

발간등록번호

11-1543000-002221-01

기후온난화 대응 고온스트레스 저항성 오이 품종 개발 최종보고서

2018. 02. 05.

주관연구기관 / 세종대학교 산학협력단
협동연구기관 / 농업회사법인 (주)파트너종묘

농림축산식품자료실



0026455

농림축산식품부
농림식품기술기획평가원

제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “기후온난화 대응 고온스트레스 저항성 오이 품종 개발”(개발기간 : 2015. 12.18. ~ 2017. 12. 17.)과제의 최종보고서로 제출합니다.

2018. 02. 05.

주관연구기관명 : 세종대학교 산학협력단장



(인)

협동연구기관명 : 농업회사법인 (주)파트너종묘



주관연구책임자 : 송기환

협동연구책임자 : 김용재

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의합니다.

보고서 요약서

과제 고유번호	115079-2	해 당 단 계 연 구 기 간	2015.12.18 ~ 2017.12.17	단 계 구 분	(해당단계)/ (총 단 계)
연구 사업 명	중사업명	농식품기술개발사업			
	세부사업명	농생명산업기술사업			
연구 과제 명	대 과제 명	(해당 없음)			
	세부 과제명	기후온난화 대응 고온스트레스 저항성 오이 품종 개발			
연구 책임 자	송기환	해당단계 참 여 연구원 수	총: 명 내부: 명 외부: 명	해당단계 연 구 개 발 비	정부: 천원 민간: 천원 계: 천원
		총 연구기간 참 여 연구원 수	총: 5 명 내부: 4 명 외부: 1 명	총 연구개발비	정부: 200,000천원 민간: 50,000천원 계: 250,000천원
연구기관명 및 소 속 부 서 명	세종대학교 산학협력단			참여기업명 농업회사법인 (주)파트너종묘	
위 탁 연 구	연구기관명:			연구책임자:	
요약 - 오이 신품종 품종보호출원: ‘청수백다다기’, ‘삼복낙합’ - 고온착과력과 상품성이 우수한 백다다기오이 및 취청오이 후보 품종육성 - 고온착과력이 우수한 노균병/흰가루병 복합저항성 오이 계통육성 - CMV/노균병/흰가루병 복합저항성 오이 계통육성 - ZYMV 저항성 오이 계통육성 - 오이 CMV 저항성 유전연구 및 연관 분자표지 개발을 위한 후보 유전자 분석 - 오이 쓴맛 유전연구 및 유전자 기반 KASP 마커 개발 및 적용				보고서 면수 92 page	

요약문

		코드번호	D-01		
연구의 목적 및 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 본 과제의 최종목표는 고온착과력이 우수한 다수확 오이 품종 개발이며, 세부 목표는 1)기후온난화 대응 고온스트레스 저항성 오이 유전자원 개발 2)고온스트레스 저항성 다수확 오이 품종개발 3)CMV 및 ZYMV 저항성 오이 계통육성 4)복합형질 품종개발을 위한 CMV 저항성 연관 분자표지 개발이다. ○ 이를 위해 1)오이 계통 및 조합의 내서성 및 고온착과력 검정 2)백다다기오이 및 취청오이 조합성능검정 및 후보품종 선발 3)후보품종 지역적응성 검정 및 선발 4)생물검정을 통한 CMV, ZYMV 저항성계통 선발 5) CMV 저항성 연관분자표지 개발을 수행하였다. 				
연구개발성과	<ul style="list-style-type: none"> ○ 복합내병성 오이 계통육성 <ul style="list-style-type: none"> - 오이 육종계통의 고온착과력 평가, 내병성 검정, 과실 특성평가를 통해 고온착과력이 우수한 노균병/흰가루병 복합저항성 백다다기오이 10계통 선발 ○ 고온착과력이 우수한 오이 후보품종 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 선발계통을 이용하여 백다다기오이 87조합과 취청오이 24조합을 작성하였으며 장내 조합성능검정을 통해 백다다기오이 6조합과 취청오이 5조합을 후보품종으로 선발 ○ 오이 신품종 품종보호출원 <ul style="list-style-type: none"> - 후보품종의 지역적응성시험을 수행하여 ‘청수백다다기’ (출원2016-470)와 ‘삼복낙합’ (출원 2017-460)을 선발하여 품종보호출원 하였고, 청수백다다기’를 농업회사법인(주)하나종묘에 기술이전을 실시하고 품종개발사업 수행 ○ CMV 저항성 오이 계통 선발 <ul style="list-style-type: none"> - 유묘 생물검정과 포장저항성 검정을 통해 CMV/노균병/흰가루병 복합저항성 3계통 선발 ○ ZYMV 저항성 오이 계통 선발 <ul style="list-style-type: none"> - 유묘 생물검정을 통해 ZYMV 저항성 백다다기오이 6계통, 가시오이 1계통을 선발하였으며 노균병/흰가루병 복합저항성 오이 계통과의 분리모집단 육성 ○ CMV 저항성 연관 분자표지 개발 <ul style="list-style-type: none"> - CMV 저항성 유전분석을 수행하여 단인자 열성 유전을 구명하였으며, 저항성 후보유전자 분석을 통해 eIF4G 또는 이의 paralogs가 국내 오이의 CMV 저항성에 관련될 가능성을 제시 ○ 오이 쓴맛 유전자 기반 분자표지 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 오이 쓴맛 유전분석을 수행하여 단인자 우성유전을 구명하였으며, 유전자 염기서열 분석을 통해 <i>Bi</i> 유전자 기반 KASP 마커 개발하였고 개발된 마커를 이용하여 육종계통 261점의 쓴맛 유전자형 분석을 수행 				
연구개발성과의 활용계획 (기대효과)	<ul style="list-style-type: none"> ○ 육성된 신품종을 대상으로 농가시험과 시교사업을 수행하여 산업화 ○ 선발된 후보품종을 대상으로 농가시험을 수행하여 신품종을 선발하고 품종보호출원 ○ 육성된 복합내병성 오이 계통을 지속적으로 신품종 개발에 활용 ○ 쓴맛 유전자 기반 KASP 마커를 쓴맛이 없는 백다다기오이 및 취청오이 품종 육성에 활용 ○ 바이러스 피해 확산에 대응하여 바이러스 저항성 오이 품종 개발에 활용 ○ 고온착과력과 내병성이 개선된 품종 개발을 통해 농산물의 안정적인 생산과 농가소득 증대에 기여 				
국문핵심어	오이	내서성	고온착과력	CMV	ZYMV
영문핵심어	cucumber	heat-tolerance	heat set	CMV	ZYMV

SUMMARY

		코드번호	D-02			
Purpose& Contents	<p>The goal of this project is to develop high-yielding heat-tolerant cucumber varieties. The detailed goals are as follows; 1) Development of heat-tolerant cucumber lines 2) Development of heat-tolerant high-yielding cucumber varieties 3) Development of CMV and ZYMV resistant cucumber lines 4) Development of CMV resistance molecular markers.</p> <p>For this purpose, we conducted the experiment as follows; 1) Test for heat-tolerance and heat-set ability in breeding lines and combinations. 2) Performance trials and selection of candidate cucumber varieties of Korean semi-white (KSL) and Korean solid green (KCU) type 3) Adaptability test and selection of candidate varieties 4) Selection of CMV and ZYMV resistance lines through bioassay 5) Development of CMV resistance-related molecular markers.</p>					
Results	<ul style="list-style-type: none"> ○ Development of heat-tolerant multiple disease resistant cucumber lines: Selection of 10 cucumber lines with heat tolerance, powdery mildew and downy mildew resistance through disease screening and evaluation of fruit characteristics ○ Development of cucumber candidate varieties with high heat-set ability: Using the selected lines, 87 combinations of KSL and 24 of KCU type were made and 6 candidate varieties of KSL and 5 of KCU were selected through indoor combination performance trials. ○ Application for variety-protection for the new varieties: Through the regional adaptability test of the candidate varieties, 'Cheongsu Baek-dadagi' (Application 2016-470) and 'Sambuk Nak-hap' (Application 2017-460) were selected and applied for variety protection. Carried out the technology transfer and performed marketing and development. ○ Selection of CMV/powdery mildew/downy mildew multiple disease resistant cucumber lines: Selection of multiple disease resistance lines against CMV, Downy mildew, and Powdery mildew through seedling and field resistance screening ○ Selection of ZYMV resistant cucumber lines: Selection of ZYMV resistant lines of 6 KSL and 1 Chinese long green type and raising of crossing blocks with powdery mildew and downy mildew resistant lines. ○ Development of CMV resistance molecular markers: Identification of single recessive inheritance and suggesting eIF4G or it's paralogs can be involved in CMV resistance in domestic cucumber through analysis of candidate resistance gene ○ Development of molecular marker based on bitterness gene: Identification of single dominant inheritance and development of <i>Bi</i> gene based KASP markers through gene sequencing 					
Expected Contribution	<ul style="list-style-type: none"> ○ Industrialization through farmers' filed test and advanced trials ○ Selection of new varieties and application for variety protection of the candidate varieties ○ Continuous uses of the multiple disease resistant cucumber line for development of new varieties ○ Application of the bitterness gene-based KASP markers for breeding of bitterness-free cucumber varieties. ○ Application for developing virus-resistant varieties in preparation for the spread of virus damage. ○ Contributing to the stable production and the increase of farm income through the development of varieties with improved heat-set ability and disease resistance 					
Keywords	cucumber	heat-stress tolerance	heat-set	CMV	ZYMV	

< CONTENTS >

Chapter 1. Overview of the project	7
Chapter 2. Major results	18
Chapter 3. Level of achievement and contribution to industry	80
Chapter 4. Major products and schedule of application	85
Chapter 5. Collected technology and information	87
References	89

제 1 장 연구개발과제의 개요

코드번호	D-03
------	------

제 1 절 연구개발의 목적

- 본 과제의 최종목적은 고온착과력(heat set)이 우수한 내병성 오이 품종 개발이며, 이를 위해 저항성 계통 육성과 후보품종 선발, 후보품종의 농가시험을 통한 품종 개발을 목표로 수행되었음.
- 기후온난화에 따라 고온기 오이 재배에서 낙과현상(fruit abortion)이 증가하고 있으며, 이에 따라 수확량 감소, 기형과 발생, 상품성 감소와 같은 피해가 급증하는 추세임. 특히, 하우스 시설재배 작형에서는 수확량 감소 현상이 심화되고 있음.
- 오이는 미숙과를 연속수확하는 과채류로 수량성이 핵심적인 요구 특성이며 고온기 유과 발생과 기형과 발생은 농가의 주요 애로사항으로 부각되고 있음.
- 이에 따라 본 과제에서는 내서성과 고온착과력이 우수하고 과피 착색이 우수한 다수확 오이 품종을 개발하고자 하였음. 목표 형질은 고온착과력, 노균병 저항성, 흰가루병 저항성, CMV (Cucumber Mosaic Virus) 저항성, ZYMV (Zucchini Yellow Mosaic Virus) 저항성, 고품질(bitterness-free)임.
- 이를 위해 본 과제에서는 아래와 같은 세부 목표를 수립하고 추진되었음.
 - 1) 고온스트레스 저항성 오이 계통 육성
 - 2) 내서성과 고온착과력이 높고 과피 착색이 우수한 다수확 오이 품종개발: 백다다기오이 및 취청오이 품종 개발
 - 3) CMV (Cucumber Mosaic Virus) 와 ZYMV (Zucchini Yellow Mosaic Virus) 저항성 오이 계통 선발
 - 4) CMV 유전분석 및 저항성 연관 분자표지 개발
 - 5) 오이 과실의 쓴맛 유전분석 및 쓴맛 분자마커 개발

제 2 절 연구개발의 필요성

1. 오이의 경제적·산업적 중요성

- 오이는 전 세계적으로 샐러드, 피클, 생식용으로 이용되는 중요 과채류
 - 비타민(비타민 B, C, K), 미네랄(칼륨, 마그네슘), 항산화 성분(폴리페놀), 식이섬유가 풍부하고 피부조직 보호와 체내 노폐물 제거 효과를 지닌 건강식품으로 이용되고 있음.

- 오이는 토마토, 양파, 수박에 이어 재배면적이 넓은(218만ha) 글로벌 채소작물로 전 세계 생산액은 약 360억 달러(37조원)로 중요한 경제작물임(그림 1-1).
- 인접한 아시아 지역은 전 세계 재배면적의 82%를 점유하고 있는 주요 재배지역이며(그림 1-2) 특히, 중국의 오이 생산액은 급성장하여 1991년에는 전 세계 생산액의 7%에 불과하였으나 2013년에는 65%를 차지하였음. 이에 따라 중국은 재배면적과 생산액 측면 모두에서 세계 최대의 오이 생산국으로 성장하였고 가장 큰 종자시장을 형성하고 있음(그림 1-1).

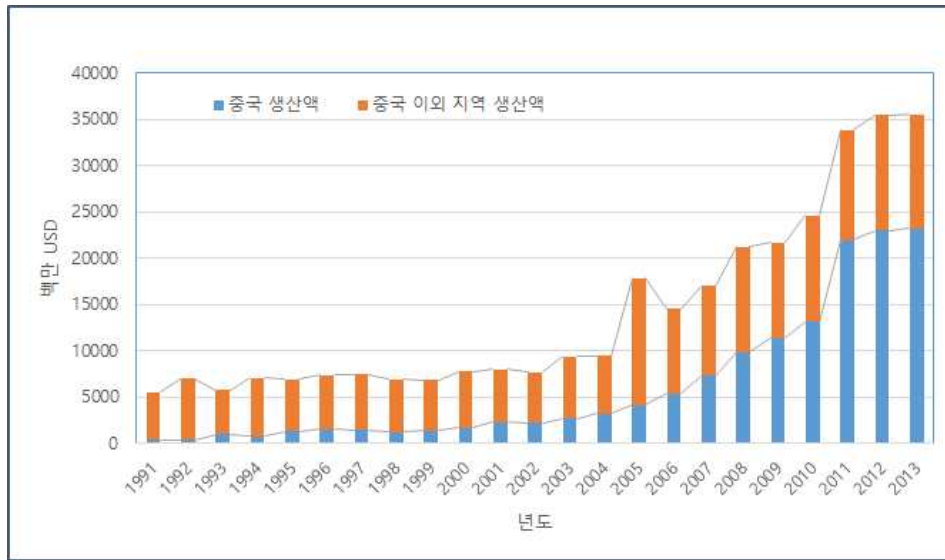


그림 1-1. 전 세계 오이 생산액(현재가치 기준)의 증가 추이(FAO, 2013)

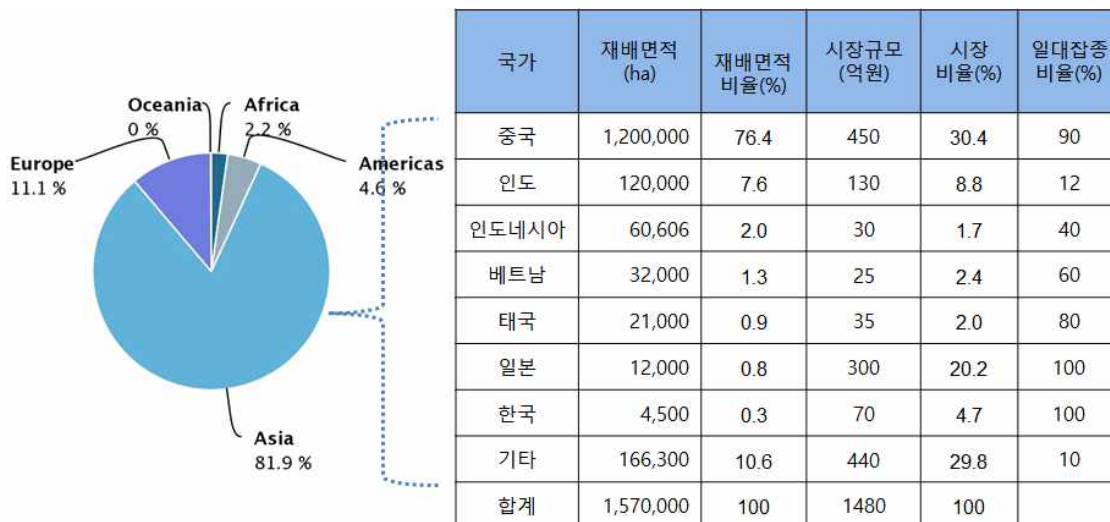


그림 1-2. 아시아 지역 국가별 오이 재배면적(FAO, 2012) 및 시장규모

- 국내 오이의 10년간 연평균 생산량은 341,894톤이며 2013년도 기준으로 과채류 중 수박(642,945톤), 토마토(432,779톤) 다음으로 생산량이 많은 주요 채소작물임(농림축산식품부, 2014).
- 국내 연간 오이 총생산액은 약 4,100억 원 수준으로 고추, 딸기, 수박, 배추, 토마토에 이어 큰 규모로 농가의 주요 소득원임. 특히, 모든 식량작물, 특용작물, 원예작물들 중 단위면적당 소득이 가장 높은(15,360천원/10a) 중요 현금성 작물이다(농촌진흥청, 2016).

2. 오이 종자시장

- 전 세계 오이 종자시장은 4,200억원 규모로 채소작물 중 3번째로 큰 규모임(그림 1-3). 아시아 지역의 오이종자시장은 전 세계 시장의 32%(1,500억) 수준이지만 일대교잡종(F₁)의 보급과 종자가격 상승으로 시장규모는 급격히 성장할 것으로 예상됨. 또한, 지역 재배종들이 범용적인 품종으로 전환되면서 단일 품종의 시장 보급률이 증가하는 추세임.
- 세계 최대 오이 생산국인 중국에서는 토마토와 함께 양대 채소작물로 중요한 위치를 차지하며 시설재배 면적 증가와 종자가격 상승으로 인해 종자시장이 빠르게 성장하고 있음.

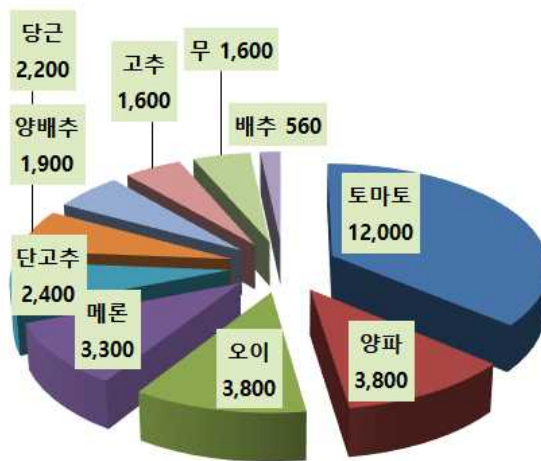


그림 1-3. 전 세계 10대 채소작물의 종자시장 규모 (국립원예특작과학원, 2012)

3. 기후변화와 연작장해 증가에 따른 내재해성 오이 품종 개발의 필요성

- 기후온난화에 따라 과채류 재배현장에서 내서성과 고온착과력이 크게 문제되고 있으며 이에 따라 수확량 감소, 기형과 발생, 상품성 감소와 같은 피해가 급증하는 추세임. 특히, 하우스 시설재배 작형에서는 수확량 감소 현상이 심화되고 있음.

- 과채류 중에서도 오이의 경우에는 미숙과를 연속수확하는 작물로 수량성이 매우 중요한 소득지표이며 고온기 유과 발생과 기형과 발생은 농가의 주요 애로사항으로 대두되고 있음.
- 기후온난화에 의한 고온피해는 이미 생산현장에서 심각한 수확량 감소와 농가소득 감소를 초래하여 재배농가에 실질적인 피해를 입히고 있음. 따라서 고온 스트레스 저항성 품종개발을 통한 안정적인 생산기반 확립이 필요함.
- 국내 품종은 다수성을 주요 목표로 개발되어 내병성이 비교적 약한 수준임. 오이의 주요 곰팡이병인 노균병과 흰가루병의 발병이 증가하고 있고 약제저항성 균주의 밀도가 증가하고 있음.
- 또한, 기후온난화에 따라 매개충에 의한 바이러스 피해가 확산되고 있음. 최근에는 고랭지까지 피해 지역이 확산되는 양상을 보이고 있음. 그러나 국내 오이 품종들은 모두 이 병성으로 저항성 자원 개발이 필요한 실정임. 또한, 효율적인 복합형질 품종육성을 위해서는 분자표지 개발과 같은 육종기술 개발이 필요함.
- 위와 같이 오이는 국내외적으로 중요한 경제작물일 뿐만 아니라 채소종자시장에서 메이저 작물로 안정적인 생산기반 확립과 함께 국제적으로 경쟁력 있는 품종 개발이 필요함.

