	3	에스스타
		테이지형겹꽃	4	1	버블엔디
		겹꽃	5	15	신마

○ 조사시기 : 개화기 때 정상의 두상화서를 보고 판단한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
40 (*) PQ	꽃: 설상화 종류	1개	1	61	보라미
		2개	2	1	에스투게더
		3개	3	0	-

○ 조사시기 : 개화기 때 두상화서의 중앙 부위의 설상화를 보고 판단한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
41 (*)(+) PQ	꽃: 설상화 주된 형태	타원형	1	33	보라미
		안으로 굽은	2	25	엘로캡
		주걱모양	3	3	드림라운드
		빨대모양	4	1	에스투게더
		갈대기모양	5	0	-

○ 조사시기 : 개화기 때 정상의 두상화서를 보고 설상화의 주된형태를 판단한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
45 (+) PQ	설상화 : 표면	매끈하다	1	0	
		이랑이 있다	2	3	보라미
		용골판이 있다	3	59	라이어핑크

○ 조사시기 : 개화기 때 정상의 두상화서를 보고 설상화 표면을 관찰한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
48 (*)(+) PQ	설상화 : 가장 넓은 부분의 가로로 자른 면의 모양	심하게 오목하고 가장자리가 겹쳐진	1	2	그린엔젤
		심하게 오목하고 가장자리가 맞닿은	2	3	수미
		심하게 오목한	3	5	신마
		적당히 오목한	4	23	보라미
		평편한	5	16	일월
		약하게 볼록한	6	5	조이크림
		적당히 볼록한	7	6	에스루비
		심하게 볼록한	8	2	핑크프라이드
		심하게 볼록하고 가장자리가 맞닿은	9	0	-
		심하게 볼록하고 가장자리가 겹쳐진	10	0	-

○ 조사시기 : 개화기 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
49 (+) PQ	설상화 : 가장 자리 의 말림 (빨대 모양 설상화 제 외)	심하게 안으로 말린	1	1	그린엔젤
		적당히 안으로 말린	2	4	수미
		약하게 안으로 말린	3	15	체리블릿섬
		말림없이 평평한	4	11	일월
		약하게 뒤로 말린	5	28	보라미
		적당히 뒤로 말린	6	3	에스송
		심하게 뒤로 말린	7	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
50 PQ	설상화 : 가장자리 말림의 위치 (빨대 모양 설상화 제 외)	기부에서 1/4	1	16	보라미
		기부에서 1/2	2	8	옐로우키드
		기부에서 3/4	3	3	피치엔디
		중앙	4	8	무지개
		말단에서 3/4	5	11	오렌지엔디
		말단에서 1/2	6	5	백마
		말단에서 1/4	7	2	에스투게더
		전체	8	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
51 PQ	설상화 : 튜브의 모양 (깔데기, 주걱, 빨대모 양 설상화)	원형	1	2	옐로우팡팡
		편원형	2	9	백마
		납작형	3	2	퍼플콘
		삼각형	4	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
52 (*+) PQ	설상화 : 세로축	안쪽으로 말린	1	7	백설
		곧게 뻗은	2	34	보라미
		뒤로 젖혀진	3	21	매직
		물결모양	4	0	-
		비틀어진	5	0	-
		갑자기 꺾인	6	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
53 PQ	설상화 : 세로축 : 직선이 아닌 부분 (곱게 뺀 설상화 제외)	말단에서 1/4	3	10	무지개
		말단에서 1/2	5	19	매 직
		말단에서 3/4	7	7	휘파람
○ 조사시기 : 개화기 때 중앙의 두상화에서 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
54 (+) PQ	설상화 : 세로축 : 굽은 정도 (곱게 뺀 설상화 제외)	약하다	3	28	보라미
		중간	5	7	파이어핑크
		강하다	7	1	핑크베리
○ 조사시기 : 개화기 때 중앙의 두상화에서 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
55 (+) PQ	반겹꽃, 테이지형겹꽃, 겹꽃품종 : 설상화 : 안쪽열의 세로축 (바깥쪽 열과 다른 경우)	안쪽으로 말린	1	1	그린엔젤
		곱게 뺀	2	2	옐로우팡팡
		뒤로 젖혀진	3	1	엔젤
		물결모양	4	0	-
		비틀어진	5	0	-
		갑자기 꺾인	6	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 중앙의 두상화에서 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
61 (+) PQ	설상화 : 선단의 모양	뾰족하다	1	13	포드
		둥글다	2	12	프로기
		절두형	3	2	피플콘
		홈이 파인	4	19	옐로캡
		약한 톱니모양	5	11	보라미
		볼록하게 돌출된	6	5	시크릿핑크
		적당히 갈라진 톱니모양	7	0	-
		심하게 갈라진 톱니모양	8	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 중앙의 두상화에서 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
62 (*) PQ	설상화 : 표면색의 수	1개	1	54	보라미
		2개	2	8	에스나우
		3개 이상	3	0	-
○ 조사시기 : 개화기 때 중앙의 두상화에서 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
63 (*) PQ	설상화 : 표면색의 수	백색	1	15	신마
		황색	2	18	옐로캡
		갈색	3	2	오렌지엔디
		자주색	4	14	보라미
		적색	5	3	블랙마블
		녹색	6	3	그린위치
		복색	7	7	에스스타
○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
65 (*)(+) PQ	설상화 : 표면 2차색의 분포	최말단	1	2	에스모닝
		말단에서 1/4	2	0	-
		말단에서 1/2	3	1	러브마인
		말단에서 3/4	4	0	-
		기부에서 3/4	5	1	그린엔젤
		기부에서 1/2	6	1	파워엔디
		기부에서 1/4	7	2	맨트리
		기부끝	8	3	매직
		가장자리	9	0	-
		가장자리 주변	10	0	-
		중간세로띠	11	0	-
		중간가로띠	12	0	-
		전체	13	0	-
○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
66 (*)(+) PQ	설상화 : 표면 2차색의 무늬	무늬없는 단색	1	9	에스모닝
		부정형의 스며든 모양	2	0	-
		경계선이 희미한 세로줄무늬	3	0	-
		경계선이 뚜렷한 세로줄무늬	4	1	파워엔디
		작은 얼굴 반점무늬	5	0	-
		작은 얼룩반점과 세로줄무늬	6	0	-
		큰얼룩반점무늬	7	0	-
○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
70 (*) PQ	설상화 : 표면과 비교한 이면의 색	유사	1	60	보라미
		현저하게 다름	2	2	러브마인
○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.					

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
77 (+) PQ	데이지형품종 화반: 가로로 자른 면의 모양	옴폭 들어간	1	0	-
		평평한	2	4	무지개
		완만한 반구형	3	22	보라미
		완만한 원뿔형	4	7	예스루비
		심한 반구형	5	10	파워엔디
		심한 원뿔형	6	7	브라이트엔디

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
78 (*) PQ	데이지형품종 화반: 개약전의 색	백색을 띠	1	0	-
		녹색	2	35	예스홀릭
		황색빛녹색	3	12	예스스타
		밝은황색	4	1	일월
		중간황색	5	0	-
		황색빛오렌지색	6	0	-
		오렌지색	7	0	-
		적색빛갈색	8	2	아르거스
		갈색	9	0	-
		갈색빛검정색	10	0	-
		자주빛검정색	11	0	-

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
79 (*) PQ	데이지형 품종 화반 : 개약전 중앙 의 검은 반점의 크기	없다	1	46	보라미
		있다	2	0	-

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
83 PQ	데이지형품종 화반: 개약시 색	백색을 띠	1	1	예스투게더
		녹색	2	25	보라미
		황색빛녹색	3	15	파이어핑크
		밝은황색	4	3	예스모닝
		중간황색	5	2	매직
		황색빛오렌지색	6	0	-
		오렌지색	7	0	-
		적색빛갈색	8	0	-
		갈색	9	0	-
		갈색빛검정색	10	0	-
		자주빛검정색	11	0	-

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
85 (+) PQ	아네모네형 품종 통상화: 형태	바늘모양	1	0	-
		빨대모양	2	0	-
		갈대기모양	3	2	포드
		주걱모양	4	0	-
		끝이 갈라진 꽃잎모양	5	4	일월

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
86 PQ	아네모네형 품종 통상화: 길이	짧다	1	4	일월
		중간	2	2	포드
		길다	3	1	에스투게더

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

번호	특성	표현형태	계급	품종수	표준품종
88 (+) PQ	데이지형품종 화반: 개약시 색	6주 미만	1	0	-
		6주	2	0	-
		6.5주	3	2	핑크프라이드
		7주	4	27	휘파람
		7.5주	5	15	보라미
		8주	6	13	일월
		8.5주	7	2	에스홀릭
		9주	8	3	신명
		10주	9	0	-
		11주	10	0	-
		12주	11	0	-
		12주 이상	12	0	-

○ 조사시기 : 개화시 때 가장자리의 설상화를 빼서 전체 모양을 보고 조사한다.

3. 고온기와 자연개화기의 양적형질 특성조사

고온기 9월 개화 작형에서의 특성과 자연일장 하에서의 양적형질을 비교 해보면 고온기 개화에서는 꽃 크기가 자연일장 보다 전 품종 모두 작아지는 경향을 보였고, 착화수는 고온기 개화에서 자연일장 재배 보다 착화수가 많은 품종은 ‘보라미’, ‘휘파람’, ‘에스모닝’, ‘매직’, ‘엘로우캡’, ‘일월’, ‘체리블러섬’, ‘시크릿핑크’, ‘오렌지엔디’, ‘드림라운드’, ‘파이어핑크’, ‘하이백산’, ‘에스루비’, ‘에스홀릭’, ‘에스스타’, ‘엘로우키드’, ‘러브마인’, ‘해피엔디’, ‘신명’, ‘스윗캔디’, ‘엘로우팡팡’, ‘필드그린’, ‘아르거스’, ‘에스누리’, ‘바티칸’, ‘에스투게더’, ‘에스나우’, ‘퍼플콘’,

‘프로기’, ‘블랙마블’, ‘핑크베리’, ‘골든아이’, ‘에스코러스’, ‘러빙유’ 품종이었다. 자연개화기에 고온기 개화 보다 착화수가 많은 품종은 ‘피치엔디’, ‘브라이트엔디’, ‘백마’, ‘에스송’, ‘조이크림’, ‘핑크프라이드’, ‘맨트리’, ‘백선’, ‘블루호프’, ‘포드’, ‘엘로우마블’, ‘매직스타’, ‘백설’ 품종이었다.

고온기 개화에서 설상화수가 자연일장 보다 많은 품종은 ‘보라미’, ‘에스모닝’, ‘엘로우캡’, ‘체리블릿섬’, ‘브라이트엔디’, ‘백마’, ‘에스송’, ‘에스스타’, ‘러브마인’, ‘조이크림’, ‘해피엔디’, ‘신명’, ‘스윗캔디’, ‘엘로우팡팡’, ‘필드그린’, ‘아르거스’, ‘에스누리’, ‘에스나우’, ‘블랙마블’, ‘에스코러스’, ‘엘로우마블’, ‘백설’ 품종이었다. 반대로 자연일장 개화기에 설상화수가 고온기 개화 보다 많은 품종은 ‘휘과람’, ‘매직’, ‘일월’, ‘시크릿핑크’, ‘오렌지엔디’, ‘피치엔디’, ‘드림라운드’, ‘파이어핑크’, ‘하이백산’, ‘에스루비’, ‘에스홀릭’, ‘엘로우키드’, ‘핑크프라이드’, ‘아르거스’, ‘백선’, ‘바티칸’, ‘에스투게더’, ‘퍼플콘’, ‘프로기’, ‘핑크베리’, ‘블루호프’, ‘골든아이’, ‘포드’, ‘매직스타’, ‘러빙유’ 품종이었다.

표 6. 고온기와 자연개화기의 양적형질 품종별 특성 비교

품종명	꽃크기(cm)		착화수(개/주)		설상화수(개/본)		코멘트
	고온기	자연일장	고온기	자연일장	고온기	자연일장	
보 라 미	3.3	4.8	27.8	17.0	26.2	24.3	고온 화색퇴화
휘 과 램	2.5	4.9	49.0	33.0	25.1	25.8	꽃잎 뒤틀림
에스모닝	2.5	4.0	44.8	16.8	26.6	22.0	CSVd 발병
매 직	2.9	6.3	25.4	16.7	26.7	30.4	
엘로우캡	2.8	3.3	28.4	23.8	362.8	332.5	
일 월	2.2	4.2	58.8	23.7	22.7	26.7	
체리블릿섬	2.2	4.6	42.1	12.6	29.5	22.1	
시크릿핑크	3.5	6.8	71.2	18.0	26.3	28.1	고온기 고사
오렌지엔디	3.0	4.4	61.9	34.3	28.8	29.9	관생화 발생
피치엔디	3.6	6.2	16.0	17.9	85.2	199.5	
브라이트엔디	4.1	5.8	34.0	37.0	22.5	22.3	고온에 고사
드림라운드	2.3	5.4	42.9	40.3	24.6	26.4	화색 변색
파이어핑크	3.1	5.7	55.4	51.8	31.8	33.5	화색 변색
하이백산	6.7	9.4	8.7	8.3	286.5	331.5	
백 마	10.3	12.5	14.5	15.5	360.3	336.0	
에스루비	4.2	5.3	26.3	15.0	36.3	37.3	
에 스 송	2.9	4.5	44.9	53.2	26.2	22.1	

품종명	꽃크기(cm)		착화수(개/주)		설상화수(개/본)		코멘트
	고온기	자연일장	고온기	자연일장	고온기	자연일장	
에스홀릭	2.7	4.3	50.6	10.4	36.1	41.0	
에스스타	2.0	4.6	52.9	22.9	40.0	26.4	
엘로우키드	1.8	3.6	36.2	31.7	35.2	37.5	
러브마인	3.5	4.4	57.7	23.4	24.5	22.4	CSNV 발병
조이크림	2.7	5.1	24.1	31.5	21.9	21.9	CSVd 발병
해피엔디	2.7	4.9	32.9	21.3	32.7	29.7	CSNV 발병
신 명	2.4	5.0	58.8	28.8	36.8	27.1	
스윗캔디	2.1	2.6	38.4	35.0	31.0	29.3	
엘로우광광	2.7	3.1	37.1	12.7	200.5	193.5	CSVd 발병
핑크프라이드	3.6	7.5	9.9	14.2	27.5	27.7	
맨 트 리	3.3	5.3	21.7	24.3	25.7	23.6	고온기 고사주 발생
필드그린	2.5	5.6	49.0	22.4	27.8	26.3	과습 피해
아르거스	2.3	5.0	42.6	27.3	20.2	21.2	화색 변색
백 선	8.6	9.8	5.0	5.6	232.8	282.0	응애 다발생
에스누리	2.0	3.0	32.4	28.4	27.2	26.4	
바 티 칸	2.6	5.9	45.4	26.1	30.4	37.4	
에스투게더	3.3	6.3	31.3	18.3	30.0	34.3	
에스나우	1.8	5.2	21.7	17.4	26.0	22.9	고온기 고사
퍼 플 콘	2.3	5.0	83.0	75.0	29.6	41.1	
프 로 기	1.8	3.8	18.9	18.6	201.2	240.5	
블랙마블	1.9	5.8	16.4	9.4	36.0	32.1	
핑크베리	2.4	4.9	40.1	35.6	26.5	30.2	
블루호프	3.1	4.4	19.2	22.1	38.8	40.6	CSNV 발병
골든아이	1.6	2.6	20.3	18.9	36.8	41.9	
포 드	2.4	3.6	48.4	52.3	26.4	36.4	고온기 고사
에스코러스	2.0	2.3	40.2	29.2	59.1	58.4	
엘로우마블	2.2	4.5	13.6	19.0	43.6	26.0	관생화 발생
매직스타	3.5	6.6	16.2	16.4	33.7	40.5	화색 변색
러 빙 유	3.9	4.8	32.9	24.4	322.0	337.5	
백 설	8.6	9.0	4.2	14.9	725.5	368.0	



01 보라미



02 무지개



03 휘파람



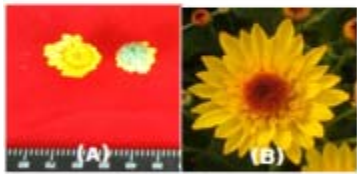
04 에스모닝



05 매직



06 옐로캡



07 일편



08 체리블랫섬



09 포리스트아로마



10 씨크릿핑크



11 오렌지엔디



12 피치엔디



13 브라이트엔디



14 파워엔디



15 드림라운드



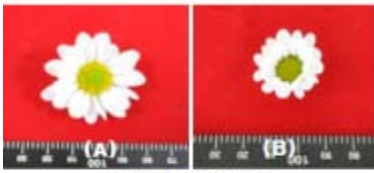
16 파이어핑크



21 에스루비



22 에스송



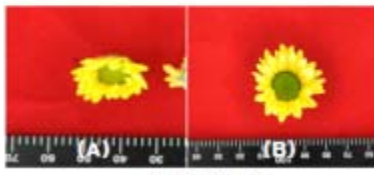
23 에스송화이트



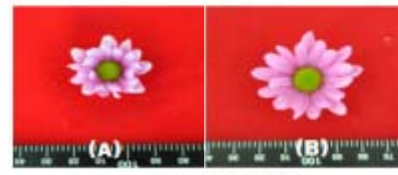
24 에스플릭



25 에스스타



26 옐로우키드



27 러브마인



28 조이크림

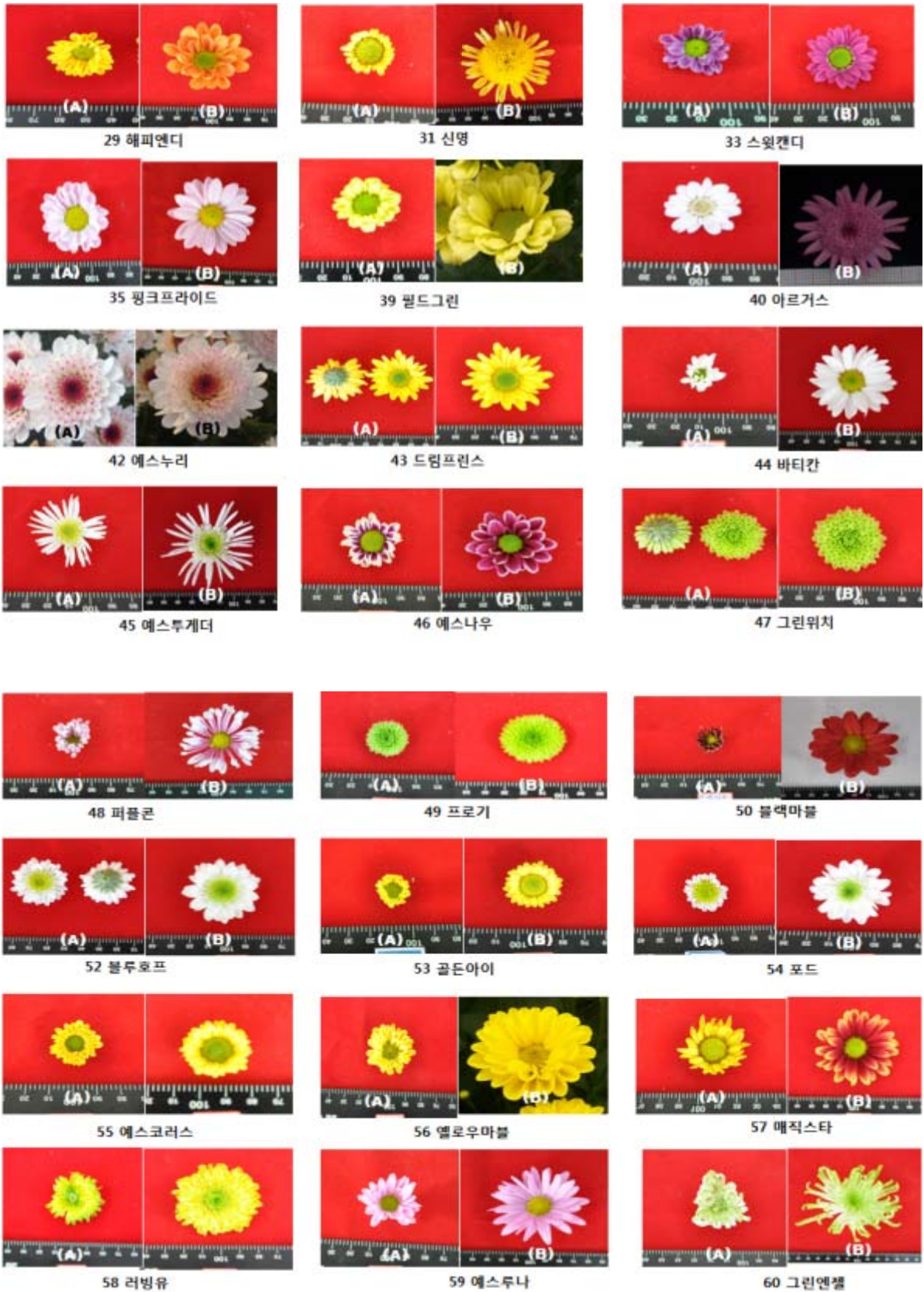


그림 2. 스프레이국화 고온기와 자연일장 개화시 화색 비교
 (A) 고온개화 (B) 자연일장 개화



01 보라미



02 무지개



03 휘파람



04 예스모닝



05 매직



06 엘로캡



07 일월



08 체리블러섬



09 포리스트아로마



10 시크릿핑크



11 오렌지엔디



12 피치엔디



13 브라이트엔디



14 파워엔디



15 드림라운드



16 파이어핑크



17 하이백산



18 수미



19 백마



20 신마



21 예스루비



22 예스송



23 예스송(W)



24 예스플릭



25 예스스타



26 옐로우키드



27 러브마인



28 조이크림



29 해피엔디



30 버블엔디



31 신명



32 조이핑크



33 스위트캔디



34 옐로우팡팡



35 핑크프라이드



36 드림옐로우



37 맨트리



38 엔젤



39 필드그린



40 아르거스



41 백선



42 예스누리



43 드림프린스



44 바티칸



45 예스투게더



46 예스나우



47 그린위치



48 퍼플콘



49 프로기



50 블랙마블



51 핑크베리



52 블루호프



53 골든아이



54 포드



55 예스코러스



56 옐로우마블



57 매직스타



58 러빙유



59 에스루나



60 그린엔젤



61 백설



62 영농

그림 3. 국화 품종별 개화기 엽과 꽃모양 이미지



01 보라미



02 무지개



03 휘파람



04 예스모닝



05 매직



06 옐로캡



07 일울



08 체리블릿섬



09 포리스트아로마



10 시크릿핑크



11 오렌지엔디



12 피치엔디



13 브라이트엔디



14 파워엔디



15 드림라운드



16 파이어핑크



17 하이백산



18 수미



19 백마



20 신마



21 예스루비



22 예스송



23 예스송(W)



24 예스홀릭



25 예스스타



26 옐로우키드



27 러브마인



28 조이크림



29 해피엔디



30 버블엔디



31 신명



32 조이핑크



33 스위트캔디



34 옐로우팡팡



35 핑크프라이드



36 드림옐로우



37 맨트리



38 엔젤



39 필드그린



40 아르거스



41 백선



42 예스누리



43 드림프린스



44 바티칸



45 예스투게더



46 예스나우



47 그린위치



48 퍼플콘



49 프로기



50 블랙마블



51 핑크베리



52 블루호프



53 골든아이



54 포드



55 예스코러스



56 옐로우마블



57 매직스타



58 러빙유



59 예스루나



60 그린엔젤



61 백설



62 영농

그림 4. 국화품종별 개화형태 이미지

3. 국제신품종보호연맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술을 활용한 DNA Profile DB 구축

○ 제 2 세부에서 제공 받은 primer set은 대부분 major single band형태의 PCR 증폭결과를 보였음. 하지만 primer set 5와 9는 multiple band의 형태를 보여 이후의 분석에서 삭제할 하였음 (그림5)

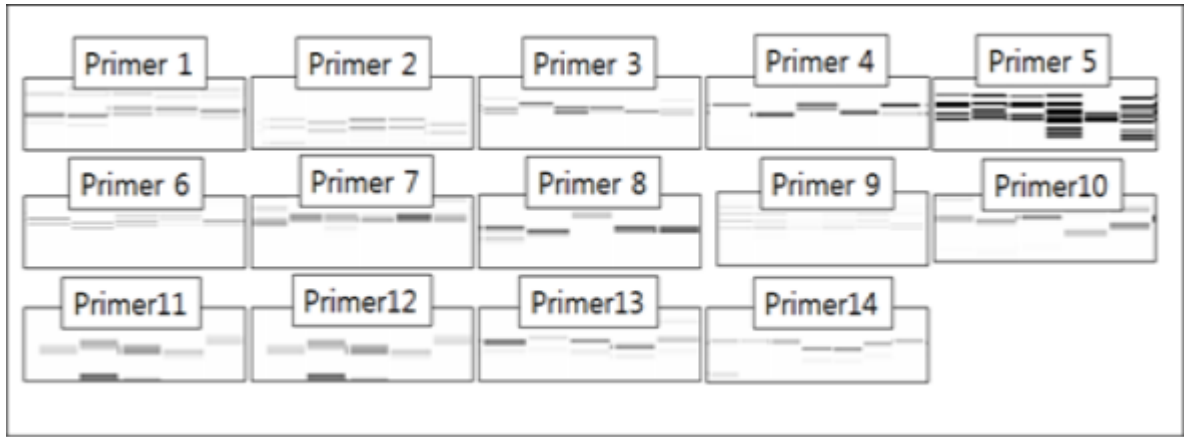


그림 5. 개발된 SSR 프라이머 셋의 PCR 증폭 결과. 증폭된 DNA는 AdvanCE™ parallel capillary에서 전기영동 되었음

- 총 12개의 SSR 프라이머셋으로 64 국화품종에 대해 PCR증폭을 수행하였고, AdvanCE™ parallel capillary에서의 전기영동 결과로부터 도출된 증폭된 DNA의 major band에 대한 크기(base pair)는 표 7에 요약됨

표 7. 선택된 12 SSR 프라이머 셋의 64국화 품종에 대한 주요 PCR 증폭산물 크기

샘플명	Primer set ID											
	1	2	3	4	6	7	8	10	11	12	13	14
예스누리	200 ^a	193	235	286	166	229	218	251	218	136	92	133
예스코러스	198	193	233	291	171	71	218	244	212	136	115	137
엘로우 광광	197	186	241	291	170	71	219	244	214	135	115	160
드림프린스	198	231	233	286	171	70	218	242	212	135	115	164
카스텔리	202	233	237	291	167	229	219	244	217	135	114	165
맨트리	200	196	234	287	171	71	218	247	215	136	116	165
예스 투게터	201	185	232	291	172	71	218	243	212	135	115	137
예스 나우	198	191	NA	286	166	230	219	244	213	135	113	136
예스 스타	198	195	235	287	170	228	217	245	214	136	115	137
그린 위치	198	197	236	287	174	71	223	245	218	137	116	137
핑크 프라이드	204	233	234	291	170	234	218	254	215	136	111	165
퍼플콘	203	189	236	287	167	233	218	251	217	135	114	165
프로기	198	192	235	291	175	230	218	244	213	136	115	135
블랙마블	205	195	233	291	167	230	219	249	216	136	115	135
레오파드	202	193	233	287	171	229	219	252	217	136	115	137
아르거스	197	194	NA	288	166	233	219	253	214	135	116	137
보라미	200	193	236	286	175	228	218	245	217	135	115	137
무지개	200	194	235	287	166	229	219	254	213	135	115	135

휘파람	197	196	236	287	167	229	219	244	214	136	115	137
에스모닝	203	193	236	287	171	229	218	250	215	136	115	137
매직	197	195	238	288	168	229	219	253	214	135	111	162
엘로우캡	201	195	239	287	167	229	218	247	213	133	115	137
체리블릿섬	200	194	NA	287	170	71	218	246	214	136	115	364
시크릿 핑크	201	198	NA	287	167	230	219	247	219	136	115	NA
오렌지 엔디	199	194	238	292	169	229	218	242	213	136	115	165
브라이트 엔디	199	195	236	296	171	229	219	244	216	134	114	137
SP13-154-01	202	195	235	293	169	229	218	247	214	135	114	165
조이핑크	199	193	236	292	166	233	218	246	216	135	115	137
핑크 베리	NA	NA	NA	72	171	71	218	NA	NA	NA	NA	324
블루 호프	198	195	237	287	167	229	219	244	214	136	115	137
콜든아이	199	189	240	292	167	230	218	251	215	136	115	137
신명	NA	194	235	291	168	230	218	246	226	134	114	137
포드	202	194	232	291	210	233	218	247	225	134	115	165
텔리아크림	204	195	230	290	212	232	218	246	216	136	115	137
일월	204	NA	231	292	210	233	219	246	214	134	115	161
파워엔디	200	195	232	287	79	70	219	246	219	134	116	234
파이어 핑크	204	195	231	286	205	229	218	245	219	133	115	137
드림라운드	199	196	231	287	204	230	218	252	218	133	113	161
드림 엘로우	NA	195	231	291	205	233	219	245	229	136	115	161
필드그린	203	194	236	288	198	230	219	247	214	133	115	164
엘로우 마블	200	193	232	286	206	229	NA	245	218	136	115	137
엔젤	200	235	232	289	210	230	218	246	218	136	115	164
에스홀릭	202	195	231	286	173	234	219	246	217	135	115	164
버블엔디	193	195	236	292	195	230	219	246	216	134	114	137
해피엔디	203	195	232	293	80	233	219	244	225	138	115	176
스윗캔디	208	194	232	292	211	238	224	245	217	136	115	161
엘로우키드	203	NA	231	292	202	228	218	246	219	136	111	137
러브마인	199	189	233	287	166	233	218	246	219	135	114	157
조이크림	199	196	231	288	212	229	218	462	213	132	115	137
매직스타	200	195	234	286	208	229	218	246	216	134	327	166
러빙유	204	193	232	288	210	229	219	253	213	136	115	165
에스루나	205	199	231	295	165	234	219	245	218	135	115	137
에스루비	205	195	235	288	210	230	220	245	213	133	115	165
그린엔젤	NA	194	NA	292	209	71	222	245	215	133	115	461
피치엔디	200	192	232	291	211	228	218	244	213	133	115	132
에스송	198	190	232	287	205	229	218	244	214	135	115	165
에스엘사	200	194	232	291	210	231	220	245	218	135	115	137

보라미백	NA	193	NA	72	79	70	219	243	214	133	115	137
하이백산	NA	NA	NA	72	79	70	0	NA	NA	NA	NA	NA
백설	206	189	235	291	208	230	219	245	214	133	113	136
백선	203	198	232	294	206	229	222	246	216	133	115	137
신마	198	198	236	293	210	230	218	246	217	135	115	137
수미	202	193	236	291	207	228	217	253	216	135	113	137
백마	202	194	235	294	80	71	222	244	225	NA	115	91

^a, PCR에 의한 증폭 DNA 크기는 AdvanCE™ parallel capillary system에서 결정되었음

- 제 2세부과제에서 개발된 국화 SSR마커 12 set를 적용한 결과, 평균 Number of allele (N)은 12.07(St. Dev. 4.84)이며, Major Allele Frequency (MAF) 은 0.34, Gene Diversity (GD) 및 Polymorphic Information Content (PIC)은 각각0.77와 0.75였음(표 8).