제 3 절 연구개발의 목표 및 내용

1. 연구개발의 최종목표 및 주요내용

가. 연구개발의 최종목표

- 기후온난화 대응 고온 스트레스 저항성 오이 유전자원 개발
- 내서성과 고온착과력이 높고 과피착색이 우수한 다수확 오이 품종개발: 백다다기오이 및 취청오이 품종 개발
- CMV (Cucumber Mosaic Virus) 와 ZYMV (Zucchini Yellow Mosaic Virus) 저항성 오이 계통 선발
- CMV 저항성 연관 분자표지 개발 및 활용기술 개발

나. 주요 연구내용

- 고온스트레스 저항성 유전자원 및 계통 선발
 - 고온기 시설재배를 통한 내서성, 고온착과력이 우수한 유전자원 및 계통 선발
- 조합성능검정 및 선발
 - 백다다기오이 및 취청오이 대상 장내 조합성능검정 및 선발
 - 내서성, 고온착과력, 연속비대력, 기형과 발생율, 과색, 과형 평가
- 선발조합 농가시험 및 후보품종 선발
 - 오이 주산단지(강원도 홍천, 경기도 안성, 포천 등) 재배시험 및 선발
 - 수량성, 상품율(商品率), 균일성, 과피색 평가를 통한 후보 품종 선발
- 바이러스 저항성 계통 선발
 - 유묘검정을 통한 CMV, ZYMV 저항성 오이 계통 선발
 - 선발 개체들의 포장 저항성 발현 평가 및 저항성 계통 최종 선발
 - 내서성/바이러스저항성 복합형질 계통 육성을 위한 여교잡 및 계통 육성
- CMV 저항성 연관 분자표지 개발
 - 저항성/이병성 F₂ 분리집단 및 여교잡 세대(BC₁F₁)을 이용한 유전연구
 - 양친 특이적인 다형성 마커 선발 및 분리집단을 이용한 연관 마커 선발
 - 분자표지를 이용한 분리집단 개체선발 및 생물검정 일치도 분석

2. 과제별(세부·협동) 연구개발의 목표 및 내용

가. 제1세부과제(세종대학교)

고온스트레스 저항성, 바이러스저항성 오이 계통육성 및 저항성 연관분자표지 개발

(1) 연구목표

- 내서성과 고온착과력이 우수한 오이 계통 선발 및 조합육성
- 바이러스(CMV, ZYMV) 저항성 계통 선발
- CMV 저항성 연관 분자표지 개발
- 쓴맛 유전자 기반 분자표지 개발

(2) 연구내용

- 선발 계통을 이용한 조합작성
 - 육종계통의 내서성 및 고온착과력 검정
 - 모계와 부계의 내서성, 고온착과력, 상품성 등 특성 자료를 바탕으로 조합작성
- 장내 조합성능검정 및 농가시험 조합 선발
 - 국내 및 태국 농장을 이용하여 조합 성능검정 수행
 - 내서성, 고온착과력, 기형과 발생율, 수확량, 상품성 등 주요 형질의 특성평가 및 선발
- 바이러스 생물검정 및 저항성 계통 선발
 - CMV, ZYMV 저항성 계통 선발을 위한 유묘 생물검정 수행 및 선발
 - 유묘 선발 개체의 포장저항성 발현을 재배시험을 통해 검정하여 저항성 개체를 최종 선발함.
- 복합형질 계통 육성
 - 내서성과 바이러스 저항성 복합형질 계통 육성을 위한 crossing block 작성 및 분리 집단 육성.
 - 분리집단 선발 및 여교잡을 통한 형질도입 수행: 태국 농장을 활용하여 세대진전 수행.
- CMV 저항성 연관분자표지 개발 및 적용연구
 - 분자표지 개발을 위한 F₁, F₂, BC₁ 세대 육성
 - 유묘 생물검정을 통한 표현형 검정 및 유전양식 구명
 - 저항성/이병성친 다형성 마커 분석
 - 표현형 및 유전형 분석을 통한 연관 분자마커 개발

나. 제1협동과제(파트너종묘)

내서성과 고온착과력이 우수한 오이 품종 개발

(1) 연구목표

- 고온기 노지재배 및 시설재배 작형 지역적응성시험을 통한 내서성 오이 품종 선발
- 농가 확대시험을 통한 품종 특성평가 및 개발
- 육종계통의 세대진전 및 분자표지 개발 집단 육성

(2) 연구내용

- 지역적응성 시험 및 품종 개발
 - 제1세부과제에서 선발한 조합을 대상으로 오이 주산단지를 중심으로 고온기 노지재배 작형과 시설재배 작형 지역적응성 시험 수행
 - 수량성, 기형과 발생율, 상품성을 기준으로 후보품종 선발
 - 후보품종을 대상으로 확대시험 수행 및 품종 개발
 - 지역별, 작형별 품종의 특성검정 및 목표 세분시장 설정
- 육종계통의 세대진전
 - 태국 농장을 활용하여 제1세부과제에서 육성한 복합형질 선발 개체의 세대진전 수행
 - 고온기 오이의 주요 곰팡이 병인 노균병저항성에 대한 포장저항성 검정을 병행하여 개체선발 및 세대진전
- CMV 선발 계통 포장저항성 검정
 - 제1세부과제에서 선발한 CMV 저항성 유묘를 대상으로 성숙식물체의 저항성 수준 검정 및 선발
- CMV 저항성 연관 분자표지 개발을 위한 집단 육성
 - 제1세부과제에서 선발한 저항성/이병성친을 이용하여 F₁, F₂, BC₁ 세대 육성

제 4 절 국내외 오이 품종개발 현황

1. 국내 오이 품종개발 현황

- 국공립연구기관의 오이 유전육종 기초연구 프로그램이 미흡하며 품종육성은 민간 종자회사를 중심으로 수행되고 있음.
- 국내 오이 주요 품종군 들 중 백다다기계와 가시계는 대부분 암꽃 착생율이 100%인 자성주(gynoecious) 품종이며 취청오이는 암꽃 착생율이 40~60%인 자웅동주(monoecious) 품종임. 일부 백다다기와 가시계 품종의 경우 농가 포장에서의 monoecious 개체가 3~5%의 빈도로 출현하여 문제가 되고 있어 유전적인 개선이 요구되고 있음.
- 국내 오이 품종은 다수성과 외관 품질 위주로 개발되어 인도와 동남아시아 지역과 같은 열대나 아열대지역에서 적응성이 낮은 수준으로 고온착과력, 노균병저항성, 만할병저항성, 바이러스저항성이 약하고 과피 일소현상이 쉽게 발생하고 있음. 따라서 현지 재배환경에 적합한 품종 개발이 요구되고 있음.
- 내병성 육종의 주요 목표인 노균병과 흰가루병의 경우 저항성 유전자원의 수량성과 과실 품질 특성이 불량해 저항성 품종개발에 어려움을 겪고 있음. 소규모 종자회사들은 다수성 위주의 품종보급에 주력하는 상황으로 환경적응성과 내병성에서 취약한 특성을 가지며, 일부 흰가루병 또는 노균병 저항성 품종들이 농가에 보급되고 있으나 복합내병성(흰가루병, 노균병, ZYMV) 품종개발은 미비한 실정임.
- 국내 주요 종자회사가 다국적 기업으로 인수된 후 해외 품종 개발을 위한 국내 육종 프로그램이 현지화 되었으며 이에 따라 수출용 품종 개발을 위한 국내 육종 기반이 약화되었음.
- 오이는 일반적으로 장기재배 되기 때문에 고온착과력이 공통적으로 중요한 형질임. 특히, 전체 시장 중 약 60% 정도에서 고온착과력이 더욱 부각되는 것으로 파악됨.

2. 국외 오이 품종 개발 현황

- 아시아 지역 주요 종자회사의 우점품종들은 노균병저항성, 초세, 상품율, 수확량 등 생산자 형질에서는 시장요구에 부응하는 것으로 판단됨. 따라서 이들 형질들은 품종의 기본 요구 형질임(표1-1).

표 1-1. 아시아 지역 주요 오이 품종의 성능 비교

품종명	회사명	노균병 저항성 ^z	초세 ^z	쓴맛 ^y	상품율 (%) ^x	수량성 지수 ^w
Amata765	ChiaTai	5	5	0	84	6
Hercules 56	ChiaTai	5	7	4	66	5
Popular 999	ChiaTai	6	5.5	2	78	3
Malai	ChiaTai	4.5	4.5	2	81	5
Famous 962	ChiaTai	5.5	5.5	4	82	5
HN 980	ChiaTai	5	4.5	1	60	3
Mummy	ChiaTai	3.5	4	2	81	5
Ninja 179	ChiaTai	4.5	5	2	62	4
Mercy	East West	5	4	1	77	5
Monza	East West	5.5	6.5	2	76	4
Malini	Monsanto	6.5	5.5	3	95	7
Plus 910	Monsanto	5.5	6.5	1	71	4

^z3: 이병성(초세 약함), 5: 중도저항성(초세 중간), 7: 저항성(초세 강함)

^y0: 없음 ~ 4: 강함 ^x상품율=상품과수/총수확수 ^w품종간 상대적인 수확량 비교

- 흰가루병, 만할병(Fusarium wilt), 바이러스 저항성에서는 품종 간에 차이가 있으며 모든 형질에 대해 저항성인 품종은 없는 것으로 판단됨. 특히, 인도의 전통적인 우점 품종인 "Malini"의 경우 흰가루병에 약한 특성을 보이며 저온기 재배시 특히 문제가 되고 있음. 많은 흰가루병 저항성 자원이 조직의 necrosis 현상을 동반하여 내병성 육종에 장애 요인으로 작용하고 있음.
- 내서성과 고온착과력은 기후 온난화에 따라 꾸준히 개선이 요구되는 형질로 오이 품종 성능의 주요 평가 지표임.
- 전체 재배면적의 50% 이상을 차지하는 우기 재배에서는 일대잡종 품종 보급률이 낮은 수준으로 아직까지 지역별로 재래종이 주로 재배되고 있음. 우기 재배에 적합한 내습성 노균병저항성 일대잡종 품종 개발은 주요 회사의 육종목표임.
- 대부분의 우점 품종들의 절성(암꽃 착생 비율)은 30 ~ 60% 수준으로 재배방식이 생력화됨에 따라 고절성(Gynoecious) 품종을 요구하고 있으나 상품율이 높은 고절성 품종은 없는 상황임.

제 5 절 오이 분자유종 연구

1. 오이 유전체 연구

- 국내의 다른 주요 경제작물에 비해 오이의 경우에는 유용 형질의 발굴, 분자마커 개발, 생물정보학 및 비교 유전체학적 기반의 체계적인 연구가 매우 취약함.
- 국내 종자기업이나 연구기관에서 보유하고 있는 육종에 활용 가능한 분자마커의 수는 소수이며, 외국의 다국적 기업이나 연구기관에 비해 기술적으로 많은 격차가 있음. 국내에는 품종육성에 이용될 수 있는 유전자지도는 없는 실정이며, 현재까지 분자마커는 품종육성보다는 품종들 간의 유사성분석 또는 품종보호를 위한 DNA fingerprinting 기술에 제한적으로만 이용되고 있음. 또한, 유전자지도 작성과 분자마커 개발을 위한 체계적인 유전집단 육성이 이루어지지 못하고 있음.
- 중국 농과원(IVF, CAAS)에서는 2012년부터 핵심집단에 대한 논문을 발표하며 활발한 연구를 수행하고 있으며 이를 통해 유용형질 유전자를 동정해 오고 있음.
 - Jing 등(2012)은 3,342점에 대한 유전자원을 대상으로 23개 SSR 마커를 적용하여 115개 core collection을 선발.
 - Qi 등(2013)은 115 계통에 대한 resequencing을 수행하였으며, 3개 분리집단을 이용한 QTL 맵핑을 통해 과실 길이(5 QTLs)와 잎 크기(3 QTLs), 베타카로틴(1 QTL) 연관 QTL을 동정하고 쓴맛 유전자(*Bi*, *Bt*)를 맵핑.
 - Zhang 등(2015)은 115 개 핵심집단의 resequencing 데이터로부터 structural variation(SVs)을 분석하여 자성 형질(gynoecy)이 F유전자의 duplication 때문임을 밝힘.

2. 내병성 분자마커 개발

- 오이 노균병저항성 유전연구는 지난 80년간 수행되어 왔으나 유전양식이 매우 복잡하여 아직까지 정확한 저항성 유전양식이 구명되지 못하고 있고 노균병저항성 육종을 위한 MAS는 실용적으로 적용되지 못하고 있음.
 - Horejisi 등(2000)은 $F_{2:3}$ 집단을 이용하여 5개 RAPD QTL 동정.
 - Zang 등(2013)은 $F_{2:3}$ 집단을 이용하여 BSA 방법을 통해 5개 SSR QTL 동정.
 - Pang 등(2013)은 오이와 *C. hystrix*의 중간교잡으로부터 유래한 introgression line을 이용한 QTL mapping을 수행하여 3개 SNP QTL 동정.
 - Wang 등(2016)은 $F_{2:3}$ 집단을 대상으로 338개 SSR과 SNP 마커로 연관지도를 작성하고 이로부터 4개 QTL 동정.
 - Win 등(2016)은 F_2 집단을 대상으로 BSA 방법을 적용하여 두 유전자 pool를 대상으로 NGS 분석을 수행하고 이를 통해 5개 SNP QTL 동정.

- 흰가루병저항성 유전양식에 대한 정확한 기작은 아직 불확실하며 저항성자원, 검정방법, 환경조건에 따라 QTL의 수와 위치들이 불일치하여 개발된 분자마커들이 육종에 활용되지 못하고 있음.
 - Sakata 등(2006)이 처음으로 F₇ RIL 이용하여 6개 QTL을 동정.
 - Liu 등(2017)은 F₂ 집단의 SSR 연관지도를 바탕으로 하배축의 저항성은 단인자 열성 (*pm-h*) 유전자에 의해 결정되며 전체적인 저항성에 중요한 역할을 한다고 보고.
 - Wang 등(2017)은 노균병과 흰가루병에 저항성인 PI197088의 RIL 계통을 이용한 GBS (genotyping-by-sequencing)을 통해 노균병에서 11 개 QTL, 흰가루병에서 4 개 QTL을 보고.
 - Xu 등(2017)은 12회 여교잡과 MAS을 통해 육성한 CSSL (Chromosome Segment Substitution Line)의 전장유전체분석을 통해 SNPs와 indel를 동정하였고, qRT PCR을 통해 5개 저항성 유전자를 동정.

- 오이 WMV, ZYMV, PRSV 저항성에 대한 유전자 마커가 개발되었음.
 - CMV 저항성 분자마커에 대한 연구는 찾기 어렵고, Zhang 등(2010)이 F₂ 집단을 이용한 BSA 방법을 통해 1개의 AFLP 마커를 개발.
 - Park 등(2000)은 F₆ RIL를 이용해 PRSV와 ZYMV 저항성 연관 AFLP 마커를 개발하였고, 오이와 메론의 비교 맵핑을 통해 저항성 유전자원 “TMG1“에서 단일 SNP를 발굴하고 ZYMV 저항성 유전자를 클로닝(2004).
 - Amano 등(2013)은 F_{2:3} 집단을 이용하여 ZYMV 저항성 연관 SSR 마커를 개발.
 - 중국농업과학원은 PRSV 저항성 indel 마커(2015)와 WMV 저항성 indel 마커를 개발(2017).

제 2 장 연구수행 내용 및 결과

코드번호

D-05

제 1절 CMV 저항성 유전분석 및 후보유전자 분석(제1세부)

1. 연구의 배경

- CMV는 바이러스 중 가장 넓은 기주범위를 가지며 전 세계적으로 800종 이상의 식물을 감염시켜 심각한 경제적 손실을 초래하고 있다.
- CMV 저항성은 많은 식물에서 다인자(polygenic)에 의해 결정되는 것으로 보고되고 있다. CMV에 대한 우성 저항성 유전 현상은 *Arabidopsis* ecotype C24의 RCY1 유전자와 대두의 RT4-4 유전자가 보고되고 있다. *Arabidopsis*에서는 cell-to-cell 이동과 장거리 이동에 영향을 주는 cum1과 cum2 유전자의 단인자 열성 돌연변이가 보고되었다.
- 고추에서는 한 개의 주 인자와 6개의 minor QTL에 의해 결정되는 장거리 이동 억제를 통한 우성 부분 저항성이 보고되었다(Caranta et al. 2002). 감자와 토마토와 같은 가지과 작물에서는 작용효과가 다른 QTL에 의해 결정되는 장거리 이동에 대한 부분 저항성이 보고되었다(Essafi et al. 2009).
- 그러나 박과식물에서는 CMV 저항성이 주로 열성으로 보고되고 있다. CMV strain에 대한 다양한 반응이 보고되었는데, 군주 특이적 저항성이 한국 유전자원인 'Sonwang charmi', 'PI 161375' (SC)와 'Freeman's cucumber'에서 관찰되었다. SC는 B20.2 isolate에 대해 부분저항성을 보였으며 M6 isolate에 대해서는 완전 저항성을 나타내었다. CMV 저항성 SC와 감수성 'Védrantais'와의 RIL를 이용한 실험에서 Dogimont 등(2000)은 CMV 저항성이 몇 개의 QTL에 의해 결정되며 한 개의 주 효과 QTL이 7번 연관군에 위치함을 보고하였다.
- 현재까지 알려진 열성 저항성 유전자는 Eukaryotic translation initiation machinery의 구성 요소에서의 돌연변이와 관련된 것으로 알려져 있다. eIF4E 또는 eIF4G의 돌연변이와 이들의 paralogs인 eIF(iso)4E와 eIF4(iso)G는 주로 potyvirus에 대한 저항성과 관련된 것으로 보고되고 있다. 이는 저항성 메커니즘이 바이러스가 저항성 기주의 전사기구를 이용하지 못함으로써 복제와 증식의 실패와 연관된 것임을 시사해 주고 있다.
- 본 연구에서는 한국 오이 유전자원에서 CMV 저항성의 유전현상을 구명하고 candidate gene approach를 통해 MAS에 활용가능한 저항성 연관 분자마커를 개발하고자 하였다.

2. 식물체 재료 및 실험방법

가. 식물체 재료

- 본 실험에서는 CMV 저항성 계통(CMV_R)과 이병성 계통(CMV_S2), 이들 양친에서 유래한 F₂ 집단을 이용하였다.
- 오이 종자를 tri-sodium phosphate (10%)에 15분 간 침종한 후 sodium hypochlorite (2%)에 10분 간 침종하여 소독하였다. 흐르는 수돗물에서 수세한 후 짙은 여과지를 간 페티리디쉬에 치상하여 인큐베이터에서 종자 발아를 촉진시켰다. 유식물체를 배양토를 채운 50구 트레이에 이식하였다.

나. CMV 접종과 표현형 분석

- 바이러스 접종원 준비를 위해 CMV-FNY 냉동 stock을 이용하였다. *Nicotiana benthamiana*에 접종하여 증식한 후 접종원으로 이용하였다. CMV 증상을 발현하는 감염된 잎을 400-grit carborundum을 혼합한 0.1M potassium phosphate buffer (pH 7.0)에서 마쇄하여 자엽에 문질러 준 후 10~20분 후에 증류수로 씻어 주었다.
- 접종 후 식물생육상(16 hours light/8 hours dark, 23°C 항온)에서 유지시켰다. 접종 21~30일 후 ELISA 검정을 통해 CMV의 coat protein을 탐지하였다. 양친 계통의 비접종엽과 접종엽 3반복을 ELISA test의 positive와 negative control로 이용하였다. 제조사(Agdia, Elkhart, IN, USA)의 매뉴얼에 따라 405nm에서의 흡광도를 microplate reader (Anthon zenith 340 micro plate reader, UK)를 이용하여 기록하였다.

다. Genomic DNA 분리와 후보 유전자 분석

- 오이 유식물체로부터 약 100mg의 조직을 채취하여 변형된 CTAB 방법을 통해 genomic DNA를 분리하였다. genomic DNA의 순도와 양을 NanoDrop Spectrophotometer를 이용하여 조사하였다.
- PCR 반응 용액은 25 μ l로, 100 ng/ μ l DNA 2 μ l, 10x Ex Taq PCR buffer 2.5 μ l, 2.5 mM dNTP mixture 4 μ l, Ex Taq polymerase (TaKaRa) 0.125 μ l, 1 μ l primer (10 pmol/ μ l)로 구성되었다. PCR 반응은 94°C에서 3분 간 denaturation 반응 후 98°C에서 10초 간 30 cycle, 55-58°C에서 30초, 72°C에서 60초의 반응을 진행시켰고, 72°C에서 5분 간 extension 시켰다.

3. CMV 저항성 유전분석 결과

- CMV 저항성은 열성 유전자에 의해 조절받는 것으로 나타났다. CMV에 접종하였을 때 CMV_R 친은 병징이 없는 상태를 유지하였지만 CMV_S2 친은 현저한 모자이크 병반을 나타내었다(그림 2-1-1). F₁ 식물체(CMV_R X CMV_S2)는 이병성친과 유사한 병징을 나타내었다. F₂ 집단은 3:1의 이병성:저항성 분리비를 나타내었다(표 2-1-1).
- 이 분석결과는 저항성이 단인자 열성유전자에 의해 조절받음을 나타내며 이를 *mvr*로 명명하였다.

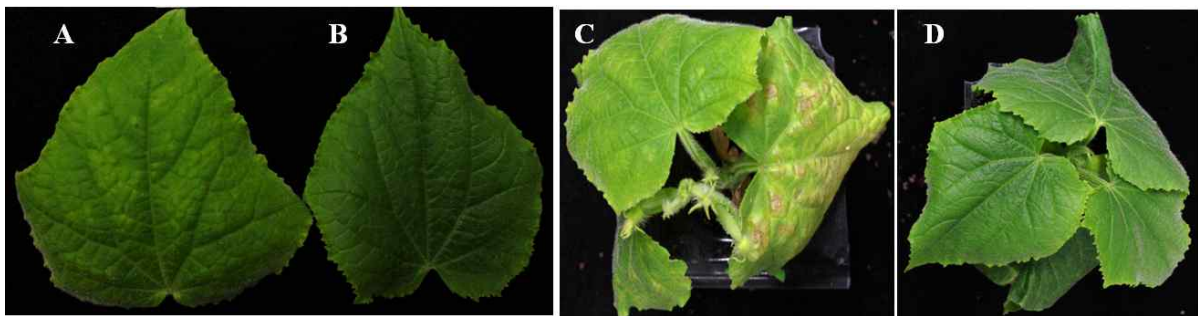


그림 2-1-1. 오이의 CMV 접종 후 병징. A), C) Mosaic 병반을 보이는 이병성 계통(CMV_S2); B), C) 저항성 계통(CMV_R).

표 2-1-1. 오이의 CMV 저항성 유전분석

Population	Total plants	Phenotyping		F value	P value
		Observed ratio (R:S)	Expected ratio (R:S)		
CMV_R	5	5:0	5:0	-	-
CMV_S2	5	0:5	0:5	-	-
F1 (R x S)	4	0:4	0:4	-	-
F2 (R x S)	83	22: 61	1:3	0.88	0.006

4. CMV 저항성 후보 유전자 분석

- 많은 식물종에서 eukaryotic translation initiation factors eIF4E, eIF(iso)4E 와 이들의 parlogs인 eIF4G, eIF(iso)4G의 열성 돌연변이가 특정 RNA 바이러스에 대한 저항성과 관련된 것으로 보고되었다(Essafi et al 2009).
- 특히, eIF4E isoforms이 오이에서 바이러스 감염에 대한 열성 저항성을 부여하는 것으로 알려져 있다. 오이 게놈에서 eIF4E isoforms를 동정하기 위해 cucumber genome database (<http://cucumber.genomics.org.cn/page/cucumber/blast.jsp>) 에서 blast search를 수행하였다.
- 오이 게놈에서 genome-wide 탐색을 통해 3개의 eIF4E homologs (eIF4E-I, Csa017331; eIF4E-II, Csa016950; eIF4E-III, Csa009073)와 한 개의 pseudogene (eIF4E, Csa011806)을 동정하였다(표 2-1-2).

표 2-1-2. 오이 게놈의 eIF4E와 eIF4G 상동유전자

Gene	Accession	Locus	Strand	CDS	AA	Annotation (InterPro)
eIF4E/	Csa017331	Chr1:15101413:15104216	+	840	279	Eukaryotic translation initiation factor 4E (eIF-4E)-eIF4E
eIF4E (Iso)	Csa016950	Scaffold000084:391329:393304	+	612	203	Eukaryotic translation initiation factor 4E (eIF-4E)-eIF4E(Iso)
	Csa009073	Chr2:6815968:6825539	-	642	213	Eukaryotic translation initiation factor 4E (eIF-4E)
	Csa011806	Chr6:9913586:9928324	-	261	86	Eukaryotic translation initiation factor 4E (eIF-4E)*
eIF4G/	Csa016406	Chr1:12499103:12503871	+	2400	799	Initiation factor eIF-4 gamma
eIF4G (Iso)	Csa014867	Chr4:15064350:15069178	-	2307	768	Initiation factor eIF-4 gamma
	Csa006305	Chr2:8488128:8496391	+	5310	1769	Initiation factor eIF-4 gamma
	Csa003837	Chr1:5679405:5682510	+	2136	711	Initiation factor eIF-4 gamma

- eIF4E-I와 eIF4E-III는 chromosome 4에 위치하는 것으로 나타났지만 eIF4E-II는 어떤 염색체에도 지정되지 못하였다. 오이 eIF4E isoforms은 38~68%의 nucleotide identity를 공유하였다. eIF4E-I와 eIF4E-II 유전자는 각각 4개의 intron을 가지고 있는 반면 eIF4E-III는 3개의 intron을 가지고 있었다(그림 2-1-2).

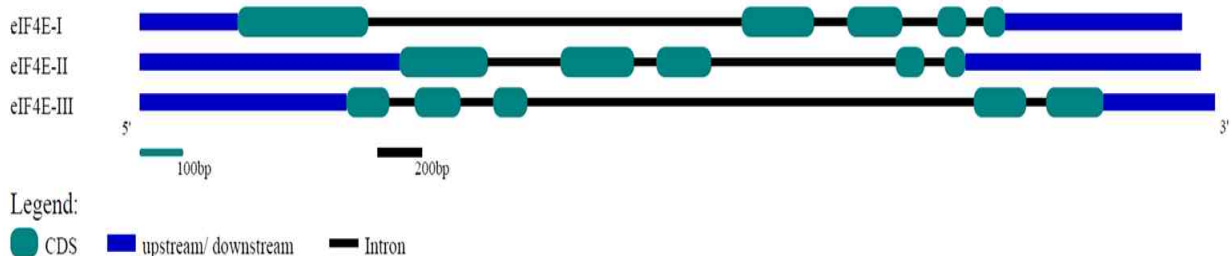


그림 2-1-2. 오이 eIF4E isoforms의 유전자 구조

- eIF4E-I, eIF4E-II와 eIF4E-III의 예상되는 아미노산 길이는 각각 840, 612, 642개였다. eIF4E 유전자를 직접 sequencing 한 결과 CMV-S2와 CMV-R 사이에 어떤 polymorphism도 발견되지 않아 CMV에 대한 감수성은 다른 loci에 의해 영향을 받는 것으로 나타났다.

5. eIF4E isoforms의 발현 분석

- RT-PCR 분석을 통해 CMV 감염식물체의 eIF4E 유전자 발현을 분석한 결과 CMV-S2와 CMV-R 친 모두에서 eIF4E-I와 eIF4E-III (eIF(iso)4E)가 상시발현하는 것으로 나타났다(그림 2-1-3).
- 이는 이전의 보고(Martnez-Silva et al. 2012)와 일치하였다. 양친 모두에서 감지할 수 있는 수준으로 eIF4E-II가 발현되었다. 전체적으로 이들 결과는 eIF4G 또는 이의 paralogs가 오이에서 CMV 저항성에 관련될 수 있음을 시사하는 것으로 보였다.

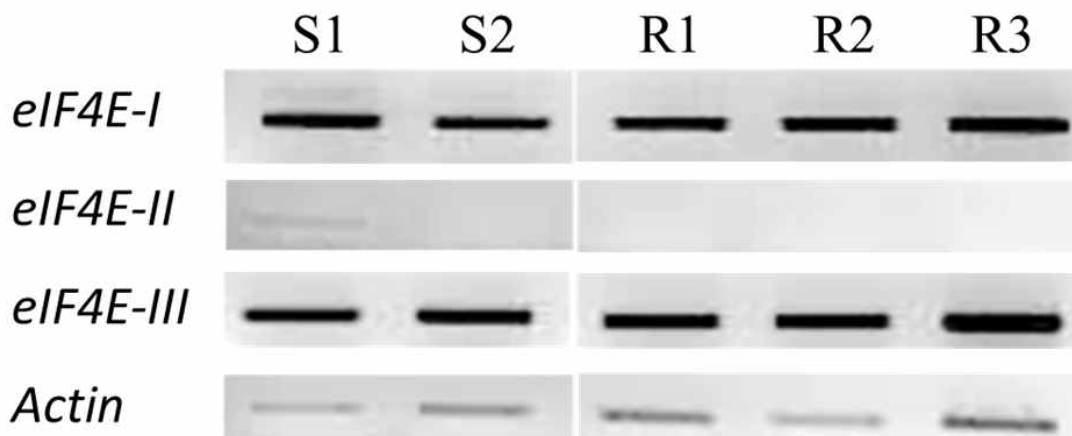


그림 2-1-3. CMV 접종 후 오이의 eIF4E isoforms 유전자 발현 분석. Actin 유전자를 reference로 이용하였다. RT-PCR 결과는 이병성(S1, S2)과 저항성(R1, R2, R3) 간에 eIF4E유전자 발현에 큰 차이가 없음을 나타내고 있다.

제 2절 CMV, ZYMV 저항성 오이계통 선발(제1세부, 제1협동)

1. CMV 저항성 오이 계통 선발

가. 재료 및 방법

- 선행연구를 통해 육성한 백다다기오이 13계통, 가시오이 6계통, 취청오이 2계통을 대상으로 CMV 저항성 검정을 수행하고 저항성 개체를 선발하였다. 이병성 check 품종으로 “Maram”을, 저항성 check 품종으로 “TA78”과 “TCMG”를 이용하였다.
- 접종원과 접종방법은 CMV 저항성 유전분석과 동일하였다. 이병성 check 품종과 저항성 check 품종의 병 발현 양상이 예상되는 결과와 부합하여 병 접종이 적절하게 되었음을 확인할 수 있었다.
- 유묘검정을 통해 선발한 저항성 개체를 포장에 정식하여 포장저항성을 검정하였다(그림 2-2-1).

나. 저항성 선발 결과

- 유묘검정과 포장검정을 통해 최종적으로 4개 백다다기 계통에서 25개체를 선발하였다(표 3-2-1). 유묘 저항성을 보이더라도 포장에서 병반이 상위엽에서 발현되는 경우가 있어 저항성 선발 시 성숙식물체에 대한 추가적인 검정이 필요함을 알 수 있었다.

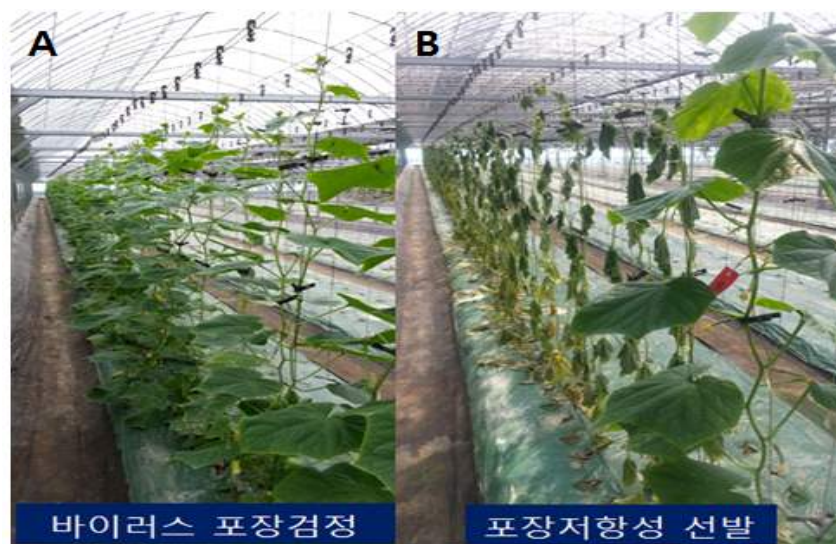


그림 2-2-1. CMV 저항성 유묘의 성숙식물체(A)와 포장저항성 선발(B).

○ 선발된 백다다기오이 계통 중 백다다기-1은 노균병과 흰가루병에도 고도의 저항성을 나타내었으며, 백다다기-2와 백다다기-3는 중도저항성을, 백다다기-4는 노균병 저항성을 나타내었다(표 2-2-1). 향후 이들 계통을 다수성 복합내병성 계통에 활용하고자 한다.

표 2-2-1. 오이 육종계통의 CMV 저항성 검정 및 선발

BN	계통명	세대	성표현 ^z	노균병 저항성 ^y	흰가루병 저항성 ^y	접종주수	저항성 유묘수	저항성 식물체수
CM1601	Maram (이병성 check)	INBRED	MO	5	5	20	0	-
CM1602	TA78 (저항성 check)	INBRED	GY	7	8	20	20	-
CM1603	TCMG (저항성 check)	INBRED	MO	3	2	20	20	-
CM1606	백다다기-1	BC ₁ F ₃	GY	7	8	100	100	10
CM1607	백다다기-2	7	MO	5	6	20	20	5
CM1608	백다다기-3	6	PF	5	5	20	16	5
CM1609	백다다기-4	6	MO	6	2	20	17	5
CM1610	백다다기-5	INBRED	GY	3	3	20	0	-
CM1611	백다다기-6	INBRED	GY	3	3	20	0	-
CM1612	백다다기-7	INBRED	GY	5	3	20	0	-
CM1613	백다다기-8	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1614	백다다기-9	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1615	백다다기-10	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1616	백다다기-11	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1617	백다다기-12	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1618	백다다기-13	INBRED	MO	6	5	20	0	-
CM1619	가시오이-1	INBRED	GY	3	3	20	0	-
CM1620	가시오이-2	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1621	가시오이-3	INBRED	MO	7	6	20	0	-
CM1622	가시오이-4	INBRED	MO	7	6	20	0	-
CM1623	가시오이-5	INBRED	MO	7	6	20	0	-
CM1624	가시오이-6	INBRED	MO	7	6	20	0	-
CM1625	취청오이-1	INBRED	MO	3	3	20	0	-
CM1626	취청오이-2	INBRED	MO	3	3	20	0	-

^zGY: gynoeious, PF: pre-dominantly female, MO: monoecious

^y3: 이병성 ~ 7: 저항성

2. ZYMV 저항성 오이 계통 선발

가. 재료 및 방법

- 육성계통의 ZYMV 저항성 선발을 위해 백다다기 42계통, 가시오이 6계통, 취청오이 3계통에 대한 저항성 검정을 수행하였다. 저항성 check 품종으로는 “Marketmore88”을, 이병성 check 품종으로는 “Marketmore76”을 이용하였다.
- ZYMV isolate는 농업과학원으로부터 분양받았으며 감수성 오이를 이용해 증식한 후 접종원을 준비하였다. 파종 15일 후 자엽이 완전히 전개되었을 때 접종하였고, 접종 후 4주와 7주에 저항성 여부를 판별하였다(그림 2-2-2).
- 1차 검정은 2017년 7월 29일에, 2차 검정은 8월 25일에 수행하였다. 접종 후 7주경에는 유식물체의 본엽이 5매 이상 전개되어 상위 엽에서의 병증을 판별할 수 있었다. 계통당 10주 2반복 검정을 수행하였다.

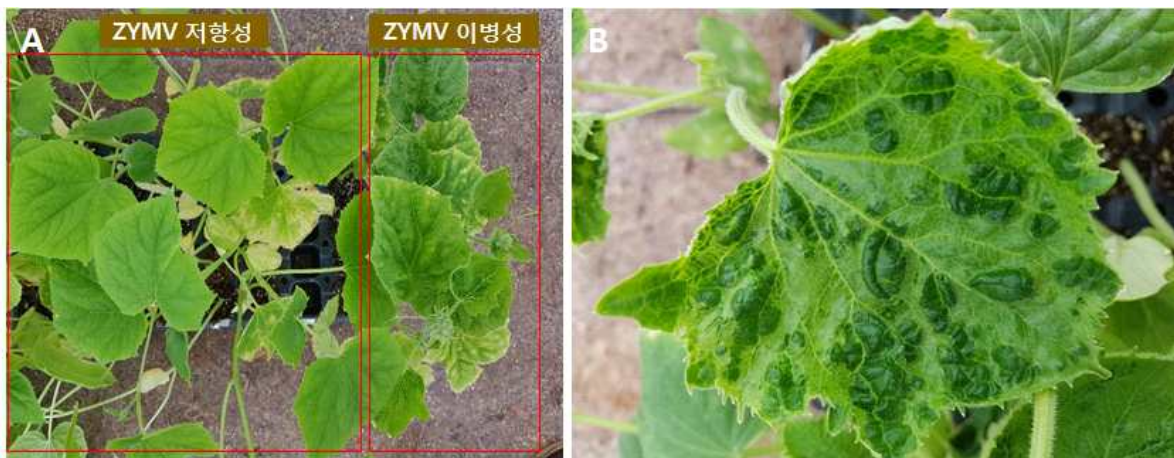


그림 2-2-2. ZYMV 저항성 및 이병성 오이 계통(A), 유식물체의 ZYMV 병반(B)

나. 저항성 선발 결과

- 1차와 2차 검정을 통해 백다다기 오이 6계통(ZY707, ZY736, ZY737, ZY738, ZY739, ZY740), 가시오이 1계통(ZY748)을 선발하였다(표 2-2-2). 선발된 백다다기 계통 중 ZY737는 과실 특성이 재배품종과 가장 근접하였으며, 가시오이 저항성 계통은 중국 품종의 과실과 동일한 특성을 보였다(그림 2-2-3). 이들 2계통을 노균병/흰가루병 복합저항성 계통들과 교배하여 F₁을 육성하였으며 향후 복합저항성 계통 육성에 활용하고자 한다.
- ZY707과 백다다기오이(다수성, 흰가루병저항성, 노균병 저항성) 6계통, ZY707과 다수확 취청오이 3계통, ZY748과 다수확 가시오이 3계통의 분리모집단을 육성하였다.



그림 2-2-3. ZYMV 저항성 오이 계통의 미숙과실 모습

표 2-2-3. 오이 계통의 ZYMV 저항성 검정 및 선발

품종군	BN	세대	성발현 ^z	노균병 저항성 ^y	흰가루병 저항성 ^y	저항성지수 ^x 1차검정	저항성 지수 ^x 2차검정	비고
기타	ZY701	INBRED	MO	3	3	5.0	5.0	Marketmore76 이병성check
기타	ZY702	INBRED	MO	5	2	1.0	1.0	Marketmore88 저항성check
백다다기	ZY706	F7	GY	5	2	1.4	1.0	선발
백다다기	ZY707	F6	MO	7	3	1.0	1.0	선발
백다다기	ZY708	F8	GY	3	3	4.9	4.8	
백다다기	ZY709	F5	MO	6	5	4.6	5.0	
백다다기	ZY710	F5	PF	7	5	4.2	4.8	
백다다기	ZY711	F6	MO	8	7	4.2	4.0	
백다다기	ZY712	F6	F	8	7	3.7	3.9	
백다다기	ZY713	F7	MO	5	5	3.5	4.5	
백다다기	ZY714	F7	MO	5	5	3.7	4.8	
백다다기	ZY715	F5	F	8	5	-	-	
백다다기	ZY716	F6	MO	3	5	3.4	5.0	
백다다기	ZY717	F7	MO	4	2	3.9	4.4	
백다다기	ZY718	F7	MO	5	2	4.1	3.8	
백다다기	ZY719	F7	MO	4	2	3.8	3.5	
백다다기	ZY720	F8	MO	5	3	3.8	3.7	
백다다기	ZY721	F8	MO	5	3	3.2	4.2	
백다다기	ZY722	F8	MO	5	3	4.2	4.4	
백다다기	ZY723	F8	MO	5	3	4.6	4.5	
백다다기	ZY724	F8	MO	5	3	5.0	4.4	
백다다기	ZY725	F8	MO	5	3	4.6	4.3	
백다다기	ZY726	F6	MO	3	3	4.5	3.3	
백다다기	ZY727	F7	MO	5	3	3.8	4.2	
백다다기	ZY728	F8	GY	5	5	4.6	4.1	
백다다기	ZY729	F8	GY	5	5	4.8	3.8	
백다다기	ZY730	F5	GY	5	5	4.2	3.4	

표 2-2-3. 계속

품종군	BN	세대	성발현 ^z	노균병 저항성 ^y	흰가루병 저항성 ^y	저항성지수 ^x 1차검정	저항성 지수 ^x 2차검정	비고
백다다기	ZY731	F6	MO	5	5	4.4	3.8	
백다다기	ZY732	F5	MO	5	5	4.8	4.5	
백다다기	ZY733	F5	MO	4	2	4.6	2.1	
백다다기	ZY734	F5	MO	4	2	4.3	2.8	
백다다기	ZY735	F5	GY	4	2	4.3	2.8	
백다다기	ZY736	F6	MO	4	2	1.0	1.0	선발
백다다기	ZY737	F6	PF	4	2	1.0	1.0	선발
백다다기	ZY738	F6	MO	4	2	1.0	1.0	선발
백다다기	ZY739	F6	MO	4	2	1.0	1.0	선발
백다다기	ZY740	F5	MO	6	2	1.2	1.0	선발
백다다기	ZY741	INBRED	GY	6	5	4.6	4.8	
백다다기	ZY742	INBRED	MO	3	3	4.7	4.3	
백다다기	ZY743	INBRED	GY	6	5	4.7	4.1	
백다다기	ZY744	INBRED	GY	6	5	4.8	4.2	
백다다기	ZY745	INBRED	GY	6	5	4.9	5.0	
백다다기	ZY746	INBRED	MO	3	3	4.6	4.2	
백다다기	ZY747	INBRED	GY	3	3	4.6	4.6	
가시오이	ZY748	INBRED	MO	7	6	1.0	1.2	선발
가시오이	ZY749	INBRED	MO	7	7	2.0	1.4	
가시오이	ZY750	INBRED	MO	4	4	4.9	3.9	
가시오이	ZY751	INBRED	GY	2	2	3.8	3.5	
가시오이	ZY752	INBRED	MO	4	5	5.0	3.7	
가시오이	ZY753	INBRED	MO	4	5	5.0	4.0	
취청오이	ZY754	INBRED	MO	4	3	5.0	3.6	
취청오이	ZY755	INBRED	MO	3	3	5.0	4.1	
취청오이	ZY756	INBRED	MO	3	3	5.0	-	