표 8. 국화품종 데이터베이스 구축을 위해 선택된 12개의 SSR마커 특성

Primer set ID	H _O	H _E	MAF	A _N	GD	PIC
1	0	0.89	0.19	12	0.88	0.87
2	0	0.86	0.27	16	0.85	0.84
3	0	0.86	0.21	12	0.85	0.84
4	0	0.85	0.25	12	0.84	0.83
5	0	0.75	0.39	11	0.75	0.72
7	0	0.83	0.30	10	0.82	0.80
8	0	0.63	0.48	7	0.62	0.56
10	0	0.86	0.23	13	0.85	0.84
11	0	0.88	0.21	11	0.87	0.86
12	0	0.74	0.36	7	0.73	0.69
13	0	0.52	0.68	7	0.52	0.49
14	0	0.78	0.44	18	0.77	0.75
Mean	0	0.78	0.34	12.07	0.77	0.75
St. Dev	0	0.14	0.18	4.84	0.14	0.15

HO : Observed Heterozygosity

HE : Expected Heterozygosity

MAF : Major Allele Frequency

AN: Allele number

PIC: Polymorphic Information Content

- 신규 마커 set은 비교적 다형성(polymorphism)이 큰 것으로 사료되고, 국화 품종에 대한 대조군 (파이어핑크, 신마 등 별표, Fgiure2참조)과의 유전적 구분을 성공적으로 할 수 있었음
- 대조품종에 대해 피치엔드를 포함한 5점은 유전적 유사도가 70% 이상임 (피치엔드 등 네모, Figure 2 참조)

- 이는 분석에 이용된 국화집단이 HWE를 따르지 않기 때문으로 추정됨
- 이를 보완하기 위해 Delta K값을 이용해 본 결과, K=4에서 가장 높은 값을 나타냄
- 이는 현재 분석된 64개의 국화 품종을 대략 4개의 group으로 분류할 수 있다는 가능성을 제시
- 이는 UPGMA로 구축된 Tree와 일관된 결과를 보이지만 Delta K 값이 매우 불안정하므로 예측된 값은 더 많은 마커로 확인이 되어 됨
- 현재 group내의 표현형적 특징에 대한 유전적 연관성을 찾고 있음. Garden mum의 경우 하나의 group으로 묶이기 때문에 연관성 분석의 우선순위에 있지만 분석에 이용된 마커 숫자가 매우 작기 때문에 뚜렷한 연관성을 찾는 것이 어려운 실정임

제11절 [제9협동과제: 과수 형태적 특성 및 DNA 검정에 의한 품종별 데이터베이스 구축]

1) 배 품종별 형태적 특성 조사

배 107품종의 형태적 특성을 조사하기 위해 국립원예특작과학원에 식재되어 배를 대상으로 수행하였다. 조사 품종은 국내 육성품종 (‘원황’ 등 37), 일본도입(‘신고’ 등 33), 중국도입(‘당산수’ 등 10), 서양배(‘Bartlett’ 등 8), 재래종(‘황실리’ 등 7), 야생종 및 콩배류 (Mamenashi 5 등 12) 107종으로 구성되었다(표 1).

조사 항목은 생육특성(수세 등), 화기특성(꽃의 수, 개화직전 외부색깔, 꽃잎 형태, 꽃잎의 수 등), 엽특성(형태, 엽선형태, 엽저형태, 거치형태), 과실특성(과형, 과경부 깊이, 과경부 폭, 과정부 깊이, 과정부 폭, 꽃받침 탈락용이성, 크기, 과피색, 과점크기, 과피촉감, 동녹, 과경장, 과경굵기, 육경), 블루베리는 신초마디 길이, 잎(길이, 너비, 녹색 정도), 꽃(길이, 너비, 화관 직경), 과실(횡경, 종경, 당도, 산도, 경도, 색도, 무게), 생육기(맹아기, 발아기, 만개기, 낙화기, 수확 시작일, 수확 종료일, 수확 기간)에 대하여 국립종자원의 배 특성조사요령과 농촌진흥청의 농사시험연구조사기준(2012)에 따라 평가하였다.

표 1. 배 형태적 특성조사 대상 품종

No.	Variety	No.	Variety	No.	Variety	No.	Variety
1	Gamro	28	Imamuraaki	55	Hoshi	82	Yasato
2	Manpoong	29	Yoshikaori	56	Kosui	83	Gwansang 1
3	Manhwang	30	Okusankichi	57	Gamcheon	84	Gwansang 2
4	Mihwang	31	Hokushin	58	Geumchonjosaeng	85	Gwansang 3
5	Sunhwang	32	Chousen	59	Noksu	86	Baeyeong 3
6	Seolwon	33	Tama	60	Mansu	87	Aristocrat
7	Sodam	34	Niitaka	61	Minibae	88	B-11
8	Solmi	35	Meigetsu	62	Jinhwang	89	Bradford
9	Sooyoung	36	Shinseiki	63	Danbae	90	OPR113
10	Soohwang	37	Shinsui	64	Greensys	91	OPR265
11	Supergold	38	Shinkou	65	Ooharabeni	92	OPR264
12	Sweet Skin	39	Atago	66	Kiyomaro	93	Redspire
13	Sweet Cost	40	Eri	67	Beniamin	94	Willard
14	Shinil	41	Oushuu	68	Abate Fetel	95	Nonsan
15	Shincheon	42	Kumoi	69	Bartlett	96	Cheongsilli(Gongju)
16	Shinhwa	43	Na 11	70	PassaCrassane	97	Hwangbae(Goisan)
17	Youngsan	44	Inunashi	71	Beze Ligelya	98	Shinchu
18	Gihoo 1	45	Nijisseiki	72	Bosc	99	Kkulbae
19	Wonhwang	46	Choju	73	Hongli 35	100	Youngmokli
20	Joseanghwangkeum	47	Chojuro	74	Jinchuanxueli	101	Cheongseoli
21	Joyskin	48	Waseaka	75	Datouhuangli	102	Hwangsilli
22	Changjo	49	Shinzu	76	Laiyangcili	103	P. aromatica

No.	Variety	No.	Variety	No.	Variety	No.	Variety
23	Hanareum	50	Amanogawa	77	Manyuanxiang	104	P. babauttiagi
24	Hwasan	51	Suisei	78	Xuehuali	105	P. dimorphphylla
25	Hwangkeum	52	Paldal	79	Qinglongtian	106	P. hondoensis
26	Kinchaku	53	Kozo	80	Dangsansuli	107	Iwateyamanashi
27	Kimizukawase	54	Hakkou	81	Huangxianchangba		

표 2. 배 유연관계 분석에 사용한 품종

No.	Variety	No.	Variety	No.	Variety
1	Keumchonjoseang	15	Gamro	29	Kumoi
2	Noksu	16	Sweet Skin	30	Nijisseiki
3	Minibae	17	Hwasan	31	Chojuro
4	Sunhwang	18	Kinchaku	32	Waseaka
5	Sooyoung	19	Myeongwal	33	Chousen
6	Soohwang	20	Na 45	34	Shinchu
7	Sinil	21	Na 53	35	Amanogawa
8	Wonhwang	22	Na 62	36	Suisei
9	Josaanghwanggeum	23	Yoshikaori	37	Yasato
10	Jinhwang	24	Hokushin	38	Hakkou
11	Changjo	25	Tama	39	Hosui
12	Chuhwang	26	Nitaka	40	Kouzou
13	Hanareum	27	Shinseiki	41	Kousui
14	Hwangkeubae	28	Eri	-	-

□ 통계 분석

SAS 10.0 통계 프로그램을 사용하여 각 형질별 최대값, 최소값, 평균값 등의 기초 통계량을 산출하여 평균값±표준오차로 형질에 따른 데이터를 표시하였다.

NTsys 2.1 프로그램을 사용하여 dendrogram으로 그렸다. Simple matching coefficient로 유전적 유사도를 구하였으며 군집분석은 UPGMA(Unweighed Pair Group Method using Arithmetic averages) 방법으로 분석하였다.

□ 결과 및 고찰

배 수자는 직립성이 46품종으로 가장 많았으며 ‘신수’, ‘만풍배’가 표준품종으로서 국내 육성품종 ‘감천배’, ‘금촌조생’, ‘미니배’, ‘미황’, ‘선황’, ‘수영’, ‘수황배’, ‘슈퍼골드’, ‘진황’, ‘스위트스킨’, ‘화산’, ‘원교 나-11’, ‘솔미’가 포함되었다. 수세는 표준품종으로 ‘신수’, ‘만풍배’가 포함된 강이 59품종으로 가장 많았으며, 국내 육성품종 ‘금촌조생’, ‘만수’, ‘미니배’, ‘미황’, ‘신천’, ‘영산배’, ‘원황’, ‘조생황금’, ‘한아름’, ‘황금배’, ‘감로’, ‘스위트스킨’, ‘스위트코스트’, ‘기후 1호’, ‘설원’이 포함되었다. 일년지 색깔은 표준품종 ‘풍수’, ‘황금배’의 검은색 편

갈색이 64품종으로 가장 많았다. 피목수는 ‘솔미’가 19.00개로 가장 적었으며 ‘Aristocrat’는 121.50개로 가장 많았다.



그림 1. 1년생 가지 색상, 피목수

표 3. 배 품종별 생육 특성

품종	수자	수세	일년생가지 색깔	피목수
Nonsan	개장성	강	어두운 자주색	62.50
Iwateyamanashi	개장성	강	검은색 띠 갈색	96.40
Inunashi	직립성	중	검은색 띠 갈색	40.00
Gamcheon	직립성	약	검은색 띠 갈색	53.92
Gwansang 1	개장성	약	검은색 띠 갈색	70.60
Gwansang 3	개장성	약	검은색 띠 갈색	42.11
Geumchonjosaeng	직립성	강	검은색 띠 갈색	44.25
Noksu	개장성	중	검은색 띠 갈색	50.57
Danbae	개장성	강	검은색 띠 갈색	37.57
Mansu	개장성	강	검은색 띠 갈색	78.67
Manpoong	개장성	강	검은색 띠 갈색	70.63
Minibae	직립성	강	검은색 띠 갈색	27.35
Mihwang	직립성	강	갈색	49.25
Sunhwang	직립성	중	검은색 띠 갈색	40.33
Sooyoung	직립성	중	갈색	31.17
Sohwang	직립성	약	갈색	47.33
Supergold	직립성	약	검은색 띠 갈색	86.80
Shinil	개장성	중	검은색 띠 갈색	72.33
Shincheon	하수성	강	갈색	54.83
Youngsan	개장성	강	검은색 띠 갈색	25.86
Wonhwang	하수성	강	검은색 띠 갈색	43.13
Joseanghwangkeum	하수성	강	검은색 띠 갈색	53.80
Jinhwang	직립성	중	검은색 띠 갈색	64.38
Changjo	개장성	중	검은색 띠 갈색	34.22
Chuhwangbae	개장성	중	검은색 띠 갈색	39.57
Hanareum	하수성	강	검은색 띠 갈색	85.93
Hwangkeum	하수성	강	검은색 띠 갈색	72.40
Gamro	개장성	강	검은색 띠 갈색	51.83
Sweet Skin	직립성	강	검은색 띠 갈색	61.43

Hwasan	직립성	중	검은색 띠 갈색	68.14
Sweet Cost	개장성	강	갈색	19.86
Kinchaku	하수성	중	갈색	61.00
Meigetsu	하수성	중	검은색 띠 갈색	61.00
NA 11	직립성	중	어두운 자주색	27.50
Gihoo 1	하수성	강	검은색 띠 갈색	28.33
Seolwon	하수성	강	검은색 띠 갈색	84.29
Joyskin	개장성	중	검은색 띠 갈색	71.25
Solmi	직립성	중	검은색 띠 갈색	19.00
Sodam	개장성	중	검은색 띠 갈색	86.78
Gwansangdream	개장성	중	어두운 자주색	52.67
Kimizukawase	개장성	강	검은색 띠 갈색	50.00
Imamuraaki	하수성	강	검은색 띠 갈색	77.67
Yoshikaori	직립성	중	검은색 띠 갈색	32.33
Okusankichi	직립성	강	검은색 띠 갈색	40.50
Hokushin	직립성	강	검은색 띠 갈색	78.67
Tama	직립성	약	검은색 띠 갈색	48.33
Niitaka	하수성	강	검은색 띠 갈색	49.38
Shinseiki	하수성	약	검은색 띠 갈색	31.75
Shinsui	직립성	강	검은색 띠 갈색	74.83
Eri	직립성	강	갈색	47.60
Oushuu	개장성	중	검은색 띠 갈색	60.50
Kumoi	직립성	강	검은색 띠 갈색	37.60
Nijisseiki	개장성	중	검은색 띠 갈색	52.13
Choju	직립성	강	갈색	43.00
Chojuro	하수성	중	검은색 띠 갈색	37.90
Waseaka	개장성	중	검은색 띠 갈색	46.71
Chousen	하수성	강	검은색 띠 갈색	41.00
Shinchu	개장성	강	검은색 띠 갈색	44.00
Amanogawa	하수성	강	검은색 띠 갈색	51.56
Suisei	하수성	중	검은색 띠 갈색	56.60
Yasato	하수성	강	검은색 띠 갈색	52.14
Hakkou	하수성	중	검은색 띠 갈색	42.38
Hosui	하수성	중	검은색 띠 갈색	73.57
Kozo	개장성	중	검은색 띠 갈색	53.22
Kosui	개장성	강	검은색 띠 갈색	46.00
Atago	직립성	약	검은색 띠 갈색	42.00
OPR113	하수성	중	갈색	63.00
OPR195	개장성	강	검은색 띠 갈색	69.00
Datouhuangli	하수성	강	검은색 띠 갈색	42.29
Laiyangcili	직립성	강	검은색 띠 갈색	70.20
Manyuanxiang	하수성	중	검은색 띠 갈색	37.00
Xuehuali	직립성	강	검은색 띠 갈색	37.40
Shinzu	개장성	강	어두운 자주색	23.71
Qinglongtian	직립성	강	어두운 자주색	44.00
Dangsansuli	개장성	강	검은색 띠 갈색	54.00
Huangxianchangba	개장성	강	검은색 띠 갈색	85.75
Hongli 35	직립성	강	어두운 자주색	72.40
Jinchuanxueli	직립성	중	검은색 띠 갈색	75.00
Cheongsilli(Gongju)	직립성	강	어두운 자주색	41.29
Hwangbae(Goisan)	하수성	강	검은색 띠 갈색	75.40
Kkulbae	직립성	강	어두운 자주색	57.00
Youngmokli	직립성	강	어두운 자주색	42.13
Cheongseoli	직립성	강	어두운 자주색	23.60
Hwangssilli	직립성	강	어두운 자주색	69.80
Manhwang	-	-	-	-
Aristocrat	직립성	약	갈색	121.50

OPR-264	직립성	약	회색 띠 갈색	111.00
OPR-265	직립성	중	회색 띠 갈색	69.33
P. aromatica	개장성	강	갈색	74.80
P. babauttiagi	직립성	약	갈색	28.75
P. hondoensis	직립성	강	갈색	95.50
P. dimorphophylla	하수성	중	갈색	57.20
Ooharabeni	직립성	강	갈색 띠 자주색	46.63
Beniamin	하수성	강	갈색 띠 자주색	50.00
Abate Fetel	하수성	강	갈색 띠 자주색	47.50
Bartlett	직립성	강	회색 띠 녹색	69.64
Bradford	직립성	강	회색 띠 갈색	80.67
Kiyomaro	하수성	강	진한 갈색	53.25
Bosc	직립성	강	회색 띠 갈색	56.43
Passe Crassane	직립성	강	갈색	98.83
Redspire	하수성	강	진한 갈색	97.83
Beze Ligelya	개장성	중	갈색 띠 자주색	47.00
Shinhwa	-	-	-	-
Greensys	-	-	-	-
Baeyeong 3	-	-	-	-
OPR-125	-	-	-	-
Gwansang 2	-	-	-	-

꽃의 수는 국내육성품종 ‘소담’ 이 4.5개로 가장 적었으며 국내육성품종 ‘스위트스킨’ 과 동양배 ‘행수’ 가 9.0개로 가장 많았다. 개화 직전 외부 색깔은 조사한 50품종 가운데 흰색 이 32품종으로 가장 많았으며, 꽃잎 형태는 원형이 43품종으로 가장 많았다. 국내 육성품종 의 경우 조사된 24품종 가운데 ‘미니배’, ‘추황배’, ‘조이스킨’, ‘감로’ 를 제외한 20품종이 원형으로 조사되었다. 꽃잎의 수는 5.0~7.7개로 품종에 따라 다양하게 나타났다. 꽃 잎의 종경 크기는 11.2~18.0mm, 횡경 크기는 9.3~21.4mm였으며, 약 밝기는 조사한 28품종 가운데 밝다가 14품종으로 가장 많은 것으로 조사되었다.

표 4. 배 품종별 화기 특성

Cultiva	꽃의 수	개화 직전 외부 색깔	꽃잎 형태	꽃잎 수	꽃잎 크기 (종경) (mm)	꽃잎 크기 (횡경) (mm)	약 밝기
Nonsan	-	-	-	-	-	-	-
Iwateyamanashi	-	-	-	-	-	-	-
Inunashi	-	-	-	-	-	-	-
Gamcheon	7.6	연한 분홍색	원형	5.1	12.6	11.5	밝다
Gwansang 1	6.6	연한 빨간색	원형	6.3	13.7	13.0	어둡다
Gwansang 3	7.4	연한 빨간색	난형	5.0	11.7	9.3	어둡다
Geumchonjosaeng	6.2	-	원형	5.0	11.2	11.8	밝다
Noksu	7.7	-	원형	5.9	12.9	12.2	밝다
Danbae	5.2	-	원형	5.0	13.2	12.6	밝다
Mansu	6.0	-	원형	5.0	12.9	12.1	밝다
Manpoong	-	-	-	-	-	-	-
Minibae	6.5	흰색	난형	5.5	15.0	12.7	-
Mihwang	-	-	-	-	-	-	-

Sunhwang	8.0	흰색	원형	5.4	16.4	15.3	밝다
Sooyoung	6.9	흰색	원형	5.2	14.3	12	밝다
Soohwang	7.0	흰색	원형	5.0	15.7	15.1	-
Supergold	-	-	-	-	-	-	-
Shinil	7.3	흰색	원형	5.5	14.6	13.7	밝다
Shincheon	5.6	연한 분홍색	원형	6.0	15.4	14.1	밝다
Youngsan	7.4	.	원형	5.1	13.0	13.2	밝다
Wonhwang	7.0	흰색	원형	5.0	15.5	14.9	밝다
Joseanghwangkeum	7.9	흰색	원형	6.8	14.5	13.2	-
Jinhwang	6.9	흰색	원형	6.2	11.2	11.3	-
Changjo	7.0	흰색	원형	5.4	14.7	14.1	-
Chuhwangbae	8.2	연한 빨간색	난형	7.2	18.0	15.4	어둡다
Hanareum	7.2	흰색	원형	5.0	14.3	13.1	-
Hwangkeum	6.9	흰색	원형	5.4	14.8	12.7	어둡다
Gamro	6.0	-	타원형	6.0	16.6	13.1	중간
Sweet Skin	9.0	연한 분홍색	원형	7.7	13.1	12.7	어둡다
Hwasan	5.0	연한 분홍색	원형	5.0	15.7	15.7	중간
Sweet Cost	-	-	-	-	-	-	-
Kinchaku	6.5	연한 분홍색	난형	5.7	15.7	12.3	어둡다
Meigetsu	6.6	분홍색	원형	5.4	17.0	16.8	어둡다
NA 11	-	-	-	-	-	-	-
Gihoo 1	6.6	흰색	원형	5.0	15.7	13.5	-
Seolwon	-	-	-	-	-	-	-
Joyskin	6.4	흰색	난형	5.0	15.4	16.9	-
Solmi	-	-	-	-	-	-	-
Sodam	4.5	흰색	원형	5.8	13.5	14.1	-
Gwansangdream	-	-	-	-	-	-	-
Kimizukawase	-	-	-	-	-	-	-
Imamuraaki	-	-	-	-	-	-	-
Yoshikaori	7.1	연한 분홍색	원형	5.1	14.0	13.8	어둡다
Okusankichi	6.3	흰색	원형	5.0	15.6	15.5	-
Hokushin	7.7	흰색	원형	5.3	14.0	13.1	-
Tama	7.9	흰색	난형	5.0	16.1	14.3	-
Niitaka	6.7	흰색	원형	5.0	15.9	15.2	-
Shinseiki	7.8	-	원형	5.0	16.1	14.7	어둡다
Shinsui	-	-	-	-	-	-	-
Eri	6.4	흰색	원형	5.0	12.0	13.2	-
Oushuu	6.8	연한 분홍색	원형	5.1	15.8	14.5	-
Kumoi	7.0	흰색	원형	5.0	14.7	14.2	-
Nijisseiki	8.0	연한 분홍색	원형	6.7	17.2	15.6	중간
Choju	-	-	-	-	-	-	-
Chojuro	5.7	연한 분홍색	원형	5.0	13.2	13.8	-
Waseaka	6.3	흰색	난형	7.5	17.1	14.8	-
Chousen	7.0	흰색	난형	5.0	15.6	14.8	-
Shinchu	6.4	흰색	.	5.0	13.0	13.5	-
Amanogawa	6.8	.	난형	5.0	17.0	15.6	-
Suisei	8.4	흰색	타원형	7.3	16.4	13.1	-
Yasato	6.8	연한 분홍색	원형	5.3	17.4	15.5	밝다
Hakkou	7.9	연한 빨간색	난형	5.1	14.7	13.0	밝다

Hosui	7.2	연한 분홍색	원형	5.5	17.6	16.9	중간
Kozo	7.4	연한 분홍색	원형	7.7	18.4	16.6	어둡다
Kosui	9.0	흰색	난형	7.1	17.8	16.3	-
Atago	-	-	-	-	-	-	-
OPR113	-	-	-	-	-	-	-
OPR195	7.0	흰색	원형	5.0	9.7	10.4	밝다
Datouhuangli	-	-	-	-	-	-	-
Laiyangcili	-	-	-	-	-	-	-
Manyuanxiang	-	-	-	-	-	-	-
Xuehuali	6.0	연한 빨간색	난형	5.0	15.5	13.7	-
Shinzu	-	-	-	-	-	-	-
Qinglongtian	-	-	-	-	-	-	-
Dangsansuli	6.9	흰색	원형	5.0	19.8	21.4	-
Huangxianchangba	-	-	-	-	-	-	-
Hongli 35	8.6	흰색	난형	5.2	16.8	14.0	-
Jinchuanxueli	6.0	흰색	난형	5.0	17.8	14.6	-
Cheongsilli(Gongju)	-	-	-	-	-	-	-
Hwangbae(Goisan)	6.3	흰색	원형	5.0	14.1	15.2	-
Kkulbae	-	-	-	-	-	-	-
Youngmokli	-	-	-	-	-	-	-
Cheongseoli	-	-	-	-	-	-	-
Hwangssilli	6.3	흰색	원형	5.0	14.1	15.2	-
Manhwang	-	흰색	원형	5.0	16.7	15.8	-
Aristocrat	-	-	-	-	-	-	-
OPR-264	-	-	-	-	-	-	-
OPR-265	-	-	-	-	-	-	-
P. aromatica	-	-	-	-	-	-	-
P. babauttiagi	-	-	-	-	-	-	-
P. hondoensis	-	-	-	-	-	-	-
P. dimorphophylla	-	-	-	-	-	-	-
Ooharabeni	-	-	-	-	-	-	-
Beniamin	-	-	-	-	-	-	-
Abate Fetel	-	-	-	-	-	-	-
Bartlett	-	-	-	-	-	-	-
Bradford	-	-	-	-	-	-	-
Kiyomaro	-	-	-	-	-	-	-
Bosc	-	-	-	-	-	-	-
Passe Crassane	-	-	-	-	-	-	-
Redspire	-	-	-	-	-	-	-
Beze Ligelya	-	-	-	-	-	-	-
Shinhwa	-	-	-	-	-	-	-
Greensys	-	-	-	-	-	-	-
Baeyeong 3	-	-	-	-	-	-	-
OPR-125	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 2	-	-	-	-	-	-	-

엽 형태는 표준품종으로 ‘신고’, ‘황금배’가 포함된 장타원형이 45품종으로 가장 많았으며, 엽선형태는 표준품종 ‘신고’의 형태인 원두가 34품종으로 가장 많았다. 엽저 형태는 동양배의 경우 예저가 33품종으로 가장 많았으며, 서양배는 직각의 형태가 8개로 가장 많았다. 거치형태로서 동양배는 대부분 치아상거치와 둔거치로 분류되었으며, 서양배는 뾰족한 톱니 2품종을 제외하고 톱니, 무딘 톱니형태를 가지는 것으로 조사되었다.

표 5. 배 품종별 엽 특성

품종	형태	엽선형태	엽저 형태	거치형태
Nonsan	장타원형	점첨두	예저	둔거치
Iwateyamanashi	장타원형	예두	원저	둔거치
Inunashi	장타원형	점첨두	무저	둔거치
Gamcheon	장타원형	점첨두	예저	둔거치
Gwansang 1	타원형	원두	예저	치아상거치
Gwansang 3	장타원형	점첨두	무저	둔거치
Geumchonjosaeng	장타원형	점첨두	원저	둔거치
Noksu	장타원형	원두	무저	둔거치
Danbae	장타원형	원두	예저	둔거치
Mansu	타원형	원두	원저	둔거치
Manpoong	장타원형	점첨두	예저	둔거치
Minibae	장타원형	점첨두	예저	둔거치
Mihwang	장타원형	점첨두	예저	치아상거치
Sunhwang	장타원형	원두	예저	둔거치
Sooyoung	장타원형	점첨두	원저	둔거치
Soohwang	장타원형	원두	원저	둔거치
Supergold	타원형	예두	원저	예거치
Shinil	타원형	예두	예저	치아상거치
Shincheon	장타원형	예두	예저	치아상거치
Youngsan	장타원형	예두	예저	치아상거치
Wonhwang	장타원형	점첨두	예저	치아상거치
Joseanghwangkeum	장타원형	예두	원저	치아상거치
Jinhwang	장타원형	점첨두	예저	치아상거치
Changio	장타원형	원두	원저	치아상거치
Chuhwangbae	장타원형	예두	무저	둔거치
Hanareum	장타원형	원두	원저	둔거치
Hwangkeum	타원형	원두	예저	예거치
Gamro	난형	예두	원저	둔거치
Sweet Skin	타원형	원두	예저	치아상거치
Hwasan	장타원형	원두	무저	치아상거치
Sweet Cost	장타원형	점첨두	예저	치아상거치
Kinchaku	난형	예두	원저	치아상거치
Meigetsu	타원형	원두	무저	치아상거치
NA 11	타원형	예두	예저	치아상거치
Gihoo 1	장타원형	점첨두	원저	치아상거치
Seolwon	장타원형	원두	예저	예거치
Joyskin	원형	원두	원저	치아상거치
Solmi	타원형	원두	심장저	둔거치
Sodam	난형	원두	예저	예거치
Gwansangdream	난형	예두	예저	둔거치
Kimizukawase	난형	원두	예저	둔거치
Imamuraaki	난형	원두	무저	치아상거치
Yoshikaori	장타원형	예두	원저	둔거치
Okusankichi	원형	원두	무저	치아상거치
Hokushin	난형	예두	원저	치아상거치
Tama	장타원형	점첨두	무저	예거치
Niitaka	난형	원두	원저	둔거치
Shinseiki	장타원형	점첨두	원저	치아상거치
Shinsui	장타원형	점첨두	예저	치아상거치
Eri	장타원형	예두	원저	치아상거치
Oushuu	원형	원두	예저	둔거치
Kumoi	장타원형	원두	심장저	둔거치

Nijisseiki	타원형	접촉두	예저	치아상거치
Choju	장타원형	원두	예저	치아상거치
Chojuro	난형	원두	원저	둔거치
Waseaka	장타원형	접촉두	무저	둔거치
Chousen	타원형	원두	무저	둔거치
Shinchu	장타원형	원두	원저	둔거치
Amanogawa	난형	예두	원저	예거치
Suisei	원형	원두	원저	예거치
Yasato	장타원형	예두	원저	치아상거치
Hakkou	장타원형	접촉두	무저	예거치
Hosui	장타원형	접촉두	원저	치아상거치
Kozo	타원형	예두	예저	치아상거치
Kosui	난형	원두	원저	예거치
Atago	난형	예두	예저	치아상거치
OPR113	장타원형	원두	무저	예거치
OPR195	원형	원두	예저	둔거치
Datouhuangli	장타원형	예두	무저	예거치
Laiyangcili	장타원형	접촉두	무저	치아상거치
Manyuanxiang	난형	접촉두	예저	치아상거치
Xuehuali	난형	예두	원저	치아상거치
Shinzu	원형	예두	무저	치아상거치
Qinglongtian	난형	접촉두	무저	치아상거치
Dangsansuli	타원형	원두	무저	예거치
Huangxianchangba	타원형	접촉두	무저	치아상거치
Hongli 35	타원형	접촉두	예저	치아상거치
Jinchuanxueli	난형	원두	무저	둔거치
Cheongsilli(Gongju)	장타원형	접촉두	예저	둔거치
Hwangbae(Goisan)	원형	원두	심장형	둔거치
Kkulbae	장타원형	접촉두	무저	치아상거치
Youngmokli	장타원형	접촉두	예저	치아상거치
Cheongseoli	장타원형	예두	무저	둔거치
Hwangsilli	타원형	원두	예저	둔거치
Manhwang	-	-	-	-
Aristocrat	-	-	뾰족한	툽니
OPR-264	-	-	뾰족한	툽니
OPR-265	-	-	뾰족한	툽니
P. aromatica	-	-	직각의	무딘 툽니
P. babauttiagi	-	-	직각의	툽니
P. hondoensis	-	-	편평한	툽니
P. dimorphophylla	-	-	편평한	툽니
Ooharabeni	-	-	직각의	뾰족한 툽니
Beniamin	-	-	편평한	무딘 툽니
Abate Fetel	-	-	직각의	무딘 툽니
Bartlett	-	-	뾰족한	무딘 툽니
Bradford	-	-	직각의	무딘 툽니
Kiyomaro	-	-	직각의	뾰족한 툽니
Bosc	-	-	직각의	툽니
Passe Crassane	-	-	뾰족한	무딘 툽니
Redspire	-	-	직각의	무딘 툽니
Beze Ligelya	-	-	뾰족한	툽니
Shinhwa	-	-	-	-
Greensys	-	-	-	-
Baeyeong 3	-	-	-	-
OPR-125	-	-	-	-
Gwansang 2	-	-	-	-

착과된 49품종의 과실 특성에 대하여 조사한 결과, 과형은 편원형이 39품종으로 가장 많았다. 과중은 ‘행장’이 132.4g으로 가장 적었으며 ‘창조’가 572.8g으로 가장 컸다. 과경부깊이는 ‘팔리’가 7.57mm로 가장 작았으며, ‘금촌조생’이 22.60mm으로 가장 큰 것으로 나타났다. 과경부폭은 ‘팔리’가 19.88mm로 가장 작았으며 ‘녹수’가 45.36mm로 가장 큰 것으로 나타났다. 과경부깊이는 ‘미니배’가 5.80mm로 가장 작았으며 ‘설화리’가 28.61mm로 가장 컸다. 꽃받침 탈락 용이성은 강하다가 31품종으로 가장 많았으며 ‘설화리’와 ‘괴산황배’는 탈락 용이성이 없는 것으로 나타났다.