^zGY: gynoeious, PF: pre-dominantly female, MO: monoecious

^y3: 이병성 ~ 7: 저항성, ^x1: 저항성 ~ 5: 이병성

제 3절 오이 쓴맛 유전분석 및 *Bi* 유전자 기반 SNP 마커의 개발(제1세부)

1. 연구의 배경

- 대부분의 오이속 식물종들은 cucurbitacin에 의한 쓴맛을 가지고 있으며, cucurbitacin은 이차대사산물인 triterpenoid 그룹에 속한다. Cucurbitacins은 곤충과 다른 초식동물에 대한 식물 방어기작에 관여한다.
- 높은 cucurbitacin 함량을 갖는 오이는 쓴맛으로 인해 소비자가 선호하지 않는다. 현재 재배되고 있는 오이는 대부분 쓴맛이 없기 때문에 중요한 유전적 다양성을 보유한 재배종이나 야생 오이를 육종 프로그램에 이용하기 위해서는 쓴맛이 없는 오이를 선발하는 것이 필요하다.
- 쓴맛이 없는 식물체의 선발은 cucurbitacin 함량에 미치는 비생물적 스트레스의 영향과 패널테스트에 의한 쓴맛 평가의 불일치로 인해 어렵다. 따라서 패널검사나 다른 분석 방법보다는 DNA 마커를 사용하는 것이 정확하다. 분자마커는 재배 방법, 환경 조건 또는 성장 단계에 영향을 받지 않으므로, 쓴 맛이 오이 재료에 존재하는지 여부를 결정하는 데 적합하다.
- 오이 식물체의 쓴맛은 유전자형에 따라 결정되며 환경요인의 영향을 받는다(Kano and Goto, 2003; Zhang et al., 2013). 일부 오이 품종은 환경 조건에 영향을 받지 않는 쓴맛이 없는 잎과 열매를 가지고 있다. 예를 들어, 미국의 재배품종인 'Long Green'의 잎의 non-bitterness는 *Bi* locus의 하나의 열성 대립 유전자 *bi*에 의해 제어된다(Andeweg and DeBruyn, 1959). *bi* 대립 유전자를 지닌 오이 식물체는 환경 조건에 관계없이 쓴맛이 없는 잎과 열매를 나타낸다.
- 우성 *Bi* 유전자는 Cucurbitacin 생합성에서 triterpenoid 탄소 골격의 형성을 촉매하는 oxidosqualene cyclase를 코딩한다(Phillips et al., 2006).
- *Bi* 유전자 (Csa6G088690)는 오이 염색체 6에 맵핑되었다 (Huang et al., 2009; Shang et al., 2014). 오이 *Bi* 유전자는 2,358 bp의 판독 영역을 가지며, 785 아미노산의 단백질을 코딩한다. 계통발생학적으로 *Bi*는 폐포호박 (*Cucurbita pepo*)의 cucurbitadienol synthase 유전자 CPQ의 서열이다(Shibuya et al., 2004; Huang et al., 2009).

- 이전의 연구들은 오이의 쓴맛과 관련된 다른 유전자들을 밝혀냈다. 2 개의 기본적인 helix-loop-helix (bHLH) 전사인자인 *BI*과 *Bt*는 *Bi* 유전자의 발현을 조절한다. *BI* 유전자(*Csa5G156220*)는 과일에서 cucurbitacin 생합성을 조절하는 반면 (Biolabs et al., 2013; Shang et al., 2014), *Bt* 유전자는 오이 잎에서 cucurbitacin 생합성을 조절한다(Qi et al., 2013; Shang et al., 2014). 비생물적 스트레스는 *BI* 및/또는 *Bt* 유전자의 발현을 조절함으로써 cucurbitacin 생합성에 영향을 미친다(Shang et al., 2014).
- 오이의 쓴맛과 관련된 몇 가지 마커가 이전에 확인되었다. *Bt* 유전자좌로부터 0.8 cM 떨어져있는 오이 염색체 5에 매핑되는 InDel 마커인 Bt-InDel-1은 오이 열매의 쓴맛과 밀접하게 관련되어있다(Zhang et al., 2011).
- *Bi* 유전자가 알려져 있지만 (Huang et al., 2009), 오이의 쓴맛을 예측하는 분자마커에 대한 보고는 드물다. AFLP 마커인 TG/GCT_ (150)는 *Bi* 유전자좌로부터 6.43cM에 위치하는 것으로 확인되었다 (Gu 등, 2006; Chi et al., 2007). 나중에 *Bi* 유전자는 6 번 염색체에 매핑되었고 유전적 거리가 각각 1.7 및 2.2 cM인 두 개의 SSR 마커인 SSR02309와 SSR00004가 동정되었고 이는 35Kb의 물리적 거리에 해당한다. (Li et al. 2010; Huang et al., 2009).
- 그러나, *Bi* 유전자 자체의 서열에 기초한 분자 표지자는 지금까지 개발되지 않았다. 최근에, genome-wide association study는 단백질의 구조적 변화를 유도하는 유전자의 암호화 영역에서의 nonsynonymous 돌연변이 (G1178A)를 밝혀냈다 (시스테인을 티로신으로 전환시킴, C393Y). 이러한 구조 변화는 cucurbitadienol synthase의 촉매 활성을 저해하고 쓴맛의 변화를 일으킨다(Shang et al., 2014).
- 본 연구에서는 오이 양친 계통 'SJ6101'과 'SJ6109'의 *Bi* 유전자의 직접 염기서열 분석을 통해 다형성 SNP가 확인되었다. 이 SNP는 유전자 기반 high-resolution melting (HRM) 및 Kompetitive Allele-Specific PCR (KASP) 마커를 개발하는 데 사용되었다.

2. 식물체 재료 및 실험방법

가. 식물체 재료

- 쓴맛이 있고('SJ6101') 없는('SJ6109') 한국 오이 양친 계통을 교배하여 F₁ 잡종을 생산하였고, F₁ 식물체를 자가수정하여 197 개체로 구성된 F₂ 집단을 육성하였다.

나. 오이 쓴맛의 표현형 분석

- 양친 계통과 함께 6개의 F₁ 식물체와 197 개의 F₂ 식물체의 잎을 씹어서 쓴 맛을 평가하였다.

다. DNA 추출

- Genotyping을 위해 Doyle and Doyle (1987)의 modified cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) 방법을 사용하여 어린 오이 잎에서 게놈 DNA를 분리 하였다. 잎 조직을 액체 질소를 사용하여 미세 분말로 분쇄 한 다음 2% CTAB, 20mM EDTA (pH 8.0), 100mM Tris-HCl (pH 8.0), 1.4M NaCl, 0.1% 2-mercapthoethanol, 2% polyvinylpyrrolidone을 함유하는 DNA 추출 완충액으로 65 °C에서 60 분간 처리하였다.
- 단백질을 chloroform:isoamyl alcohol로 제거하고 isopropanol을 사용하여 게놈 DNA를 침전시키고 70% 에탄올로 세척하였다. 정제된 게놈 DNA를 TE 완충액 (pH 8.0)에 용해시키고 샘플을 37 °C에서 1 시간 동안 DNase-free RNase A로 처리하고 genotyping에 사용했다. NanoDrop 2000 분광 광도계 (Thermo Scientific, Waltham, MA, USA)를 사용하여 게놈 DNA의 품질과 양을 분석하고 0.8 % agarose gel에서 전기영동을 수행 하였다.

라. HRM에 기반한 *Bt-InDel-1* Marker 개발과 Genotyping

- *Bt-InDel-1* 마커 (Zhang et al., 2011)의 직접 시퀀싱을 수행하여 한국 오이 육종계통의 서열 변화를 조사 하였다. 오이 F₂ 집단의 유전자형 분석은 *Bt-InDel-1* 마커를 이용하여 다음 PCR 조건에서 수행 하였다 : 94°C에서 4 분, 94°C 30초에서 34 사이클, 58°C에서 30 초, 72°C에서 30 초, 72°C에서 5분 동안 final extension. 전기영동은 25V에서 2% agarose gel을 사용하여 수행되었다.
- *Bt-InDel-1* 마커는 F₂ 개체군의 유전자형 분석을 위해 HRM 마커 (*Bt-InDel-1* HRM)로 변환되었다. HRM 분석은 Rotor-Gene 6000 thermocycler (Corbett, Australia)에서 수행되었다. HRM PCR은 5.0nL의 10ng/μL 게놈 DNA, 2.0μL 10X PCR 완충액, 2.0μL 2.5mM dNTPs, 0.5μL 10mM *Bt-InDel-1*-F primer, 0.5μL 10 mM *Bt-InDel-1*-R 프라이머, 0.6μL 100μM Syto9, 0.3μL Taq 중합 효소 및 9.1μL 멸균 수를 포함하는 20-μL reaction volume에서 수행되었다.
- 사이클링 조건은 다음과 같았다 : 94°C에서 4 분, 94°C에서 30 초의 55 cycle, 58°C에서 30초, 72°C에서 30 초, 최종 연장 72 °C에서 10 분. HRM은 60°C와 90°C 사이에서 0.1°C 단계 씩 증가시켜 진행시켰다.

마. *Bi* 유전자 클로닝과 염기서열 분석

- MG Total RNA 추출 키트 (Doctor Protein, Seoul, Korea)를 사용하여 제조사의 지침에 따라 어린 오이 잎 조직을 사용하여 전체 RNA를 추출 하였다. Moloney murine leukemia virus reverse transcriptase (MMLV RT) (Promega, Madison, Wisconsin, USA) 및 oligo (dT) primer를 사용하여 총 RNA 2 μ g을 사용하여 cDNA를 합성했다.
- 유전자 특이적 프라이머를 디자인하기 위해, *Bi* 유전자의 mRNA 서열을 NCBI GenBank 데이터베이스 (Csa6G088690 및 LOC101204533)로부터 획득 하였다. 프라이머는 OligoAnalyzer Tool, Integrated DNA Technologies (<https://www.idtdna.com/calc/analyzer>)를 사용하여 디자인되었다.
- *Bi* 유전자는 직접 시퀀싱을 위해 유전자 특이적 프라이머 (CsOsc-ATG-F : 5'-ATGTGGAGATTA AAAAGTGGGAAAAGAGA-3' 및 CsOsc-TAA-R : 5'-TTATTCAGTCAA AACTCGATGGATAT-3')를 사용하여 쓴맛이 있는 친과 쓴맛이 없는 친으로부터 분리 하였다.
- *Bi* 유전자의 5' 비 번역 영역 (UTR)을 다음의 프라이머를 사용하여 PCR 증폭시켰다 : CsOsc-5UT-F 5'-TCAAGATAAAACCCCTAGTTAGTGGCAGAT-3' 및 CsOsc-5UT-R 5'-ACTCTCTTTTCCC ACTTTTAATCTCCACAT-3'.
- PCR amplicons를 겔에서 elution 하여 제조 업체의 지침에 따라 TOPO 복제 키트 (Qiagen, Valencia, CA, 미국)를 사용하여 클로닝하였다. TOPO로 클로닝된 cDNA 서열은 서울대학교의 NICEM에서 시퀀싱되었다. SeqMan 도구 (DNASTAR, Inc., Madison, WI, USA)를 사용하여 서열 정렬 및 SNP 검출을 수행 하였다.

바. 유전자 기반 마커의 개발과 genotyping

- 쓴 오이와 쓰지 않은 오이 계통의 *Bi* 유전자 서열은 코딩 영역에서 단일 점돌연변이 (G1178A)에 의해서만 차이가 났으며, 이는 Shang 등(2014)의 보고와 일치하였다. HRM 분석에 의한 유전자형 분석을 위해, *Bi* 유전자좌 내에서 동정 된 SNP에 기초하여 프라이머를 설계 하였다.
- HRM 유전자형 분석을 위해 Forward Primer, BiHRM1-F : 5'-AGGCAATGAAAATTGCAATGGAACA-3' , Reverse primer 인 BiHRM1-R : 5'-TGAATAAGGATCTTCAACCCAACAACA-3'을 사용하였다.

- 또한 효율적인 genotyping을 용이하게 하기 위해 HRP assay (BiHyb-HRM1)에 3 'blocking unlabeled probe (HybProbe), BiHRM1.C3-P : 5'-GAAAATAGTCGATATATATGTCTTGGTCCTGTAA-3'을 포함시켰다.
- Bi-KASP 표지는 LGC Genomics (KBD 분석, LGC)에서 맞춤 설계되었다. KASP 분석 프라이머믹스는 공통 프라이머 (5'-GGGAAAAGGCAATGAAAATTGCAATGGAA-3 ') 및 FAM-표지 (5'-ATTAAGTACTTTATTAACAGGACCAAGAC-3') 및 HEX-표지 (5'-CATATTAAGTACTTTATTAACAGGACCAAGAT-3 ') 프라이머로 구성되어 쓴 맛과 비쓴맛 대립 유전자의 차별적인 증폭을 가능하게 했다.
- HRM PCR은 2.0 μ L의 10ng/ μ L 게놈 DNA, 2.5 μ L 10X PCR 완충액, 15.7 μ L 멸균 수, 2.0 μ L 2.5mM dNTPs, 1.0 μ L 10mM BiHRM1-F primer, 1.0 μ L 10 mM BiHRM1-R 프라이머, 0.5 μ L 100 μ M Syto9 및 0.3 μ L Taq 중합효소로 구성된 25 μ L 반응용액에서 수행하였다. 사이클링 조건은 94 $^{\circ}$ C에서 4 분, 94 $^{\circ}$ C에서 15 초간 55 사이클, 58 $^{\circ}$ C에서 15 초간, 72 $^{\circ}$ C에서 15 초간, 72 $^{\circ}$ C에서 10 분간 최종 연장 하였다.
- HRM은 60 $^{\circ}$ C와 90 $^{\circ}$ C 사이에서 단계마다 0.1 $^{\circ}$ C씩 증가되었다. BiHyb-HRM1 분석은 1.0 μ L 10 mM BiHRM1 probe (BiHRM1.C3-P)와 0.25 μ L 10 mM BiHRM1-F 프라이머를 반응 혼합물에 첨가하는 것을 제외하고는 BiHRM1 분석과 유사하게 수행 하였다. Bi-KASP 마커 PCR 반응은 5.0 μ L 10 ng/ μ L 게놈 DNA, 5 μ L 2 \times KASP 반응 혼합물 (LGC Genomics, Hoddesdon, UK), 0.14 μ L KASP 분석 프라이머 혼합 물 및 0.06 μ L 25 mM MgCl₂로 구성되었다.
- KASP 반응은 다음과 같은 열 순환 프로그램을 사용하여 수행되었다 : 94 $^{\circ}$ C에서 15 분간, 94 $^{\circ}$ C에서 20 초간 touch down PCR 10 사이클, 60 $^{\circ}$ C (각 사이클에서 0.6 $^{\circ}$ C 씩 감소됨) 60초, 26 사이클의 94 $^{\circ}$ C에서 20 초, 55 $^{\circ}$ C에서 60 초, 37 $^{\circ}$ C에서 60 초, 37 $^{\circ}$ C에서 1 초 동안 플레이트 판독. 별개의 genotyping cluster를 얻기 위해, 94 $^{\circ}$ C에서 20 초, 57 $^{\circ}$ C에서 1 분의 3 cycle을 포함한 추가적인 열 순환이 마지막에 수행되었다.
- 최종 유전자형 분석은 LightCycler 480 Real-Time PCR System (Roche, Germany) 을 사용하여 대립 유전자 특이적 형광검출을 통해 수행되었다. Genotype은 LightCycler 480 소프트웨어 (버전 1.5.)를 사용하여 자동으로 호출되어 시각적으로 검사되었다.

3. 쓴맛의 유전분석 결과

○ 오이 계통 'SJ6101'의 잎은 쓴 반면, 오이 계통 'SJ6109'의 잎은 쓰지 않았다. 모든 F₁ 식물은 쓴맛이 있었다. 197 개의 F₂ 개체에 대한 표현형 분석 결과 150 개체는 쓴맛이 있었고 47 개체는 쓴맛이 없어 한 개의 우성 유전자 유전에 부합하는 3:1 비율 ($\chi^2=0.14$, P-value = 0.71)에 부합하였으며(표 2-3-1), 이는 이전 보고(Shang et al., 2014)와 일치했다.

표 2-3-1. 오이 F₂ 집단에서 쓴맛 표현형과 유전자형의 cosegregation.

Population	Total	Phenotype		Expected ratio	χ^2	P-value	Genotype			Expected ratio	χ^2	P-value
		Bitter	Non-bitter				BiBi	Bibi	bibi			
'SJ6101'	6	6					6					
'SJ6109'	6		6						6			
F ₁	6	6		1:0				6		0:1:0		
F ₂	197	150	47	3:1	0.14	0.71	47	103	47	1:2:1	0.41	0.81

4. Bt-InDel-1 Marker의 염기서열 분석과 genotyping

○ 오이의 쓴맛에 대한 표현형 평가는 주로 오이 조직에 대한 식미 평가를 통해 평가되는데, 이는 사람에 따라 쓴맛에 대한 민감도에 차이가 있어 부정확하고 많은 노력이 소모된다. 더욱이, 쓴맛이 없는 오이 과실에 대한 선발은 오이 식물체가 착과 단계에 도달 할 때까지 가능하지 않다 (Andeweg and Bruyn, 1959).

○ 쓴맛 연관 DNA 마커는 오이 육종프로그램에 사용되어 왔다(Zhang et al., 2011; Zhang et al., 2013). 본 연구에서는 Bt 유전자좌(Zhang et al., 2011)와 밀접하게 연결된 Bt-InDel-1 마커의 직접 염기서열분석을 수행했다.

○ 직접 시퀀싱은 쓴맛이 없는 오이 계통('SJ6109')에서 7-bp 결실을 나타냈다(그림 2-3-1A). PCR 기반 agarose gel 전기영동을 이용한 Bt-InDel-1 마커로 genotyping을 수행 한 결과, 양친 간에 명확한 다형성이 밝혀지지 않았다(그림 3-3-1B). 따라서 Bt-InDel-1 마커를 HRM 마커로 전환하여 오이 F₂ 집단에 적용하였다(그림 2-3-1C, D).

○ 그러나 Bt-InDel-1 HRM 마커를 이용한 genotyping은 쓴맛과 쓴맛이 없는 오이 식물체에서 표현형과 유전자형간에 상관관계가 없음을 보여 주었다. 따라서 이 마커의 적용 또한 제한적이고 부정확하였다.

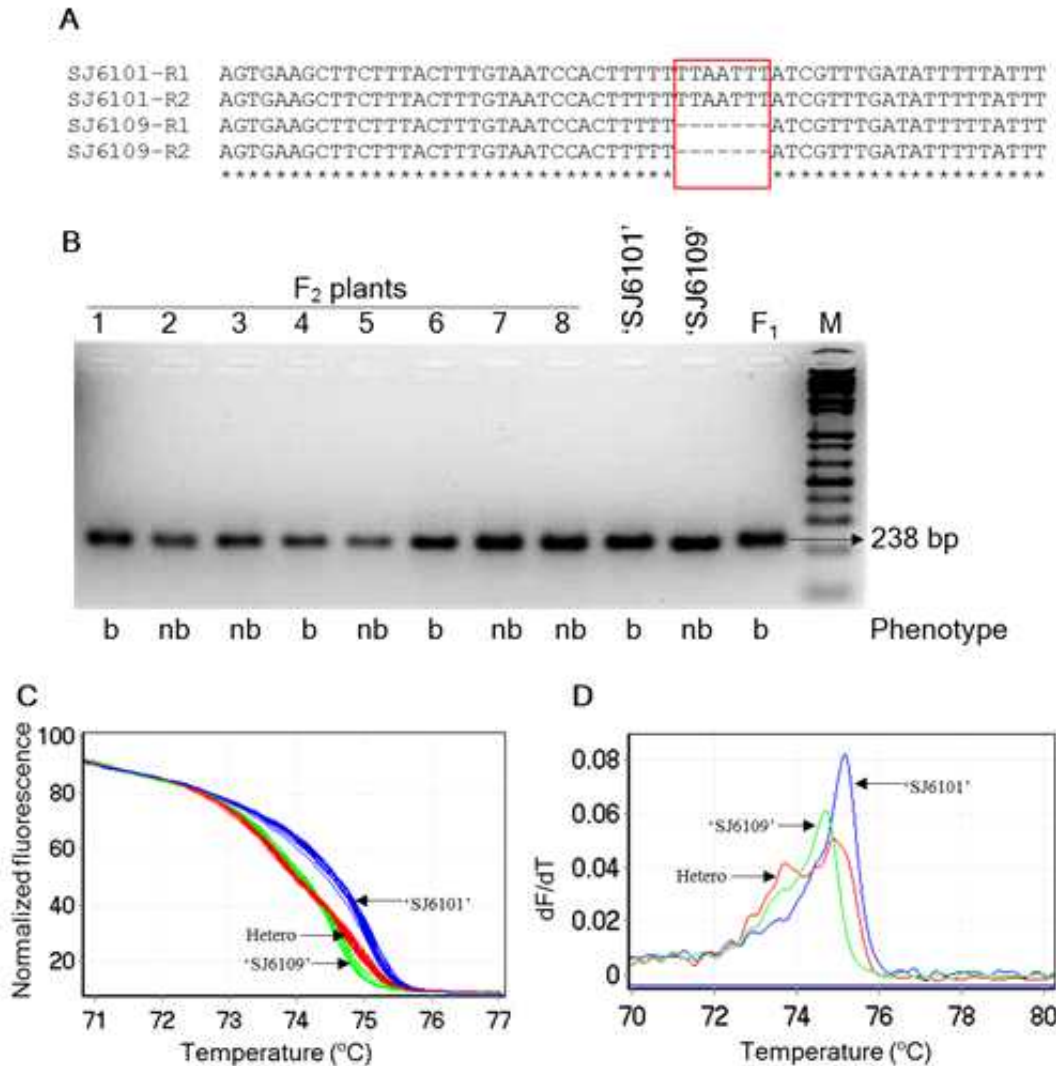


그림 2-3-1. 오이 F₂ 집단에 대한 *Bt*-InDel-1 marker의 적용. (A) *Bt*-InDel-1 marker의 Sequence alignment (B) Gel 기반 *Bt*-InDel-1 marker genotyping. (C) *Bt*-InDel-1 HRM marker의 HRM 곡선. (D) *Bt*-InDel-1 HRM marker의 derivative melting 곡선.

5. 유전자 기반 마커 개발

- *Bi* 유전자의 UTR의 약 1,000 bp 상류의 계통 서열을 포함하여 *Bi* 대립유전자의 유전 돌연변이에 대해 쓴맛 계통과 쓴맛이 없는 오이 계통을 스크리닝 하였다(그림 2-3-2A).
- 또한 유전자 특이적 프라이머를 이용하여 reverse transcriptase PCR (RT-PCR)을 수행하여 쓴맛과 쓴맛이 없는 계통 간에 *Bi* 유전자의 발현수준이 변화하는지를 시험 하였다. 결과는 쓴 계통과 쓰지 않은 오이 계통인 'SJ6101'과 'SJ6109'에서 각각 상시적인 발현 수준을 보였다(그림 2-3-2B).

- 서열 분석 결과, UTRs에는 서열 변화가 없었으며, 단일 뉴클레오타이드 서열 변이는 이들 오이 양친 계통으로부터 *Bi* 유전자의 일곱 번째 엑손에서 검출되었다(그림 2-3-2C).
- 따라서, 엑손7에서 검출된 단일 뉴클레오타이드 서열 변이 (그림 2-3-2C)는 한국 오이 육종계통에서 쓴맛과 *Bi* 유전자 간의 유전적 연관성을 결정하기 위해 SNP 유전자형 분석을 위한 유전자 기반 HRM 및 KASP 마커를 개발하는데 사용되었다.
- HRM 및 KASP 기반 마커는 다양한 식물 종에 대한 육종 프로그램뿐만 아니라 유전자의 다양성 분석 및 매핑에 광범위하게 사용된다 (Jeong et al., 2010; Distefano et al., 2012; Lee et al. , 2013; Neelam et al., 2013; Cardinal et al., 2014; Liu et al., 2016; Naruoka et al., 2016; Rasheed et al., 2016; Chhetri et al., 2017). 이 연구에서 개발된 BiHRM1 및 Bi-KASP 마커는 *Bi* 유전자의 엑손 7에서 각각 122 및 98 bp의 표적 영역을 증폭시켰다.

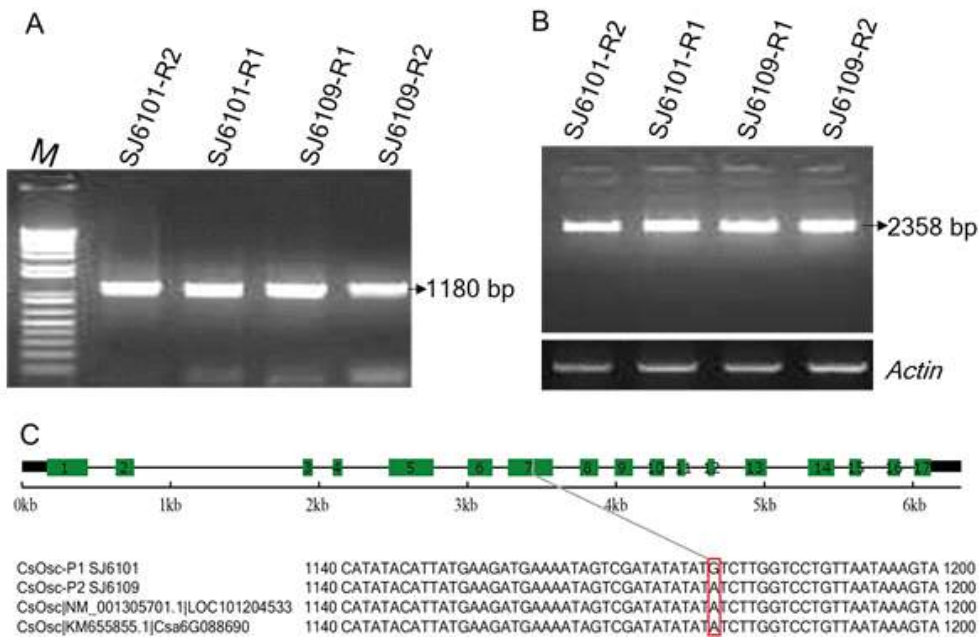


그림 2-3-2. *Bi* gene 의 동정. (A) *Bi* 유전자 UTRs 의 PCR 증폭 (B) *Bi* 유전자의 RT-PCR (C) *Bi* 유전자의 구조와 SNP-포함 cDNA 영역의 sequence alignment.

6. *Bi* 유전자 기반 HRM 마커의 평가

- BiHRM1 마커를 이용한 유전자형 분석은 homozygous (*BiBi* 또는 *bibi*) 및 heterozygous (*Bibi*) 오이 유전자형 (그림 3-3-3)에 대해 명확한 HRM 곡선 패턴을 나타냈다. 오이 F₂ 개체군의 유전자형 분석 결과 *BiBi*, *Bibi* 및 *bibi* 유전자형에 대한 예상 분리비는 1 : 2 : 1 ($\chi^2 = 0.41$, P value = 0.81)이었다 (표 2-3-1, 그림 2-3-1A 및 B).

- 197 개의 F₂ 식물 중 47개가 쓴맛이 없는 유전자형인 'SJ6109'에 해당하는 녹는 곡선을 보였으며 다른 47개는 쓴맛이 있는 유전자형 'SJ6101'과 유사한 녹는 곡선 패턴을 보였고, 103 개의 식물체는 이형 접합체 유전자형의 패턴을 보였다. BiHRM1 마커 genotypin의 더 개선된 해상도는 내부 온도 제어로서 3' blocked unlabeled probe를 사용함으로써 달성되었다(그림 2-3-3C 및 D).
- HRM 분석은 PCR 증폭물의 용융 곡선의 형태의 차이를 통해 서열 변화를 나타내었다. HRM 분석은 PCR 증폭물에서 SNP, 삽입 또는 결실 및 DNA 메틸화와 같은 유전적 변이를 분석하는 데 사용된다. 그러나 HRM 분석에서 일부 다른 유전자형의 용해 곡선은 종종 유사하다. 따라서 이러한 문제를 피하기 위해 HRM PCR 분석에서 내부 온도조절기 (HybProbe)를 사용했다. 내부 온도조절을 포함시킴으로써 상이한 결합강도를 가진 다른 대립 유전자 및 / 또는 대립유전자 조합에 결합함으로써 HRM 분석의 민감도를 현저히 증가시킬 수 있다(Seipp et al., 2007).
- BiHRM1 마커 (BiHyb-HRM1)의 HybProbe 기반 HRM 분석 결과 3 가지 유전자형인 *BiBi*, *Bibi* 및 *bibi* (그림 2-3-3C 및 D)에 해당하는 명확한 곡선을 나타내어 유전자형 분석효율이 향상되었으며, 이는 단일 우성 유전자에 의해 예측되는 1:2:1 분리비에 부합하였다.

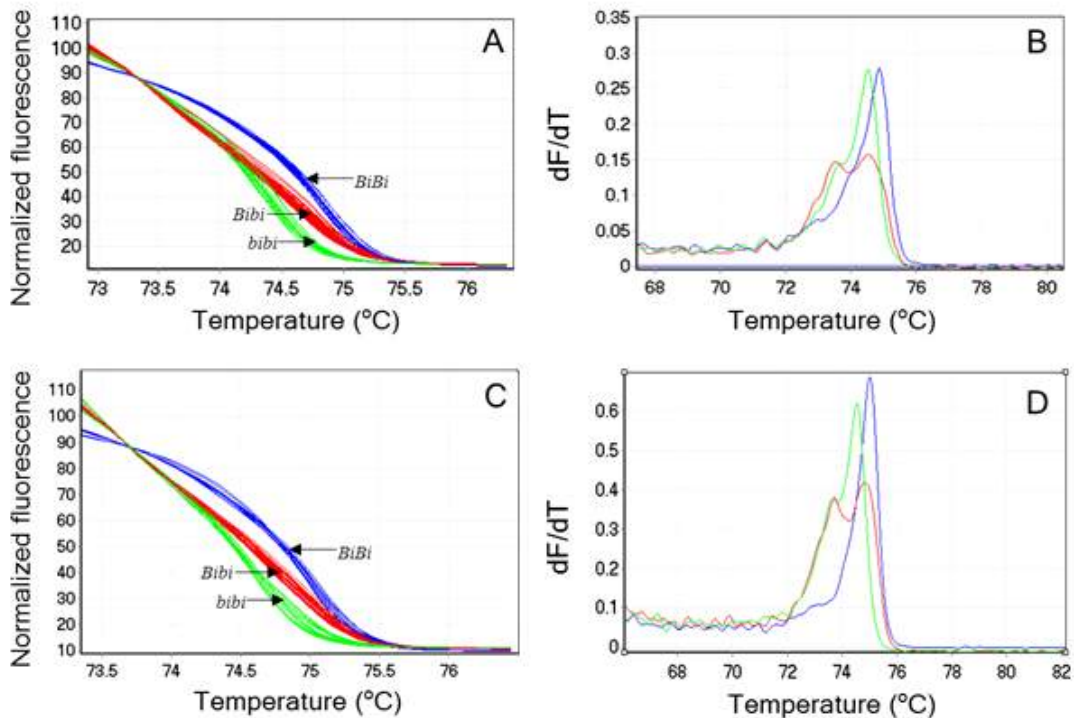
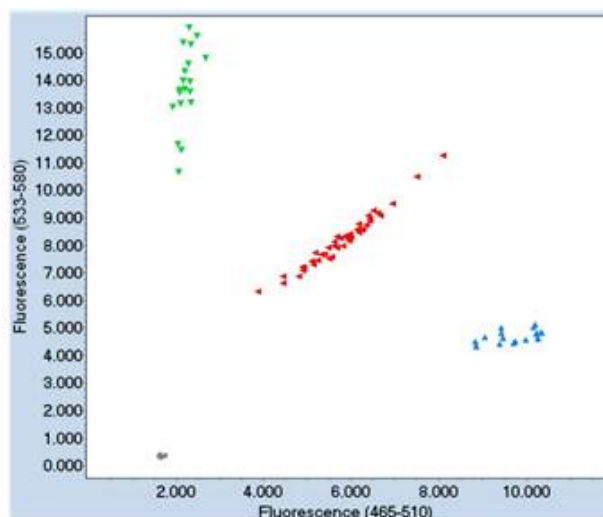


그림 2-3-3. 오이 F₂ 집단에 대한 BHRM1 분자마커의 적용.

- (A) BHRM1 marker의 normalized HRM curves. (B) BHRM1 marker의 derivative melting curves. (C) BiHyb-HRM1 marker의 normalized HRM curves. (D) BiHyb-HRM1 marker의 derivative melting curves.

7. *Bi* 유전자 기반 KASP 마커의 평가

- 오이의 쓴맛 형질에 대한 보다 강력한 유전자형 분석을 위해 *Bi* 유전자 내의 SNP를 대립유전자 특이적 KASP 마커로 전환하였다. 오이 F₂ 집단을 KASP 마커로 Genotyping하였을 때 *BiBi*, *Bibi* 및 *bibi* 유전자형 (그림 2-3-4)에 해당하는 3개의 별개의 유전자형 클러스터를 보였으며 이는 예상되는 1:2:1의 분리비와 일치하였다. 이러한 결과는 HRM 유전자형 결과와 일치하였다.
- 그러나 KASP 마커를 기반으로 한 유전자형 클러스터 분석은 HRM 마커 분석보다 훨씬 쉽고 직관적이었으며, HRM 분석의 경우 종종 빠른 분석을 용이하게 하는데 충분하지 않은 커브를 생성했다. 또한, Bi-KASP 마커의 프라이머는 SNP를 포함하는 표적 대립유전자 서열에 특이적으로 어닐링된다. 따라서, 다른 동족체 및/또는 다른 대립형질은 증폭 될 수 없다.
- Bi-KASP 및 BiHRM1 마커와 쓴맛 표현형간의 공동분리 상관성을 평가했다. 오이의 쓴맛은 항상 동형접합체 또는 이형접합체 유전형과 관련이 있었다. *Bt* 유전자와 (Zhang et al., 2011)와 밀접하게 관련되어 있는 *Bt*-InDel-1 마커를 이용한 유전자형 분류가 유전자형과 표현형간에 상관관계가 없고, *Bt*와 *Bi*이 연관되어 있다는 사실을 고려할 때(Shang et al., 2014), *Bt*와 *Bi*의 표현형 변이와의 연관 가능성을 배제했다.
- 본 연구에서 개발된 SNP 유래 HRM 및 KASP 마커가 쓴맛이 없는 오이 계통에 대한 유전자형 분석을 위한 빠르고 비용 효율적인 분석법을 제공한다는 것을 입증했다. Bi-KASP와 BiHyb-HRM1 마커를 사용하여 *Bi* alleles를 쉽고 정확하게 분석할 수 있었다. 이러한 마커는 쓴맛의 변이와 직접적으로 관련이 있는 SNP로 개발되었다. 또한, Bi-KASP 마커를 사용함으로써 더 향상된 분석이 가능함을 보여주었다.

그림 2-3-4. 오이 F₂ 집단의 71개체에 대한 *Bi*-KASP genotyping

8. KASP 마커를 이용한 육종계통의 쓴맛 유전자형 분석

- 개발된 KASP 마커를 이용하여 오이 육종계통 261점에 대한 유전자형 분석을 실시하였다. 마커 개발의 방법과 동일하게 DNA를 추출하여 개발된 Bi_KASP 마커를 적용하였다. 계통별로 쓴맛의 유전자형을 분류한 결과(그림 2-3-5) 257 계통이 *BiBi*, 2계통이 *Bibi*, 2계통이 *bibi*로 나타났다(표 2-3-2).
- 이 결과는 육종계통에 대한 식미 테스트와 상이한 결과로 대부분의 국내 오이 계통이 쓴맛 유전자형임을 알 수 있었다. 국내 오이 품종의 경우 재배적기에는 쓴맛이 발현하지 않다가 고온, 저온, 건조, 과도한 질소질 비료 시비 등에 의해 나타나고 있다. 따라서, 유전자형 분석을 통한 쓴맛 육종이 필요하며, 개발된 마커는 향후 품질육종에서 활용도가 매우 높을 것으로 판단되었다.

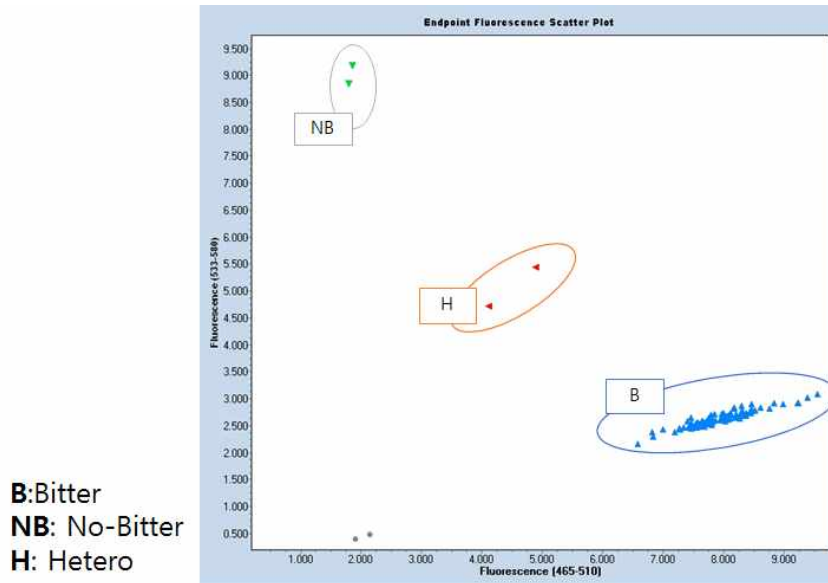


그림 2-3-5. Bi-KASP 마커를 이용한 오이 육종계통의 쓴맛 유전자형 분석

표 2-3-2. Bi-KASP 마커를 이용한 오이 육종계통의 쓴맛 유전자형 분석 결과

Genotype	The No. of plants	%
B	257	99%
NB	0	0%
H	2	0%
Negative	2	1%
total	261	100%

제 4 절 고온착과력이 우수한 내병성 오이 계통육성(제1세부)

1. 1차년도(2016년) 계통육성

가. 실험재료 및 방법

- 백다다기오이, 가시오이, 취청오이 계통육성을 위해 선행연구를 통해 육성한 육종계통에 대한 특성평가를 수행하였다(그림 2-4-1). 40구 육묘 트레이에 원예용 상토를 채운 후 파종하였으며, 파종 25일 후 실생묘를 정식하였다. 활착 후 식물체의 성발현(sex expression), 고온착과력(heat-set), 노균병 저항성 등 주요 형질에 대한 특성평가를 수행하였다.
- 식물체의 성발현은 식물체가 10마디 정도 성장하였을 때 암꽃 착생 여부를 기준으로 1차 평가하였으며 25마디 이상의 성숙 식물체 단계에서 2차 평가하였다.
 - 시험 계통 : 백다다기 오이 104, 가시오이 53, 취청오이 14계통
 - 시험 규모 : 5~20주
 - 재식거리 : 주간 35cm x 조간 80cm
 - 시험지역 : 세종대학교 안성 실험농장
 - 경종 개요 : <파종> 2016.7.10 <정식> 8.5 <특성평가> 8.15 ~ 11.15



그림 2-4-1. 오이 계통육성 비닐하우스 전경

- 노균병 저항성은 생육 전기에 걸쳐 조사하였으며 최종적으로 교배 후 종과수확을 완료하는 시점에서 최종 평가하였다. 저항성은 1(이병성) ~ 9(저항성) scale로 평가하였으며, 저항성 계통에서 주로 발생하는 엽조직의 괴사 현상은 0(없음) ~ 3(심함) scale로 평가하였다(그림 3-4-2).

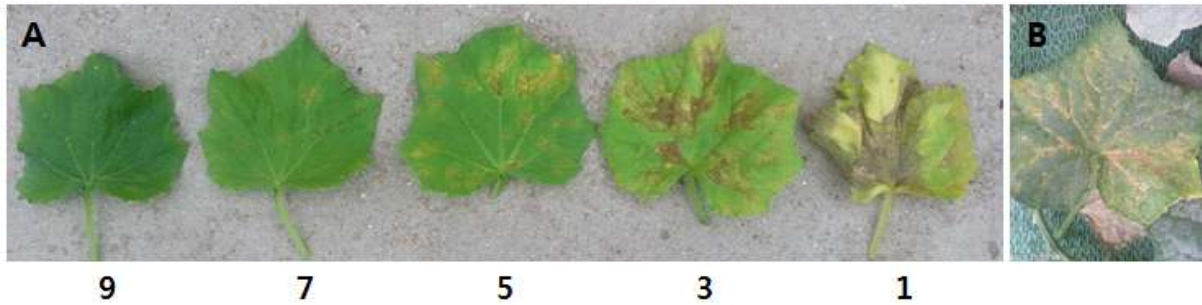


그림 2-4-2. 오이 노균병 저항성 판별 기준(9: 저항성 ~ 1: 이병성)(A), 오이 잎의 괴사(necrosis)현상(B)

- 고온착과력(heat set)은 자성(gynocious) 계통을 대상으로 암꽃의 연속착과와 비대를 기준으로 평가하였다. 고온기 오이 재배에서 가장 크게 문제되고 있는 것은 고온착과력으로 연속수확형 작물인 오이에서 연속착과와 비대에 결정적인 영향을 미친다.