표 6. 배 품종별 과실 특성(1)

품종	과형	과중 (g)	과경부 깊이 (mm)	과경부폭 (mm)	과경부깊이 (mm)	과경부폭 (mm)	꽃받침 탈락 용이성
Nonsan	-	-	-	-	-	-	-
Iwateyamanashi	-	-	-	-	-	-	-
Inunashi	-	-	-	-	-	-	-
Gamcheon	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 1	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 3	-	-	-	-	-	-	-
Geumchonjosaeng	편원형	478.0	22.60	43.24	12.03	33.20	약하다
Noksu	편원형	443.0	21.76	45.36	12.69	37.25	중간
Danbae	-	-	-	-	-	-	-
Mansu	-	-	-	-	-	-	-
Manpoong	-	-	-	-	-	-	-
Minibae	편원형	176.5	10.79	26.09	5.80	22.99	강하다
Mihwang	-	-	-	-	-	-	-
Sunhwang	편원형	411.4	16.96	34.51	15.79	38.17	강하다
Sooyoung	원형	367.2	12.59	27.20	14.19	31.12	강하다
Soohwang	편원형	501.4	17.88	27.89	13.88	31.57	강하다
Supergold	편원형	287.0	11.81	36.20	10.05	36.97	강하다
Shinil	편원형	231.3	15.37	23.17	12.74	24.77	강하다
Shincheon	원형	-	18.13	31.02	11.33	29.97	강하다
Youngsan	-	-	-	-	-	-	-
Wonhwang	편원형	280.4	14.18	31.76	9.43	28.63	강하다
Joseanghwangkeum	편원형	377.0	10.41	20.56	10.09	25.90	강하다
Jinhwang	편원형	317.3	15.41	37.07	12.57	33.69	강하다
Changjo	편원형	572.8	20.53	33.76	16.68	42.31	강하다
Chuhwangbae	원형	405.5	15.87	36.14	10.32	32.15	약하다
Hanareum	편원형	415.5	15.82	35.46	10.37	30.72	강하다
Hwangkeum	원형	292.9	16.57	32.86	11.58	32.03	강하다
Gamro	편원형	227.6	12.64	35.56	9.06	29.95	강하다
Sweet Skin	편원형	239.2	12.90	34.74	15.93	38.86	약하다
Hwasan	편원형	229.0	13.38	32.94	6.73	23.73	약하다
Sweet Cost	편원형	352.2	14.99	36.30	10.70	31.40	약하다
Kinchaku	편원형	153.7	10.70	26.40	5.70	20.60	약하다
Meigetsu	넓은 타원형	275.0	8.81	30.33	13.99	26.44	강하다
NA 11	-	-	-	-	-	-	-
Gihoo 1	편원형	253.0	12.73	32.94	6.49	24.35	약하다
Seolwon	편원형	524.3	16.61	32.71	14.12	34.37	약하다
Joyskin	편원형	289.3	17.73	36.87	8.69	31.96	약하다
Solmi	편원형	423.5	19.19	36.96	13.81	36.37	강하다

Sodam	원형	295.6	15.12	33.83	8.04	24.68	약하다
Gwansangdream	-	-	-	-	-	-	-
Kimizukawase	-	-	-	-	-	-	-
Imamuraaki	-	-	-	-	-	-	-
Yoshikaori	편원형	269.6	14.68	32.04	7.70	24.43	약하다
Okusankichi	-	-	-	-	-	-	-
Hokushin	편원형	228.0	9.77	24.59	8.19	27.17	강하다
Tama	편원형	197.0	14.96	24.83	13.70	20.79	약하다
Niitaka	편원형	446.0	20.01	36.01	11.45	32.78	강하다
Shinseiki	편원형	278.0	16.81	33.17	10.64	28.47	강하다
Shinsui	-	-	-	-	-	-	-
Eri	넓은편원형	237.8	11.32	26.26	12.87	30.70	강하다
Oushuu	-	-	-	-	-	-	-
Kumoi	편원형	276.0	9.35	31.78	8.68	31.66	강하다
Nijisseiki	편원형	216.8	10.29	28.88	9.54	26.36	강하다
Choju	-	-	-	-	-	-	-
Chojuro	편원형	226.6	14.36	32.31	10.64	28.28	강하다
Waseaka	편원형	193.5	10.68	22.73	5.36	20.85	약하다
Chousen	편원형	230.6	10.11	24.47	8.39	30.50	강하다
Shinchu	편원형	135.3	11.89	25.54	5.55	21.17	강하다
Amanogawa	편원형	428.3	11.01	34.05	12.94	34.06	약하다
Suisei	편원형	290.0	13.45	32.50	11.74	37.99	강하다
Yasato	편원형	203.0	7.57	25.82	9.78	29.19	약하다
Hakkou	원형	339.0	9.53	19.88	11.51	19.76	강하다
Hosui	편원형	322.0	13.85	30.14	11.37	31.01	강하다
Kozo	편원형	132.4	11.25	29.60	11.01	26.01	강하다
Kosui	편원형	207.3	13.32	33.42	10.56	39.00	강하다
Atago	-	-	-	-	-	-	-
OPR113	-	-	-	-	-	-	-
OPR195	-	-	-	-	-	-	-
Datouhuangli	-	-	-	-	-	-	-
Laiyangcili	-	-	-	-	-	-	-
Manyuanxiang	-	-	-	-	-	-	-
Xuehuali	도란형	617.50	13.36	26.43	28.61	37.64	없다
Shinzu	-	-	-	-	-	-	-
Qinglongtian	-	-	-	-	-	-	-
Dangsansuli	-	-	-	-	-	-	-
Huangxianchangba	-	-	-	-	-	-	-
Hongli 35	원형	396.0	14.32	30.77	13.23	30.81	강하다
Jinchuanxueli	-	-	-	-	-	-	-
Cheongsilli(Gongju)	-	-	-	-	-	-	-
Hwangbae(Goisan)	편원형	454.00	19.16	38.10	19.65	42.71	없다
Kkulbae	-	-	-	-	-	-	-
Youngmokli	-	-	-	-	-	-	-
Cheongseoli	-	-	-	-	-	-	-
Hwangsilli	-	-	-	-	-	-	-
Manhwang	-	-	-	-	-	-	-
Aristocrat	-	-	-	-	-	-	-
OPR-264	-	-	-	-	-	-	-
OPR-265	-	-	-	-	-	-	-
P. aromatica	-	-	-	-	-	-	-
P. babauttiagi	-	-	-	-	-	-	-
P. hondoensis	-	-	-	-	-	-	-
P. dimorphophylla	-	-	-	-	-	-	-
Ooharabeni	-	-	-	-	-	-	-
Beniamin	-	-	-	-	-	-	-

Abate Fetel	-	-	-	-	-	-	-	-
Bartlett	-	-	-	-	-	-	-	-
Bradford	-	-	-	-	-	-	-	-
Kiyomaro	-	-	-	-	-	-	-	-
Bosc	-	-	-	-	-	-	-	-
Passe Crassane	-	-	-	-	-	-	-	-
Redspire	-	-	-	-	-	-	-	-
Beze Ligelya	-	-	-	-	-	-	-	-
Shinhwa	-	-	-	-	-	-	-	-
Greensys	-	-	-	-	-	-	-	-
Baeyeong 3	-	-	-	-	-	-	-	-
OPR-125	-	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 2	-	-	-	-	-	-	-	-

배 크기의 종경은 ‘수진조생’이 53.69mm로 가장 작았으며 ‘설화리’가 108.88mm로 가장 컸다. 횡경은 ‘진유’가 64.21mm로 가장 작았으며 ‘창조’가 105.19mm로 가장 컸다. 과피색은 노란색 띠 갈색이 25품종으로 가장 많았으며, 과점크기는 작다가 21품종으로 가장 많았다. 과피촉감은 중간이 25품종으로 가장 많았으며 동녹은 발생하지 않은 품종이 23품종으로 가장 많았으며 팔행은 동녹이 많이 발생하는 것으로 나타났다. 과경장은 ‘북신’이 12.50mm로 가장 작았으며 ‘운정’은 53.30mm로 가장 컸다. 과경굵기는 ‘황금배’가 2.54mm로 가장 작았으며 ‘명월’이 5.41mm로 가장 컸다. 육경은 무와 유의 형태가 고르게 분포되어 있었다.

표 7. 배 품종별 과실 특성(2)

품종	크기(mm)		과피색	과점크기	과피촉감	동녹	과경장 (mm)	과경굵기 (mm)	육경
	종경	횡경							
Nonsan	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Iwateyamanashi	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Inunashi	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gamcheon	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 3	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Geumchonjosaeng	83.64	100.22	녹색, 노란색 띠 갈색	작다	부드럽다	적다	41.93	3.76	무
Noksu	78.75	98.64	노란색	작다	부드럽다	적다	42.24	3.61	무
Danbae	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Mansu	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Manpoong	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Minibae	65.72	70.99	노란색 띠 갈색	중간	중간	무	44.99	3.06	무
Mihwang	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Sunhwang	83.80	95.14	노란색 띠 갈색	크다	중간	적다	37.46	2.99	무
Sooyoung	77.68	87.26	녹색, 노란색 띠 갈색	크다	거칠다	적다	43.34	3.10	무
Soohwang	85.29	100.98	녹색, 노란색 띠 갈색	크다	거칠다	무	35.07	3.71	무

Supergold	66.05	84.39	노란색 면녹색	작다	부드럽다	무	35.60	3.25	유
Shinil	63.05	76.42	노란색 면갈색	크다	중간	중간	36.00	3.39	무
Shincheon	71.30	77.85	노란색 면갈색	크다	중간	무	37.02	2.94	무
Youngsan	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Wonhwang	69.14	83.63	노란색 면갈색	중간	중간	무	41.97	2.64	무
Joseanghwangkeu m	82.29	88.79	노란색	작다	부드럽다	적다	27.24	4.69	유
Jinhwang	69.87	87.25	노란색 면갈색	중간	중간	무	40.75	3.26	유
Changjo	87.63	105.19	노란색 면갈색	크다	중간	적다	43.18	3.03	무
Chuhwangbae	78.31	93.43	노란색 면갈색	작다	거칠다	무	47.30	3.14	무
Hanareum	85.35	90.94	노란색 면갈색	중간	거칠다	무	35.70	2.92	무
Hwangkeum	72.62	80.41	노란색	크다	중간	적다	37.35	2.54	유
Gamro	61.58	76.77	노란색 면갈색	중간	중간	적다	28.55	2.80	유
Sweet Skin	63.52	77.89	노란색 면갈색	작다	중간	적다	30.50	2.89	유
Hwasan	63.46	78.23	노란색 면갈색	크다	중간	없다	44.15	2.63	무
Sweet Cost	76.06	89.28	노란색 면갈색	작다	중간	적다	42.70	3.40	유
Kinchaku	59.82	66.78	노란색	작다	중간	적다	26.80	3.39	유
Meigetsu	76.63	80.51	노란색 면갈색	크다	중간	적다	43.61	5.41	유
NA 11	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gihoo 1	70.36	78.66	노란색 면갈색	중간	부드럽다	중간	31.24	3.16	유
Seolwon	87.98	98.04	노란색	작다	부드럽다	적다	37.78	2.96	무
Joyskin	69.87	82.18	노란색	작다	부드럽다	무	28.69	2.82	유
Solmi	78.83	93.54	노란색 면갈색	중간	거칠다	무	34.25	2.88	무
Sodam	68.06	81.17	노란색	작다	부드럽다	적다	37.81	3.48	유
Gwansangdream	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kimizukawase	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Imamuraaki	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Yoshikaori	68.26	81.01	노란색	작다	부드럽다	무	38.09	2.92	유
Okusankichi	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hokushin	68.59	76.63	노란색	중간	중간	무	12.50	3.53	유
Tama	53.69	76.21	노란색 면갈색	중간	중간	중간	30.59	2.70	무
Niitaka	82.17	96.37	노란색 면갈색	중간	중간	무	39.53	2.68	무
Shinseiki	73.36	81.78	노란색	크다	중간	무	29.53	2.97	유
Shinsui	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Eri	66.87	74.62	노란색	작다	부드럽다	무	40.17	3.81	유
Oushuu	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kumoi	67.65	83.20	노란색 면갈색	중간	중간	무	53.30	3.15	무
Nijisseiki	61.72	76.59	노란색	작다	거칠다	중간	38.06	2.96	유
Choju	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Chojuro	64.00	76.60	노란색 면갈색	작다	거칠다	무	37.43	3.17	무
Waseaka	64.75	73.02	노란색 면갈색	작다	중간	적다	46.90	3.18	무
Chousen	67.85	77.53	노란색	작다	부드럽다	무	39.11	3.10	유

Shinchu	54.19	64.21	노란색 면갈색	중간	중간	무	47.07	2.93	무
Amanogawa	81.70	97.56	노란색 면갈색	크다	거칠다	무	35.67	3.16	무
Suisei	68.18	83.18	노란색	작다	부드럽다	중간	22.68	3.70	무
Yasato	62.99	74.37	노란색	작다	부드럽다	적다	29.32	2.80	유
Hakkou	80.84	88.84	노란색	중간	중간	많다	30.28	3.27	유
Hosui	70.39	84.08	노란색 면갈색	크다	거칠다	무	34.75	2.63	무
Kozo	51.53	65.12	갈색	크다	거칠다	무	54.99	2.69	무
Kosui	64.78	82.58	노란색 면갈색	중간	중간	무	39.21	2.96	유
Atago	-	-	-	-	-	-	-	-	-
OPR113	-	-	-	-	-	-	-	-	-
OPR195	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Datouhuangli	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Laiyangcili	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Manyuanxiang	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Xuehuali	108.88	102.57	노란색	작다	중간	적다	52.23	3.78	유
Shinzu	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Qinglongtian	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Dangsansuli	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Huangxianchangba	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hongli 35	80.94	89.70	노란색	작다	중간	적다	35.52	2.84	유
Jinchuanxueli	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Cheongsilli (Gongju)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hwangbae(Goisan)	81.56	100.32	연한 노란색 면갈색	중간	거칠다	적다	37.22	2.96	무
Kkulbae	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Youngmokli	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Cheongseoli	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hwangsilli	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Manhwang	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Aristocrat	-	-	-	-	-	-	-	-	-
OPR-264	-	-	-	-	-	-	-	-	-
OPR-265	-	-	-	-	-	-	-	-	-
P. aromatica	-	-	-	-	-	-	-	-	-
P. babauttiagi	-	-	-	-	-	-	-	-	-
P. hondoensis	-	-	-	-	-	-	-	-	-
P. dimorphophylla	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ooharabeni	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Beniamin	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Abate Fetel	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Bartlett	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Bradford	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Kiyomaro	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Bosc	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Passe Crassane	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Redspire	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Beze Ligelya	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Shinhwa	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Greensys	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Baeyeong 3	-	-	-	-	-	-	-	-	-
OPR-125	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gwansang 2	-	-	-	-	-	-	-	-	-

2) 블루베리 품종별 형태적 특성 조사

국내 도입된 블루베리의 형태적 특성을 조사하기 위해 국립원예특작과학원 남해출장소(경상남도 남해군 이동면 남해대로 2421 소재)에 식재되어 있는 7년생 블루베리를 대상으로 수행하였다. 조사 품종은 하이부쉬 블루베리 37품종, 래빗아이 블루베리 16품종으로 총 53품종으로 구성되었다(표 1).

1년차의 블루베리 조사 항목은 신초마디 길이, 잎(길이, 너비, 녹색 정도), 꽃(길이, 너비, 화관 직경), 과실(횡경, 종경, 당도, 산도, 경도, 색도, 무게), 생육기(맹아기, 발아기, 만개기, 낙화기, 수확 시작일, 수확 종료일, 수확 기간)로 구성되어 있다.

2~3년차에는 1년차에 조사 항목과 더불어 남해와 전주 이전지에 재식한 블루베리 품종을 대상으로 나머지 24개 형질에 대해 조사를 실시하였다.

표 1. 블루베리 형태적 특성조사 대상 품종

Type of blueberry	Cultivar
Northern highbush blueberry	Bluechip, Bluecrop, Bluegold, Bluejay, Blueray, Brigitta, Collins, Croatan, Darrow, Dixi, Duke, Echota, Jersey, Meader, Nelson, Patriot, Sierra, Spartan, Sunrise, Weymouth
	Bladen, Cooper, Duplin, Floridablue, Georgiagam, Magnolia, O'Neal, Reveille, Sharpblue, Summit, Sunshineblue
Half-highbush blueberry	Chippewa, Friendship, Northblue, Northland, Northsky, Polaris
Rabbiteye blueberry	Austin, Baldwin, Bluebelle, Bluegem, Bonita, Brightwell, Briteblue, Climax, Delite, Gardenblue, Homebell, Powderblue, Southland, Suwannee, Tifblue, Woodard

표 2. 블루베리 유연관계 분석을 위해 사용한 품종 정보

Cultivar	Pedigree	Year	No.
Northern highbush blueberry			
Bluechip	'Croatan' × US11-93	1979	3
Bluecrop	('Jersey' × 'Pioneer') × ('Stanley' × 'June')	1952	4
Bluegold	'Bluehaven' × Me-US5 ('Ashworth' × 'Bluecrop')	1989	5
Bluejay	'Bereley' × Michigan 241 ('Pioneer' × 'Taylor')	1978	6

Brigitta	'Lateblue' × 'Bluecrop'	1977	8
Collins	'Stanley' × 'Weymouth'	1959	9
Dixi	('Jersey' × 'Pioneer') × 'Stanley'	1936	11
Duke	('Ivanhoe' × 'Earliblue') × 192-8(E-30 × E-11)	1985	12
Echota	E-66 × NC 683	1998	14
Jersey	'Rubel' × 'Grover'	1928	16
Nelson	'Bluecrop' × G-107	1988	17
Patriot	('Dixi' × 'Mich. LB1') × 'Earliblue'	1976	22
Sierra	US169 (US79 × US79 {Fla.4B × US-56(V. constablaei × V. ashei)}) × G-156 ('Earliblue' × G-77{'Coville' × US 11-93})	1988	25
Spartan	'Earliblue' × US 11-93	1978	27
Southern highbush blueberry			
Bladen	NC 1171 × NC SF-12-L	1991	2
Cooper	G-180 {G-100 ('Ivanhoe' × 'Earliblue') × 'Collins'} × US75 ({Fla. 4b (V.darrowi) × 'Bluecrop'})	1987	10
Duplin	290-1 (Ashworth × Fla 61-7) × G-156	1998	13
Floridablue	Florida 63-20 × Florida 63-12	1976	15
O'Neal	'Wolcott' × FL 64-15	1987	21
Reveille	NC 1171 (G-111 × Fla 61-7) × NC SF-12-L ('Ivanhoe' × NC 297)	1990	24
Half-highbush blueberry			
Northblue	B-10 (G-65 × 'Asgworth') × US-3 ('Dixi' × Michigan Lowbush No. 1)	1983	18
Northland	'Berkeley' × 19-H	1967	19
Northsky	B-6 × R2P4	1983	20
Rabbiteye blueberry			
Austin	T110 ('Woodard' × 'Gardenblue') × 'Brightwell'	1997	1
Brightwell	'Tifblue' × 'Menditoo'	1983	7
Powderblue	'Tifblue' × 'Menditoo'	1977	23
Southland	'Garden Blue' × 'Ethel'	1969	26
Tifblue	'Ethel' × 'Clara'	1955	28

□ 통계 분석

SAS 10.0 통계 프로그램을 사용하여 각 형질별 최대값, 최소값, 평균값 등의 기초 통계량을 산출하여 평균값±표준오차로 형질에 따른 데이터를 표시하였다.

NTsys 2.1 프로그램을 사용하여 dendrogram으로 그렸다. Simple matching coefficient로 유

전적 유사도를 구하였으며 군집분석은 UPGMA(Unweighed Pair Group Method using Arithmetic averages) 방법으로 분석하였다.

□ 결과 및 고찰

신초 마디 길이는 대부분의 품종이 10~20mm 정도인 것으로 나타났다. 그 중에서도 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Patriot’ 가 20.6mm로 가장 긴 것으로 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Sunshineblue’ 가 4.9mm로 가장 짧은 것으로 나타났다(표 3). 북부 하이부쉬 블루베리 품종 계통이 마디가 긴 편으로 래빗아이 블루베리 품종이 마디가 짧은 편으로 나타났으나 품종에 따라 차이가 많이 나타나 일관적인 특성으로 볼 수는 없었다.

표 3. 블루베리 품종의 일년생 가지 특성

No.	Cultivar	Internode length of one-year-old shoot(mm)	No.	Cultivar	Internode length of one-year-old shoot(mm)
1	Austin	16.1±0.99	28	Friendship	10.1±0.65
2	Baldwin	14.6±1.09	29	Gardenblue	13.2±0.76
3	Bladen	20.3±1.43	30	Georgiagem	13.1±1.12
4	Bluebelle	18.3±0.74	31	Homebell	18.3±1.16
5	Bluechip	17.5±1.11	32	Jersey	16.8±1.24
6	Bluecrop	16.6±1.17	33	Magnolia	12.3±0.75
7	Bluegem	16.5±0.88	34	Meadar	13.9±0.73
8	Bluegold	14.6±0.47	35	Nelson	16.1±0.84
9	Bluejay	20.5±1.08	36	Northblue	13.9±0.91
10	Blueray	19.1±1.05	37	Northland	12.7±0.70
11	Bonita	13.6±0.86	38	Northsky	14.0±1.14
12	Brightwell	19.7±1.18	39	O'Neal	18.4±1.45
13	Brigitta	18.4±0.99	40	Patriot	20.6±1.67
14	Briteblue	18.6±0.93	41	Polaris	15.4±1.49
15	CapeFear	19.8±1.65	42	Powderblue	17.1±1.36
16	Chippewa	19.4±0.97	43	Reveille	9.3±0.60
17	Climax	19.4±1.24	44	Sharpblue	8.6±0.82
18	Collins	17.0±1.03	45	Sierra	13.0±1.35
19	Cooper	12.4±0.85	46	Southland	12.6±0.67
20	Croatan	14.3±1.08	47	Spartan	17.9±1.54
21	Delite	16.6±0.79	48	Summit	14.6±1.15
22	Dixi	12.2±1.05	49	Sunrise	18.5±1.42
23	Darrow	15.1±1.47	50	Sunshineblue	4.9±0.39
24	Duke	13.1±0.79	51	Suwannee	15.9±1.02

25	Duplin	13.8±0.83	52	Tifblue	17.7±1.15
26	Echota	13.0±0.89	53	Weymouth	13.0±0.96
27	Floridablue	12.8±1.09	54	Woodard	13.1±0.97

잎의 종경은 품종에 따라 3~8cm으로 나타났으며, 횡경은 1~4cm로 다양하게 나타났다. 잎의 종경은 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Dixi’ 가 7.9cm로 가장 긴 것으로 나타났으며 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Sunshineblue’ 가 3.2mm로 가장 짧은 것으로 나타났다(표 4). 잎의 횡경은 종경과 마찬가지로 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Dixi’ 가 4.0cm로 가장 긴 것으로 나타났으며 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Sunshineblue’ 가 1.3mm로 가장 짧은 것으로 나타났다(표 4). 잎의 엽록소 함량을 SPAD 값으로 측정한 결과 같은 남부 하이부쉬블루베리 품종인 ‘Duplin’ 이 54.1로 가장 높고 래빗아이블루베리인 ‘Swanee’ 가 26.8로 가장 낮은 것으로 나타났다(표 4).

표 4. 블루베리 품종별 잎의 너비, 길이, SPAD 값

Cultivar	Length of leaf(cm)	Diameter of leaf(cm)	SPAD value
Austin	4.8±0.14	1.9±0.11	33.6±1.19
Baldwin	5.2±0.14	2.3±0.05	37.5±2.01
Bladen	6.5±0.18	3.0±0.07	34.6±1.60
Bluebelle	7.4±0.15	3.5±0.09	32.4±2.06
Bluechip	7.6±0.28	3.0±0.12	43.1±2.09
Bluecrop	5.8±0.28	2.8±0.12	46.3±1.93
Bluegem	4.6±0.11	2.3±0.09	31.2±1.16
Bluegold	5.0±0.17	2.7±0.15	43.5±1.92
Bluejay	6.6±0.13	3.3±0.11	36.7±2.66
Blueray	6.8±0.30	3.3±0.12	38.9±1.61
Bonita	5.3±0.17	2.7±0.15	28.5±1.76
Brightwell	6.2±0.12	3.2±0.09	39.5±1.70
Brigitta	5.9±0.22	3.4±0.17	44.2±0.99
Briteblue	5.2±0.09	2.5±0.09	32.7±1.58
Chippewa	3.9±0.19	2.1±0.09	34.4±1.09
Climax	5.1±0.27	2.7±0.17	32.8±1.48
Collins	6.8±0.30	3.9±0.12	36.3±1.59
Cooper	5.8±0.11	2.9±0.10	43.1±1.38
Croatan	7.6±0.18	4.0±0.09	37.5±1.53
Delite	5.2±0.17	2.4±0.14	34.7±0.86
Dixi	7.9±0.20	4.0±0.21	43.8±1.96

Cultivar	Length of leaf(cm)	Diameter of leaf(cm)	SPAD value
Duke	6.1±0.19	2.9±0.15	42.5±0.88
Duplin	6.3±0.22	2.5±0.06	54.1±0.81
Echota	5.8±0.19	3.0±0.10	41.5±1.98
Floridablue	5.1±0.12	2.9±0.12	38.1±0.96
Friendship	6.6±0.07	2.4±0.07	44.8±1.14
Gardenblue	5.3±0.19	2.8±0.13	39.2±0.90
Georgiagem	5.6±0.23	2.3±0.15	42.9±1.24
Homebell	6.8±0.13	3.8±0.21	35.0±0.84
Jersey	5.8±0.14	2.9±0.11	34.3±1.02
Magnolia	4.9±0.12	2.6±0.10	36.7±1.13
Meader	5.3±0.32	3.1±0.19	36.2±1.50
Nelson	6.3±0.10	3.6±0.06	43.8±1.20
Northblue	5.8±0.31	3.0±0.14	43.4±0.94
Northland	6.1±0.15	3.5±0.14	36.0±0.84
Northsky	5.5±0.18	2.6±0.10	42.0±0.87
O'Neal	7.0±0.13	3.6±0.10	45.8±1.88
Patriot	7.6±0.11	3.6±0.08	37.1±1.05
Polaris	5.5±0.18	3.3±0.14	40.8±1.30
Powderblue	5.9±0.12	3.1±0.07	37.2±1.02
Reveille	5.9±0.20	2.4±0.10	42.9±1.14
Sharpblue	6.3±0.18	3.3±0.13	39.3±1.91
Sierra	5.7±0.13	2.5±0.10	37.7±1.31
Southland	5.7±0.19	3.0±0.07	33.2±1.29
Spartan	6.6±0.14	3.2±0.10	35.2±0.76
Summit	4.7±0.15	2.4±0.10	42.5±1.10
Sunrise	7.6±0.18	3.7±0.09	36.8±1.16
Sunshineblue	3.2±0.13	1.3±0.04	49.2±2.26
Suwannee	5.1±0.14	2.7±0.07	26.8±0.57
Tifblue	5.7±0.17	2.6±0.08	39.2±0.77
Weymouth	6.5±0.12	3.0±0.11	39.6±0.78
Woodard	6.3±0.14	2.5±0.09	35.3±0.95

하이부쉬 블루베리의 경우의 화기의 색은 하얀색이 대부분이었으며 래빗아이 블루베리 계통은 붉은색을 띠는 것이 많았으며 그 중간교잡종인 남부 하이부쉬 블루베리에서도 붉은색을 띠는 품종이 많은 것으로 조사되었다. 화기의 종경은 대부분 5~9mm, 횡경은 8~13mm로

나타났으며 화관 크기는 2~6mm로 다양하게 조사되었다(표 4). 화기의 중경은 반수고 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Northsky’ 가 8.8mm로 가장 작았으며 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Bladen’ 이 13.2mm로 가장 컸다. 화기의 횡경은 래빗아이 블루베리 품종인 ‘Austin’ 이 5.1mm로 가장 작았으며 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Reveille’ 이 11.6mm로 가장 큰 것으로 나타났다. 화관의 길이는 래빗아이 블루베리 품종인 ‘Southland’ 와 ‘Suwannee’ 가 2.4mm로 가장 작았으며 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Bladen’ 이 6.0mm로 가장 큰 것으로 조사되었다(표 4).