나. 특성평가 및 계통 선발 결과

- 계통 특성평가 결과 고온착과력이 우수한 노균병 저항성 계통으로 백다다기 오이에서 BN62003 등 13계통, 가시오이에서 BN62113과 BN62155 2계통을 선발하였다(표 2-4-1).
- 선발된 백다다기 계통 중 BN62004는 엽의 괴사현상이 발생하여 교배조합 작성에서 제외하였다. 선발된 계통을 이용하여 83개 조합을 작성하였다.

표 2-4-1. 오이 육종계통의 주요 특성 조사

품종군	BN_2016	세대	성발현 ^z	고온착과력 ^y	노균병 저항성 ^x	엽 괴사 ^w
백다다기	62001	INBRED	GY	3	3	0
백다다기	62002	INBRED	GY	7	6	0
백다다기	62003	INBRED	GY	7	7	0
백다다기	62004	F13	GY	7	7	1
백다다기	62005	INBRED	GY	7	6	1
백다다기	62006	F14	GY	7	7	0
백다다기	62007	F12	GY	6	6	0
백다다기	62008	F4	MO	6	5	0
백다다기	62009	F4	GY/PF	6	5	0
백다다기	62010	F9	GY	3	7	0
백다다기	62011	F9	GY	3	7	1
백다다기	62012	F10	GY	3	7	0
백다다기	62013	F10	GY	3	7	0
백다다기	62014	INBRED	GY	3	7	0
백다다기	62015	F8	MO	-	7	0
백다다기	62016	F7	GY	5	7	0
백다다기	62017	F8	GY	5	7	0
백다다기	62018	F3	MO	-	7	0
백다다기	62019	F3	MO	-	7	0
백다다기	62020	F3	GY/PF	7	7	0
백다다기	62021	F3	MO	-	5	0
백다다기	62022	F3	GY/PF	7	6	0
백다다기	62023	F3	MO	-	6	0
백다다기	62024	F3	GY/PF	7	4	0
백다다기	62025	F3	MO	-	4	0
백다다기	62026	F3	MO/GY	-	3	0
백다다기	62027	F3	MO	-	3	0
백다다기	62028	F3	MO/GY	-	3	0
백다다기	62029	F3	MO	-	3	0
백다다기	62030	F3	MO	-	7	0
백다다기	62031	INBRED	GY	6	7	0
백다다기	62032	F4	MO	-	7	0
백다다기	62033	INBRED	MO	-	7	2
백다다기	62034	INBRED	MO	-	7	0
백다다기	62035	F3	MO	-	7	0
백다다기	62036	F3	MO	-	7	0
백다다기	62037	F8	MO	-	7	0
백다다기	62038	F7	MO	-	7	0
백다다기	62039	F3	GY/MO	5	7	0
백다다기	62040	F3	MO	-	7	0

표 2-4-1. 계속

품종군	BN_2016	세대	성발현 ^z	고온착과력 ^y	노균병 저항성 ^x	엽 괴사 ^w
백다다기	62041	F3	GY/MO	5	7	0
백다다기	62042	INBRED	MO	-	7	0
백다다기	62043	INBRED	MO	-	7	3
백다다기	62044	INBRED	GY	5	7	0
백다다기	62045	F3	MO	-	7	0
백다다기	62046	F3	MO	-	5	0
백다다기	62047	INBRED	MO	-	7	0
백다다기	62048	F12	GY	6	6	0
백다다기	62049	INBRED	GY	5	5	0
백다다기	62050	F4	MO	-	7	0
백다다기	62051	F4	MO	-	5	0
백다다기	62052	F13	MO	-	5	1
백다다기	62053	F12	MO	-	3	0
백다다기	62054	F12	MO	-	5	2
백다다기	62055	INBRED	GY	4	7	0
백다다기	62056	F4	GY/MO	4	5	0
백다다기	62057	F4	GY/MO	4	3	0
백다다기	62058	F4	GY/MO	4	5	0
백다다기	62059	F16	GY	7	3	1
백다다기	62060	F16	GY	4	7	1
백다다기	62061	F4	MO	-	6	0
백다다기	62062	F4	MO	-	7	0
백다다기	62063	F4	GY/MO	7	7	0
백다다기	62064	F4	GY/MO	7	5	0
백다다기	62065	F4	GY/MO	7	7	0
백다다기	62066	F4	GY/MO	7	7	0
백다다기	62067	F4	GY/MO	7	7	0
백다다기	62068	F4	GY/MO	7	7	0
백다다기	62069	F4	GY/PF	7	7	0
백다다기	62070	F4	MO	7	7	0
백다다기	62071	F13	GY/PF	8	7	0
백다다기	62072	INBRED	GY	5	7	0
백다다기	62073	INBRED	GY	5	7	0
백다다기	62074	INBRED	GY	5	7	0
백다다기	62075	INBRED	GY	5	7	0
백다다기	62076	INBRED	MO	-	7	0
백다다기	62077	INBRED	GY	4	7	0
백다다기	62078	F4	GY/MO	3	7	0
백다다기	62079	F4	MO	-	7	0
백다다기	62080	F4	GY/MO	3	4	0

표 2-4-1. 계속

품종군	BN_2016	세대	성발현 ^z	고온착과력 ^y	노균병 저항성 ^x	엽 괴사 ^w
백다다기	62081	F5	MO	-	3	0
백다다기	62082	INBRED	GY	7	4	0
백다다기	62083	F10	GY	7	2	0
백다다기	62084	INBRED	MO	-	5	0
백다다기	62085	INBRED	GY	8	5	0
백다다기	62086	F4	MO	-	3	0
백다다기	62087	F4	MO	-	7	0
백다다기	62088	F4	MO	-	7	0
백다다기	62089	F4	MO	-	7	0
백다다기	62090	F4	GY/PF	3	7	0
백다다기	62091	F4	GY/PF	3	7	1
백다다기	62092	F12	MO	-	7	2
백다다기	62093	F12	MO	-	7	2
백다다기	62094	F12	MO	-	7	0
백다다기	62095	F12	MO	-	7	0
백다다기	62096	F13	MO	-	7	0
백다다기	62097	INBRED	MO	-		0
백다다기	62098	INBRED	MO	-	7	0
백다다기	62099	F6	GY/PF	8	7	0
백다다기	62100	F6	MO	-	7	0
백다다기	62101	INBRED	GY	5	7	0
백다다기	62102	F11	GY/MO	6	7	0
백다다기	62103	INBRED	GY	6	7	0
백다다기	62104	F14	MO	-	7	0
가시오이	62105	INBRED	MO	-	7	0
가시오이	62106	INBRED	MO	-	7	0
가시오이	62107	F4	GY/MO	5	3	0
가시오이	62108	F4	GY/MO	5	5	0
가시오이	62109	F4	GY/MO	5	5	0
가시오이	62110	F4	GY/MO	5	3	0
가시오이	62111	F4	MO	-	7	1
가시오이	62112	F4	GY/MO	5	5	0
가시오이	62113	F4	GY	7	7	0
가시오이	62114	F4	GY/PF	7	7	0
가시오이	62115	F4	MO	-	4	0
가시오이	62116	F12	MO	-	4	0
가시오이	62117	F13	MO	-	5	1
가시오이	62118	F14	MO	-	7	0
가시오이	62119	F8	MO	-	6	0
가시오이	62120	F4	MO	-	7	0

표 2-4-1. 계속

품종군	BN_2016	세대	성발현 ^z	고온착과력 ^y	노균병 저항성 ^x	엽 괴사 ^w
가시오이	62121	F4	MO	-	5	0
가시오이	62122	F4	MO	-	7	0
가시오이	62123	F4	MO	-	5	0
가시오이	62124	F10	MO	-	5	0
가시오이	62125	F12	MO	-	4	0
가시오이	62126	INBRED	MO	-	5	0
가시오이	62127	F12	MO	-	5	0
가시오이	62128	F11	MO	-	5	1
가시오이	62129	F4	MO	-	7	0
가시오이	62130	F5	MO	-	7	0
가시오이	62131	F5	MO	-	7	0
가시오이	62132	F11	MO	-	7	0
가시오이	62133	F4	MO	-	7	0
가시오이	62134	F4	MO	-	7	0
가시오이	62135	F4	MO	-	5	0
가시오이	62136	F4	MO	-	5	0
가시오이	62137	F4	MO	-	7	0
가시오이	62138	F4	MO	-	7	0
가시오이	62139	F4	MO	-	7	0
가시오이	62140	F4	MO	-	3	0
가시오이	62141	F4	MO	-	4	0
가시오이	62142	F4	MO	-	5	0
가시오이	62143	F4	MO	-	2	0
가시오이	62144	F4	MO	-	2	0
가시오이	62145	F4	MO	-	4	0
가시오이	62146	F4	MO	-	3	1
가시오이	62147	F4	MO	-	7	1
가시오이	62148	F4	MO	-	7	0
가시오이	62149	F4	MO	-	5	0
가시오이	62150	F4	MO	-	7	0
가시오이	62151	INBRED	GY/PF	3	5	0
가시오이	62152	INBRED	GY	3	5	0
가시오이	62153	INBRED	MO	-	5	0
가시오이	62154	F11	GY	6	6	0
가시오이	62155	F11	GY	7	7	0
가시오이	62156	F8	MO	-	7	0
가시오이	62157	F6	MO	-	7	0
취청오이	62158	INBRED	MO	-	7	1
취청오이	62159	INBRED	MO	-	7	1
취청오이	62160	INBRED	MO	-	7	1

표 2-4-1. 계속

품종군	BN_2016	세대	성발현 ^z	고온착과력 ^y	노균병 저항성 ^x	엽 괴사 ^w
취청오이	62161	INBRED	MO	-	6	0
취청오이	62162	INBRED	MO	-	5	0
취청오이	62163	INBRED	MO	-	5	0
취청오이	62164	INBRED	MO	-	5	0
취청오이	62165	F12	MO	-	4	0
취청오이	62166	F12	MO	-	5	0
취청오이	62167	F11	MO	-	5	0
취청오이	62168	F12	MO	-	3	0
취청오이	62169	F10	MO	-	3	0
취청오이	62170	F11	MO	-	3	0
취청오이	62171	F12	MO	-	3	0

^zGY: gynoeious, PF: pre-dominantly female, MO: monoecious

^y3: 착과력 낮음 ~ 7: 착과력 높음 ^x3: 이병성 ~ 7: 저항성 ^w0: 없음 ~ 3: 심함

2. 2차년도(2017년) 계통육성

가. 실험재료 및 방법

- 백다다기오이, 가시오이, 취청오이 계통육성을 위해 선행연구를 통해 육성한 육종계통에 대한 특성평가를 수행하였다(그림 2-4-3).
- 40구 육묘 트레이에 원예용 상토를 채운 후 파종하였으며, 파종 25일 후 실생묘를 정식하였다. 활착 후 식물체의 성발현, 고온착과력, 노균병 저항성 등 주요 형질에 대한 특성평가를 수행하였다.
- 연속착과력은 자성(gynoecious) 계통에 대해 평가하였으며, 내병성은 저항성지수 7이상을 저항성 계통으로 선발하였다.
- 시험 계통 : 백다다기 오이 172, 가시오이 118, 취청오이 23계통
- 시험 규모 : 5~20주
- 재식거리 : 주간 35cm x 조간 80cm
- 시험지역 : 세종대학교 안성 실험농장
- 경종 개요 : <파종> 2017.7.20 <정식> 8.12 <특성평가> 8.30 ~ 11.8

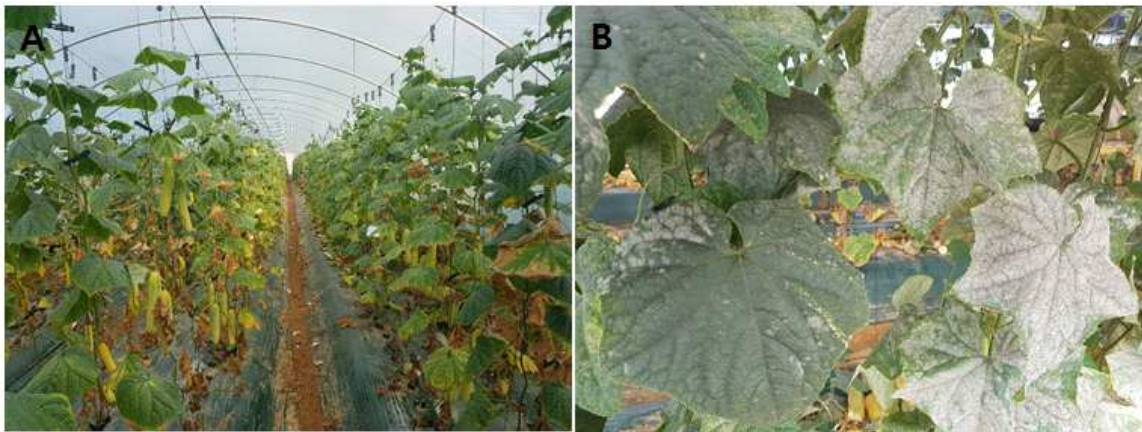


그림 2-4-3. 오이 계통 육성 포장 전경(A), 흰가루병 저항성과 이병성 식물체; 인접한 저항성과 이병성 식물체의 흰가루병 발병 차이가 뚜렷하게 나타나고 있음.

나. 특성평가 및 계통 선발 결과

- 주요 목표 형질인 연속착과력, 노균병저항성, 흰가루병저항성에 대한 특성평가 결과 백다다기오이에서는 10 계통(72036, 72037, 72038, 72039, 72044, 72144, 72145, 72147, 72148, 72149)이 선발되었으며, 가시오이에서는 5계통(72208, 72209, 72210, 72270, 72272)이 선발되었다(표 2-4-2).

- 백다다기오이의 경우 72110, 72112, 71144, 72145 계통에서 세균성 병반이 발견되어 조합친 작성에서 제외되었다. 세균성 병반의 원인균에 대한 조사가 필요할 것으로 보였으며, 최근 농가에서도 유사한 병해가 증가하고 있어 원인균에 대한 구명이 필요할 것으로 판단되었다.

품종군	육종 계통수	연속착과 선발 계통수	노균병+ 흰가루병 복합저항성 선발 계통수	연속착과+ 노균병저항성+ 흰가루병저항성 선발 계통수
백다다기	172	22	22	10
가시오이	118	3	5	0
합계	290	25	27	10

표 2-4-2. 오이 육종계통의 주요 특성

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
백다다기	72001	F1	GY	5		5	3	3	7
백다다기	72002	F1	GY	7	3	7	3	4	7
백다다기	72003	F1	GY	7	5	7	3	3	7
백다다기	72004	F1	GY	9	5	7	3	3	7
백다다기	72005	F1	GY	9	5	7	5	3	7
백다다기	72006	F1	GY	7	3	6	5	3	7
백다다기	72007	F11	GY	5	5	6	5	3	7
백다다기	72008	F11	GY	5	3	7	5	3	7
백다다기	72009	F5	GY PF	5	3	7	7	3	7
백다다기	72010	F5	GY PF	5	1	7	7	3	7
백다다기	72011	F5	GY	5	3	6	7	3	7
백다다기	72012	INBRED	GY	5	5	5	7	3	7
백다다기	72013	INBRED	GY	5	3	6	7	3	7
백다다기	72014	F5	MO GY	6	1	5~7	7	3	7
백다다기	72015	F14	GY	7	6	5	3	3	7
백다다기	72016	INBRED	GY	6	1	5	5	4	7
백다다기	72017	F12	GY	5	2	5	2	3	7
백다다기	72018	F14	GY	5	1	3	5	7	7
백다다기	72019	INBRED	GY	5	1	5	7	4	7
백다다기	72020	INBRED	GY	5	3	4	7	5	7
백다다기	72021	F7	MO	4	1	-	5	-	-
백다다기	72022	INBRED	GY	5	3	5	6	7	7
백다다기	72023	INBRED	GY	3	3	5	7	7	7
백다다기	72024	F15	GY	4	3	6	7	7	7
백다다기	72025	INBRED	GY	5	1	6	6	7	7
백다다기	72026	F16	GY	5	1	5	7	7	7
백다다기	72027	F14	GY	5	1	4	6	7	7
백다다기	72028	F5	GY	3~4	4	3~4	5	5	7
백다다기	72029	F11	GY	5	7	5	7	7	7
백다다기	72030	F11	GY	6	7	3	7	7	7
백다다기	72031	F12	GY	5	3	4	7	7	7
백다다기	72032	F11	GY	5	3	3	7	6	7
백다다기	72033	F14	GY	5	5	3	6	7	7
백다다기	72034	F18	GY	5	5	4	7	7	7
백다다기	72035	F5	GY	5	7	5~7	7	6	7
백다다기	72036	F5	GY MO	5	5	7	7	7	7
백다다기	72037	F5	GY MO	5	3	7	7	7	7
백다다기	72038	F5	GY	5	5	7	7	7	7
백다다기	72039	F5	GY	5	3	7	7	7	7
백다다기	72040	F14	GY	4	1	5	7	7	7

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
백다다기	72041	INBRED	GY	4	3	7	7	-	-
백다다기	72042	INBRED	GY	5	5	5	7	7	5
백다다기	72043	INBRED	GY	5	5	5	7	7	7
백다다기	72044	F5	GY	5	5	7	7	7	7
백다다기	72045	F5	GY	5	3	7	7	6	5
백다다기	72046	F9	GY	4	1	5	4	3	5
백다다기	72047	F5	GY	5	3	5~7	7	3	5
백다다기	72048	F5	GY	5	2	5~7	7	-	-
백다다기	72049	F5	GY	5	5	5	6	4	5
백다다기	72050	F5	GY	5	1	5	6	4	4
백다다기	72051	F5	GY	5	1	5	6	4	5
백다다기	72052	F5	GY	5	1	5	4	3	7
백다다기	72053	F5	GY	5	1	5	4	3	7
백다다기	72054	F5	GY	5	5	5	4	4	5
백다다기	72055	F5	GY	5	3	5~7	3	3	5
백다다기	72056	F5	GY	5	3	5~7	3	3	7
백다다기	72057	F5	GY	5	4	5~7	3	3	7
백다다기	72058	F5	GY	5	6	5~7	3	3	7
백다다기	72059	F5	GY PF	4	1	5	7	3	6
백다다기	72060	F7	GY	4	1	5~7	3	3	5
백다다기	72061	INBRED	MO	5	3	-	7	3	7
백다다기	72062	INBRED	MO	5	3	-	7	2	7
백다다기	72063	INBRED	MO	5	7	-	7	2	5
백다다기	72064	F13	MO	5	1	-	5	3	1
백다다기	72065	F14	MO	5	3	-	3	3	1
백다다기	72066	F5	GY	4	3	5~7	3	3	1
백다다기	72067	F7	MO	4	3	-	3	2	7
백다다기	72068	F7	MO	4	1	-	3	3	7
백다다기	72069	F5	GY	6	1	6	3	3	5
백다다기	72070	F5	GY	6	1	6	3	3	7
백다다기	72071	F5	GY	6	2	6	3	-	-
백다다기	72072	F5	PF	5	7	5	5	-	-
백다다기	72073	F5	PF GY	4	3	3~5	7	3	7
백다다기	72074	F5	GY	5	7	7	5	3	3
백다다기	72075	INBRED	PF	5	1	5	7	6	3
백다다기	72076	F5	GY	4	1	5~7	3	3	3
백다다기	72077	F5	GY	4	3	5~7	3	5	7
백다다기	72078	F5	GY	4	-	5~7	3	5	1
백다다기	72079	F5	GY	5	6	7	3	4	7
백다다기	72080	F17	MO	5	7	-	3	-	-