Fig. 1. Flower size, shape, corolla color variation of blueberries

표 5. 블루베리 품종별 화기 너비, 길이, 화관의 길이

Cultivar	Diameter of flower (mm)	Length of flower (mm)	Length of corolla tube(mm)
Austin	5.1±0.14	12.3±0.19	2.8±0.15
Baldwin	5.7±0.10	12.4±0.31	3.4±0.16
Bladen	9.0±0.10	13.2±0.22	6.0±0.09
Bluebelle	6.3±0.16	12.9±0.14	3.4±0.14
Bluechip	7.6±0.16	12.1±0.20	5.6±0.10
Bluecrop	6.4±0.13	11.0±0.13	4.2±0.35
Bluegem	5.9±0.08	12.3±0.17	3.3±0.15
Bluegold	6.1±0.16	9.3±0.22	5.1±0.28
Bluejay	7.6±0.19	10.8±0.25	3.8±0.16
Blueray	7.5±0.14	11.1±0.19	5.5±0.12
Bonita	5.5±0.12	12.5±0.17	3.4±0.13

Cultivar	Diameter of flower (mm)	Length of flower (mm)	Length of corolla tube(mm)
Brightwell	5.2±0.10	12.1±0.14	3.1±0.08
Brigitta	5.2±0.18	10.9±0.24	3.8±0.24
Briteblue	6.5±0.14	10.9±0.29	3.2±0.19
Chippewa	5.4±0.09	7.9±0.13	3.8±0.14
Climax	6.0±0.16	12.1±0.14	3.0±0.19
Collins	6.7±0.19	12.2±0.16	5.1±0.13
Cooper	7.4±0.15	11.4±0.20	4.9±0.18
Croatan	7.7±0.16	11.7±0.25	4.7±0.38
Delite	6.2±0.18	13.3±0.14	3.4±0.13
Dixi	6.6±0.21	11.2±0.29	4.0±0.27
Darrow	6.7±0.16	11.4±0.09	4.0±0.20
Duke	8.1±0.17	10.9±0.18	5.8±0.13
Duplin	6.7±0.14	11.1±0.25	3.8±0.08
Echota	7.5±0.21	11.5±0.17	4.7±0.18
Floridablue	6.7±0.33	11.6±0.11	3.8±0.23
Friendship	6.0±0.14	9.5±0.21	4.1±0.10
Gardenblue	5.5±0.11	11.2±0.21	3.5±0.10
Georgiagem	6.5±0.20	10.1±0.27	3.6±0.17
Homebell	7.1±0.14	12.0±0.16	3.0±0.12
Jersey	6.6±0.13	10.8±0.28	2.7±0.15
Magnolia	7.2±0.16	11.9±0.11	3.9±0.16
Meader	6.2±0.16	10.9±0.22	2.6±0.12
Nelson	6.3±0.09	11.4±0.11	4.1±0.12
Northblue	6.0±0.15	9.0±0.13	3.6±0.09
Northland	6.5±0.24	10.1±0.17	5.0±0.19
Northsky	6.7±0.11	8.8±0.16	5.5±0.19
O'Neal	8.1±0.17	11.1±0.36	5.0±0.20
Patriot	6.1±0.14	8.5±0.19	3.7±0.14
Polaris	6.7±0.20	9.4±0.18	4.2±0.10
Powderblue	5.7±0.11	11.4±0.15	3.0±0.16
Reveille	8.3±0.20	11.6±0.24	5.1±0.19
Sharpblue	7.0±0.15	10.9±0.18	4.3±0.18
Sierra	6.1±0.18	10.1±0.14	3.7±0.19

Cultivar	Diameter of flower (mm)	Length of flower (mm)	Length of corolla tube(mm)
Southland	5.6±0.13	9.2±0.27	2.4±0.26
Spartan	7.2±0.18	10.1±0.20	5.1±0.13
Summit	6.1±0.27	10.4±0.19	4.5±0.15
Sunrise	7.5±0.14	10.4±0.25	5.1±0.06
Sunshineblue	6.2±0.23	10.3±0.30	3.4±0.11
Suwannee	5.6±0.12	10.0±0.14	2.4±0.17
Tifblue	5.6±0.15	12.3±0.19	3.1±0.17
Weymouth	7.0±0.22	10.2±0.21	4.8±0.14
Woodard	6.8±0.22	11.9±0.24	2.5±0.15

과실의 무게는 품종에 따라 1~3g으로 나타났으며 과실의 종경은 14~20mm, 횡경은 10~15mm으로 나타났다. 과실 중에서 반수고 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Friendship’ 이 0.9g으로 가장 작은 것으로 나타났으며 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Nelson’ 이 3.4g으로 가장 무거운 것으로 나타났다. 과실의 횡경은 반수고 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Chippewa’ 가 11.7mm로 가장 작았으며 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Echota’ 가 20.3mm로 가장 큰 것으로 나타났다. 과실의 종경은 횡경과 마찬가지로 반수고 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Chippewa’ 가 9.9mm로 가장 작았으며 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Echota’ 가 15.0mm로 가장 큰 것으로 나타났다(표 6). 과실의 경도는 0.4~0.6N으로 대부분은 0.5~0.6으로 비슷하게 나타났으나 남부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Georgiagem’ 과 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Jersey’ 가 0.4N으로 가장 경도가 낮은 것으로 조사되었고 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Bluegold’ 와 남부 하이부쉬 블루베리인 ‘Magnolia’ 가 0.7N으로 가장 높은 것으로 나타났다(표 6).

표 6. 블루베리 품종별 과실의 중량, 경도, 너비, 길이

Cultivar	Fruit weight(g)	Diameter of fruit(mm)	Length of fruit(mm)	Firmness (N)
Bladen	1.3	13.8±0.18	11.9±0.18	0.6±0.03
Bluechip	2.2	19.6±0.60	14.6±0.21	0.5±0.02
Bluecrop	2.1	18.7±0.14	13.3±0.14	0.6±0.03
Bluegold	1.9	15.7±0.17	12.3±0.15	0.7±0.02
Bluejay	2.2	16.0±0.23	13.4±0.14	0.6±0.02
Blueray	2.7	18.0±0.16	13.4±0.17	0.6±0.02
Brigitta	2.7	17.4±0.29	12.8±0.17	0.6±0.04
Chippewa	2.2	11.7±0.26	9.9±0.31	0.5±0.03

Cultivar	Fruit weight(g)	Diameter of fruit(mm)	Length of fruit(mm)	Firmness (N)
Collins	2.1	15.4±0.16	12.2±0.16	0.5±0.03
Cooper	2.4	17.9±0.35	14.2±0.13	0.5±0.02
Dixi	3.2	18.2±0.27	12.7±0.16	0.5±0.02
Darrow	2.0	20.5±1.11	13.2±0.41	0.5±0.05
Duke	2.0	18.3±0.23	13.2±0.12	0.6±0.02
Duplin	2.5	18.0±0.16	13.9±0.10	0.6±0.02
Echota	2.6	20.3±0.23	15.0±0.13	0.5±0.03
Floridablue	1.9	16.0±0.18	12.3±0.17	0.6±0.02
Friendship	0.9	12.9±0.18	11.7±0.22	0.5±0.04
Georgiagem	2.0	18.8±0.18	13.2±0.11	0.4±0.02
Jersey	2.0	15.2±0.19	11.6±0.24	0.4±0.02
Magnolia	2.6	17.4±0.35	13.1±0.17	0.7±0.09
Nelson	3.4	19.4±0.26	14.0±0.14	0.6±0.02
Northblue	1.6	16.4±0.20	12.0±0.15	0.5±0.02
Northland	2.3	15.1±0.19	14.0±0.18	0.5±0.02
Northsky	1.0	16.8±0.42	12.5±0.29	0.5±0.02
O'Neal	2.7	19.0±0.29	14.5±0.18	0.5±0.02
Patriot	2.8	19.2±0.21	13.0±0.17	0.5±0.03
Polaris	2.5	17.8±0.19	12.5±0.18	0.5±0.02
Reveille	2.2	17.3±0.20	14.8±0.19	0.6±0.02
Sharpblue	2.1	16.4±0.27	13.2±0.20	0.6±0.02
Sierra	1.2	13.4±0.21	10.3±0.20	0.6±0.03
Spartan	2.7	18.4±0.25	13.3±0.19	0.5±0.03
Summit	2.1	17.2±0.31	12.5±0.18	0.5±0.02
Sunrise	2.6	19.2±0.18	13.4±0.12	0.5±0.02
Sunshineblue	1.7	14.2±0.19	10.6±0.16	0.6±0.03
Weymouth	1.7	15.3±0.28	12.5±0.17	0.5±0.02

당도는 11~16oBrix으로 조사되었으나, 대부분 품종의 당도는 11~12oBrix로 나타났다. 국내에서 가장 많이 재배되는 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Duke’가 10.6으로 가장 당도가 낮게 나타났으며 반수고 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Friendship’이 16.1로 가장 높게 나타났다. 당산비와 관능평가로 보아(조사 데이터 미제시) 맛이 밋밋한 것에서부터 달거나 시큼한 것까지 다양한 것으로 조사되었다. 과실의 산도는 0.3~1.3%로 다양하게 조사되었으며 ‘Bladen’, ‘Duke’, ‘Friendship’, ‘Georgiagem’, ‘Northsky’, ‘Polaris’가 산도가 0.3%로 가장 낮아 반수고 하이부쉬 블루베리 품종의 산도가 대부분 낮은 것으로 조사되었다. 북부 하이부쉬 블루베리 품종인 ‘Nelson’이 1.3%로 산도가 가장 높게 나타났다. 과실의 색도 중 L*값은 74~100, a값은 1.6~4.3, b값은 -1.7~4.8로 조사되었다.

표 7. 블루베리 품종별 과실 특성

Cultivar	SSC(°Brix)	Organic acid content(%)	L*	a*	b*
Balden	12.9±0.71	0.3±0.02	93.9±1.07	1.6±0.14	-0.2±0.33
Bluechip	11.7±0.09	0.6±0.02	92.4±1.91	2.4±0.25	1.3±0.44
Bluecrop	11.8±0.42	0.9±0.00	91.1±0.99	3.0±0.34	0.4±0.31
Bluegold	14.2±0.88	1.1±0.04	92.8±1.05	1.6±0.19	1.1±0.34
Bluejay	13.8±0.70	0.6±0.01	89.6±1.53	3.2±0.53	2.0±0.31
Blueray	11.0±0.10	0.9±0.02	87.2±1.45	2.4±0.33	1.6±0.38
Brigitta	12.6±0.31	1.2±0.00	90.1±1.41	4.3±0.47	0.4±0.36
Chippewa	11.8±0.10	0.8±0.01	78.1±0.63	4.1±0.17	1.5±0.15
Collins	13.3±0.75	0.4±0.01	87.8±2.15	2.6±0.21	1.3±0.29
Cooper	12.2±0.56	0.7±0.00	98.9±1.16	3.1±0.60	0.4±0.39
Dixi	15.2±0.66	0.9±0.11	77.7±0.84	3.5±0.15	3.4±0.43
Darrow	12.7±0.32	0.9±0.03	75.1±1.17	4.3±0.42	4.7±0.31
Duke	10.6±0.20	0.3±0.00	85.7±0.75	3.1±0.11	1.7±0.24
Duplin	14.4±0.10	0.7±0.20	96.8±0.95	1.2±0.25	2.5±0.31
Echota	10.9±0.34	0.5±0.02	97.6±1.29	2.0±0.45	0.4±0.44
Floridablue	11.1±1.04	0.6±0.02	92.3±1.28	2.4±0.26	4.3±0.24
Friendship	16.1±0.37	0.3±0.03	97.0±0.95	3.5±0.34	1.3±0.25
Georgiagem	12.7±0.91	0.3±0.00	73.5±0.61	2.7±0.11	2.3±0.28
Jersey	15.2±0.96	0.6±0.01	88.3±0.89	1.9±0.58	-0.5±0.26
Magnolia	10.3±0.27	0.8±0.04	98.7±1.42	2.6±0.29	0.7±0.51
Nelson	12.8±0.83	1.3±0.06	91.4±1.16	3.0±0.30	0.7±0.39
Northblue	11.3±0.78	0.6±0.00	85.3±0.69	2.5±0.24	4.8±0.30
Northland	12.1±0.84	0.4±0.02	87.6±4.35	1.7±0.16	0.4±0.37
Northsky	13.5±1.48	0.3±0.00	88.1±1.28	3.5±0.48	3.0±0.55
O'Neal	11.1±0.71	0.4±0.00	77.1±0.93	3.8±0.25	2.4±0.38
Patriot	11.9±0.18	0.7±0.00	80.8±2.04	3.0±0.24	2.7±0.46
Polaris	12.8±0.33	0.3±0.01	81.2±1.17	3.6±0.32	2.9±0.37
Reveille	12.7±0.92	0.6±0.01	91.0±1.55	4.1±0.74	2.5±0.58
Sharpblue	11.6±0.57	0.7±0.01	80.3±1.50	4.5±0.39	0.8±0.55
Sierra	14.8±0.26	1.2±0.03	91.8±0.84	2.4±0.26	-0.1±0.24
Spartan	11.0±0.75	0.7±0.04	88.4±1.73	1.9±0.24	1.7±0.38
Summit	11.6±0.23	0.8±0.02	99.3±1.09	2.4±0.43	-1.7±0.34
Sunrise	12.7±0.32	0.9±0.02	81.5±2.97	2.1±0.15	2.1±0.30
Sunshineblue	12.9±0.70	1.0±0.03	92.9±1.33	2.6±0.15	2.3±0.18
Weymouth	11.5±0.61	0.4±0.08	76.4±0.89	3.7±0.15	3.5±0.38

맹아기는 남부하이부쉬 블루베리인 ‘Sharpblue’ 가 1월 29일로 가장 빨랐으며 2월 3일부터 북부하이부쉬 블루베리인 ‘Sunrise’ 가 3월 17일로 가장 늦었다. 발아기는 남부하이부쉬 블루베리인 ‘Sunshineblue’ 가 2월 5일로 가장 빨랐으며 가장 늦게 발아하는 ‘Dixi’ 는 북부하이부쉬로 3월 27일로 조사되었다. 블루베리의 개화기는 4월 상순~하순으로 품종에 따라 다양하게 나타났으며 낙화기는 빠른 것은 4월 중순으로 나타났으며 5월 초순까지였다. 수확기는 북부하이부쉬 블루베리 조생종인 ‘Weymouth’ 가 5월 23로 가장 빨랐으며 래빗아이블루베리인 ‘Tifblue’ 와 ‘Southland’ 의 수확이 8월 초순으로 가장 늦었다(표 8).

표 8. 블루베리 품종별 생육기

Cultivar	Bud swell	Bud break	Tight cluster	Early pink bud	Late pink bud	Full bloom	Petal fall	Harvest start	Harvest end
Austin	2/23	3/23	3/30	4/18	4/27	4/30	5/8	7/05	8/31
Bladen	2/23	3/20	3/27	4/03	4/13	4/21	4/27	6/01	6/22
Bluechip	2/23	3/20	3/27	4/08	4/18	4/21	4/27	6/03	7/01
Bluecrop	3/03	3/27	3/30	4/08	4/18	4/21	4/27	6/09	7/01
Bluegold	3/03	3/20	3/30	4/13	4/18	4/24	4/30	6/09	7/10
Bluejay	2/28	3/20	3/30	4/08	4/18	4/21	4/27	6/01	7/01
Brightwell	2/12	3/20	3/30	4/13	4/21	4/27	5/04	7/05	8/31
Brigitta	2/17	3/20	3/27	4/08	4/13	4/21	4/27	6/22	7/30
Collins	2/23	3/13	3/27	3/30	4/08	4/13	4/27	5/29	6/22
Cooper	2/23	3/20	3/27	4/08	4/13	4/21	4/30	6/01	7/01
Dixi	3/03	3/30	4/03	4/21	4/24	4/30	5/04	6/15	7/10
Duke	3/03	3/30	4/08	4/18	4/21	4/27	5/04	5/29	6/22
Duplin	2/23	3/13	3/27	4/13	4/18	4/27	4/30	6/09	7/01
Echota	2/23	3/23	3/30	4/13	4/18	4/24	4/30	6/09	7/01
Floridablue	2/12	3/20	3/30	4/08	4/18	4/27	5/04	6/01	7/01
Jersey	3/03	3/30	4/08	4/18	4/21	4/27	5/04	6/15	7/05
Nelson	3/03	3/23	3/30	4/13	4/18	4/24	4/30	6/18	7/13
Northblue	2/12	3/16	3/24	4/11	4/13	4/18	4/27	5/29	6/22
Northland	2/17	3/16	3/27	4/08	4/13	4/18	4/27	6/01	6/22
Northsky	2/23	3/13	3/23	4/03	4/08	4/13	4/21	5/29	6/22
O'Neal	2/23	3/16	3/23	4/03	4/08	4/21	4/27	6/01	7/01
Patriot	2/23	3/13	3/23	3/30	4/08	4/13	4/27	6/01	6/22
Powderblue	2/17	3/20	3/30	4/13	4/27	4/30	5/8	7/14	8/31

Reveille	2/23	3/20	3/27	4/03	4/13	4/21	4/27	6/09	6/22
Sierra	2/28	3/16	3/30	4/13	4/18	4/27	4/30	6/09	7/01
Southland	2/17	3/20	3/27	4/08	4/18	4/27	5/08	7/22	9/05
Spartan	2/28	3/20	3/27	4/03	4/13	4/21	4/27	6/05	7/01
Tifblue	2/12	3/20	3/27	4/08	4/18	4/27	5/11	7/20	9/10

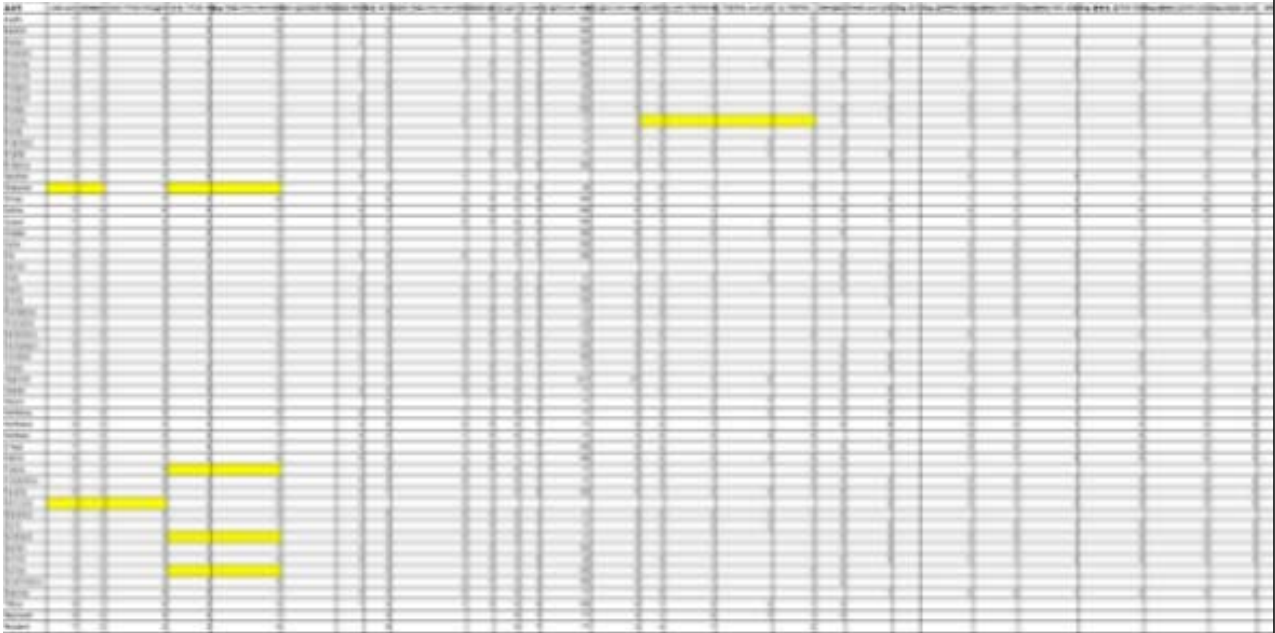


그림 2. 블루베리 품종별 UPOV 기준 형질 조사 결과

블루베리 품종별 형태적 특성 조사 결과를 군집 분석한 결과 블루베리의 생육 및 과실의 형태적 특성에 의해 크게 2개의 그룹으로 구분할 수 있었다(Fig. 2). 그룹 I은 래빗아이 블루베리 품종들이었으며 그룹 II는 하이부쉬 블루베리 품종들이었다. 또한 하이부쉬 블루베리 중 북부와 남부, 반수고하이부쉬 블루베리는 대체로 형태적 유사도가 비슷한 것으로 나타났으나 종류에 따른 뚜렷한 차이를 보이지 않았다. 이러한 결과로 생육, 꽃, 과실 특성을 기준에 따라 하이부쉬 블루베리와 래빗아이 블루베리의 구분이 가능하다는 것을 알 수 있었다. 래빗아이 블루베리의 경우 하이부쉬 블루베리 품종과 다른 그룹을 형성하여 종간의 유전적 거리가 멀고 염색체의 배수체 등이 달라 품종의 식별이 명확하다는 보고가 있었는데(Hong et al. 2014) 이와 마찬가지로 형태적 특성만으로도 래빗아이 블루베리 품종을 식별할 수 있을 것으로 판단되었다.

반수고 하이부쉬 블루베리는 키가 큰 하이부쉬 블루베리와 키가 작은 로우부쉬 블루베리의 교배로 육성되었는데(Ratnaparkhe, 2007) 이로 인해 반수고 하이부쉬와 하이부쉬의 유전적 유사도가 높게 나타났다는 보고와 마찬가지로 반수고 하이부쉬와 하이부쉬는 형태적 유사도 또한 높게 나타난 것으로 추정된다. 하이부쉬 블루베리는 저온 요구도에 따라 북부 하

이부쉬와 남부 하이부쉬로 구분되는데 형태적 유연관계 분석 결과 북부, 남부 하이부쉬 품종 별로 그룹을 형성하지 않고 하나의 그룹으로 묶였다. 다른 연구결과에서도 남부하이부쉬 블루베리는 저온요구도에서만 북부와 차이가 나타나고 기타 특성을 비슷하다고 하였다(Boches, 2005).

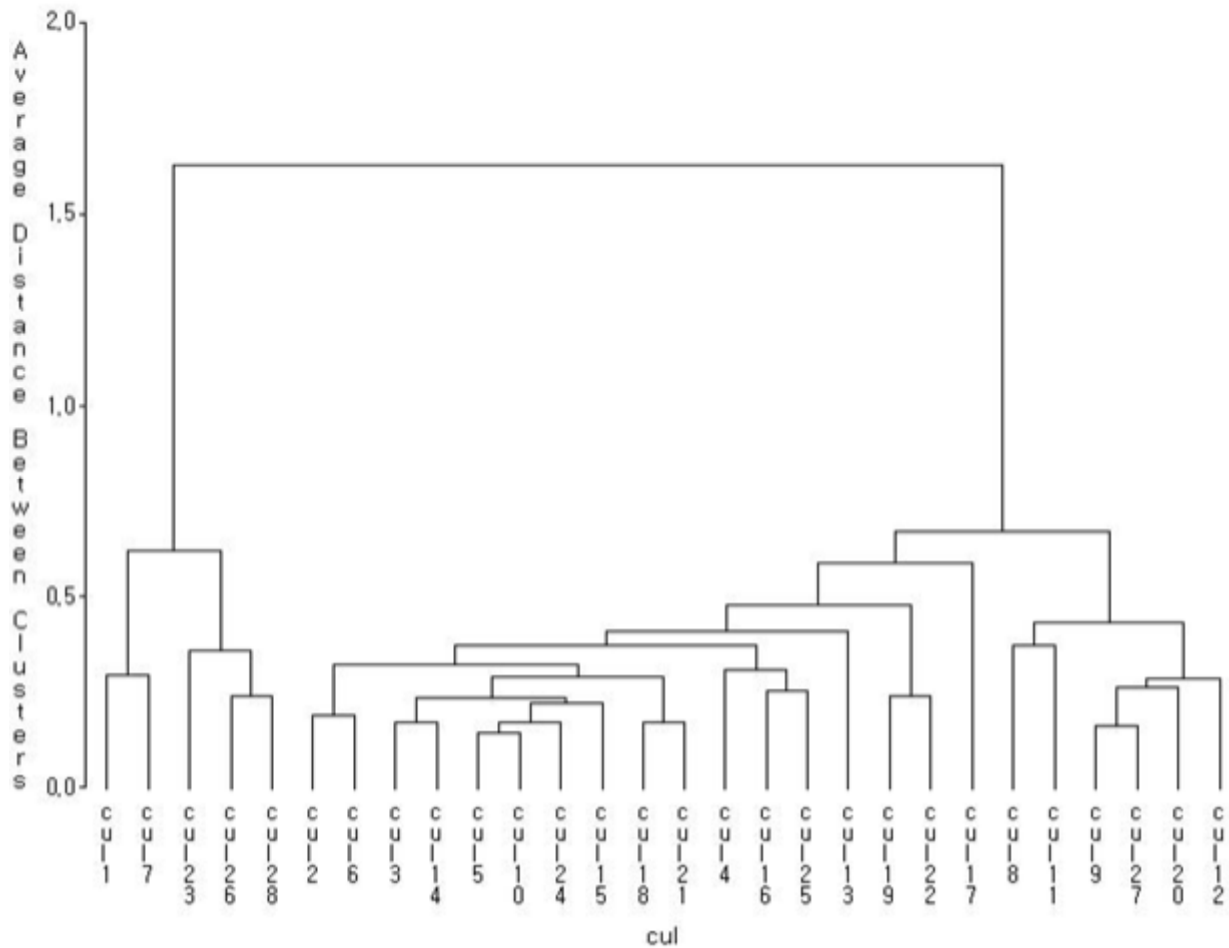


Fig. 3. Dendrogram for 28 blueberry cultivars based on growth and fruit characteristics.

UPOV 산하 기술위원회 중의 하나인 분자생물학 및 생화학 실무작업반회의(BMT, Working Group on Biochemical and Molecular Techniques, and DNA-Profiling in Particular)에서는 형태적 특성을 고려한 품종의 구별성(Distinctness, D), 균일성(Uniformity, U), 안정성(Stability, S) 판단에 직접적으로 활용하고 있으며 분자 표지를 직접적으로 활용하는 것은 인정하고 있지 않다. 그러나 형태적 특성과 밀접히 연관된 마커의 활용이나 형태적 특성과 분자표지의 상관관계가 높을 경우에는 분자표지를 활용하여 활용할 수 있게 하는 방안 등을 제시하고 있다(Aruna et al., 1995; UPOV, 2011; Hong et al., 2014). 블루베리의 경우 유전적 거리에 따라서는 하이부쉬 블루베리 품종 내에서의 반수고하이부쉬 블루베리 품종 등 품종별 식별이

가능하였는데(Hong et al. 2014) 형태적 특성에 의해서만은 북부, 남부, 반수고 블루베리 품종 간 차이가 뚜렷하게 나타나지 않아 형태적인 특성뿐 아니라 유전적 특성의 조사도 품종 식별을 위해서 필요하다고 판단되었다.

최근 블루베리에 대한 연구가 많이 진행되고 있으나 기능성이나 가공에 관한 연구가 대부분이며 기초적인 연구는 거의 없는 실정이다(Kim et al., 2004, 2011, 2015). 따라서 이러한 자료를 기초로 제공하여 품종 판별에 대한 혼란을 막고 명확한 유통 체계를 구축하는 것이 중요하다고 하겠다. 그러나 본 연구 결과에서도 마찬가지로 국내 재배되고 있는 대부분의 하이부쉬블루베리의 경우 종류별로 형태적 특성에 의한 품종 식별이 명확하지 않고 다양한 형질의 조사로 품종 식별이 가능하기 때문에 더 많은 형태적 조사를 통해 품종 판별을 위한 핵심 형질을 찾는 추가적인 연구가 필요할 것이라 판단된다.



또한 품종보호출원이 전체 작물로 확대(* 12.1.7) 시행됨에 따라 블루베리 등 소면적 작물의 출원이 증가하고 있으나 국내 유통 품종과 농가 재배품종의 품종 진위성 확인 민원 등 관련 품종 분쟁이 급증하고 있는 실정이다. 따라서 농업인 등의 블루베리 품종선택 및 재배상 발생 가능한 문제점 해소에 필요한 품종 판별 조사기준 설정이 필요하다.

현재 블루베리의 신품종 출원 시 “품종보호 출원품종 심사요령” 의거하여 심사가 이루어지고 있으며, 표준품종이 제시되어 있지 않을 경우 조사 항목이 조사자 주관에 따라 서로 다르게 판단될 수 있는 가능성이 있다. 현재 블루베리 특성 조사 요령에는 36개 항목이 있으나 기존의 표준 품종은 국내에서 거의 재배되지 않는 품종으로 구성되어 있어 현실적으로 특성 검정 및 평가를 하기에는 미흡한 면이 있다. 따라서 농촌진흥청 국립원예특작과학원에서 수집, 보유한 블루베리 유전자원을 활용한 표준 품종 추가 지정으로 재배 심사 등의 정밀성 향상이 요구된다. 이에 “품종보호출원품종 심사요령(국립종자원 예규 제135호)” 에 의거한 특성 검정 및 품종 관련 민원 해소에 필요한 블루베리 표준 품종 추가(국내 재배 53개 품종)을 추가하였다.

- 양적 형질의 경우 해당계급의 계측치 제시
- 질적 형질의 경우 사진 자료 제시

이러한 표준 품종 제시는 품종의 특성 조사 시 조사 기준의 객관화 및 균일화로 심사 품질 제고 및 종자 관리의 효율성을 증진시킬 수 있으리라 판단되며 이러한 결과를 국립종자원에 정책 제안하였다.

블루베리 특성 조사 항목의 추가 표준품종의 계측치

번호	특 성	표현형태	계 급	기존 표준품종	추가 제시 표준품종	계측치
1 (* QN	나무: 수세	약하다 중간 강하다	3 5 7	Bluetta, Weymouth Patriot, Bluejay Bluecrop, Duke, Earliblue		
2 PQ	나무 성장습성	직립성 반직립성 개장성	3 5 7	Ivanhoe Bluetta Jersey	Spartan	 
3 (* PQ	1년생 가지: 색	녹색 녹색 락 적색 회색 락 적색 적색 락 황색 적색 락 갈색 어두운 갈색	1 2 3 4 5 6	Puru Reka Berkeley Heerma Earliblue Aron		
4 QN	1년생 가지: 마디 길이 (중 간부위)	짧다 중간 길다	3 5 7		Sunshineblue, Sharblue, Reveille Baldwin, Darrow, Polaris, Jersey Bladen, Bluejay, Patriot	5~10mm 10~20mm 20mm 이상
5 QN	잎 : 길이	짧다 중간 길다	3 5 7	Darrow Bluecrop, Patriot Collins, Berkeley, Toro		5.7cm 미만 5.7~7.5cm 7.5cm 이상
6 QN	잎 : 너비	좁다 중간 넓다	3 5 7	Emil, Heerma, Putte Ama, Bluecrop Collins, Berkeley	Austin, Sunshineblue	2cm 미만 2~3cm 3cm 이상
7 QN	잎 : 길이/너 비의 비율	작다 중간 크다	3 5 7	Gretha Patriot Heerma	Brightwell, Powderblue Friendship, Bluechip	2 미만 2~2.5 2.5 이상

번호	특 성	표현형태	계급	기존 표준품종	추가 제시 표준품종	계측치
8 FQ	잎 : 모양	피침형 난형 타원형 장타원형	1 2 3 4	Weymouth Puru Rancocas, Earlaiblu Berkeley, Bluetta, Jersey		
9 QL	잎 : 선단 가 장자리의 색	황색 녹색	1 2	Geerdens	Bluecrop Magnolia	
10 QN	잎 녹색인 품종 잎 : 선단 가장 자리의 녹색의 강도	밝다 중간 어둡다	3 5 7	Earliblu Berkeley, Toro Weymouth, Darrow		
11 QL	잎 : 가장자리	무딘 톱니모양 톱니모양	1 2	Blueray, Jersey Brigitta, Rancocas	Northland, Patriot	
12 QN	꽃눈 : 안토시 아닌 착색 정도	약하다 중간 강하다	3 5 7	Hele Patriot Bluecrop		
13 QN	화서 : 길이(화 경 포함)	짧다 중간 길다	3 5 7	Bluetta, Collins Duke, Earliblu Berkeley, Bluecrop		
14 FQ	꽃 : 화관 모 양	항아리모양 종모양 원통모양	1 2 3	Maru Reka	Polaris Northblue	
15 QN	꽃 : 화관 크 기	작다 중간 크다	3 5 7	Blueray Heema Collins	Chippewa, Swan, Southland Sharpblue, Darrow Bladen	
16 QN	꽃 : 화관의 안토시아닌 착 색 정도	없거나 매우 약하다 약하다 중간 강하다	1 3 5 7	Maru Ama Gretha Bluecrop	Chippewa Bluechip Bladen	

번호	특 성	표현형태	계급	기존 표준품종	추가 제시 표준품종	계측치
17 QL	꽃 : 화관의 골	없다 있다	1 9		Coville, Weymouth Homebell	
18 QN	과방 : 밀도	성기다 중간 뻣뻣하다	3 5 7	Rahi Toro Tifblue	Rubel Bluecrop, Bluetta Bluechip Darrow, Herbert, Patriot	
19 QN	미숙과 : 녹 색의 강도	밝다 중간 어둡다	3 5 7	Heerma Ama Berkeley	Bluecrop, Collins Darrow, Duke Dixi	
20 QN	과실 : 크기	작다 중간 크다	3 5 7	Ama Concord Darrow	Sunshineblue, Northland, Friendship Bluecrop Spartan, Nelson, Dixi	12mm 미만 12~16mm 16mm 이상
21 FQ	과실 : 종단 면의 모양	타원형 원형 편원형	1 2 3	Northland Bluecrop, Jersey Earliblue		
22 QN	과실 : 꽃받 침 조각 자 세	직립 직립에서 반직립 반직립	1 2 3	Powderblue Tifblue	Nelson, Meader	
23 QN	과실 : 꽃받 침 조각의 유형	안으로 굽은 모양 수직 모양 밖으로 굽은 모양	1 2 3	Delite Powderblue Tifblue		
24 QN	과실 : 꽃받 침 분지의 직경	작다 중간 크다	3 5 7	Blueray Bluecrop Darrow		
25 QN	과실 : 꽃받 침 분지의 깊이	얕다 중간 깊다	3 5 7	Collins Blueray Heidi, Jersey		
26 QN	과실 : 과분 의 정도	매우 적다 적다 중간 많다	1 3 5 7	Goldtraube Gretha Ama, Bluetta Darrow, Fila	Cooper, Homebell Nelson Brigitta Bluegold	
27 FQ	과실 : (과피 색)과분 제 거 후)	밝은 청색 중간 청색 어두운 청색 청색 띠 적색	1 2 3 4	Berkeley Patriot Heerma Delite	Bluejay Northland, Homebell Swan	

번호	특 성	표현형태	계급	기존 표준품종	추가 제시 표준품종	계측치
28 QN	과실 : 경도	무르다 중간 단단하다 매우 단단하다	3 5 7 9	O'Neal Duke Rahi	Jersey Collins Bluecrop Reveille	0.5 미만 0.5~0.55 0.55~0.60 0.6 이상
29 QN	과실 : 단맛 (당도)	낮다 중간 높다	3 5 7	Bluetta Collins Goldtraube	Duke Brgitta, Spartan R a n c o c a s , Brightwell	12 미만 12~15 15 이상
30 QN	과실 : 산도	낮다 중간 높다	3 5 7	Gretha Darrow Ascorba, Bluecrop	Polaris Brigitta Nelson, Jersey	0.5 미만 0.5~1.0 1.0 이상
31 QL	나무 : 착과 습성	일년생가지만 일년생가지와 당년생 가지	1 2	Darrow, Patriot Concord, Burlington		
32 QN	발아기	이르다 중간 늦다	3 5 7	Patriot, Weymouth Bluecrop Blueray		
33 QN	일년생 가지 의 개화 품 종 : 개화시	매우 이르다 이르다 중간 늦다 매우 늦다	1 3 5 7 9	Patriot Weymouth Berkeley Darrow Jersey		
34 QN	일년생 가지 와 당년생 가 지의 개화 품종 : 당년 생 가지의 개화시	이르다 중간 늦다	3 5 7	O'Neal JU83		
35 QN	일년생 가지 의 착과품종 : 과실 성숙 시	매우 이르다 이르다 중간 늦다 매우 늦다	1 3 5 7 9	BLuetta Blueray Heerma Darrow Elizabeth		
36 QN	일년생 가지 와 당년생 가 지의 착과품 종 : 당년생 가지의 과실 성숙시	이르다 중간 늦다	3 5 7	O'Neal JU83		

3) 배, 블루베리 주요 품종의 SSR 분석

1. 서론

일반적으로 품종을 구분하는 방법은 원예적인 형태형질에 근거하고 있지만 유전적으로 밀접하게 연관되어 있는 품종들은 구별하기 어렵고 재배방법과 환경요인에 큰 영향을 받을 수 있다(Imazio et al., 2002). 이와 달리 DNA 마커는 환경에 대한 영향을 배제할 수 있어 유전자원의 유전적 다양성 평가, 품종 판별 등에 유용하게 사용되고 있다. 배 품종 판별에 관한 연구는 Cho et al.(2012)이 SCAR 마커를 개발하여 국내육성 품종과 도입품종 43종을 대상으로 효율적인 최소 마커를 선정한 바 있다. 블루베리는 기능성 건강식품으로 인식되어 재배면적이 급증하고 있지만 단기간에 많은 품종이 보급되어 최근 품종 진위에 대한 문의가 많은 실정이다. 본 연구에서는 종자원에서 표준화된 DB구축을 위하여 사용되었던 SSR primer를 분양 받아 배, 블루베리 품종의 SSR 분석을 통해 품종 판별에 효과적인 마커를 선별하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 배 주요 품종의 SSR 분석

배 품종 판별용 SSR 마커를 선별하기 위하여 국립원예특작과학원에 보존 중인 95품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 1). SSR 분석에 Fragment analyzer를 이용하기 위해 시험품종을 107품종에서 95품종으로 조정하였다. 배 어린 잎을 채취하고 액체질소로 곱게 마쇄한 후 DNeasy plant mini kit(Qiagen, Valencia, CA, USA)를 사용하여 genomic DNA를 추출하였다. 추출한 DNA의 순도는 0.8% agarose gel에 전기영동하여 확인하였고 DNA 양은 분광광도계(NanoDrop 2000, Thermo Fisher Scientific, MA, USA)로 정량 분석하였다. PCR 분석에는 DNA를 $5\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 의 농도로 희석하여 이용하였다.

배 품종 DNA의 교차분석을 위해 12종의 SSR primer 정보를 제2세부과제에서 제공받았다(Table 2). PCR 증폭은 genomic DNA 40 ng, 5 pmole SSR primer, 200 μM dNTP, 1 \times PCR buffer, 0.5 unit Taq DNA polymerase(Genetbio, Korea)를 혼합하여 총 반응액을 15 μL 로 조정하여 실시하였다. PCR 반응은 thermocycler(C1000, Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA)를 이용하여 94 $^{\circ}\text{C}$ 에서 5분간 초기 변성시키고 94 $^{\circ}\text{C}$ 에서 30초, 55 $^{\circ}\text{C}$ 에서 45초, 72 $^{\circ}\text{C}$ 에서 45초간 35회 반복한 후 72 $^{\circ}\text{C}$ 에서 10분간 처리하였다. PCR 증폭 산물은 Fragment analyzer(Advanced analytical, USA)을 이용하여 전기영동하고 PROSize2.0 프로그램을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하였다.

Table 1. The SSR primers for ring test of pear cultivars.

No.	Cultivar	No.	Cultivar	No.	Cultivar	No.	Cultivar
1	Gamro	25	Shinhwa	49	Mili	73	Amanogawa
2	Gamcheonbae	26	Youngsanbae	50	Hakataao	74	Cheongdangroli
3	Gwansangdream	27	Gihoo	51	Hori	75	Kiyomaro
4	Gwansangbae 1	28	Wonhwang	52	Beijinbaili	76	Cheongseoli

5	Gwansangbae 2	29	Joseanghwangkeum	53	Hokushin	77	Seigyoku
6	Gwansangbae 3	30	Joyskin	54	Pingguoli	78	Yakumo
7	Greensys	31	Jinhwang	55	Satangbae	79	Hattatsu
8	Geumchonjosaeng	32	Changjo	56	Suanli	80	Hakkou
9	Noksu	33	Hanareum	57	Ishiiwase	81	Hosui
10	Mansu	34	Hwasan	58	Shishuu	82	Tosanishiki
11	Manpoong	35	Hwangkeumbae	59	Tama	83	Kosui
12	Manhwang	36	Hongli	60	Niitaka	84	Kouzou
13	Minibae	37	Kinchaku	61	Mishirazu	85	Beniamin
14	Mihwang	38	Kuerlexiangli	62	Shinseiki	86	Hwangsilri
15	Baeyeon 3	39	Kikusui	63	Shinsui	87	Huiyanghongli
16	Sunhwang	40	Kimizukawase	64	Shinko	88	Abate Fetel
17	Seolwon	41	Imamuraaki	65	Atogo	89	Bartlett
18	Sooyoung	42	Kkulbae	66	Kumoi	90	Canal Red
19	Soohwangbae	43	Danbae	67	Wonkyo Na 11	91	Conference
20	Supergold	44	Dangsansuli	68	Nijisseiki	92	Dr. J. Guyot
21	Sweet Skin	45	Ooharabeni	69	Choju	93	Farmingdale
22	<i>Sweet Cost</i>	46	Doitsu	70	Chojuro	94	Lubenicarka
23	Shinil	47	Okusankichi	71	Waseaka	95	Mamenashi 5
24	Shincheon	48	Manyuanxiang	72	Zaosu		

Table 2. The SSR primers for ring test of pear cultivars.

No.	SSR name	Primer sequence (5'→3')	Tm(°C)
1	CH01h01	F: GAAAGACTTGCAGTGGGAGC R: GGAGTGGGTTTGAGAAGGTT	55
2	GD-144	F: GCAAACATAAAACCCATCATTACC R: GTAGCCCTCAAAGAACTCCTTGT	55
3	NAUpy32c	F: CAAACTTCTCAGCCGCATC R: AGAGACCCCATAGAAGCAGTTT	55
4	Pyrus_contig3a	F: GTCGGAAAACCTTCATCGGAA R: ATGCAAGCAATTCTTCCTCG	55
5	Pyrus_contig4c	F: CCCCTCCCACACAATAAGAA R: CCTTAGCTCCCTCCAGTTCC	55
6	Pyrus_contig5c	F: GCCATCACTCAAGAGACAGAA R: TTCCTCTCCCATGTCCTTA	55
7	Pyrus_contig29a	F: GGCCAAAAACCAAAACATAGA R: TCCTTCTCCAAAAGGCAA	55
8	Pyrus_contig29b	F: GGCCAAAAACCAAAACATAGA R: CAACAAAGGGCTAGCCAAGA	55
9	TsuENH002	F: CAGCAGGAAACACAGAAAAACAG	55

		R: GTTTCTTATATCGAGCAATCAAGGAAGCAG	
10	TsuENH019	F: CTCCGCTCACTCCTCAGAAGTTT R: GTTTCTTAATGCTTGAGTTGGTTGAGCTTC	55
11	TsuENH071	F: GAATGATGAAGGCTGTGAGTT R: GTTTCTTGTATAGCGGGGCGAAGAAC	55
12	TsuENH079	F: GCGCGTTCTTGGGAGAAGGT R: GTTTCTTGCATGTTTCCTTTTGACAGCCTAC	55

나. 블루베리 주요 품종의 SSR 분석

블루베리 품종 판별용 SSR 마커를 선별하기 위하여 USDA-ARS에서 조직배양묘를 도입하여 증식한 ‘Aron’ 등 31품종과 국립원예특작과학원에 보존 중인 ‘Alapaha’ 등의 14품종, 총 45품종을 유전자 분석 재료로 활용하였다(Table 3). 블루베리 어린 잎을 채취하고 액체질소로 급게 마쇄한 후 DNeasy plant mini kit(Qiagen, Valencia, CA, USA)를 사용하여 genomic DNA를 추출하였다. 추출한 DNA의 순도는 0.8% agarose gel에 전기영동하여 확인하였고 DNA 양은 분광광도계(NanoDrop 2000, Thermo Fisher Scientific, MA, USA)로 정량 분석하였다. PCR 분석에는 DNA를 5ng· μ L⁻¹의 농도로 희석하여 이용하였다. 또한 블루베리 품종 DNA의 교차분석을 위해 24종의 SSR primer 정보를 제2세부과제에서 제공받았다(Table 4). PCR 증폭은 genomic DNA 40 ng, 5 pmole SSR primer, 200 μ M dNTP, 1 \times PCR buffer, 0.5 unit Taq DNA polymerase(Genetbio, Korea)를 혼합하여 총 반응액을 15 μ L로 조정하여 실시하였다. PCR 반응은 thermocycler(C1000, Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA)를 이용하여 94 $^{\circ}$ C에서 5분간 초기 변성시키고 94 $^{\circ}$ C에서 30초, 55 $^{\circ}$ C 또는 60 $^{\circ}$ C에서 45초, 72 $^{\circ}$ C에서 45초간 35회 반복한 후 72 $^{\circ}$ C에서 10분간 처리하였다. PCR 증폭 산물은 Fragment analyzer(Advanced analytical, USA)을 이용하여 전기영동하고 PROSize2.0 프로그램을 활용하여 각 품종별 대립유전자의 차이를 분석하였다.

Table 3. The SSR primers for ring test of blueberry cultivars.

No.	Cultivar	No.	Cultivar	No.	Cultivar
1	Aron	16	Hardyblue	31	Spartan
2	Ashworth	17	Herbert	32	Alapaha
3	Berkeley	18	Ivanhoe	33	Aurora
4	Bluejay	19	June	34	Camellia
5	Blueray	20	Laniera	35	Chandler
6	Bluetta	21	Legacy	36	Draper
7	Brigitta Blue	22	Northland	37	Emerald
8	Burlington	23	Olympia	38	Huron
9	Cabot	24	Pacific	39	Liberty
10	Concord	25	Patriot	40	Meadowlark
11	Dixi	26	Pemberton	41	Misty
12	Duke	27	Pink Lemonade	42	Rebel

13	Elliott	28	Pioneer	43	Star
14	Evelyn	29	Rubel	44	Titan
15	Georgiagem	30	Sierra	45	Vernon

Table 4. The SSR primers for ring test of blueberry cultivars.

No.	SSR name	Repeat motif	Primer sequence (5'→3')	Tm (°C)
1	CA23F	(AGA) ₆	F: GAGAGGGTTTCGAGGAGGAG R: GTTTAGAAACGGGACTGTGAGACG	60
2	CA25F	(TG) ₇	F: TGATGCCACAAGAAGAGAAGC R: GTTAAACAGAGAAACCTATCT	55
3	CA169F	(GAT) ₄	F: TAGTGGAGGGTTTTGCTTGG R: GTTTATCGAAGCGAAGGTCAAAGA	55
4	CA190R	(TGC) ₅	F: TTATGCTTGCCATGGTGGTA R: TTGCGAAGGGACCTAGTAGC	55
5	CA214F	(TC) ₆	F: TTCCACAAACCCTGATCTC R: GTTTGCTGGAGATTTCCACCATTC	55
6	CA664F	(AG) ₆	F: GAAAGATCGGTCGTGGTGAT R: GTTTGAAGTCATCGCTGCAAACAA	55
7	CA236F	(TG) ₁₇	F: GTTAAGCTTTTAGATGAGTTGATGG R: GTTAAACCAGTCCCAGACCCAAAT	55
8	CA278F	(CCA) ₇	F: GCACGAGCTCAAGGCTACTAA R: GTTTCCACCACACCCTTCCAATAG	60
9	NA240	(TC) ₃	F: TCTTCTCCAGCGTTCTCTCC R: GTTTAAAGCGAGGAGGTAGGGAAA	60
10	NA961	(TAC) ₅	F: TCAGACATGATTGGGGAGGT R: GTTTGAATAATAGAGGCGGTGGA	55
11	CA518F	(CAC) ₆	F: CCGCTTCTCAAAGCCTCTC R: GTTTCTTCTCGATGGCAATGTTT	55
12	CA1031F	(CT) ₁₀	F: TGGAGATCCCTAAGAGAGTGGA R: GTTTGGCTCGGCTCCTTATGTTA	55
13	NA172	(CAT) ₅	F: CCTCGTCTCCTCTTCTCTCT R: GTTTGACTTTGAGAAGGCGAAG	55
14	NA222	(TG) ₈	F: TCCACATCTGGCAACGATTA R: GTTTAGAGCATGACCCATGAACATT	55
15	VCC1_H9	(CT) ₁₃	F: TCCGAGCCATTTAGTGTCAA R: GTTTACAAAAACCAAAGCCATGC	55
16	VCC1_I8	(TG) ₈	F: TTCAGCATTCAATCCATCCA R: GTTTCTCTTCTCCAATCTCTTTTCCA	55
17	VCC1-J3	(AAG) ₁₅	F: TGATTACATTGCCAGGGTCA R: TGGAAACAACCGGGTTACAT	55
18	BLM-1	(CT) ₈	F: TTTTGGGTGCCCTGGTGATT R: ATCTTCTCCTCCTCCGCCTT	55
19	BLM-2	(TAAT) ₆	F: GCATTCAATGGGATGCGGTC R: TGAGAGGGCCTAGTTTCTGC	55
20	BLM-3	(AT) ₇	F: TCAAGCAAATTGGAACGGAGA R: CGCTGCAATATGTGTGCTCC	55
21	BLM-4	(TC) ₅	F: TCCTTCAACACAAGCAGCCA	55

22	BLM-5	(CT) ₅	R: CACGGTGTCCAAGGTTGAA F: CAAGCAGTCCCTCCGAAAGT R: TCACCAAAGAGAATCCTGGGC	55
23	BLM-6	(AC) ₅	F: AAGCATGTATTCCCAGGCC R: TCCAAACAGGCTACCGGAAC	55
24	BLM-7	(AT) ₅	F: GCCTTCGGTTTTTGGCATGT R: TGGTGAGGCAGCTGAAGAAG	55

다. 배, 블루베리 data의 통계분석 및 품종 판별

배와 블루베리 품종 간 유전적 다양성을 파악하고자 얻어진 대립유전자를 이용하여 대립유전자의 유무에 따라 1(유)과 0(무)으로 scoring하였다. 시험품종 간의 유연관계는 MVSP(multi-variate statistical package) version 3.13(Kovach computing services)을 이용하여 추정하였다. Simple matching coefficient에 의해 유전적 유사도 값을 계산하고 이 값을 기준으로 하여 비가중평균결합(UPGMA: unweighted pair-group method with arithmetic averages)법으로 집괴분석(cluster analysis)을 하여 dendrogram을 작성하였다. 배와 블루베리의 품종 판별을 위하여 분석한 SSR 마커 중에서 대립유전자의 패턴이 선명하고 polymorphic information content(PIC) 값이 높은 것을 선발하여 품종 판별에 필요한 최소한의 SSR 마커 set를 선정하였다.

3. 결과 및 고찰

가. SSR 분석을 통한 배 주요 품종 간 다형성 탐색

배 품종의 유전적 다양성 분석과 품종 판별에 제 2세부과제에서 분양받은 12종의 SSR primer를 이용한 분석 결과는 표 5와 같다. 총 대립인자 수는 123개였으며, 대립인자 수의 범위는 4~17개였고, 평균 대립인자 수는 10.3개였다. Pyrus_contig3a primer의 대립인자 수가 18개로 가장 많았고, 그 다음은 GD-144가 17개로 많았다. 대립인자 수가 4개로 가장 적은 primer는 Pyrus_contig29a였으며 Pyrus_contig29b와 TsuENH079도 5개로 적었다. 대립인자의 분자량 범위는 80-333bp였으며 Pyrus_contig29b가 111-119bp로 가장 좁았고, Pyrus_contig3a가 204-285bp로 가장 넓었다. 본 실험에서 얻은 평균 대립인자 수(10.3)는 Kimura et al.(2002)과 Cao et al.(2012)이 보고한 14.8개와 13.5개에 비해 낮은 편이었는데 이는 분석한 primer의 종류와 시험재료로 이용한 품종이 다르기 때문으로 판단된다. TsuENH002 primer를 이용한 SSR profile은 Fig. 1에 나타냈다.

분석에 사용한 12종의 SSR primer의 유전적 다양성 지표인 PIC 값은 0.415(TsuENH071)-0.879(NAUpy32c)의 범위였으며 평균 PIC 값은 0.733이었다. 12종의 SSR primer들 중에서 GD-144, NAUpy32c, Pyrus_contig3a 등은 배 품종들에서 비교적 높은 수의 대립단편과 유전적 다양성 값을 나타내는 primer였으며, 반면에 Pyrus_contig29a, TsuENH071, TsuENH079 등은 비교적 낮은 수의 대립단편과 유전적 다양성 값을 나타냈다. 이와 같이 대립단편 수가 많고 PIC값이 높은 primer는 품종 판별에 유용하게 이용될 수 있을 것으로 판단되었다.

Table 5. Pear cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

SSR name	Allele size (bp)	No. of alleles	Polymorphic information content
CH01h01	80-135	12	0.811
GD-144	177-232	17	0.868
NAU _{py} 32c	137-168	11	0.879
Pyrus_contig3a	204-285	18	0.835
Pyrus_contig4c	135-168	11	0.841
Pyrus_contig5c	273-323	11	0.752
Pyrus_contig29a	187-202	4	0.630
Pyrus_contig29b	111-119	5	0.652
TsuENH002	114-142	11	0.854
TsuENH019	108-142	11	0.770
TsuENH071	299-333	7	0.415
TsuENH079	198-230	5	0.486
Mean	-	10.3	0.733

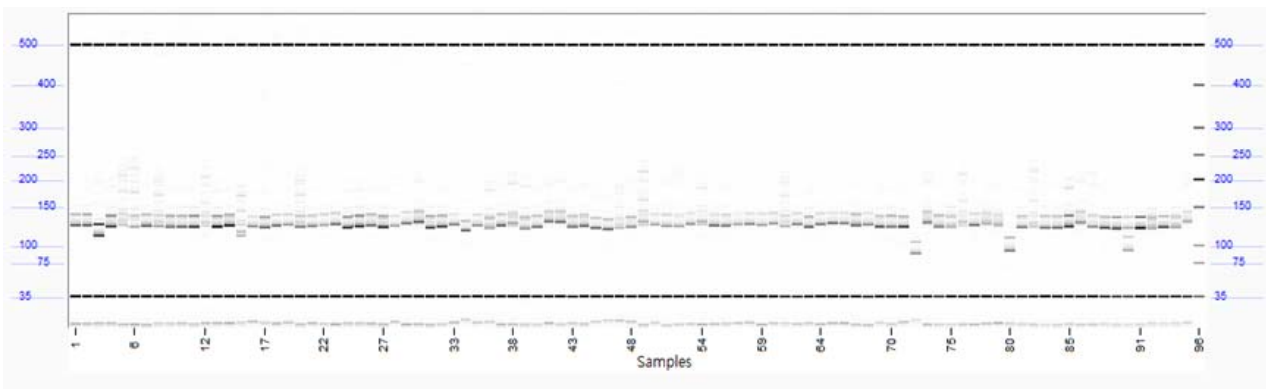


Fig. 1. SSR profiles obtained from pear cultivars with TsuENH002 primer using fragment analyzer.

나. 배 주요 품종 간 유연관계 분석 및 SSR 대립인자를 이용한 품종 판별

SSR 마커를 이용하여 배 95품종에 대한 UPGMA 방법에 의해 집괴분석 결과, 전체 유사도 지수는 0.650~1.000의 범위였다. 가장 높은 유사도 값(1.000)을 나타낸 것은 ‘감천배’와 ‘미황’ 간이었으며, 가장 낮은 유사도 값(0.650)을 나타낸 것은 *P. ussuriensis* Maxim. 계통의 재래배인 ‘황실리(Hwangsilri)’와 *P. communis* L. 계통의 서양배인 ‘Canal Red’ 간이었다. 평균 유사도 값은 0.780이었으며, 가장 높은 평균 유사도 값(0.818)을 나타낸 것은 ‘화산’ 이었고, 가장 낮은 것(0.726)은 ‘관상배 2호’ 이었다. 유연관계 분석 결과, 서양배 품종인 ‘Conference’, ‘Bartlett’, ‘Lubenicarka’, ‘Abate Fetel’, ‘Canal Red’,

‘Dr. J. Guyot’, ‘Farmingdale’의 7품종과 ‘태평양’과 ‘Bartlett’를 교배친으로 육성한 ‘청마려(Kiyomaro)’가 같은 그룹으로 분류되었다. 또한 관상용 품종으로 육성된 콩배계통의 ‘관상드림’, ‘관상배 1호’, ‘관상배 2호’, ‘관상배 3호’와 생리장해 저항성 대목으로 ‘장성콩배’와 ‘북지콩배-17’을 교배하여 육성된 ‘배연 3호’가 같은 그룹으로 분류되었다. *P. pyrifolia*와 *P. ussuriensis*에 속하는 재배품종, 교잡종 등은 대부분 혼재되어 분포하여 *P. pyrifolia*나 *P. ussuriensis*와 서로 밀접히 연관되어 있음을 확인할 수 있었다.

배 95품종의 품종 판별을 위한 최소 SSR 마커를 선별하기 위하여 12개의 SSR마커 중에서 밴드가 선명하고 PIC 값이 높은 마커를 선정하여 품종 판별에 이용하였다. 먼저 PIC 값이 높은 NAUpy32c, GD-144, TsuENH002, *Pyrus_contig3a*을 이용하여 83품종을 판별하였고 다음으로 *Pyrus_contig4c*를 이용하여 ‘화산’을 포함한 8품종을, 마지막으로 TsuENH019를 이용하여 ‘그린시스’와 ‘수진조생’을 판별하였다. ‘감천배’와 ‘미황’은 12종의 SSR primer를 이용한 분석에서 모두 동일한 밴드를 나타내어 품종을 판별할 수 없었다. 품종 판별을 목적으로는 SSR이 가장 실용적인 마커 시스템으로 인정받고 있지만 유사도가 높은 품종 또는 변이품종 간에는 다형성 검출 빈도가 낮아 판별에 어려움이 있다(Aranzana et al. 2002, Baneh et al. 2009, Galli 2005). Aranzana et al.(2002)은 복숭아 25품종에 대한 35종의 SSR 마커 검정 결과 동일 그룹에 속하는 ‘Spring Lady’와 ‘Queencrest’의 두 품종간에 다형성이 나타나지 않아 구별하지 못하였지만 선별된 3종의 SSR마커만으로도 25개의 genotype 중 24개의 구별이 가능하다고 보고하였다. SSR 마커를 이용한 분석에서 ‘감천배’와 ‘미황’과 같이 유사도가 매우 높아 구별되지 않는 품종에 대해서는 세밀한 주요 형태적인 특성조사와 더불어 다양한 DNA 마커 분석이 필요할 것으로 판단되었다.

본 연구에서는 배 93품종을 판별할 수 있는 높은 다형성을 보이는 6종(NAUpy32c, GD-144, *Pyrus_contig4c*, *Pyrus_contig3a*, TsuENH002, TsuENH019)의 SSR 마커를 선별하였다.

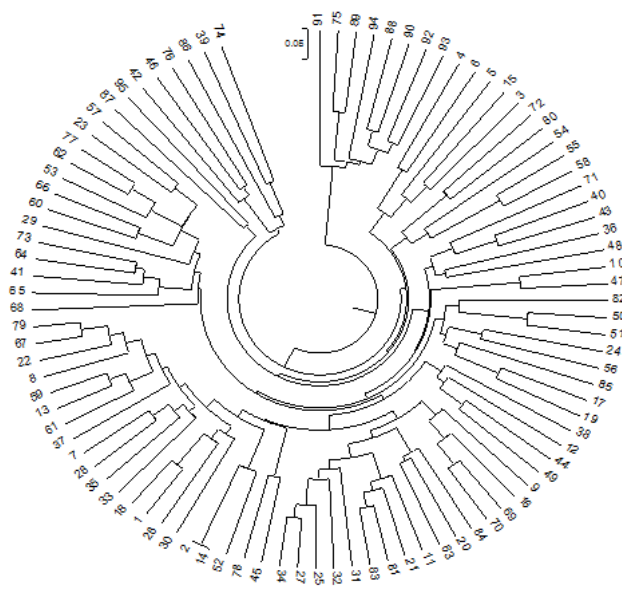


Fig. 2. Dendrogram of 95 pear cultivars based on genetic similarity values obtained from the SSR data.

다. SSR 분석을 통한 블루베리 주요 품종 간 다형성 탐색

블루베리 품종의 유전적 다양성 분석과 품종 판별에 제 2세부과제에서 분양받은 24종의 SSR primer를 이용한 분석 결과는 표 6과 같다. DNA 교차분석용 SSR primer 24종 중에서 CA214F와 CA664F는 PCR 증폭이 잘 되지 않아 분석에서 제외하였다. 총 대립인자 수는 127개였으며, 대립인자 수의 범위는 2~13개였고, 평균 대립인자 수는 5.8개였다. VCC1-J3 primer의 대립인자 수가 13개로 가장 많았고, 그 다음은 CA169F, CA1031F, BLM-3가 9개로 많았다. 대립인자 수가 2개로 가장 적은 primer는 NA240과 BLM-3였으며 NA222와 BLM-6도 3개로 적었다. 대립인자의 분자량 범위는 102-349bp였으며 NA240이 102-106bp로 가장 좁았고, CA1031F가 222-264bp로 가장 넓었다. 본 실험에서 얻은 평균 대립인자 수(5.8)는 Boches et al.(2005)이 24종의 마커를 분석하여 보고한 8.6개보다는 적고, Bell et al.(2008)이 보고한 4.8개보다는 높았다. NA222와 BLM-4 primer를 이용하여 SSR 분석한 profile은 Fig. 3에 나타냈다.

분석에 사용한 22종의 SSR primer의 PIC 값은 0.220(CA518F)-0.983(VCC1-J3)의 범위였으며 평균 PIC 값은 0.824였다. 22종의 SSR primer들 중에서 VCC1_H9와 VCC1_J3 등은 블루베리 품종들에서 비교적 높은 수의 대립단편과 유전적 다양성 값을 나타내는 primer였으며, 반면에 NA240과 CA518F 등은 비교적 낮은 수의 대립단편과 유전적 다양성 값을 나타냈다.