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
백다다기	72081	F18	MO	5	5	-	3	4	7
백다다기	72082	F13	MO	5	1	-	7	4	3
백다다기	72083	F13	MO	5	3	-	7	4	3
백다다기	72084	F13	MO	4	1	-	7	3	5
백다다기	72085	F13	MO	5	1	-	7	3	4
백다다기	72086	F14	MO	5	1	-	7	3	5
백다다기	72087	F9	MO	4	1	-	7	3	5
백다다기	72088	F9	MO	5	1	-	7	3	5
백다다기	72089	F5	GY	5	3	6	7	4	7
백다다기	72090	F5	GY	5	3	6	7	3	5
백다다기	72091	F5	MO GY	5	1	5	7	4	5
백다다기	72092	F5	MO GY	5	1	5	5	4	5
백다다기	72093	F5	GY	5	5	5	6	5	7
백다다기	72094	F5	GY	5	5	5	6	4	7
백다다기	72095	F5	GY PF	5	3	5~7	4	4	7
백다다기	72096	F5	GY PF	5	-	5~7	4	4	5
백다다기	72097	F5	GY PF	6	5	7	3	6	5
백다다기	72098	F5	GY PF	6	-	7	3	5	4
백다다기	72099	F5	GY PF	5	3	5~7	3	6	5
백다다기	72100	F5	GY PF	5	-	5~7	3	5	6
백다다기	72101	F5	GY PF	5	7	5~7	3	6	5
백다다기	72102	F5	GY PF	5	7	5~7	3	4	7
백다다기	72103	F5	GY MO	5	8	5~7	3	4	5
백다다기	72104	F5	GY MO	5	7	5~7	3	4	7
백다다기	72105	F5	MO GY	5	1	5~6	3	4	7
백다다기	72106	F5	MO GY	5	3	5~6	3	5	7
백다다기	72107	F5	GY	5	7	7	7	4	7
백다다기	72108	F5	GY	5	3	7	5	4	7
백다다기	72109	F8	MO	5	1	-	7	4	7
백다다기	72110	F5	GY	5	1	5	7	7	3
백다다기	72111	F5	GY	5	7	5	7	4	3
백다다기	72112	F5	GY	5	7	5	7	7	3
백다다기	72113	F5	GY	6	1	7	7	4	6
백다다기	72114	F5	GY	6	3	7	7	4	7
백다다기	72115	F5	GY	6	3	7	7	3	7
백다다기	72116	F5	GY	6	1	7	7	3	7
백다다기	72117	F5	PF	6	1	5	7	3	7
백다다기	72118	F5	PF	6	1	5	7	3	7
백다다기	72119	F5	GY MO	5	3	5~7	7	3	7
백다다기	72120	F5	GY MO	5	3	5~7	7	4	5

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
백다다기	72121	F7	MO GY	5	3	7	7	3	2
백다다기	72122	F7	MO GY	6	1	-	7	3	3
백다다기	72123	F7	MO	7	-	-	7	3	3
백다다기	72124	F13	GY	6	1	5	7	4	5
백다다기	72125	F13	GY MO	5	3	6	7	3	5
백다다기	72126	F13	GY MO	5	1	6	7	-	-
백다다기	72127	F13	MO	4	5	-	7	6	3
백다다기	72128	F5	GY MO	3	8	5	5	-	-
백다다기	72129	F5	MO	4	1	-	7	3	3
백다다기	72130	F5	MO	4	1	-	7	4	3
백다다기	72131	F13	MO	4	7	-	5	4	3
백다다기	72132	F13	MO	4	7	-	5	6	1
백다다기	72133	F7	GY MO	3	5	-	3	7	3
백다다기	72134	F7	MO	2	1	4	3	7	5
백다다기	72135	F5	GY	4	3	5	3	7	5
백다다기	72136	F5	GY	5	3	7	7	-	-
백다다기	72137	F5	GY	5	3	7	7	-	-
백다다기	72138	F5	GY	5	2	7	7	4	5
백다다기	72139	F5	GY	5	4	7	7	3	5
백다다기	72140	F5	GY	5	2	7	7	4	5
백다다기	72141	F5	GY	5	4	7	7	5	5
백다다기	72142	F5	GY	5	3	7	7	5	5
백다다기	72143	F5	GY	5	3	7	7	5	3
백다다기	72144	F4	MO GY	5	3	6~7	7	7	3
백다다기	72145	F4	MO GY	5	3	6~7	7	7	3
백다다기	72146	F4	MO GY	5	3	6~7	7	5	4
백다다기	72147	F4	MO GY	5	2	6~7	7	7	5
백다다기	72148	F4	MO GY	5	2	6~7	7	7	5
백다다기	72149	F4	MO GY	5	4	6~7	7	7	5
백다다기	72150	F3	GY	7	3	5~7	4	2	5
백다다기	72151	F3	GY MO	3~7	6	5~7	3	4	3
백다다기	72152	F3	GY MO	3~7	5	5~7	3	3	3
백다다기	72153	F3	MO GY	3~7	3	5	5	3	5
백다다기	72154	F3	MO GY	3~7	8	5	5	5	5
백다다기	72155	F3	GY MO	5~7	5	5	3	3	7
백다다기	72156	F3	GY MO	5~7	3	5	3	4	5
백다다기	72157	F3	GY	4~5	3	5	5	4	3
백다다기	72158	F3	GY	4~5	5	5	5	7	5
백다다기	72159	F3	GY MO	5~6	6	5	6	7	3
백다다기	72160	F3	GY MO	5~6	4	5	6	5	2

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
백다다기	72161	F3	GY MO	5~6	2	5	6	3	1
백다다기	72162	F3	GY MO	5~6	7	5	6	6	3
백다다기	72163	F3	GY MO	5~6	5	5	6	5	5
백다다기	72164	F3	MO	5~7	2	5	3	4	3
백다다기	72165	F3	MO	5~7	5	-	3	3	4
백다다기	72166	F3	MO	4~6	3	-	3	4	1
백다다기	72167	F3	MO	4~6	1	-	3	4	1
백다다기	72168	F3	MO	3~7	5	-	3	5	5
백다다기	72169	F3	MO	3~7	5	-	3	3	3
백다다기	72170	F1	MO	3		-	3	3	7
백다다기	72171	F1	MO	3		-	3	3	7
백다다기	72172	F1	MO	3		-	3	2	7
가시오이	72173	F1	GY	7	3	6	3	5	5
가시오이	72174	F1	MO	8	5	7	3	3	7
가시오이	72175	F2	MO	8	1	5	5	3	-
가시오이	72176	F2	MO	7	1	5	5	5	-
가시오이	72177	INBRED	GY	7	5	6	5	2	-
가시오이	72178	F6	GY	8	5	5~7	3	3	-
가시오이	72179	F6	GY	7	5	5	3	4	-
가시오이	72180	F6	GY	7	5	5	3	3	-
가시오이	72181	F6	MO GY	5	7	5~7	5	3	-
가시오이	72182	F6	MO GY	5	7	5~7	5	3	-
가시오이	72183	F8	GY	5	5	3	5	5	-
가시오이	72184	F6	GY	7	2	5	7	3	-
가시오이	72185	INBRED	MO	7	2	-	5	3	-
가시오이	72186	F14	MO	5	5	-	4	6	-
가시오이	72187	F14	MO	6	3	-	5	6	-
가시오이	72188	F15	MO	7	3	-	7	5	-
가시오이	72189	F9	MO	5	1	-	6	5	-
가시오이	72190	F9	MO	7	1	-	7	6	-
가시오이	72191	F6	MO	5	4	-	5	6	-
가시오이	72192	F6	MO	3	5	-	7	5	-
가시오이	72193	F6	MO	5	7	-	5	5	-
가시오이	72194	F6	MO	5	5	-	7	4	-
가시오이	72195	F6	MO	5	5	-	7	4	-
가시오이	72196	F6	MO	8	7	-	7	4	-
가시오이	72197	F6	MO	8	7	-	7	3	-
가시오이	72198	F6	MO	8	5	-	5	4	-
가시오이	72199	F6	MO	5	6	-	5	5	-
가시오이	72200	F6	MO	5	7	-	5	7	-

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
가시오이	72201	F6	GY	7	5	-	7	4	-
가시오이	72202	F6	GY MO	7	6	5	7	4	-
가시오이	72203	F6	GY MO	7	7	5	7	4	-
가시오이	72204	F6	GY MO	7	3	5	7	4	-
가시오이	72205	F6	GY MO	7	3	4	7	4	-
가시오이	72206	F6	GY MO	7	3	4	7	4	-
가시오이	72207	F6	MO	7	2	-	7	3	-
가시오이	72208	F6	MO	5	2	-	7	7	-
가시오이	72209	F6	MO	5	3	-	7	7	-
가시오이	72210	F6	MO	5	3	-	7	7	-
가시오이	72211	F6	MO	8	2	-	7	4	-
가시오이	72212	F6	MO	8	2	-	7	3	-
가시오이	72213	F5	MO	5	5	-	4	5	-
가시오이	72214	F5	MO	5	5	-	4	4	-
가시오이	72215	F5	MO	5	6	-	4	4	-
가시오이	72216	F5	MO	5	7	-	4	5	-
가시오이	72217	F6	MO	3	-	-	5	4	-
가시오이	72218	F6	MO	4	3	-	2	4	-
가시오이	72219	F6	MO	4	2	-	2	4	-
가시오이	72220	F6	MO	4	2	-	2	3	-
가시오이	72221	F6	MO	3	2	-	2	3	-
가시오이	72222	F6	MO	4	2	-	4	4	-
가시오이	72223	F6	MO	4	2	-	4	3	-
가시오이	72224	F6	MO	4	3	-	4	5	-
가시오이	72225	F6	MO	4	4	-	4	4	-
가시오이	72226	F6	MO	4	5	-	4	5	-
가시오이	72227	F6	MO	5	5	-	5	5	-
가시오이	72228	F6	MO	5	5	-	5	5	-
가시오이	72229	F6	MO	3	2	-	7	5	-
가시오이	72230	F6	MO	3	2	-	7	4	-
가시오이	72231	F6	GY	5	5	4	4	4	-
가시오이	72232	F6	GY	5	3	4	4	-	-
가시오이	72233	INBRED	MO	5	3	-	7	3	-
가시오이	72234	F6	MO	4	9	-	7	3	-
가시오이	72235	F6	MO	4	7	-	7	3	-
가시오이	72236	F6	MO	3	7	-	7	2	-
가시오이	72237	INBRED	MO	3	5	-	7	3	-
가시오이	72238	F4	MO	2~5	3	-	4	4	-
가시오이	72239	F4	MO	2~5	4	-	4	4	-
가시오이	72240	F4	MO	2~7	1	-	4	5	-

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 작과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균 병반 ^u
가시오이	72241	F4	MO	2~7	2	-	4	-	-
가시오이	72242	F4	MO	2~4	2	-	4	4	-
가시오이	72243	F5	MO	2~4	3	-	4	4	-
가시오이	72244	F11	MO	7	2	-	5	5	-
가시오이	72245	F13	MO	7	2	-	4	3	-
가시오이	72246	F13	MO	7		-	5	3	-
가시오이	72247	F12	MO	7	2	-	5	5	-
가시오이	72248	F11	GY MO	5	5	4	6	4	-
가시오이	72249	F12	GY	5	2	5	7	4	-
가시오이	72250	F4	GY	5	6	4	5	4	-
가시오이	72251	F4	GY MO	3~5	7	-	5	3	-
가시오이	72252	F4	GY MO	3~5	3	-	5	5	-
가시오이	72253	F4	MO GY	2~7	2	-	5	4	-
가시오이	72254	F4	MO GY	3~7	7	4	5	4	-
가시오이	72255	F4	MO GY	5	5	-	5	5	-
가시오이	72256	F4	MO	5	7	-	5	4	-
가시오이	72257	F4	MO	5	3	-	5	5	-
가시오이	72258	F4	MO	7	1	-	5	6	-
가시오이	72259	F4	MO	7	1	-	5	5	-
가시오이	72260	F4	MO	7	1	-	5	6	-
가시오이	72261	F4	MO	7	2	-	5	4	-
가시오이	72262	F4	MO	3~7	3	-	5	5	-
가시오이	72263	F12	MO	7	3	-	7	5	-
가시오이	72264	F8	MO	3~7	3	-	7	5	-
가시오이	72265	F8	MO	3~7	5	-	7	4	-
가시오이	72266	F8	MO	3~7	5	-	7	4	-
가시오이	72267	F8	MO	7	7	-	7	4	-
가시오이	72268	F8	MO	7	9	-	7	4	-
가시오이	72269	F6	MO	2	9	-	7	4	-
가시오이	72270	F6	MO	2	9	-	7	7	-
가시오이	72271	F6	MO	3	2	-	7	4	-
가시오이	72272	F9	MO	4	6	-	7	7	-
가시오이	72273	F3	MO	7	3	-	3	4	-
가시오이	72274	F3	GY MO	7	4	-	3	3	-
가시오이	72275	F3	GY MO	7	5	-	3	3	-
가시오이	72276	F3	GY MO	7	5	-	3	3	-
가시오이	72277	F3	GY MO	7	3	-	3	3	-
가시오이	72278	F3	GY MO	7	2	-	3	4	-
가시오이	72279	F3	GY MO	7	3	-	3	4	-
가시오이	72280	F3	MO	7	3	-	3	3	-

표 2-4-2. 계속

Group	BN_2017	세대	성발현 ^z	조숙성 ^y	측지 발생 ^x	연속 착과 ^w	노균병 저항성 ^v	흰가루병 저항성 ^v	세균병반 ^u
가시오이	72281	F3	MO	7	5	-	3	2	-
가시오이	72282	F3	MO	7	5	-	3	3	-
가시오이	72283	F3	MO	7	2	-	3	3	-
가시오이	72284	F3	MO	7	2	-	3	7	-
가시오이	72285	F3	MO	7	2	-	3	3	-
가시오이	72286	F3	MO	7	2	-	3	3	-
가시오이	72287	F3	MO	7	2	-	3	4	-
가시오이	72288	F3	MO	7	3	-	3	3	-
가시오이	72289	F3	MO	7	1	-	3	5	-
가시오이	72290	F3	MO	7	1	-	3	5	-
취청오이	72291	F1	MO	5	2	-	3	3	-
취청오이	72292	F1	MO	5	4	-	3	3	-
취청오이	72293	INBRED	MO	7	2	-	7	2	-
취청오이	72294	INBRED	MO	7	2	-	7	3	-
취청오이	72295	F10	MO	5	2	-	5	3	-
취청오이	72296	F11	MO	7	2	-	5	3	-
취청오이	72297	F11	MO	7	1	-	5	3	-
취청오이	72298	INBRED	MO	3	2	-	6	5	-
취청오이	72299	INBRED	MO	7	2	-	5	3	-
취청오이	72300	INBRED	MO	4	2	-	5	3	-
취청오이	72301	INBRED	MO	7	2	-	5	4	-
취청오이	72302	F13	MO	7	3	-	4	3	-
취청오이	72303	F13	MO	7	2	-	5	3	-
취청오이	72304	F12	MO	7	1	-	5	3	-
취청오이	72305	F13	MO	7	2	-	3	3	-
취청오이	72306	F11	MO	5	4	-	3	4	-
취청오이	72307	F12	MO	7	3	-	3	7	-
취청오이	72308	F13	MO	7	2	-	3	4	-
취청오이	72309	F5	MO	5	3	-	5	4	-
취청오이	72310	F6	GY	7	7	-	6	3	-
취청오이	72311	F6	GY	7	6	-	6	4	-
취청오이	72312	F5	GY	7	7	-	5	3	-
취청오이	72313	F3	MO	3	2	-	3	5	-

^zGY: gynocious, PF: pre-dominantly female, MO: monoecious

^y3:늦음 ~ 7:빠름 ^x3:적음 ~ 7:많음 ^w3:불량 ~ 7:우수 ^v3:이병성 ~ 7:저항성

^u3:많음 ~ 7:없음

제 5절 장내 조합성능검정을 통한 후보품종 선발(제1세부)

1. 1차년도(2016년) 장내 조합성능검정

가. 실험재료 및 방법

○ 선행연구에서 선발된 교배조합과 2016년도 상반기 시험에서 작성된 교배조합을 대상으로 장내 조합성능검정을 수행하였다. 백다다기오이 47조합과 취청오이 14조합을 공시하였으며 조합 당 5주 2반복 시험을 수행하였다. 40구 트레이에서 육묘한 실생묘를 정식하였다(그림 2-5-1).

- 시험조합 : 백다다기오이 47조합, 취청오이 14조합
- 시험 규모 : 조합당 5주 2반복
- 재식거리 : 주간 35cm x 조간 80cm
- 시험지역 : 세종대학교 안성 실험농장
- 경중 개요 : <과중> 2016.7.10 <정식> 8.5 <특성평가> 8.15 ~ 12.3



그림 2-5-1. 오이 장내 조합성능검정 전경

○ 착과력과 과형에 대한 달관조사와 함께 흑서기(8월 5일 ~ 20일)의 내열성, 과실의 쓴맛, 바이러스 감염률 등을 평가하였다. 또한 시험재배를 12월 초순까지 연장하여 식물체의 내저온성을 평가(11월 3일 ~ 12월 3일까지 3회)하였다.

- 내열성은 식물체가 20마디 정도 성장하였을 때 전체 재식주수에서 정단부가 고온 피해를 받은 식물체의 수를 기준으로 평가하였다. 고온기 시설재배 농가에서 정단부의 열 손상은 실질적인 피해를 주고 있다. 정단부가 열 손상을 받을 경우 연속수확이 어려워 수확량이 감소하고 측지발생이 증가하여 식물체 관리에 많은 노동력이 필요하게 된다.

나. 조합성능검정 결과 및 후보품종 선발

- 내열성 평가 결과 백다다기오이에서는 7조합(62532, 62533, 62534, 62548, 62552, 62, 62554), 취청오이에서는 3조합(62577, 62588, 62583)이 70% 이상 고온피해를 받지 않은 것으로 판단되었다. 이들 조합의 경우 착과력과 과형을 기준으로 선발되지는 않았으나 조합에 이용된 계통을 내열성 계통으로 이용할 수 있을 것으로 판단되었다.
- 고온건조한 기후로 예년에 비해 바이러스 발병이 극심하였다(그림 2-5-2). 실제로 오이 재배포장에서 전국적으로 바이러스 피해가 심하게 발생하였고 조기에 재배를 포기하는 농가의 사례가 다수 발생하였다.
- 시험포장의 병반염을 ELISA로 분석한 결과 ZYMV와 WMV의 복합감염이었다. 백다다기 오이의 경우 1조합(62501), 취청오이의 경우 4조합(62582, 62583, 62584, 62585)만이 바이러스에 감염되지 않았다(표 2-5-2).



그림 2-5-2. 오이 식물체의 바이러스 감염(A)과 바이러스에 의한 기형과(B)

- 과실의 쓴맛은 수확단계 과실의 과정부를 3명이 패널테스트를 실시하여 평가하였다. 평가 결과 대부분의 조합이 과실 쓴맛이 없는 것으로 나타났다.
- 총 17회의 수확시기에 착과력, 과형, 과색, 과장을 기준으로 달관조사를 하였으며 최종적으로 3조합(62512, 62518, 62521)을 선발하였다(그림 2-5-3, 표 2-5-1).
- 선발조합들은 대표적인 대비품종에 비해 절간장과 엽장이 긴 특성을 보였다. 조숙성은 대비종에 비해 다소 늦었다. 과장은 62512과 62518은 대비종에 비해 다소 짧았으며 62521은 긴 특성을 보였다. 과중은 대비종에 비해 모두 큰 특성을 보였다. 선발조합들은 대비종들에 비해 내열성이 비교적 강했으며 바이러스 감염율도 비교적 낮았다(표 2-5-2).