Table 6. Blueberry cultivars assayed for genetic characterization using SSR markers.

SSR name	Allele size (bp)	No. of alleles	Polymorphic information content
CA23F	169-179	4	0.930
CA25F	242-255	6	0.923
CA169F	113-135	9	0.905
CA190R	272-280	4	0.941
CA236F	212-235	7	0.914
CA278F	238-260	7	0.955
NA240	102-106	2	0.502
NA961	186-197	4	0.926
CA518F	180-190	4	0.220
CA1031F	222-264	9	0.844
NA172	292-307	4	0.834
NA222	303-307	3	0.535
VCC1_H9	190-220	8	0.959
VCC1_I8	107-134	8	0.942
VCC1-J3	120-167	13	0.983
BLM-1	197-229	6	0.916
BLM-2	325-349	7	0.905
BLM-3	165-198	9	0.834

BLM-4	232-259	4	0.918
BLM-5	149-154	2	0.841
BLM-6	166-172	3	0.726
BLM-7	282-292	4	0.677
Mean	-	5.8	0.824

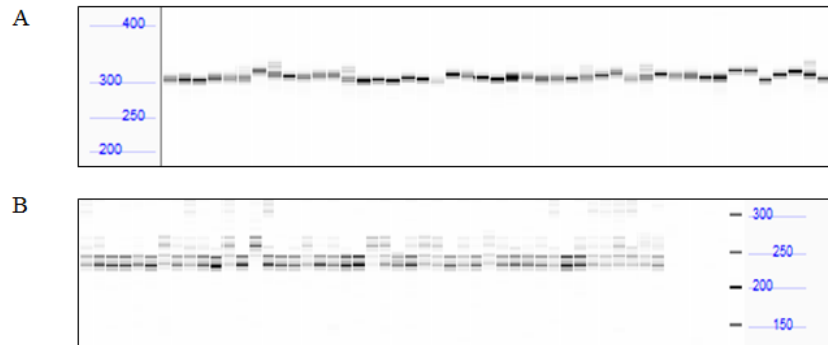


Fig. 3. SSR profiles obtained from blueberry cultivars with NA222 (A) and BLM-4 (B) primers using fragment analyzer.

라. 블루베리 주요 품종 간 유연관계 분석 및 SSR 대립인자를 이용한 품종 판별

SSR 마커를 이용하여 블루베리 45품종에 대한 UPGMA 방법에 의해 집괴분석 결과, 전체 유사도 지수는 0.563~0.805의 범위였다. 가장 높은 유사도 값(0.805)을 나타낸 것은 래빗아이 품종인 ‘Titan’ 과 ‘Vernon’ 간이었으며, 가장 낮은 유사도 값(0.563)을 나타낸 것은 남부 하이부쉬 품종인 ‘Berkeley’ 와 래빗아이 품종인 ‘Titan’ 간이었다. 평균 유사도 값은 0.700이었으며, 가장 높은 평균 유사도 값(0.729)을 나타낸 것은 ‘Hardyblue’ 였고, 가장 낮은 것(0.617)은 ‘Vernon’ 이었다. 이상의 유사도 지수를 이용하여 집괴분석한 결과 유사도 0.660을 기준으로 45개 품종은 2개의 그룹으로 분류되었다(Fig. 4). 제1그룹에는 래빗아이 품종인 ‘Pink Lemonade’, ‘Alapaha’, ‘Titan’, ‘Vernon’ 과 북부 하이부쉬인 ‘Ashworth’ 가 포함되었다. ‘Ashworth’ 는 야생에서 선발된 품종으로 양친이 알려져 있지 않으며 대한성 품종 육성 시 양친으로 이용되었다고 보고된 바 있다(Darrow et al., 1960). Bian et al.(2014)은 SSR 분석을 통한 블루베리 150 계통의 유전적 다양성 조사에서 ‘Ashworth’ 가 로우부쉬 블루베리 계통과 유사도가 높아 다른 계통의 하이부쉬 블루베리와는 구별된다고 보고하였다. 제2그룹에는 하이부쉬 계통인 40품종이 포함되었다. 하이부쉬 블루베리는 저온 요구도에 따라 북부 하이부쉬와 남부 하이부쉬로 구분된다(Rowland et al., 2014). 본 연구에서는 북부 하이부쉬 품종과 남부 하이부쉬 품종이 하나의 그룹으로 분류되었는데 이는 Boches et al.(2005)와 Hong et al.(2014)의 결과와도 유사하다.

블루베리 45품종의 품종 판별을 위한 최소 SSR 마커를 선발하기 위하여 22개의 SSR마커

중에서 밴드가 선명하고 PIC 값이 높은 마커를 선정하여 품종 판별에 이용하였다. 가장 먼저 PIC 값이 높은 VCC1_J3을 이용하여 판별하였고 다음으로 VCC1_H9와 CA190R 마커의 순으로 3단계로 실시하였다. VCC1_J3와 VCC1_H9 마커를 이용하여 블루베리 ‘Aron’ 등 34품종을 판별할 수 있었고, ‘Berkeley’와 ‘Laniera’ 간과 ‘Georgiagem’과 ‘Hardyblue’ 간에는 CA190R 마커로 판별할 수 있어 나머지 11품종에 대해서도 품종 판별이 가능하였다.

본 연구에서는 높은 다형성을 보이는 3종의 SSR 마커(VCC1_J3, VCC1_H9, CA190R)를 이용하여 효율적인 대입인자들의 조합으로 블루베리 45품종을 판별할 수 있었다.

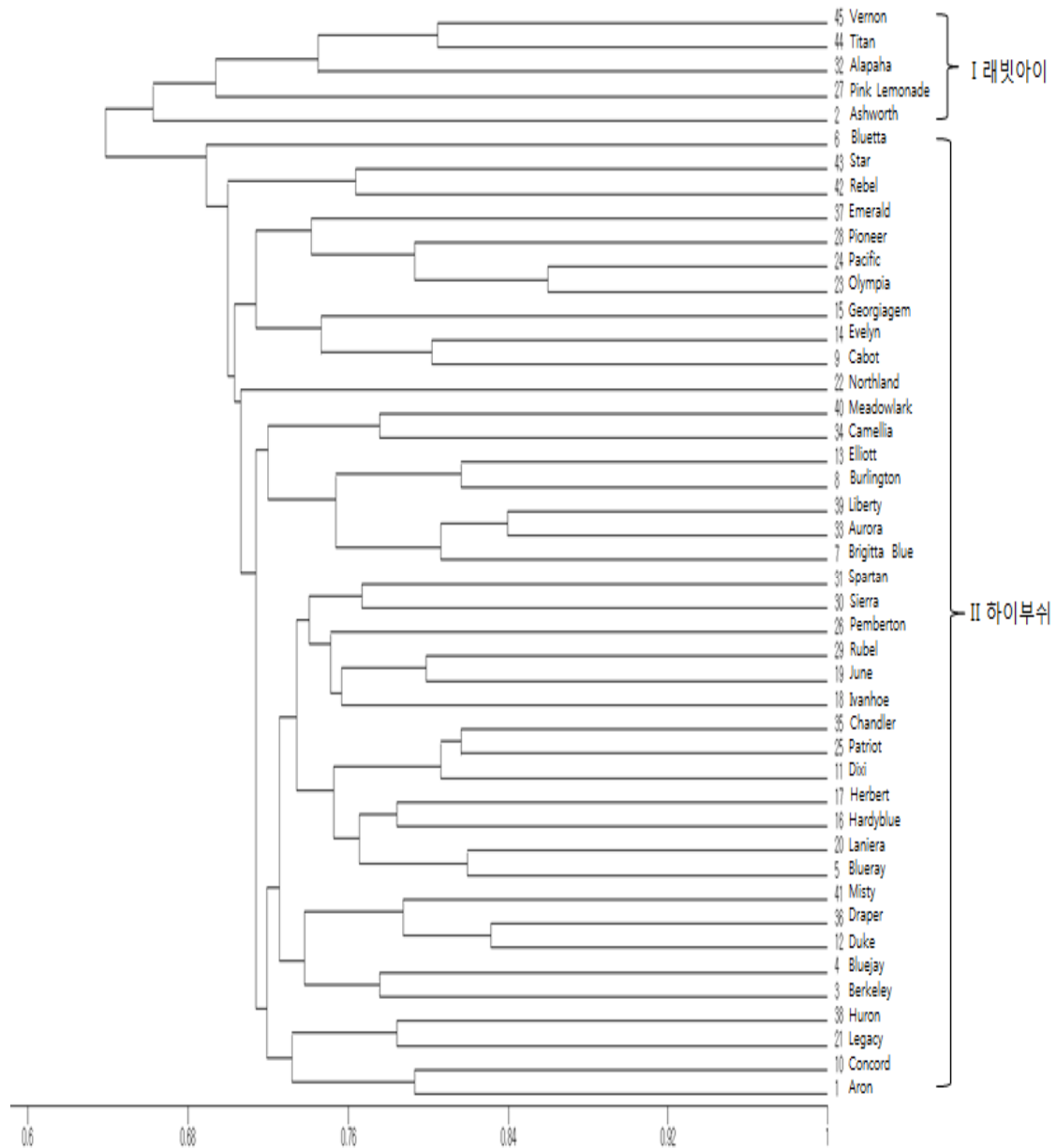


Fig. 4. Dendrogram of 45 blueberry cultivars based on genetic similarity values obtained from the SSR data.

특성 DB 구축	- 반복 재현성 및 품종내 안정성 있는 분자표지 활용 ○ 유전적 유사도를 추정할 수 있는 프로그램 개발 ○ DNA 특성 DB의 세부정보를 종자원 홈페이지 게시 및 시스템 시연	
품종유사성 판단기법 및 판단기준 확립	○ 1, 2년차 DNA 검정을 통하여 유전적 유사도에 따라 작물 재배실시 ○ 작물별 육종가 등을 활용한 품종의 동일성 여부 블라인드 시험실시 ○ 학회, 공청회를 통한 분석 결과 발표	100
품종식별 분자표지를 이용한 DNA DB 구축 및 Ring test	○ DB 표준화를 위한 협동과제에 마커 제공 및 교차분석 추진 : 9작물 - 콩, 보리, 토마토, 무, 수박 : 협동과제로부터 제공받은 마커를 제2세부 DB에 추가 - 벼, 국화, 배, 블루베리 : 협동과제에 DB구축에 활용된 마커 제공	100

3) 제 1 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발수행내용	달성도 (%)
1차 년도	벼 품종의 형태적 특성 조사	○ 조사품종 : 국내육성품종 212종 ○ 특성조사 : 벼의 주요 질적형질 및 양적형질 등 형태적 특성 조사	100
	주요 표현형 특성 이미지 촬영	○ 품종별 주요 형태적 특성 이미지 촬영 - 초형 : 성숙기 - 잎 형태 : 잎 완전전개기 이후 - 종실 : 등숙기 이후	100
	핵심집단이용 PIC=0.7 이상의 다형성 마커선발	○ 벼 핵심집단 이용 PIC=0.7 이상의 다형성 마커선발	100
2차 년도	벼 품종의 형태적 특성 조사	○ 조사품종 : 국내육성품종 243종 ○ 특성조사 : 벼의 주요 질적형질 및 양적형질 등 형태적 특성 조사	100
	주요 표현형 특성 이미지 촬영	○ 품종별 주요 형태적 특성 이미지 촬영 - 초형 : 성숙기 - 잎 형태 : 잎 완전전개기 이후 - 종실 : 등숙기 이후	100
	핵심집단이용 PIC=0.7 이상의 다형성 마커선발	○ 벼 핵심집단 이용 PIC=0.7 이상의 다형성 마커선발	100
3차 년도	벼 품종의 형태적 특성 조사	○ 조사품종 : 국내육성품종 243종 ○ 특성조사 : 벼의 주요 질적형질 및 양적형질 등 형태적 특성 조사	100
	주요 표현형 특성 이미지 촬영 DB화	○ 품종별 주요 형태적 특성 이미지 촬영 - 초형, 잎 형태, 종실 - 조사된 표현형 이미지의 DB화	100
	전체집단의 다형성 마커 이용하여 분석 및 품종판별	○ 벼 243 품종의 다형성 마커 이용하여 유전형 분석 및 품종판별	100

4) 제 2 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	콩 품종의 형태적 특성 조사 및 주요특성 사진 이미지 촬영	○ 조사품종: 국내육성품종 180종 - 국립종자원등록 : 121품종 - 충북대 유전자원관리기관 보유: 59품종 ○ 특성조사: 주요 질적형질 및 양적형질 - 질적형질 : 13개, 양적형질 : 7개 ○ 품종별 주요 특성 이미지 촬영 - 초형: 성숙기 - 엽 : 정엽전개기 이후 - 종실 : 수확기 이후	100
2차년도	콩 품종의 형태적 특성 조사 및 SSR 마커 이용 DNA 분석	○ 특성조사 : 주요 질적형질 및 양적형질 - 질적형질 : 13개, 양적형질 : 7개 ○ 품종별 주요 특성 이미지 촬영 - 초형 : 성숙기 - 엽 : 정엽전개기 이후 - 종실 : 수확기 이후 ○ DNA 분석: 다형성이 높은 SSR마커의 선발 및 분석 - 콩 SSR마커 단일밴드 형성 다형성이 높은 마커 선발 (PIC값 0.7이상) - SSR분석을 통한 품종판별 분석 및 효율성 제고를 위한 최소마커수의 확정	100
3차년도	콩 품종의 형태적 특성과 DNA 특성에 의한 품종 판별체계 확립	○ 국내육성품종의 질적 및 양적형질에 의한 유연관계 분석 - 주성분분석과 Cluster 분석에 의한 유전적 다양성 및 유연관계 파악 ○ 국내육성품종의 SSR마커에 의한 유연관계분석 및 품종판별 체계 확립 ○ SSR마커에 의한 유전적 다양성 및 유연관계 분석 - SSR마커에 의한 품종판별 체계 확립	100

5) 제 3 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	보리(118품종)의 작물학적 특성조사	○ 보리의 국내 유통품종 특성조사 및 특성 DB구축 ○ 품종간 구별되는 거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험	100
2차년도	보리 118품종을 이용하여 30개 이상의 SSR을 활용한	○ 작물별 특성에 대한 표준품종 선정 ○ 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화	100

	DNA profile DB 작성	○ 국제식물신품종보호동맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술(SSR 또는 SNP)을 활용한 DNA Profile DB 구축	
3차년도	보리(118품종)의 품종 특성과 DNA 마커 ring test	○ 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test 추진하여 표준화된 DB 구축	100

6) 제 4 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	국내 토마토 및 무 품종 특성 평가 및 DNA profile	○ 보호출원 또는 생산·판매신고 품종: 토마토 20품종/무 40품종 ○ 국립종자원 특성조사 기준에 따라 양적, 질적 형질(토마토 38 항목/무 32 항목)을 하우스 재배를 통해 조사 ○ DNA profiling은 48~96개의 SNP 및 SSR 마커를 이용하여 수행	100
2차년도	국내 토마토 및 무 품종 특성 평가 및 DNA profile 품종간 유전거리 분석 프로그램 개발	○ 보호출원 또는 생산·판매신고 품종: 토마토 20품종/무 40품종 ○ 국립종자원 특성조사 기준에 따라 양적, 질적 형질(토마토 38 항목/무 32 항목)을 하우스 재배를 통해 조사 ○ DNA profiling은 48~96개의 SNP 및 SSR 마커를 이용하여 수행 ○ 생물정보학적 기술을 이용하여 품종간 유전거리 및 유연관계 분석을 분석할 수 있는 프로그램을 개발 ○ 국가 표준 DB 구축	100
3차년도	국내 토마토 및 무 품종 특성 평가 및 DNA profile 품종간 유전거리 분석 프로그램 개발	○ 보호출원 또는 생산·판매신고 품종: 토마토 20품종/무 40품종 ○ 국립종자원 특성조사 기준에 따라 양적, 질적 형질(토마토 38 항목/무 32 항목)을 하우스 재배를 통해 조사 ○ DNA profiling은 48~96개의 SNP 및 SSR 마커를 이용하여 수행 ○ 생물정보학적 기술을 이용하여 품종간 유전거리 및 유연관계 분석을 분석할 수 있는 프로그램을 개발 ○ 국가 표준 DB 구축 및 시스템의 시연	100

7) 제 5 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	국내 고추품종 특성평가	○ 품종 : 보호출원 또는 생산·판매신고 품종 약 80품종 ○ 특성평가 : 고추 특성조사요령기준(국립종자원) 양적·질적형질 47항목 조사	100

		○ 재배방식 : 노지2열 재배	
2차년도	국내 고추품종 특성평가	○ 품종 : 보호출원 또는 생산·판매신고 품종 약 100품종 ○ 특성평가 : 고추 특성조사요령기준(국립종자원) 양적·질적형질 47항목 조사 ○ 재배방식 : 노지2열 재배	100
3차년도	국내 고추품종 특성평가	○ 품종 : 보호출원 또는 생산·판매신고 품종 약 100품종 ○ 특성평가 : 고추 특성조사요령기준(국립종자원) 양적·질적형질 47항목 조사 ○ 재배방식 : 노지2열 재배	100

8) 제 6 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	형태적 특성 지표 정립 및 마커 다형성 조사	○ 국내 및 해외 수박 특성 평가 기준의 수집 및 평가 ○ 객관적인 평가 기준 확립 ○ SSR을 이용한 다형성 조사 ○ 유전형 확인 후 근연관계(그룹화) 분석 ○ 그룹별 대표 품종 NGS 수행	100
2차년도	수박 품종의 형태적 특성 분석 및 SNP 마커 개발	○ NGS 결과를 활용하여 SNP, SSR 등 품종판별 마커개발 ○ 시판 품종의 주요 형태적 특성 선별 ○ 시판 품종 50개의 특성 분석 ○ 선별된 대표 계통을 이용한 200개 SNP 개발 ○ 등록된 품종에 대한 개발된 SNP 적용	100
3차년도	품종의 비형태적 특성 분석 방법 정립 및 품종판별 마커 개발	○ 비형태적 특성(기능성 물질, 품질, 저장성) 을 분석할 수 있는 체계 구축 및 평가 기준 정립 ○ 표준 품종을 통한 평가 기준 검증 ○ 시판 품종 50개의 특성 분석 ○ 100개 이상 품종 판별 SNP 개발 ○ 품종 판별 분자표지 개발 ○ 형태적 특성과 분자표지간의 연관성 분석	100

9) 제 7 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	장미 형태적 특성조사	○ 장미 유통품종 수집 및 형태적 특성조사 - 대상품종 20품종, 대조품종 2품종 등	100

		- 조사내용 : 고유특성(화색, 화형, 향기, 엽색 등) 및 가변특성(절화장, 절화굽기, 꽃잎수 등) - 재배방식 : 양액재배	
2차년도	장미 형태적 특성조사	○ 장미 형태적 특성조사 - 대상(추가)품종 30품종, 대조품종 3품종 - 조사내용 : 고유특성 및 가변특성 - 재배방식 : 양액재배	100
3차년도	장미 형태적 특성조사 및 표준품종 선정, 재배심사 기법 개발	○ 장미 형태적 특성조사 : 추가 10품종, 대조품종 2품종 ○ 조사된 60품종의 품종특성에 대한 표준품종 선정 ○ 조사된 60품종에 대한 양적형질의 계급화, 표준화 등에 의한 품종보호 출원품종의 재배심사 기법 개발	100

10) 제 8 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	국화 품종 특성조사 및 DNA Profile DB 구축	○ 국화 유통품종 수집 및 형태적 특성조사 - 대상품종 : 20품종(대조 2품종) ○ 기상환경에 따른 주요 품종 형태적 특성 조사 ○ SSR 또는 SNP 마커 활용 품종식별체계 구축	100
2차년도	국화 품종 특성조사 및 DNA Profile DB 구축	○ 국화 유통품종 수집 및 형태적 특성조사 - 대상품종 : 20품종(대조 5품종) ○ SSR 또는 SNP 마커 활용 품종식별체계 구축	100
3차년도	국화 품종 특성조사 및 DNA Profile DB 구축	○ 국화 유통품종 수집 및 형태적 특성조사 - 대상품종 : 20품종 ○ 통계 처리 활용 재배심사 기법 개발 ○ SSR 또는 SNP 마커 활용 품종별 DB 구축 완료	100

11) 제 9 협동과제

구분	연구개발 목표	연구개발 수행내용	달성도 (%)
1차년도	배(107품종), 블루베리(66품종)의 주요 형질 특성조사	○ 배, 블루베리의 국내 육성 및 재배품종 특성조사 및 특성 DB구축 ○ 품종간 구별되는 거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험	100
2차년도	배(107품종), 블루베리(66품종)의 SSR을 활용한 DNA profile DB 작성	○ 작물별 특성에 대한 표준품종 선정 ○ 양적형질의 계급화, 통계처리 등 기술 개발 및 표준화 ○ 국제식물신품종보호동맹(UPOV)가 제안하는 유전자 분석 기술(SSR)을 활용한 DNA Profile DB 구축	100
3차년도	배(107품종), 블루베리(66품종)의 품종 특성과 ring test	○ 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test 추진하여 표준화된 DB 구축	100

○ 연구개발 성과목표별 가중치

연차	연구개발 성과목표	가중치(%)
1년차	특성조사 데이터베이스 구축에 활용된 작물수(12작물)	40
	DNA 프로파일 데이터베이스 구축에 활용된 작물수(13작물)	40
	작물별 품종식별 신규 마커 개발 건수(품종식별력 높은 마커 20개이상 확보)	20
2년차	특성조사 데이터베이스 구축에 활용된 완료 작물 수(12작물)	30
	작물별 특성 조사 결과중 양적형질의 계급화 및 통계처리 건 수(12작물)	10
	DNA 프로파일 데이터베이스 구축 완료 작물 수(12작물)	30
	작물별 품종식별 신규 마커 개발 건수(품종식별력 높은 마커 20개이상 확보)	10
	품종식별마커 이용 ring test 실시 여부	10
	품종보호등록 품종의 수확물 및 가공품에 대한 유전자 분석 체계 구축	10
3년차	작물별 특성조사 결과를 이용한 데이터베이스 구축 (1건)	30
	작물별 DNA 프로파일 데이터베이스 구축(1건)	30
	품종별 데이터베이스 구축을 위한 프로그램 개발 여부(1건 이상)	20
	품종보호출원 및 등록 품종에 대한 DNA Bank 구축(100~300품종 내외)	10
	품종 동일성 기준을 마련하기 위한 학회, 공청회 개최(1회)	10

4-2. 관련분야 기여도

○ 본 연구는 국내 유통 품종에 대한 품종 특성 DB 구축을 통한 신품종 육성시 중복투자 방지 및 국가 기관별·업체별 서로 다른 품종 식별마커 개발 사용에 따른 분쟁 발생소지 사전 차단을 위하여 국내 유통 품종에 대한 품종 형태적 및 DNA 특성 DB 구축을 통한 신 품종 육성시 신규성 및 다른 품종 식별을 위한 품종 판별체계 확립을 위하여 품종의 형태적 특성 및 외관 형질의 이미지와 DNA 특성에 의한 품종 특징화를 통한 품종 판별체계 확립 및 DB 구축을 수행한 연구로서 아래와 같은 내용의 성과를 얻었다.

- 주요 작물의 농업 특성 DB 구축 : 12작물
 - 식량(3작물) : 벼, 콩, 보리
 - 채소(5작물) : 고추, 무, 토마토, 수박, 배추
 - 화훼(2작물) : 장미, 국화
 - 과수(2작물) : 배, 블루베리
- 육종의 기초정보 제공
 - 품종 간 구별되는 거리 탐색, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험 결과 연구
 - 작물별 특성에 대한 표준품종 선정
- 특성조사 정보 제공 시스템 개발
 - 국내 유통품종의 특성 DB 및 육종의 기초정보를 제공하는 전산시스템 개발
- 주요 작물의 DNA Profile DB 구축 : 13작물
 - 대상작물 : 식량(벼,콩,보리), 채소(고추,토마토,무,배추,수박,상추), 화훼(장미,국화) 과수(블루베리,배)
 - 자동염기서열분석 장치 등을 활용한 표준화된 분석 방법 제안
 - 산학연이 참여하는 DNA 분석 ring test 추진 → 표준화된 DB 구축
- DNA profile DB화 및 품종간 유전 거리 분석 추정 프로그램 개발

- 품종보호출원 품종에 대한 DNA 보관체계 구축 : 국화, 장미
- 개발된 기술의 현장 적용 검증 및 평가실시
 - 품종별 형태적 특성 평가, 품종보호 품종의 수확물 진위 여부 확인
- 품종의 유사성 판단 기법 개발 및 사회적 합의 도출
 - DNA 검정 및 형태적 특성을 이용한 품종 간 최소거리설정
 - 협의회 등을 활용한 품종 간 유사성 기준 설정

5. 연구결과의 활용계획

	코드번호	D-07		
<p>1) 활용 계획</p> <p>○ 국내 유통품종의 특성 및 DNA DB 구축</p> <ul style="list-style-type: none"> - 작물의 품종 육성시 다양한 소재 검색과 육종목표 설정에 도움을 주어 작물 육종의 활성화 - 품종보호 출원품종의 재배심사시 대조품종 탐색에 활용. - 품종식별 마커를 이용한 F1 작물의 순도 검정 활용 ; 종자의 생산비 절감 효과. <p>○ 육종의 기초정보 제공</p> <ul style="list-style-type: none"> - 품종간 구별되는 거리 탐색, 작물별 특성에 대한 표준품종 선정, 환경과 작형의 차이에 따른 재배시험 연구를 통한 육종 목표 설정에 기여. <p>2) 기대 효과</p> <p>○ 기술적 측면</p> <ul style="list-style-type: none"> - 국내 유통품종의 특성 및 DNA 특성의 융복합적 활용을 통한 품종보호 출원품종의 재배심사시 대조품종 선정 및 표준품종 설정에 활용. - 육종가가 신품종 개발시 개발된 품종의 형태적 및 DNA 특성의 사전 예측이 가능. - 품종보호제도에 형태적 및 DNA 특성을 활용한 새로운 심사기술의 개발. <p>○ 경제·산업적인 측면</p> <ul style="list-style-type: none"> - 육종가의 육종목표 설정, 육종 재료 탐색 등에 시간, 노력 및 비용 절감 효과. - 품종보호출원품종 심사의 정확성과 신뢰도 향상으로 침해 및 권리 분쟁 감소로 사회적 비용 감소 - 불법종자 유통의 사전 차단을 통한 종자시장의 질서 유지 및 종자분쟁 발생시 신속한 대응 가능. 				

6. 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보

	코드번호	D-08
○ DNA 마커 정보 동향 및 품종판별 기술 수집		

7. 연구개발결과의 보안등급

코드번호	D-09
○ 일반 과제	

8. 국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황

					코드번호	D-10		
구입 기관	연구시설/ 연구장비명	규격 (모델명)	수량	구입 연월일	구입 가격 (천원)	구입처 (전화번호)	비고 (설치 장소)	NTIS장비 등록번호

9. 연구개발과제 수행에 따른 연구실 등의 안전조치 이행실적

코드번호	D-11										
<p>가. 연구실 안전조치 이행</p> <p>○ 기술적 위험요소 분석</p> <p style="padding-left: 20px;">연구실 안전 확보</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 50%;">목적</th> <th style="width: 50%;">내용</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center;">연구실 안전 점검 및 정밀안전진단</td> <td style="text-align: center;"> 일상점검 : 매일 전기 및 화재 방재시설 점검 : 년 2회 정밀안전점검 : 년 1회 실시 </td> </tr> <tr> <td style="text-align: center;">참여연구원의 교육훈련</td> <td style="text-align: center;">년 1회 안전 교육을 실시</td> </tr> <tr> <td style="text-align: center;">참여연구원의 건강검진</td> <td style="text-align: center;">유해인자를 상시 취급하는 참여연구원에 대해 년 1회 건강검진 실시</td> </tr> <tr> <td style="text-align: center;">참여연구원의 보험가입</td> <td style="text-align: center;">참여연구원 전원 대해 '연구실 안전공제 보험' 가입</td> </tr> </tbody> </table> <p>○ 안전관리대책</p> <ul style="list-style-type: none"> - 연구실 안전관리 시스템 운영(safe.chungbuk.ac.kr) - 충북대학교 연구실 안전관리를 위한 전용 시스템으로 관련 규정, 안전자료실, 사고대응요령, 안전공제보험, 폐기물처리, MSDS, 안전교육 등을 운영 중임 		목적	내용	연구실 안전 점검 및 정밀안전진단	일상점검 : 매일 전기 및 화재 방재시설 점검 : 년 2회 정밀안전점검 : 년 1회 실시	참여연구원의 교육훈련	년 1회 안전 교육을 실시	참여연구원의 건강검진	유해인자를 상시 취급하는 참여연구원에 대해 년 1회 건강검진 실시	참여연구원의 보험가입	참여연구원 전원 대해 '연구실 안전공제 보험' 가입
목적	내용										
연구실 안전 점검 및 정밀안전진단	일상점검 : 매일 전기 및 화재 방재시설 점검 : 년 2회 정밀안전점검 : 년 1회 실시										
참여연구원의 교육훈련	년 1회 안전 교육을 실시										
참여연구원의 건강검진	유해인자를 상시 취급하는 참여연구원에 대해 년 1회 건강검진 실시										
참여연구원의 보험가입	참여연구원 전원 대해 '연구실 안전공제 보험' 가입										



- 충북대학교 연구실험실 안전 확보를 위하여 매년 연구실험실 정기점검을 실시함
- 주요 점검사항 : 일상점검 실시, 안전교육 실시(이수), 약물 등 관련대장 작성 비치, 시설 및 장비 점검, 정리정돈 등 연구실 안전관리 준수사항 이행 등
- 실험실의 안전을 확보하고 종사자의 건강을 보호하여 실험 및 연구활동에 기여하고, 또한 연구실 안전환경조성에 관한 법률에 의거하여 실험실의 환경안전교육이 의무화됨에 따라 이공계열 대학원생 및 관련자 직원은 환경안전교육을 의무적으로 수강
- 교육대상 : 교수, 대학원생, 실험조교, 전문직원, 소속연구원, 실험참여 학부생 및 업체직원 등
- 교육방법 : 충북대학교연구실안전관리시스템(<http://safe.chungbuk.ac.kr>)에 로그인하여 정기교육(사이버교육)을 수강

보험 가입 현황

보 험 명	보 상 내 용	대 상	주관부서
연구실 안전공제	<ul style="list-style-type: none"> 사망 1인당 1억원, 후유장해시 급수에 따라 1억 ~ 625만원, 부상의 경우 1,000만원 한도로 상해 등급별 정액 및 실손 보상 	연구활동 종사자	연구실 안전관리팀
학교 경영자 배상 책임 보험	<ul style="list-style-type: none"> 사망 및 후유장애 : 1억원 대물 : 3천만원 교내외 치료비 : 5백만원 	학부생, 대학원생	학생과
교직원 단체보험	<ul style="list-style-type: none"> 사망, 후유장애, 질병사망 : 5천만원 입원의료비지원 : 1천만원 	교직원	총무과
건물 및 물품 보험	<ul style="list-style-type: none"> 건물 : 화재(벼락), 폭발, 붕괴, 태풍, 홍수, 호우, 강풍, 풍랑, 해일, 대설 그 밖에 이와 유사한 사고로 인한 피해 신체손해 : 공제가입한 교육연구시설의 화재(벼락), 폭발, 붕괴, 태풍, 홍수, 호우, 강풍, 풍랑, 해일, 대설로 인한 신체손해 사망/후유장애 : 호프만계수에 의해 산출한 실손해액 지급 부상 : 치료실비 	건물 및 신체손해 대상자	경리과

나. LMO 연구시설 및 수입신고 현황

(유전자변형생물체(LMO)를 이용하는 연구과제의 경우에는 「유전자변형생물체의 국가간 이동에 관한 법률」에 따른 연구시설 설치·운영신고확인서 및 시험·연구용 LMO 수입신고확인서에 기재된 내용을 기술)

시설번호	제LML08 - 77호	안전관리 등급	1등급
수입신고 (최근 1년간)		제LMI00-00	

○ 안전교육 3회를 실시하였고, 충북대학교 산학협력단에서 기타 필요한 환기장치 설치하였음.

10. 연구개발과제의 대표적 연구실적

번호	구분 (논문/ 특허/ 기타)	논문명/특허명/기타	소속 기관명	역할	논문게재지/ 특허등록국 가	코드번호		D-12	
						Impact Factor	논문게재일 /특허등록일	사사여부 (단독사사 또는 중복사사)	특기사항 (SCI여부/인 용횟수 등)
1	특허	초위성체마커를 이용한 배 품종식별방법	국립종자 원		대한민국		2016.07.20	단독사사	
2	특허	수박 품종 판별용 SNP 마커 및 이의 용도	농협경제 지주		대한민국		2016.09.22	단독사사	
3	논문	Assessing the genetic variation in cultivated tomatoes(<i>Solanum lycopersicum L.</i>) using genome-wide single nucleotide polymorphism.	세종대학 교	제1저 자	Horticul- ture, Environ- ment, and Biotechnolo- gy	0.662	2015.12	단독사사	SCI급
4	논문	Application and utilization of marker assisted selection for biotic stress resistance in hybrid rice (<i>Oryza sativa L.</i>)	충북대학 교	제1저 자	Journal of Plant Biotechnolo- gy	0.167	2016.09.21.	중복사사	SCI급
5	논문	수박계통간 염색체수준의 유전적변이 분석	농협경제 지주	제1저 자	Journal of Plant Biotechnolo- gy	0.167	2016.09.21	단독사사	SCI급

11. 기타사항

코드번호	D-13
○	

12. 참고문헌

코드번호	D-14
<p><제2세부과제></p> <p>Abdullah, T., Radu, S., Hassan, Z., & Hashim, J. K. (2006). Detection of genetically modified soy in processed foods sold commercially in Malaysia by PCR-based method. <i>Food Chemistry</i>, 9, 575-579.</p> <p>Anderson, J.A., G.A. Churchill, J.E. Autrigue, and S.D. Tanksley. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. <i>Genome</i> 36:181-186.</p> <p>Backes, G., J. Orabi, A. Wolday, A. Yahyaoui, and A. Jahoor. 2009. High genetic diversity</p>	

- revealed in barley (*Hordeum vulgare*) collected from small-scale farmer's fields in Eritrea. *Genet. Resour. Crop Evol.* 56: 85-97.
- Bae, K.M., S.C. Sim, J.H. Hong, K.J. Choi, D.H. Kim, and Y.S. Kwon. 2015. Development of genomic SSR markers and genetic diversity analysis in cultivated radish (*Raphanus sativus* L.). *Hort. Environ. Biotechnol.* 56:216-224.
- Baneh, H.D., S.A. Mohammadi, H. Mahmoudzadeh, F. de Mattia, M. Labra. 2009. Analysis of SSR and AFLP markers to detect genetic diversity among selected clones of grapevine (*Vitis vinifera* L.) cv. Keshmeshi. *S. Afr. J. Enol. Vitic.* 30: 38-42.
- Biber, A., Kaufmann, H., Linde, M., Spiller, M., Terefe, D., and Debener, T., 2010. Molecular markers from a BAC contig spanning the *Rdr1* locus: a tool for marker-assisted selection in roses. *Theor. Appl. Genet.* 120: 765-773.
- Cho, K.H., I.S. Shin, H.R. Kim, J.H. Kim, S. Heo, and K.Y. Yoo. 2009. Analysis of genetic relationship of pear (*Pyrus* spp.) germplasms using AFLP markers. *Kor. J. Breed. Sci.* 41:444-450.
- Choi, J.K., D.Y. Na, D.I. Kim, I.S. Shin, M.Y. Kim, and H.J. Lee. 2010. Genetic linkage mapping using interspecific hybrid population between Korean wild pear (*Pyrus ussuriensis*) and Japanese pear (*P. pyrifolia*). *Hort. Environ. Biotechnol.* 51:319-325.
- Choi, H.G., H.S. Pak, K.S. Son, D.C. Kim, N.B. Jeon, M.H. Jo, J.J. Choi. 2014. A new spray chrysanthemum cultivar 'Borami Orange' with single type and orange color by gamma-ray irradiation. *Korean J. Hortic. Sci. Technol.* 32: 190(Abstr.).
- Cregan, P.B., T. Jarvik, A.L. Bush, R.C. Shoemaker, K.G. Lark, A.L. Kahler, N. Kaya, T.T. Vantoai, D.G. Lohnes, J. Chung, and J.E. Specht. 1999. An integrated genetic linkage map of the soybean genome. *Crop Sci.*, 39: 1464-1490.
- Depeige, A., C. Goubely., A. Lenoir, S. Cocherel, G. Picard, M. Raynal, F. Grellet, and M. Delseny. 1995. Identification of the most represented repeated motifs in *Arabidopsis thaliana* microsatellite loci. *Theor. Appl. Genet.* 91:160-168.
- Demissie, A., and A. Bjornstad 1996. Phenotypic diversity of Ethiopian barleys in relation to geographical regions, altitudinal range, and agro-ecological zones: as an aid to germplasm collection and conservation strategy. *Hereditas.* 124: 17-29.
- Dice, L.R. 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology.* 26: 297-302.
- Esselink, G.D., Smulders M.J., and Vosman B. 2003. Identification of cut rose (*Rosa hybrida*) and rootstock varieties using robust sequence tagged microsatellite site markers. *Theor. Appl. Genet.* 106: 277-286.
- Fan, L., Zhang, M.Y., Liu, Q.Z., Li, L.T., Song, Y., Wang, L.F., Zhang, S.L., Wu, J. 2013. Transferability of newly developed pear SSR markers to other rosaceae species. *Plant Mol. Biol. Rep.* 31:1271-1282.
- Feng, Z.Y., Liu X.J., Zhang Y.Z., and Ling H.Q. 2006. Genetic diversity analysis of Tibetan wild barley using SSR markers. *Yi Chuan Xue Bao.* 33(10): 917-928.

- Graner, A, Ludwig W.F., and Melchinger A.E. 1994. Relationships among European barley germplasm: II. Comparison of RFLP and pedigree data. *Crop Sci.* 34: 1199-1205.
- Gryson, N., Messens, K., & Dewettinck, K. (2004). Evaluation and optimisation of five different extraction methods for soy DNA in chocolate and biscuits. Extraction of DNA as a first step in GMO analysis. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 84, 1357-1363.
- Gudin, S. 2000. Rose: Genetics and breeding. *Plant Breeding Reviews* 17: 159-189.
- Guterman, I., Shalit, M., Menda, N., Piestun, D., Dafny-Yelin, M., Shalev, G., Bar, E., Davydov, O., Ovadis, M., Emanuel, M., Wang, J., Adam, Z., Pichersky, E., Lewinsohn, E., Zamir, D., Vainstein, A., and Weiss, D., 2002. Rose scent: genomics approach to discovering novel floral fragrance-related genes. *Plant Cell.* 14(10): 2325-2338.
- Hadado, T. T., D. Rau, E. Bitocchi, and R. Papa. 2010. Adaptation and diversity along an altitudinal gradient in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare*) landraces revealed by molecular analysis. *BMC Plant Biol.* 21: 121.
- Hemmat, M., Weeden, N.F., Brown, S.K. 2003. Mapping and evaluation of *Malus x domestica* microsatellites in apple and pear. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 128:515-520.
- Hibrand-Saint Oyant, L., Crespel L, Rajapakse S, Zhang L, and Foucher F. 2008. Genetic linkage maps of rose constructed with new microsatellite markers and locating QTL controlling flowering traits. *Tree Genet. Genomes.* 4: 11-23.
- Hong, J.H. 2013. Development of EST-SSR markers and variety identification in Lettuce (*Lactuca sativa* L.). PhD. Diss., Konkuk University, Seoul, Korea.
- Hong, J.H., E.J. Shim, M.K. Yoon, E.H. Soh. 2015. Development of novel SSR markers using NGS and genetic relationship analysis in blueberry. *Kor. J. Breed. Sci.* p227(Abstr.)
- Hong, J.H., Y.S. Kwon, K.J. Choi, R.K. Mishra and D.H. Kim. 2013. Identification of Lettuce Germplasms and Commercial Cultivars Using SSR Markers Developed from EST. *Kor. J. Hort. Sci. Technol.* 31:772-781.
- Hong, J.H., Y.S. Kwon, Y. Kim, E.J. Kim, E.H. Soh, and K.J. Choi. 2014. Construction of SSR profile database for variety identification of blueberry in Korea. *Kor. J. Breed. Sci.* 46:58-65.
- Hong, J.H. Y.S. Kwon, R.K. Mishra and D.H. Kim. 2015. Construction of EST-SSR databases for effective cultivar identification and their applicability to complement for lettuce (*Lactuca sativa* L.) distinctness test. *American Journal of Plant Sciences.* 6:113-125.
- Hong, W.J., A.A. Khaing and Y.J. Park. 2013. Cultivar identification of chrysanthemum (*Dendranthema grandiflorum*. Ramat.) using SSR markers. *Kor. J. Intl. Agri.* 25:385-394.
- Hubner, S., M. Hoffken, E. Hoffken, G. Haseneyer, N. Stein, A. Graner, K. Schmid et al. 2009. Strong correlation of wild barley (*Hordeum spontaneum*) population structure with temperature and precipitation variation. *Mol. Ecol.* 18: 1523-1536.
- Hyten, D.L., V.R. Pantalone, C.E. Sams, A.M. Saxton, D. Landau-Ellis, T.R. Stefaniak, and M.E. Schmidt. 2004. Seed quality QTL in a prominent soybean population. *Theor. Appl.*

Genet., 109(3): 552-561.

- I. Mafra., 2008. Comparative study of DNA extraction methods for soybean derived food products. Food control 19(2008) 1183-1190.
- Jang, S.J., S.J. Park, K.H. Park, H.L. Song, Y.G. Cho, S.K. Jong, J.H. Kang, and H.S. Kim. 2009. Genetic diversity and identification of Korean elite soybean cultivars certified cultivars based on SSR markers. Korean. J. Crop Sci. 54(2): 231-240.
- Joly, S., Starr, J.R., Lewis, W.H., and Bruneau, A. 2006. Polyploid and hybrid evolution in roses east of the Rocky Mountains. Am. J. Bot. 93(3): 412-425.
- Jung, J.K., S.W. Park, W.Y. Liu, and B.C. Kang. 2010. Discovery of single nucleotide polymorphism in Capsicum and SNP markers for cultivar identification. Euphytica 175:91-107.
- Kakihara, Y., Matsufuji, H., Chino, M., & Takeda, M. (2006). Extraction and detection of endogenous soybean DNA from fermented foods. Food Control, 17, 808-813.
- Keim, P., B.W. Diers, and R.C. Shoemaker. 1990. Genetic analysis of soybean hard seededness with molecular markers. Theor. Appl. Genet., 79(4): 465-469.
- Kang, S.G., 2003. Detection of Genetically Modified Soy Foods by Polymerase Chain Reaction. MS Thesis, University of Seoul.
- Kim, D.I., J.H. Hwang, S.Y. Lee, D.H. Lee, Y.U. Shin, H.J. Lee, J.K. Choi, I.S. Shin, and S.J. Kang. 2004. Genetic characterization of the interspecific asian pears (*Pyrus pyrifolia* X *P. ussuriensis*) using molecular markers linked to fruit characteristics. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 45:207-211.
- Kwon, Y.S., S.P. Choi, S.I. Yi, H.Y. Kim, M.A. Jin, J.S. Kim, and B.S. Park. 2008. A method for discriminating Chinese cabbage cultivars using molecular markers. Korea Patent, registration number: 1010116940000.
- Kwon, Y.S., J.M. Lee, G.B. Yi, S.I. Yi, K.M. Kim, E.H. Soh, K. M. Bae, E.K. Park, I.H. Song, and B.D. Kim. 2005. Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annum* L.) varieties. Molecules Cells 19:428-435.
- Kwon, Y.S., E.K. Park., C.W. Park, K.M. Bae., S.I. Yi. and I.H. Cho. 2006. Identification of rice variety using simple sequence repeat (SSR) marker. Journal of life sci. 16:1001-1005.
- Kwon, Y.S., J.H. Hong, and K.J. Choi. 2011. Genetic Diversity of Korean Barley (*Hordeum vulgare* L.) Varieties Using Microsatellite Markers. Kor. J. Breed. Sci. 43 (3): 243-250.
- Kwon, Y.S., J.H. Hong, Y.H. Song, and K.M. Bae. 2012. A method for identifying soybean varieties using microsatellites markers. Korea patent registration number: 1011257450000.
- Kwon, Y.S., K.M. Bae, and K.J. Choi. 2012. A Method for Identifying Radish Varieties using Microsatellites Markers. Korea Patent, registration number: 1014118900000.
- Kwon, Y.S., J.Y. Moon, Y.S. Kwon, D.Y. Park, W.M. Yoon, I.H. Song, and S.I. Yi. 2003.

- AFLP analysis for cultivar discrimination in radish and chinese cabbage. *Kor. J. Breed. Sci.* 35:319–328.
- Kwon, Y.S. 2013. Use of EST-SSR markers for genetic characterisation of commercial watermelon varieties and hybrid seed purity testing. *Seed Sci. Technol.* 41:245–256.
- Kwon, Y.S., W.S. Lee, and I.H. Cho. 2006. Assessment of genetic relationship among watermelon varieties revealed by ISSR marker. *J. Life Sci.* 16:219–224.
- Kwon, Y.S., Y.H. Oh, S.I. Yi, H.Y. Kim, J.M. An, S.G. Yang, S.H. Ok, and J.S. Shin. 2010. Informative SSR markers for commercial variety discrimination in watermelon (*Citrullus lanatus*). *Gene & Genomics* 32:105–112.
- Kwon, Y.S., J.H. Hong, and K.J. Choi. 2013. A method for identifying rice varieties using microsatellites markers. Korea patent application number: 13-0154781.
- Liu, L., G.A. Lee, L. Jiang, and J. Zhang. 2007. The earliest rice domestication in China. *Antiquity.* 81:313.
- Mikel, M.A. and Kolb F.L. 2008. Genetic diversity of contemporary North American barley. *Crop Sci.* 48:1399–1407.
- Mimura, M., C.J. Coyne, M.W. Bambuck, and T.A. Lumpkin, 2007: SSR Diversity of vegetable soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Genet. Resour. Crop Evol.* 54, 497–508.
- Moon, J.Y., S.I. Yi, D.Y. Park, I.H. Song, H.Y. Park, and Y.S. Kwon. 2003. Application of Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) analysis for DUS test in pepper cultivars. *Kor. J. Breed. Sci.* 35:306–312.
- Nabigol, A., Naderi, R., Mostofi, Y., Khalighi, A., and Bujar, M. 2009. Soluble carbohydrates content and ethylene production in cut rose cultivars. *Hortic Environ Biotechnol.* 2: 122–126.
- Nakatsuji, R., T. Hashida, N. Matsumoto, M. Tsuru, N. Kubo, and M. Hirai. 2011. Development of genomic and EST-SSR markers in radish (*Raphanus sativus* L.). *Breeding Sci.* 61:413–419.
- Nandakumar, N, Singh AK, Sharma RK, Mohapatra T, et al. 2004. Molecular fingerprinting of hybrids and assessment of genetic purity of hybrid seeds in rice using microsatellite markers. *Euphytica* 136:257–264.
- Negassa, M. 1985. Patterns of phenotypic diversity in an Ethiopian barley collection and the Arussi-Bale highland as a center of origin of barley. *Hereditas* 102:139–150.
- Nishitani C, Kimura T, Ueda E, Howad W, and ArÚs P, Yamamoto T. 2007. Tri-/Hexanucleotide Microsatellite Markers in Peach Derived from Enriched Genomic Libraries and Their Application in Rosaceae. *Breed. Sci.* 57: 289–296.
- Nishitani, C., S. Terakami, Y. Sawamura, N. Takada, and T. Yamamoto. 2009. Development of novel EST-SSR markers derived from Japanese pear (*Pyrus pyrifolia*). *Breed. Sci.* 59:391–400.
- Park, S.Y., S.R. Choi, J.S. Lee, V.D. Nguyen, S.G. Kim, and Y.P. Lim. 2013. Analysis of the genetic diversity of radish germplasm through SSR markers derived from chinese

- cabbage. Kor. J. Hort. Sci. Technol. 31:457-466.
- Ratnaparkhe, M.B. 2007. Genome mapping and molecular breeding in plants. Volume 4, Fruits and Nuts, C. Kole(Ed.). pp. 217-227.
- Rauscher, G. and I. Simko. 2013. Development of genomic SSR markers for fingerprinting lettuce (*Lactuca sativa* L.) cultivars and mapping genes. BMC Plant Biol. 13:11.
- Roder, M.S., J. Plaschke, S.U. Konig, A. Borner, M.E. Sorrels, S.D. Tanksley, and M.W. Ganal. 1995. Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. Mol. Gen. Genet. 246: 327-333.
- Rohlf, F.J. 1998. NTSYS- pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version: 2.02. Exeter Software, Setauket, New York.
- Rohlf, F.J. 2000. NTSYSpC: Numerical taxonomy and multivariate analysis system, Applied Biostatistics Inc., New York.
- Russell, J, Booth A, Fuller J, Harrower B, Hedley P, Machray G, and Powell W. 2004. A comparison of sequence-based polymorphism and haplotype content in transcribed and anonymous regions of the barley genome. Genome 47:389-398.
- Shi, A., P. Chen, B. Zhang, and A. Hou. 2010. Genetic diversity and association analysis of protein and oil content in food-grade soybeans from Asia and the United States. Plant Breeding. 129: 250-256.
- Shin. S.H., 2010. Comparative evaluation on the different DNA extraction for corn, soybean and their processed foods. MS Thesis, University of Seoul. Kyong-hee University.
- Senior, M.L. and Heun M. 1993. Mapping maize microsatellites and polymerase chain reaction confirmation of the targeted repeats using a CT primer. Genome 36: 884-889.
- Simko, I. 2009. Development of EST-SSR markers for the study of population structure in lettuce (*Lactuca sativa* L.). J. Hered. 100:256-262.
- Smith, J.S.C., Chin E.C.L., Shu H, Smith O.S., Well S.J., Senior M.L., Mitchell S.E., Kresovich S. and Ziegler J. 1997. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPs and pedigree. Theor. Appl. Genet. 95: 163-173.
- Smith, D. S., Maxwell, P. W., & De Boer, S. H. (2005). Comparison of several methods for the extraction of DNA from potatoes and potato-derived products. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 53, 9848-9859.
- Smulders, M.J.M., Esselink, D., Voorrips, R.E., and Vosmn, B. 2009. Analysis of a database of DNA profiles of 734 hybrid tea rose varieties. Acta Hort. 836: 169-174.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification, Freeman W.H., San Francisco.
- Song. J., 2007. The Reliable DNA Extraction Method from Cooked Rice for the identification of Rice Varieties. Korea patent application number: 10-2007-0039899.
- Tantasawat, P., J. Trongchuen, T. Prajongjai, S. Jenweerawat, and W. Chaowiset. 2011. SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety

identification in Thailand. Aust J Crop Sci. 5(3): 283-290.

Tasma, I.M. and A. Warsun. 2009. Genetic diversity analysis of aluminum-toxicity tolerant and sensitive soybean genotypes assessed with microsatellite markers. Jurnal AgroBiogen 5: 1-6.

Wang M., R.Z. Li, W.M. Yang, and W.J. Du. 2010. Assessing the genetic diversity of cultivars and wild soybeans using SSR markers. Afr. J. Biotechnol. Vol. 9(31): 4857-4866.

Xiao, L., S. Balkunde, B. Yang, H.S. Lee, and S.N. Ahn. 2012. Diversity analysis of *japonica* rice using microsatellite markers. Vol. 39:9-15.

Yan, Z., C. Denneboom, A. Hattendorf, O. Dolstra, T. Debener, P. Stam, and P.B. Visser. 2005. Construction of an integrated map of rose with AFLP, SSR, PK, RGA, RFLP, SCAR and morphological markers. Theor. Appl. Genet. 110: 766-777.

Yang, T.J., S.W. Jang, and W.B. Kim. 2007. Genetic relationships of *Lactuca* spp. revealed by RAPD, Inter-SSR, AFLP, and PCR-RFLP analysis. J. Crop Sci. Biotechnol. 10:27-32.

Yue, X.Y., G.Q. Liu, Y. Zong, Y.W. Teng, and Dan-ying Cai. 2014. Development of genic SSR markers from transcriptome sequencing of pear buds. J. Zhejiang Univ. Sci. B. 15:203-312.

Van de Wiel, C.P. Arens, and B. Vosman. 1999. Microsatellite retrieval in lettuce. Genome 42:139-149.

Wang, H., J. Jiang, S. Chen, X. Qi, H. Peng, P. Li, A. Song, Z. Guan, W. Fang, Y. Lia, and F. Chen. 2013. Next-Generation Sequencing of the Chrysanthemum nankingense(Asteraceae) transcriptome permits large-scale unigene assembly and SSR marker discovery. Plosone 8:1-10.

Zhang, L., 2003. Genetic linkage mapping in tetraploid and diploid rose. Dissertation. Clemson University, USA.

Zhang, L.H., D.H. Byrne, R.E. Ballard, and S. Rajapakse. 2006. Microsatellite marker development in rose and its application in tetraploid mapping. J. Am. Soc. Hort. Sci. 131: 380-387.

농림축산식품통계연보. 2013. p86, 114.

종자관리 주요통계. 2014. 국립종자원.

<제 1 협동과제>

Cho, Yong Gu, T. Ishii, S. Temnykh, X. Chen, L. Lipovich, S.R. McCouch, W.D. Park, N. Ayres, S. Cartinhour. (2000) Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.). Theoretical and Applied Genetics 100:713-722.

Temnykh S, Park WD, Ayres MN, Cartinhour S, Hauck N, Lipovich L, Cho YG, Ishii T, McCouch SR (2000) Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). Theoretical and Applied Genetics 100:697-712.

- Chen X, Temnykh S, Xu Y, Cho, Yong Gu, McCouch SR (1997) Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 95:553-567.
- Cho, Yong Gu, McCouch SR, Kuiper M, Kang MR, Pot J, Groenen JTM, Eun MY (1998) Integrated map of AFLP, SSLP, and RFLP markers using a recombinant inbred population of rice (*Oryza sativa* L.)“ *Theoretical and Applied Genetics* 97:370-380.
- Causse MA, Fulton TM, Cho YG, Ahn SN, Chunwongse J, et al. (1994) Saturated molecular map of the rice genome based on an interspecific backcross population. *Genetics* 138:1251-1274.
- Cho, Yong-Gu, Hyeon-Jung Kang, Jeom-Sig Lee, Seung-Keun Jong, Moo-Young Eun, McCouch SR (2010) Identification of quantitative trait loci for physical and chemical properties of rice grain. *Plant Biotechnology Reports* 4:61-73.
- Cho, Yong-Gu, Hyeon-Jung Kang, Jeom-Sig Lee, Young-Tae Lee, Sang-Jong Lim, Hugh Gauch, Moo-Young Eun and McCouch SR (2007) Identification of Quantitative Trait Loci in Rice for Yield, Yield Components, and Agronomic Traits across Years and Locations. *Am. J Crop Sci.* 47:2403-2417.
- In Seo Park, Sang Kyu Park, Sun Lim Kim, Beom Heon Song, Wenzhu Jiang, Young Il Cho, Hee Jong Koh, Yong Gu Cho (2004) QTL analysis of agronomic traits and intracellular substances related to cold tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). *Korean J. Breed.* 36(1):9-19.
- RDA. (2003a). Agricultural science technology research analysis base.
- RDA. (2003b). Standard methods for agricultural experimental experiments.

<제 2 협동과제>

- Akkaya, M. S., R. C. Shoemaker, J. E. Specht, A. A. Bhagwa, and P. B. Cregan, 1995. Integration of simple sequence repeat DNA markers into a soybean linkage map. *Crop Sci.* 35 : 1439 - 1445.
- Bang, K. H., I. H. Jo, J. W. Chung, Y. C. Kim, J. W. Lee, A. Y. Seo, J. H. Park, O. T. Kim, D. Y. Hyun, D. H. Kim, and S. W. Cha, 2011. Analysis of genetic polymorphism of Korean ginseng cultivars and foreign accessions using SSR Markers. *Korean J. Medicinal Crop Sci.* 19 (5) : 347 - 353.
- Bertrand, C. Y. C. and D. J. Mackill, 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Phil. Trans. R. Soc. B.* 363 : 557 - 572.
- Bisen, A., D. Khare, P. Nair, and N. Tripathi, 2015. SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic diversity in India. *Physiol. Mol. Biol. Plants.* 21 (1) : 109 - 115.
- Boller, B., and S.L. Greene. 2010. Genetic resources. in: Boller B, Posselt UK, Veronesi F (eds). *Fodder crops and amenity grasses, Handbook of Plant Breeding*, 5. Springer Science+Business Media, New York, pp. 13-38.
- Cho, C.H., Y.G. Seong, and S.M. Kim. 1994. Classification of soybean genotypes based on seasonal response of flowering, and maturity by principle component analysis. *Korean J. Breed.* 26(4): 405-413.

- Choi, G.B., K.H. Hyun, and D.Y. Shin. 2014. Multivariate analysis on quantitative characteristics of *Prunus mume*. *Korean J. Plant Res.* 27(1): 089–094.
- Choi, H.G. 2010. Assessment of major physicochemical components on waxy corn hybrids (*Zea mays* L.). PhD thesis. pp. 123. Department of Agronomy, Graduate School, Chungnam National University.
- Choi, Y. M., M. C. Lee, N. Y. Ro, S. G. Lee, J. G. Gwag, and M. S. Yoon, 2014. Morphological characteristics and SSR profilings of soybean landraces of Korea. *Korean J. Breed. Sci.* 46 (4) : 353 – 363.
- Cui, Z., T.E. Carter, and J.W. Burton. 2000. Genetic diversity patterns in Chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage. *Crop Sci.* 40: 1780–1793.
- Dong, Y.S., B.C. Zhuang, L.M. Zhao, H. Sun, and M.Y. He. 2001. The genetic diversity of annual wild soybeans grown in China. *Theor. Appl. Genet.* 103(1): 98–103.
- Gao, Y. L., R. S. Zhu, C. Y. Liu, W. F. Li, H. W. Jiang, C. D. Li, B. C. Yao, G. H. Hu, and Q. S. Chen, 2009. Constructing molecular identity for soybean varieties from Heilongjiang province, China. *Acta Agron Sin.* 35 (2) : 211 – 218.
- Ghosh, J. P., D. Ghosh, and P. R. Choudhury. 2014. An assessment of genetic relatedness between soybean [*Glycine max* (L.) / Merrill] cultivars using SSR markers. *Am J Plant Sci.* 5 (20) : 3089 – 3096.
- Gizlice, Z., T.E. Carter, and J.W. Burton. 1993. Genetic diversity in North American soybean I. multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. *Crop Sci.* 33 614–620.
- Goulão, L., L. Cabrita, C. M. Oliveira, and J. M. Leitão, 2001. Comparing RAPD and AFLPTM analysis in discrimination and estimation of genetic similarities among apple (*Malus domestica* Borkh.) cultivars. *Euphytica.* 119 : 259 – 270.
- Guh, J.O., Y.M. Lee, and D.Y. Shin. 1983. Basic studies on the native colored-soybean cultivars II. Classification of collected soybean varieties by the multivariate analysis. *Korean J. Crop Sci.* 28(3): 340–344.
- Gupta, P. K., P. Langridge, and R. R. Mir, 2010. Marker-assisted wheat breeding: present status and future possibilities. *Mol. Breeding.* 26 : 145 – 161.
- Hamada, S. R., M. G. Petrino, and T. Kakunaga, 1982. A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 79 : 6465 – 6469.
- Han, O., J. Abe, and Y. Shimamoto. 1999. Genetic diversity of soybean landraces in Korea. *Korean J. Crop Sci.* 44(3): 256–262.
- Hwang, T. Y., Y. Nakamoto, I. Kono, H. Enoki, H. Funatsuki, K. Kitamura, and M. Ishimoto, 2008. Genetic diversity of cultivated and wild soybeans including Japanese elite cultivars as revealed by length polymorphism of SSR markers. *Breed Sci.* 58 : 315 – 323.
- IBPGR. 1984. Descriptors for soybean. IBPGR Secretariat, Rome Italy. pp. 38.
- Jamali, S. H., L. Sadghi, and S. Y. Sadeghin-Motahhar, 2011. Identification and distinction of soybean commercial cultivars using morphological and microsatellite markers. *Iranian J. Crop Sci.* 13 (1) : 131

- Jang, S.J., S.J. Park, K. H. Park, H.L. Song, Y.G. Cho, S.K. Jong, J.H. Kang, and H.S. Kim. 2009. Genetic diversity and identification of Korean elite soybean cultivars including certified cultivars based on SSR markers. *Korean J. Crop Sci.* 54(2): 231-240.
- Jang, S. J., S. J. Park, X. M. Piao, H. L. Song, T. Y. Hwang, Y. G. Cho, X. H. Liu, S. H. Woo, J. H. Kang, and H. S. Kim, 2010. Genetic diversity and relationships of Korean, Japanese, and Chinese Jilin provincial wild soybeans (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) based on SSR markers. *Korean J. Breed. Sci.* 42 (1) : 87 - 99.
- Janmohammadi, M., Z. Movahedi, and N. Sabaghnia. 2014. Multivariate statistical analysis of some traits of bread wheat for breeding under rainfed conditions. *Journal of Agricultural Sciences.* 59(1):1-14.
- Jin, S. B., S. H. Yun, J. H. Park, S. M. Park, S. W. Koh, and D. H. Lee, 2015. Early identification of citrus zygotic seedlings using pollen-specific molecular markers. *Kor. J. Hort. Sci. Technol.* 33 (4) : 598 - 604.
- Jong, S.K., H.S. Kim, and S.Y. Son. 1999. Genetic diversity using pedigree analysis in Korean soybean varieties. *Korean J. Breed.* 31(4) : 313-322.
- Karad, S.R., P.N. Harer, D.D. Kadam, and R.B. Shinde. 2005. Genotypic and phenotypic variability in soybean(*Glycine max* (L.) Merrill). *J. Maharashtra Agric. Univ.* 30(3): 365-367.
- Keim, P., T. C. Olson, and R. C. Shoemaker, 1988. A rapid protocol for isolating soybean DNA. *Genet Newsl.* 15 : 150 - 152.
- Kim, D.Y., M.K. Yoon, J.H. Kwak, T.I. Kim, and J.H. Kim. 2009. Classification of strawberry germplasm based on horticultural traits and principal component analysis. *Korean. J. Hort. Sci. Technol.* 27(4): 636-643.
- Kim, H. I., C. P. Hong, S. B. Im, S. R. Choi, and Y. P. Lim, 2014. Development of molecular markers and application for breeding in Chinese cabbage. *Kor. J. Hort. Sci. Technol.* 32 (6) : 745 - 752.
- Kim, H.S., K.H. Lee, H.L. Song, S.H. Kim, G. Hur, S.H. Woo, and S.G. Jeong. 2008. Canopy-related characteristics of Korean soybean cultivars. *Korean J. Breed. Sci.* 40(2): 143- 152
- Kim, S. H., J. W. Chung, J. K. Moon, S. H. Woo, Y. G. Cho, S. K. Jong, and H. S. Kim, 2006a. Genetic diversity and relationship by SSR markers of Korean soybean cultivars. *Korean J. Crop Sci.* 51 (3) : 248 - 258.
- Kim, S. H., J. W. Chung, J. K. Moon, S. H. Woo, Y. G. Cho, S. K. Jong, and H. S. Kim, 2006b. Discrimination of Korean soybean cultivars by SSR markers. *Korean J. Crop Sci.* 51 (7) : 1 - 11.
- Kim, S.H., J.W. Jung, J.K. Moon, S.H. Woo, Y.G. Cho, S.K. Jong, and H.S. Kim . 2006. Genetic diversity and relationship by SSR markers of Korean soybean cultivars. *Korean J. Crop Sci* 51(3): 248-258.
- Kim, Y.J., S.K. Suh, H.S. Kim, H.K. Park, and M.S. Park. 1999. classification of soybean accessions by morphological characteristics. *Korean J. Breed.* 31: 132-137.
- Koo, S. C., Y. H. Lee, H. T. Kim, B. K. Kang, I. Y. Baek, H. T. Yun, and M. S. Choi, 2014. Screening and discrimination of bacterial pustule resistant soybean cultivars with BP related SSR markers. *J. Agr. Sci. Chungbuk Nat' l Univ.* 30 (2) : 129 - 135
- Kuroda, Y., N. Tomooka, A. Kaga, S. M. S. W. Wanigadeva, and D. A. Vaughan, 2009. Genetic diversity

of wild soybean(*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) and Japanese cultivated soybeans[*G. max* (L.) Merr.] based on microsatellite (SSR) analysis and the selection of a core collection. *Gene. Resour. Crop Evol.* 56 : 1045 – 1055.

Lee, S. k., J. K. Moon, K. H. Jeong, M. J. Seo, Y. H. Kim, H. T. Yun, and J. K. Kim, 2009. New variety “Singang” with resistance to soybean mosaic virus by molecular marker assisted selection. *Korean J. Breed. Sci.* 41 (4) : 568 – 573.

Li, C.D., C.A. Fatokun, B. Ubi, B.B. Singh, and G.J. Scoles. 2001. Determining genetic similarities and relationships among cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. *Crop Sci.* 41: 189-197.

Li, Z., and R.L. Nelson. 2001. Genetic diversity among soybean accessions from three countries measured by RAPDs. *Crop Sci.* 41: 1337-1347.

Malik, M.F.A. 2011. Evaluation of genetic diversity in soybean(*Glycine max* (L.) genotypes based on agronomic and biochemical traits. PhD thesis. pp. 170. Quaid-i-Azam University.

Maughan, P. J., M. A. Saghai-Maroo, and G. R. Buss, 1995. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean. *Genome.* 36 : 715 – 723.

Maxted, N., J. Iriondo, E. Dulloo, and A. Lane. 2008. Introduction: The integration of PGR conservation with protected area management. In: Iriondo, J.M., Maxted, N. and Dulloo, E.(Eds.), *Plant Genetic Population Management.* pp. 1-22. CAB International, Wallingford.

Nei, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 70 : 3321 – 3323.

Nielsen, J.P., and L. Munck. 2003. Evaluation of malting barley quality using exploratory data analysis. I. Extraction of information from micromalting data of spring and winter. barley. *J. Cereal Sci.* 38 : 173-180.

Ogbonnaya, F. C., M. Imtiaz, G. Ye, P. R. Hearnden, E. Hernandez, R. F. Eastwood, M. Van Ginkel, S. C. Shorter, and J. M. Winchester, 2008. Genetic and QTL analyses of seed dormancy and preharvest sprouting resistance in the wheat germplasm CN10955. *Theor. Appl. Genet.* 116 (7) : 891 – 902.

Oliveira, M.F., R.L. Nelson, I.O. Geraldic, C.D. Cruzd, and J.F.F. de Toledo. 2010. Establishing a soybean germplasm core collection. *Field Crops Research* 119: 277-289.

Panaud, O., X. Chen, and S. R. McCouch, 1996. Development of microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*Oryza sativa* L.). *Mol. Gen. Genet.* 252 : 597 – 607

Park, J.Y., K.J. Sa, K.J. Park, and J.K. Lee. 2014. Analysis of morphological characteristics for normal maize inbred lines. *Korean J. Crop Sci.* 59(3): 312-318.

Powell, W., M. Morgante, R. Mcdevitt, G. G. Vendramin, and J. A. Rafalski, 1995. Polymorphic simple sequence repeat regions in chloroplast genomes: Applications to the population genetics of pines. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 92 : 7759 – 7763.

Priolli, R. H. G., C. T. Mendes-Junior, N. E. Arantes, and E. P. B. Contel, 2002. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. *Genet. Mol. Biol.* 25 (2) : 185-193.

Rongwen, J. M., S. Akkaya, A. A. Bhagwat, U. Lavi, and P. B. Cregan, 1995. The use of microsatellite

DNA markers for soybean genotype identification. *Theor. Appl. Genet.* 90 : 4 – 48.

Saghai-Marooif, M. A., R. M. Biyashev, G. P. Yang, Q. Zhang, and R. W. Allard, 1994. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: Species diversity, chromosomal locations, and population dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 91 : 5466 – 5470.

Song, J. Y., X. M. Piao, Y. M. Choi, G. A. Lee, J. W. Chung, J. R. Lee, Y. J. Jung, H. J. Park, and M. C. Lee, 2013. Evaluation of genetic diversity and comparison of biochemical traits of soybean (*Glycine max* L.) germplasm collections. *Plant Breed. Biotech.* 1 (4) : 374 – 384.

Song, Q. J., C. V. Quigley, R. L. Nelson, T. E. Carter, H. R. Boerma, J. L. Strachan, and P. B. Cregan, 1999. A selected set of trinucleotide simple sequence repeat markers for soybean cultivar identification. *Plant Varieties and Seeds.* 12 : 207 – 220.

Tantasawat, P., J. Trongchuen, T. Prajongjai, S. Jenweerawat, and W. Chaowiset, 2011. SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand. *Aust. J. Crop Sci.* 5 (3) : 283 – 290.

Trautz, D. and M. Renz. 1984. Simple sequence are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Res.* 12 : 4127 – 4138.

Wang, L., R. Guan, L. Zhangxiong, R. Chang, and L. Qiu, 2006. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. *Crop Sci.* 46 : 1032 – 1038.

Wang, M., R. Z. Li, W. M. Yang, and W. J. Du, 2010. Assessing the genetic diversity of cultivars and wild soybeans using SSR markers. *Afr. J. Biotechnol.* 9 (31) : 4857 – 4866.

Weising, K., P. Winter, B. Hüttel, and G. Kahl, 1998. Microsatellites marker for molecular breeding. *J. of Crop Production.* 1 (1) : 113 – 143.

Wu, K. S. and S. D. Tanksley, 1993. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in rice. *Mol Gen Genet.* 241 : 225 – 235.

Yoon, M. S., J. R. Lee, C. Y. Kim, J. H. Kang, E. G. Cho, and H. J. Baek. 2009. DNA profiling and genetic diversity of Korean soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) landraces by SSR markers. *Euphytica.* 165 : 69 – 77.

<제3협동과제>

Gupta PK, Varshney RK. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. *Euphytica.* 2000;113(3):163-85. doi: 10.1023/A:1003910819967

Shariflou MR, Hassani ME, Sharp PJ. A PCR-based DNA marker for detection of mutant and normal alleles of the Wx-D1 gene of wheat. *Plant Breeding.* 2001;120(2): 121-4. doi: 10.1046/j.1439-0523.2001.00577.x

Shan Xueyan, Blake TK, Talbert LE. Conversion of AFLP markers to sequence-specific PCR markers in barley and wheat. *Theor Appl Genet.* 1999;98(6-7):1072-8. doi: 10.1007/s001220051169

Morgante M, Hanafey M, Powell W. Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. *Nat Genet.* 2002;30(2):194-200. doi: 10.1038/ng822

Wright JM, Bentzen P. Microsatellites: genetic markers for the future. In: *Molecular*

- genetics in fisheries. Springer Netherlands; 1995. pp. 117–121.
- Rudd S. Expressed sequence tags: alternative or complement to whole genome sequences?. Trends Plant Sci. 2003;8(7):321–9. doi: 10.1016/S1360-1385(03)00131-6
- Graner A, Jahoor A, Schondelmaier J, Siedler H, Pillen K, Fischbeck G, et al. Construction of an RFLP map of barley. Theor Appl Genet. 1991;83(2):250–6. doi: 10.1007/BF00226259
- Kleinhofs A, Kilian A, Maroof MS, Biyashev RM, Hayes P, Chen FQ, et al. A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare*) genome. Theor Appl Genet. 1993;86(6):705–12. doi: 10.1007/BF00222660
- Ramsay L, Macaulay M, Degli Ivanissevich S, MacLean K, Cardle L, Fuller J, et al. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. Genet. 2000;156(4):1997–2005.
- Li JZ, Sjakste TG, Röder MS, Ganai MW. Development and genetic mapping of 127 new microsatellite markers in barley. Theor Appl Genet. 2003;107(6):1021–7. doi: 10.1007/s00122-003-1345-6
- Macaulay M, Ramsay L, Powell W, Waugh R. A representative, highly informative 'genotyping set' of barley SSRs. Theor Appl Genet. 2001;102(6-7):801–9. doi: 10.1007/s001220000487
- Pillen K, Binder A, Kreuzkam B, Ramsay L, Waugh R, Förster J, et al. Mapping new EMBL-derived barley microsatellites and their use in differentiating German barley cultivars. Theor Appl Genet. 2000;101(4):652–60. doi: 10.1007/s001220051527
- Thiel T, Michalek W, Varshney R, Graner A. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). Theor Appl Genet. 2003;106(3):411–22. doi: 10.1007/s00122-002-1031-0
- Ramsay L, Russell J, Macaulay M, Booth A, Thomas WTB, Waugh R. Variation shown by molecular markers in barley: genomic and genetic constraints. Aspects Appl Biol. 2004;72:147–54.
- Varshney RK, Marcel TC, Ramsay L, Russell J, Röder MS, Stein N, et al. A high density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci. Theor Appl Genet. 2007;114(6):1091–103. doi: 10.1007/s00122-007-0503-7
- Kwon YS, Hong JH, Choi KJ. Genetic diversity of Korean barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties using microsatellite markers. Korean J Breeding Sci. 2011;43(4):243–50.
- Pedersen C, Linde-Laursen I. The relationship between physical and genetic distances at the Hor1 and Hor2 loci of barley estimated by two-colour fluorescent in situ hybridization. Theor Appl Genet. 1995;91(6-7):941–6. doi: 10.1007/BF00223904
- So EH, Choi SJ, Ko EB, Song IH, Lee JH. Hordein Fingerprinting for Cultivar Discrimination in National List of Barley. Korean J Crop Sci. 2004;49(3):256–60.
- Miah G, Rafii MY, Ismail MR, Puteh AB, Rahim HA, Islam KN, et al. A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. Int J Mol Sci. 2013;14(11):22499–528. doi: 10.3390/ijms141122499

Gailing O, Bodénès C, Finkeldey R, Kremer A, Plomion C. Genetic mapping of EST-derived simple sequence repeats (EST-SSRs) to identify QTL for leaf morphological characters in a *Quercus robur* full-sib family. *Tree Genet Genomes*. 2013;9(5):1361-7. doi: 10.1007/s11295-013-0633-9

Zhang M, Mao W, Zhang G, Wu F. Development and characterization of polymorphic EST-SSR and genomic SSR markers for Tibetan annual wild barley. *PloS one*. 2014;9(4). doi: 10.1371/journal.pone.0094881

Anderson JA, Churchill GA, Autrique JE, Tanksley SD, Sorrells ME. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*. 1993;36(1):181-6. doi: 10.1139/g93-024

<제4협동과제>

Bae, K. M., Sim, S. C., Hong, J. H., Choi, K. J., Kim, D. H., & Kwon, Y. S. (2015). Development of genomic SSR markers and genetic diversity analysis in cultivated radish (*Raphanus sativus* L.). *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 56: 216-224.

Brewer, M.T., L. Lang, K. Fujimura, N. Dujmovic, S. Gray, and E. van der Knaap. 2006. Development of a controlled vocabulary and software application to analyze fruit shape variation in and other plant species. *Plant Physiol* 141:15-25

George, RAT, Evans DR (1981) A classification of winter radish cultivars. *Euphytica* 30:483-492.

Hong J-H, Kwon Y-S, Mishra RK, Kim DH (2015) Construction of EST-SSR databases for effective cultivar identification and their applicability to complement for lettuce (*Lactuca sativa* L.) distinctness test. *Am. J. Plant. Sci.* 6:113-125.

Iwata H, Niikura S, Matsuura S, Takano Y, Ukai Y (2004) Genetic control of root shape at different growth stages in radish (*Raphanus sativus* L.). *Breeding Sci.* 54:117-124.

Jiang L, Wang L, Liu L, Zhu X, Zhai L, Gong Y (2012) Development and characterization of cDNA library based novel EST-SSR marker in radish (*Raphanus sativus* L.). *Sci. Hortic.* 140:164-172.

Kim, Namshin, et al. (2016) Identification of candidate domestication regions in the radish genome based on high-depth resequencing analysis of 17 genotypes. *Theoretical and Applied Genetics* 129: 1797-1814.

Kong Q, Li X, Xiang C, Wang H, Song J, Zhi H (2011) Genetic diversity of radish (*Raphanus sativus* L.) germplasm resources revealed by AFLP and RAPD markers. *Plant Mol. Biol. Rep.* 29:217-223.

Kwon, Y.S., Y.H. Oh, S.I. Yi, H.Y. Kim, J.M. An, S.G. Yang, S.H. Ok, and J.S. Shin. (2010) Informative SSR markers for commercial variety discrimination in watermelon (*Citrullus lanatus*). *Gene & Genomics* 32:105-112.

Liu L. W., L. P. Zhao, Y. Q. Gong YQ, M. X. Wang, L. M. Chen, J. L. Yang, Y. Wang, F. M. Yu, L. Z. Wang (2008) DNA fingerprinting and genetic diversity analysis of

late-bolting radish cultivars with RAPD, ISSR and SRAP markers. *Sci. Hortic.* 116:240-247.

Madhou P., A. Wells, ECK. Pang, TW. Stevenson (2005) Genetic variation in populations of Western Australian wild radish. *Aust. J. Agr. Res.* 56:1079-1087.

Nakatsuji R., T. Hashida, N. Matsumoto, M. Tsuru, N. Kubo, and M. Hirai (2011) Development of genomic and EST-SSR markers in radish. *Breeding Science* 61: 413-419.

Sim, S., G. Durstewitz, J. Plieske, R. Wieseke, M.W. Ganal, A. Van Deynze, J.P. Hamilton, C.R. Buell, M. Causse, S. Wijeratne, and D.M. Francis. (2012) Development of a large SNP genotyping array and generation of high-density genetic maps in tomato. *PLoS ONE* 7:e40563

Shirasawa, K., H. Fukuoka, H. Matsunaga, Y. Kobayashi, I. Kobayashi, H. Hirakawa, S. Isobe and S. Tabata. (2013) Genome-wide association studies using single nucleotide polymorphism markers developed by re-sequencing of the genomes of cultivated Tomato. *DNA Res.* 20:593-603

Shirasawa K, Oyama M, Hirakawa H, Sato S, Tabata S, Fujioka T, Kimizuka-Takagi C, Sasamoto S, Watanabe A, et al (2011) An EST-SSR linkage map of *Raphanus sativus* and comparative genomics of the Brassicaceae. *DNA Res.* 18:221-232.

Tomato Genome Consortium. (2012) The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature* 485:635-641

Wang Q, Zhang L, Zheng P (2015) Genetic diversity and evolutionary relationship analyses within and among *Raphanus* species using EST-SSR markers. *Mol. Breed.* 35:62-73.

Yamagishi H., M. Tateishi, T. Terachi, S. Murayama (1998) Genetic relationships among Japanese wild radishes (*Raphanus sativus* f. *raphanistroides* Makino), cultivated radishes and *Raphanistrum* revealed by RAPD analysis. *J. Jpn. Soc. Hortic. Sci.* 67:526-531.

한국채소장자산업발달사 편찬위 (2008) 한국채소종자산업발달사, 서울대학교출판부, pp.213-249.

홍지화, 심은조, 박원흠, 소은희 (2015) 국내에서 수집된 자두의 품종식별을 위한 SSR Profile 데이터베이스 구축. *한국육종학회지.* 47:97-104.

<제6협동과제>

Gama RNC, Santos CAF, Dias RCS (2013) Genetic variability of watermelon accessions based on microsatellite markers. *Genetics Mol Res* 12(1):747-754

Guo et al (2013) The draft genome of watermelon (*Citrullus lanatus*) and resequencing of 20 diverse accessions. *Nature genetics* 45(1):51-8

Kim, S. and A. Misra. 2007. SNP genotyping: Technologies and biomedical applications. *Annual Review of Biomedical Engineering.* 9:289-320.

Kwon, Y.S., Y.H. Oh, S.I. Yi, H.Y. Kim, J.M. An, S.G. Yang, S.H. Ok, and J.S. Shin. 2010. Informative SSR markers for commercial variety discrimination in watermelon (*Citrullus*

lanatus). Gene & Genomics 32:105-112.

Lee, W.M., M.J. Kwon, Y.S. Song, S. Kim, H.J. Lee, E.Y. Yang, H.S. Choi, Y.C. Hur, D.G. Park and M.K. Yoon. 2014. Screening of Lycopene-rich Germplasms using Microplate Method in Watermelon (*Citrullus Lanatus* (thunb.) Matsum. & Nakai) Korean Journal of Breeding Science 46:37-43

Nimmakayala P, Levi A, Abburi L, Tomason YR, Saminathan T, Vajia VG, Malkaram S, Reddy R, Wehner TC, Mitchell SE, Reddy UK (2014) Single nucleotide polymorphisms generated by genotyping by sequencing to characterize genome-wide diversity, linkage disequilibrium, and selective sweeps in cultivated watermelon. BMC Genomics, 15:767-780

Rohlf, F.J. 2000. NTSYSpC: Numerical taxonomy and multivariate analysis system, Applied Biostatistics Inc., New York.

Semagn K., Å. Bjørnstad and M.N. Ndjiondjop. 2006. Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. African Journal of Biotechnology 25: 2569-2587.

농촌진흥청. 2003. 농업과학기술 연구조사 분석 기준 (발간 등록 번호 11-1390000-001274-01)

<제7협동과제>

Gudin S. 2000. Rose breeding technology. Acta Hort. 547:23-26.

Lee YS, Lee SD, Kim SJ, Park MO, Park KY, Kim YH. 2009. A new rose cultivar, 'Loving You' with pink petals and vigorous growth Habit. Kor. J. Breed. Sci. 39(3):363-364.

Lee YS, Jung YK, Lee SD, Park MO. 2013. A new rose cultivar, 'Purple Dew' with purple colored petals. Kor. J. Breed. Sci. 43(6):524-527.

Lee YS, Jung YK, Park MO, Lim JY. 2014. A standard rose cultivar 'Love letter' with thornless stems and red colored petals for cut flowers. Kor. J. Hort. Sci. Techno. 32(2):269-274.

Ministry for Food Agriculture, Forestry and Fisheries of Korea (MIFAFF). 2015. The present condition of cultivation of flowers in 2014. MIFAFF, Gwacheon, Korea.

National Seed Management Office (NSMO). 2005. The guidelines of characteristics for application and registration of new varieties in flower rose (*Rosa* spp.). NSMO, Anyang, Korea. pp. 6-15.

Park, KH. 2013. Promotion of distribution and consumption of flowers improvement seminars. GARES, Hwasung, Korea. pp. 12.

Rural Development Administration (RDA). 1995. Standard for Agricultural experiment. pp. 85.

Rural Development Administration (RDA). 2001. Rose culture. RDA, Suwon, Korea. pp. 127-163.

Rural Development Administration (RDA). 2003. Manual for agricultural investigation. RDA, Suwon, Korea. pp. 598-600.

Veys, P. 2012. International symposium on rose distribution system and quality control Korea. GARES, Hwasung, Korea. pp. 10-16.

<제8협동과제>

Haibin Wang, Jiafu Jiang, Sumei Chen, Xiangyu Qi, Hui Peng, Pirui Li, Aiping Song, Zhiyong Guan, Weimin Fang, Yuan Liao, Fadi Chen (2013) Next-Generation Sequencing of the *Chrysanthemum nankingense* (Asteraceae) Transcriptome Permits Large-Scale Unigene Assembly and SSR Marker Discovery. *Plos One*. 8(4) e62293

Hong J.H., Y.S. Kwon, and K.J. Choi, 2013. Identification of Lettuce Germplasms and Commercial Cultivars Using SSR Markers Developed from EST. *kor. J. Hort. Sci. Technol.* 31(6): 772-773.

H. Liu, Q.X. Zhang, M. Sun, H.T. Pan and Z.X. Kong (2015) Development of expressed sequence tag-simple sequence repeat markers for *Chrysanthemum morifolium* and closely related species

International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV). 2008a. The Spanish experience (Geslive-Irta) on the enforcement of plant variety rights: DNA-fingerprinting. The working group on biochemical and molecular techniques and DNA-profiling in particular (Madrid, 16-18 September). BMT/11/12

Korea Seed and Variety Services (KSVS). 2013. Searching plant variety protection database. http://www.seed.go.kr/protection/situation/register_04_view.jsp

Korea Agro-Fisheries Trade Corporation (KAFTC). 2013. Flower marketing information database. KAFTC, Seoul, Korea.

Kwon, Y.S., J.H., Hong, and K.J. Choi. 2013. Construction of a Microsatellite Marker Database of Commercial Pepper Cultivars. *kor. J. Hort. Sci. Technol.* 31(5): 580-581.

Lim, J.H., J.Y. Seo, M.S. Sim, and Y.H. Beak. 2014. A study on revitalization Devices of wholesale market through suveying the cut-flower distribution system. *kor. J. Hort. Sci. Technol.* 32(S): 207.

Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA). 2014. 2013 Annual report of floriculture cultivation MAFRA, Sejong, Korea. 34-35.

Shangguo Feng, RenfengHe, Jiangjie Lu, Mengying Jiang, XiaoxiaShen, YanJiang, Zhi' an Wang and Huizhong Wang(2016) Development ofSSR Markers and Assessment of Genetic Diversity in Medicinal *Chrysanthemum morifolium* Cultivars. *Front. Genetics.* 7:113

Yuan Zhang, Silan Dai, Yan Hong, Xuebin Song (2014)Application of Genomic SSR Locus Polymorphisms on the Identification and Classification of *Chrysanthemum* Cultivars in China. *Plos One*. 9(8) e104856

<제 9 협동과제>

Aruna, M., M.E. Austin, P. Ozias-Akins. 1995. Randomly amplified polymorphic DNA

- fingerprinting for identifying rabbiteye blueberry (*Vaccinium ashei* Reade) cultivars. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 120:710-713.
- Aranzana, M.J., J. Garcia-Mas, J. Carbo, and P. Arus. 2002. Development and variability analysis of microsatellite markers in peach. *Plant Breed.* 121:87-92.
- Baneh, H.D., S.A. Mohammadi, H. Mahmoudzadeh, F. de Mattia, and M. Labra. 2009. Analysis of SSR and AFLP markers to detect genetic diversity among selected clones of grapevine (*Vitis vinifera* L.) cv. Keshmeshi. *S. Afr. J. Enol. Vitic.* 30:38-42.
- Bell, D.J., L.J. Rowland, J.J. Polashock, and F.A. Drummond. 2008. Suitability of EST-PCR markers developed in highbush blueberry for genetic fingerprinting and relationship studies in lowbush blueberry and related species. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 133:701-707.
- Bian, Y., J. Ballington, A. Raja, C. Brouwer, R. Reid, M. Burke, X. Wang, L.J. Rowland, N. Bassil, and A. Brown. 2014. Patterns of simple sequence repeats in cultivated blueberries (*Vaccinium* section *Cyanococcus* spp.) and their use in revealing genetic diversity and population structure. *Mol. Breed.* 34:675-689.
- Boches, P., N.V. Bassil, and L. Rowland. 2006. Genetic diversity in the highbush blueberry evaluated with microsatellite markers. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 131: 674-686.
- Boches, P.S., N.V. Bassil, and L.J. Rowland. 2005. Microsatellite markers for *Vaccinium* from EST and genomic libraries. *Mol. Ecol. Notes* 5:657-660.
- Cao, Y., L. Tian, Y. Gao, and F. Liu. 2012. Genetic diversity of cultivated and wild Ussurian Pear (*Pyrus ussuriensis* Maxim.) in China evaluated with M13-tailed SSR markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59:9-17.
- Cho, K.H., I.S. Shin, S.H. Kim, J.H. Kim, D.H. Kim, Y.K. Shin, and H.S. Hwang. 2012. Identification of Korean pear cultivars using combinations of SCAR markers. *Hort. Environ. Biotechnol.* 53:228-236.
- Darnell, R.L. 2006. Blueberry Botany/Environmental Physiology. In: Childers, N.F., Lyrene, P.M. (Eds.), *Blueberries*. Horticultural Publications, Florida, USA pp 5-13.
- Darrow, G.M., L. Whitton, and D.H. Scott. 1960. The Ashworth blueberry as a parent in breeding for hardiness and earliness. *J. Fruit Var. & Hort. Digest* 14:43-46.
- Eck, P. and C.M. Mainland. 1971. Highbush blueberry fruit set in relation to flower morphology. *HortScience* 6: 494-495.
- Eck, P. and N.F. Childers. 1966. *Blueberry Culture*. Rutgers Univ. Press, New Brunswick, NJ, USA, pp 3-13.
- Galli, Z. 2005. Molecular identification of commercial apple cultivars with microsatellite markers. *HortScience* 40:1974-1977.
- Gough, R.E. 1991. *The Highbush Blueberry and its Management*. The Haworth Press Food Products Press, New York, USA pp 1-4.
- Hong, J.H., Y.S. Kwon, Y. Kim, E.J. Kim, E.H. Soh, and K.J. Choi. 2014. Construction of SSR profile database for variety identification of blueberry in Korea. *Korean J. Breed. Sci.* 46:58-65.

- Imazio, S., M. Labra, F. Grassi, M. Winfield, M. Bardini, and A. Scienza. 2002. Molecular tools for clone identification: the case of the grapevine cultivar 'Traminer'. *Plant Breed.* 121:531-535.
- Kim, S.J., D.J. Yu, T.C. Kim and H.J. Lee. 2011. Growth and photosynthetic characteristics of blueberry (*Vaccinium corymbosum* cv. Bluecrop) under various shade levels. *Sci. Hort.* 129:486-492.
- Kim, S.J., D.J. Yu, J.H. Kim, T.C. Kim, B.Y. Lee, and H.J. Lee. 2004. Comparative photosynthetic characteristics of well-watered and water-stressed 'Rancocas' highbush blueberry leaves. *J. Kor. Soc. Hort. Sci.* 45:143-148.
- Kim, S.J., K.S. Bae, S.W. Ko, H.C. Kim, and T.C. Kim. 2015. Morphology and characteristics of floral organ in highbush blueberry (*Vaccinium corymbosum*) cultivars. *Korean J. Plant Res.* 28:235-242.
- Kimura, T., Y.Z. Shi, M. Shoda, K. Kotobuki, N. Matsuta, T. Hayashi, Y. Ban, and T. Yamamoto. 2002. Identification of Asian pear varieties by SSR analysis. *Breed. Sci.* 52:115-121.
- Korea Seed & Variety Service. 2016. <http://www.seed.go.kr/protection/situation/check.jsp>
- Lee, B.Y. and J.G. Lee. 2001. Introduction of blueberry plants and establishment of cutting propagation method. *Collection of Treatises in Daesan* 9:87-102.
- Lyrene, P.M. 1994a. Variation within and among blueberry taxa in flower size and shape. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 119:1039-1042.
- Lyrene, P.M. 1994b. Environmental effects on blueberry flower size and shape are minor. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 119:1043-1045.
- Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs. 2016. <http://www.agrix.go.kr>
- Park, K.S., S.J. Kim, E.H. Jang, M.S. Ryu, H.Y. Ju, S.W. Ko, S.C. Lee, T.J. Kang, D.J. Ha, K.C. Sung, H.L. Kim, and Y.H. Gwon. 2015. Blueberry. *Rural Development Administration*. Wanju, Jeonbuk, Korea.
- Ratnaparkhe, M.B. 2007. Genome mapping and molecular breeding in plants. Volume 4, *Fruits and Nuts*, C. Kole (Ed.). pp.217-227.
- Ritzinger, R. and P.M. Lyrene. 1999. Flower morphology in blueberry species and hybrids. *HortScience* 34: 130-131.
- UPOV. 2011. INF/18/1 Possible use of molecular markers in the examination of distinctness, uniformity and stability (DUS), Geneva, Switzerland.