그림 2-5-3 . 백다다기 선발조합의 과형비교

표 2-5-1. 백다다기오이 선발조합의 주요 특성

BN	절간장(cm)	엽장(cm)	조숙성 ^z	과장(cm)	과중(g)
62512	13.7±0.6	22.3±1.2	6	23.1±0.6	190±15
62518	14.2±0.3	23.2±0.6	5	23.3±0.8	184±27
62521	14.3±0.3	22.0±0.8	5	23.8±0.6	175±11
대비종1	12.2±0.3	21.0±0.8	7	23.5±1.3	171±13

^z3: 늦음 ~ 7: 빠름

표 2-5-2. 오이 조합의 주요 특성

Group	BN_2016	측지발생 ^z	정단 생존수 ^y	과실 쓴맛 ^x	내저온성 ^w	Virus 감염율(%) ^v
백다다기	62501	1.5	4/10	0	4.7	0
백다다기	62502	1	6/10	0	3.7	63
백다다기	62503	2	1/10	0	4.5	63
백다다기	대비종1	6	2/10	2	3.7	63
백다다기	대비종2	6	0/10	0	4.5	50
백다다기	대비종3	4	0/10	0	3.2	50
백다다기	대비종4	6.5	0/10	0	3.3	88
백다다기	대비종5	7.5	3/10	0	3.8	38
백다다기	대비종6	9	4/10	0	3.3	67
백다다기	대비종7	2	3/10	0	3.0	50
백다다기	62511	2	4/10	0	3.7	50
백다다기	62512	2	6/10	1	3.7	38
백다다기	62513	2	3/10	0	3.2	25
백다다기	62514	3	1/10	0	3.3	50
백다다기	62515	2	3/10	0	3.3	56
백다다기	62516	3.5	3/10	0	3.2	57
백다다기	62517	3	4/10	0	3.5	50
백다다기	62518	3	4/10	0	3.5	50
백다다기	62519	5	1/10	0	3.0	100
백다다기	62520	2	4/10	0	3.2	67
백다다기	62521	2.5	4/10	0	3.5	50
백다다기	62522	4	0/10	0	3.3	50
백다다기	62523	2	0/10	1	3.3	13
백다다기	62524	2	2/10	0	3.5	11
백다다기	62525	2	1/10	0	4.8	13
백다다기	62526	2	4/10	1	3.2	67
백다다기	62527	2	4/10	0	4.5	25
백다다기	62528	1	3/10	2	4.0	42
백다다기	62529	1	3/10	0	3.2	44
백다다기	62530	1	6/10	0	3.7	38
백다다기	62531	1	5/10	3	3.2	20
백다다기	62532	1	8/10	0	3.0	63
백다다기	62533	1	8/10	2	3.5	25
백다다기	62534	2	7/10	0	3.3	22
백다다기	62535	3	5/10	0	2.8	38
백다다기	62536	3	4/10	0	3.5	44
백다다기	62537	3	3/10	0	3.3	44
백다다기	62538	4	4/10	0	3.3	25
백다다기	62539	3	4/10	0	4.0	33
백다다기	62540	3	2/10	0	3.0	33

표 2-5-2. 계속

Group	BN_2016	측지발생 ^z	정단 생존수 ^y	과실 쓴맛 ^x	내저온성 ^w	Virus 감염율(%) ^v
백다다기	62541	3	5/10	0	3.2	33
백다다기	62542	1.5	4/10	0	3.7	13
백다다기	62543	3	6/10	0	3.3	22
백다다기	62544	1.5	9/10	0	3.5	44
백다다기	62545	3	6/10	0	3.2	33
백다다기	62546	2	3/10	0	3.8	50
백다다기	62547	1	5/10	0	3.3	33
백다다기	62548	2	7/10	1	3.7	44
백다다기	62549	2	3/10	0	3.5	33
백다다기	62550	3	0/10	0	3.3	22
백다다기	62551	2	2/10	0	4.0	78
백다다기	62552	3	8/10	0	3.8	44
백다다기	62553	1.5	4/10	0	3.2	11
백다다기	62554	1	8/10	2	3.2	22
취청오이	대비종1	3	2/10	-	3.8	11
취청오이	대비종2	2	2/10	0	4.5	11
취청오이	62576	2	5/10	0	3.3	44
취청오이	62577	2.5	7/10	0	4.2	22
취청오이	62578	2	5/10	0	3.2	33
취청오이	62579	1	6/10	0	4.0	20
취청오이	62580	1	9/10	0	4.0	22
취청오이	62581	2	3/10	0	3.2	30
취청오이	62582	3	6/10	0	3.2	0
취청오이	62583	2	8/10	0	4.2	0
취청오이	62584	4	0/10	-	3.8	0
취청오이	62585	4.5	1/10	0	3.7	0
취청오이	62586	3	4/10	0	4.2	20
취청오이	62587	3	3/10	0	5.2	13
취청오이	62588	4	6/10	0	4.7	22
취청오이	62589	2	6/10	0	4.5	30

^z3: 적음 ~ 많음, ^y정단부가 고온 피해를 입지 않은 식물체 수, ^x0: 없음 ~ 3: 강함

^w3: 약함 ~ 7: 강함, ^v바이러스 감염 병징이 없는 식물체의 비율

2. 2차년도(2017년) 장내 조합성능검정

가. 실험재료 및 방법

- 2016년도에 선발된 계통을 이용하여 작성된 교배조합을 대상으로 조합성능검정을 수행하였다. 백다다기오이 40조합 및 대비종 3품종, 취청오이 10조합 및 대비종 1품종을 공시하였다. 40구 트레이에서 육묘한 실생묘를 조합당 10주씩 2반복으로 정식하였다(그림 2-5-4).
- 시험 조합 : 백다다기 오이 40조합, 취청오이 10조합
- 시험 규모 : 조합당 10주 2반복
- 재식거리 : 주간 35cm x 조간 80cm
- 시험지역 : 세종대학교 안성 실험농장
- 경종 개요 : <파종> 2016.7.10 <정식> 8.1 <특성평가> 8.20 ~ 11. 11



그림 2-5-4. 오이 조합성능검정 전경

- 오이 과실을 3~5일 간격으로 수확하였으며 수확된 상품과(商品果) 수, 과형, 과장을 기준으로 후보품종을 선발하였다. 연속착과력은 9월 5일부터 9월 25일까지 수확시기에 과실의 비대와 유과 발생을 기준으로 달관 조사하였다.
- 흰가루병 저항성은 식물체가 15마디 이상 생육한 후 2차에 걸쳐 조사하였다. 주당 총 수확과수는 9월 15일부터 10월 20일까지 수확된 상품과 수로 조사하였다(표 3-5-3).

나. 조합성능검정 결과 및 후보품종 선발

- 성능검정 결과 백다다기오이 6조합(72506, 72507, 72509, 72510, 72520, 72544)(그림 3-5-5)과 취청오이 5조합(72579, 72580, 72582, 72583, 72585)(그림 3-5-6)을 농가시험 조합으로 선발하였다. 백다다기오이 선발조합 중 72520과 72544는 대비종들에 비해 연속착과력이 낮은 수준이었으나 균일도와 과형이 우수하였다. 72509는 대비종들에 비해 착과력이 우수하였다.
- 대비종들의 흰가루병 저항성은 2.5~3 수준으로 이병성이었으며 선발조합들은 72544를 제외하고 3.5~5.5로 내병성이 높았다. 특히, 72510과 72520은 중도저항성을 나타내었다. 선발 조합들 중 주당 수확수는 72520과 72544는 대비종에 비해 많았다. 71518는 흰가루병 저항성이 중도저항성 이상(DI 6)이고 주당 수확수도 많았으나 과형을 기준으로 도태하였다.



그림 2-5-5. 조합성능검정을 통해 선발된 백다다기오이 과형비교

- 취청오이 선발조합은 대비종에 비해 연속착과력과 흰가루병 저항성이 유사한 수준이었다. 주당 수확수는 72585를 제외하고 대비종에 비해 10% 이상 높은 특성을 보였다(표 2-5-3). 72586, 72587, 72588는 백침계 취청오이로 수확량은 흑침계 대비종과 유사한 수준이었으나 과장이 비교적 짧아 재시험이 필요한 것으로 판단되었다.



그림 2-5-6. 조합성능검정을 통해 선발된 취청오이 과형비교

표 2-5-3. 오이 조합의 주요 특성

Group	BN_2017	연속착과력 ^z	흰가루병 저항성(1) ^y	흰가루병 저항성(2) ^x	주당 수확수 ^w
백다다기	대비종1	4	3	3	3.7
백다다기	대비종2	6	3.5	2.5	2.6
백다다기	대비종3	5.5	3	3	3.6
백다다기	72506	5.5	3	4.5	3.1
백다다기	72507	5.5	4	3.5	3.0
백다다기	72508	5	-	4	3.0
백다다기	72509	7	3	4.5	4.0
백다다기	72510	5	-	5	3.3
백다다기	72511	6	-	4	3.4
백다다기	72512	5	-	4	3.9
백다다기	72513	5.5	-	4	3.5
백다다기	72514	-	-	-	-
백다다기	72515	5.5	-	4.5	3.5
백다다기	72516	5	-	6	2.0
백다다기	72517	4.5	-	5	3.5
백다다기	72518	4	-	6	4.5
백다다기	72519	4	-	6	2.9
백다다기	72520	4	-	5.5	3.6
백다다기	72521	4.5	-	6	3.0
백다다기	72522	3	-	3.5	3.1
백다다기	72523	4	-	3	3.9
백다다기	72524	5	-	3	3.9
백다다기	72525	4	-	3	3.4
백다다기	72526	4	-	3.5	3.9
백다다기	72527	5	-	5	2.8
백다다기	72528	3.5	-	5.5	3.1
백다다기	72529	5	-	5.5	3.1
백다다기	72530	4	-	6.5	2.1
백다다기	72531	5	-	5.5	2.1
백다다기	72532	5	-	5	2.9
백다다기	72533	3.5	-	5	3.3
백다다기	72534	4	-	5.5	2.4
백다다기	72535	4	-	4	2.9
백다다기	72536	4	4	3.5	2.9
백다다기	72537	3	-	3.5	2.5
백다다기	72538	3	-	4.5	3.0
백다다기	72539	3	3	3.5	2.0
백다다기	72540	3	-	3.5	3.1

표 2-5-3. 계속

Group	BN_2017	연속착과력 ^z	흰가루병 저항성(1) ^y	흰가루병 저항성(2) ^x	주당 수확수 ^w
백다다기	72541	3	-	3	2.1
백다다기	72542	4	3	2.5	2.9
백다다기	72543	3	-	2.5	3.6
백다다기	72544	4	3	2.5	3.9
백다다기	72545	-	3.5	-	-
취청오이	대비종1	3	-	2.5	2.6
취청오이	72579	4	-	2.5	3.4
취청오이	72580	4	3	3	3.0
취청오이	72581	3	3.5	3	3.1
취청오이	72582	3	-	3	3.3
취청오이	72583	3	3	2.5	3.3
취청오이	72584	3	3	2.5	3.0
취청오이	72585	3	-	2.5	2.7
취청오이	72586	3	3.5	2.5	2.6
취청오이	72587	3	-	3	2.8
취청오이	72588	3	-	3.5	2.9

^z9월 5일 ~ 9월 25일까지 5회 관찰치의 평균, ^y3:약함 ~ 7:강함(9월 20~30일)

^x3:약함 ~ 7:강함(11월 1~11일), ^w주당 총수확과수(9월 15일~10월 20일)

제 6 절 지역적응성시험을 통한 내서성 오이품종 선발(제1협동)

1. 백다다기오이 농가시험 및 품종 선발

가. 시험 방법

○ 농가 연락시험을 통해 선발된 후보품종 BN723에 대한 농가적응성시험을 고온기 오이 주산단지인 강원도 홍천군 내면의 농가포장에서 노지재배 시험을 수행하였다. 고온기 작형에서 재배되고 있는 4개 회사의 5개 품종을 대조품종으로 공시하였다(그림 2-6-1).

- 시험 품종 : 대비종 5품종, BN723
- 시험 규모 : 50주 x 2반복
- 재식거리 : 주간 45cm x 조간 160cm
- 시험지역 : 강원도 홍천군 내면
- 경종 개요 : <파종> 2016.5.16 <정식> 6.10 <수확조사> 7.16 ~ 9.2



그림 2-6-1. “청수백다다기” 재배 초기(A) 및 수확최성기(B)의 생육 전경

○ 농가에서 자가육묘한 실생묘를 이용하여 시험재배를 수행하였고, 정식포장 준비, 시비 관리, 병해충 관리는 재배농가의 관행 방법에 따랐다. 정식 후 식물체의 초세, 노균병 저항성, 엽의 크기, 절간의 길이 등 식물체 특성과 착과력, 기형과 발생, 과실의 길이, 과실의 직경 등 수량성과 과 품질에 대한 특성평가를 수행하였다.

○ 고온착과력은 개화한 암꽃이 낙과되지 않고 정상적으로 발육하는지를 20마디까지 조사하여 평가하였다.

나. 시험 결과

○ 고온기 수확최성기에서 ‘청수백다다기’의 착과력은 다른 대조품종들에 비해 유의하게 높았다 (던컨의 평균간 다중비교, $p=0.05$).

- 수확 후기의 착과력은 대비종1을 제외한 다른 대비종들보다 높게 나타났다. 연속착과 지수로 평가한 정성적인 평가에서도 ‘청수백다다기’의 착과력이 높은 것으로 관찰되었다.
- 과장과 과경은 다른 대조품종들과 유났으며 균일도가 높고 상품과율이 높았다. ‘청수백다다기’는 균일도가 우수하고 상품과율이 높아 재배농가의 만족도가 높았다(그림 2-6-2). 또한, 노균병에 대해 다른 대조품종들에 비해 높은 저항성을 나타내었다.

표 2-6-1. ‘청수백다다기’와 대조품종의 특성비교

품종명	자방 발육율 ^z (%) (1)	자방 발육율 (%) (2)	연속 착과 지수 ^y	과장 ^x (cm)	과경 ^x (cm)	과중 ^x (g)	노균병 저항성 ^w	엽장 ^v (cm)	절간장 ^v (cm)
청수 백다다기	98 ^a	76 ^b	7	27.7	4.0	251	6.0	18.6	9.9
대비종1	87 ^b	95 ^a	5	28.2	3.6	260	4.5	18.8	8.8
대비종2	77 ^c	60 ^c	4	27.4	3.6	224	4.0	18.0	8.3
대비종3	79 ^c	58 ^c	6	29.5	3.6	253	6.0	18.7	9.7
대비종4	83 ^{bc}	67 ^{bc}	5	28.1	3.9	244	4.0	19.1	9.6
대비종5	84 ^{bc}	57 ^c	5	28.4	3.9	243	5.0	20.7	9.4

^z20 마디까지 자방 발육비율, (1) 8월 5일 조사 (2) 9월 2일 조사, 10개체의 평균치, 유의수준 (p) 0.05에서 DMRT에 따른 평균비교

^y7월 16일부터 9월 2일까지 5회 정성적 평가의 평균치; 3:낮음 ~ 7: 높음

^x7월 23일부터 9월 2일까지 4회 조사치의 평균, 회당 5개 과실 측정

^w7월 16일부터 8월 20일까지 4회 조사치의 평균; 3: 이병성 ~ 7: 저항성

^v7월 24일부터 8월 5일까지 2회 조사치의 평균



그림 2-6-2. ‘청수백다다기’의 과형비교(A) 및 선별포장 모습(B)

○ ‘청수백다다기’를 품종보호출원(출원2016-470) 하였으며 농업회사법인(주) 하나종묘로 기술이전을 실시하여 시교사업과 제품개발을 수행하였다(그림2-6-3).

민원인을 가족같이, 민원을 내일같이
 불거된 내용에 의문이 있으시면 담당자에게 문의하시기 바랍니다.
 담당자: 김지옥 전화: (054) 912-0113 FAX: (054) 912-0210
 인터넷 홈페이지: www.seed.go.kr
 (3) (9) (6) (4) (0) 경상북도 김천시 혁신로 119

품종보호출원번호 통지서

출원일자: 2016.10.5 품종보호 출원번호: 출원 2016 - 470
 통지일자: 2016.10.5 품종명칭 출원번호: 명칭 2016 - 1020

작 품 명: 오이
 품종 명칭: 청수백다다기
 출 원 인: 세종대학교산학협력단
 주 소: 서울 광진구 관자동세종대학교 김천관 216호 산학협력단

2016년10월10일

국립종자원



청수백다다기 오이
 내병성이 강하고 과피색이 진한
 다수확 오이!

600g

청수백다다기 오이
 내병성이 강하고 과피색이 진한
 다수확 오이!

특징

- 식과력이 우수하고 기형과 발생이 적습니다.
- 내병성이 강해 노균병과 흰가루병 방제가 수월합니다.
- 고온기에도 과피색이 균일하고 전체 상품성이 우수합니다.

유기사항

- 저온기 시설재배에서는 다수확을 위해 보온관리에 유의하여야 합니다.
- 잎소질 비료를 과용할 경우 과번무하게 되고 적과와 비대력이 감소함으로써 균형수확이 되도록 관리하여야 합니다.

재배시기표

월	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
재배 가능 기간												
수확 가능 기간												

원산지	일부	수확	400g
표준재배일	년	월	양력양력양력
양력	년	월	양력양력양력

그림 2-6-3. ‘청수백다다기’ 품종보호출원 및 시판용 포장지

2. 취청오이 농가시험 및 품종 선발

가. 시험 방법

- 장내시험을 통해 선발된 취청오이 교배조합(F₁)을 대상으로 안성시 미양면의 선진 오이 재배 농가에서 고온기 시험재배를 수행하였다. 대비종 1품종과 5조합을 공시하였다(그림 2-6-4).
- 시험 조합 : BN61810, BN61814, BN61815, BN61817, BN61821
- 시험 규모 : 25주 x 2반복
- 재식거리 : 주간 40cm x 조간 60cm
- 시험지역 : 경기도 안성시 미양면
- 경종 개요 : <파종> 2016.5.12 <정식> 6.10 <수확조사> 7.6 ~ 8.10



그림 2-6-4. 취청오이 농가시험 포장전경

- 접목이 용이한 접수와 대목의 유식물체를 획득하기 위해 오이 종자는 접목 10일 전에 파종하고 대목(흑중호박)은 8일 전에 파종하였다. 파종용 토양은 원예용 상토를 이용하였고 72구 트레이에 파종하였다. 오이는 본엽이 출현하기 시작하는 유표를 이용하였고 대목은 자엽이 완전히 전개되고 본엽이 출현하기 전의 유표를 이용하였다.
- 단근합접 방법을 통해 접목하고 원예용 상토를 채운 40구 트레이에 접목묘를 가식하였다. 접목 후 상대습도 95% 이상이 유지되도록 투명 비닐로 덮고 90% 차광망을 이용하여 차광하였다.

- 접목 5일 후 비닐을 제거하였고 접목묘가 활착할 때까지 차광량을 순차적으로 감소시켰다. 접목 18일 후 건전 접목묘를 선별하여 정식하였다. 정식은 2016년 6월 10일에 하였고 수확 및 조사는 7월 6일부터 8월 10일까지 실시하였다.
- 시험 작형은 저온기 백다다기 후작 작형으로 중부지역에서 취청오이 재배의 주요 작형 중 하나이다. 취청오이는 백다다기오이에 비해 내서성이 강하고 고온착과력이 우수하며, 고온기 재배에서 가장 크게 문제되는 기형과 발생이 적어 고온기 작형에서 선호되고 있는 품종군이다.

나. 시험 결과

- 대조품종과 후보품종 5조합에 대한 시험결과는 표 3-6-2와 같았다. 대비종과 BN61821를 제외한 조합들은 흑침계 오이이다. BN61821는 백침계 취청오이로 수확 후에도 과피색이 갈변하지 않는 특성을 보여 신선도를 오랫동안 유지할 수 있다.
- 마디당 암꽃 수는 BN61814와 BN61821는 대조품종과 유사하였고, 나머지 조합은 비교적 적었다. 일반적으로 마디당 1개의 과실을 수확하게 되고 여러 개의 자방이 동시에 발육하게 될 경우 동화양분의 경합으로 인해 기형과 발생이 증가하게 됨으로 한 마디에서 여러 개의 암꽃이 동시에 발생하는 것은 불리한 특성이라고 할 수 있다.
- 절성은 공시조합들이 대조품종에 비해 비교적 낮았는데 육묘기 에스텔 처리를 통해 극복할 수 있을 것으로 판단되었다.
- 고온착과력의 지표로 자방발육수를 조사한 결과 대조품종에 비해 공시조합들의 자방발육수가 많았다. 특히, BN61810와 BN61815의 경우 자방의 발육이 월등히 높았다. 고온기 재배에서 가장 문제되는 것은 낙과(fruit abortion) 현상으로 수량성을 결정하는 가장 중요한 요인이다. 특히, 야간고온이 지속되는 시기에는 호흡량이 증가하여 과실로 이동하는 동화양분이 감소하게 되어 낙과 현상을 촉진하게 된다. 본 시험에서 공시된 후보품종들의 경우 대비종에 비해 낙과현상이 적어 지속적인 품종개발이 가능할 것으로 판단되었다.
- 측지발생량은 대비품종과 유사한 수준이었으며, 엽의 발생각도는 HB61810을 제외하고 모두 수평엽의 특성을 보였다.
- 조숙성은 공시조합들이 대조품종에 비해 비교적 늦었으며 초세는 유사하였다. 절간장은 BN61810을 제외하고 대비종에 비해 짧았다. 절간의 길이는 오이 재배에서 중요한 형질 중의 하나이다. 절간이 길 경우 식물체의 신장 속도가 빨라 유인작업에 많은 노력이 필요하여 재배 농가에서는 절간이 짧은 품종을 선호하고 있다.

표 2-6-2. 취청오이 후보품종의 식물체 및 과실 특성

BN	마디당 암꽃 수 ^z	절성 ^y	자방 발육 수 ^x	측지 ^w	엽향 ^v	조숙성 ^u	초세 ^t	절간장 (cm)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	과장 (cm)	과경 (cm)	심부경 (cm)	심부경/과경 비율	과중 (g)
대비종	1.7	55±9.5	0.3	3.5	2	9.0	5	12.1±0.7	22.7±0.6	29.1±1.0	28.5±1.2	3.9±0.1	1.6±0.1	0.40	298±24
61810	1.1	43±10.1	2.5	3	1	8.5	5	12.5±0.6	22.6±0.7	29.0±0.9	28.5±1.1	4.0±0.2	1.5±0.2	0.36	286±45
61814	2	51±10.1	1.1	3	2	7.0	5	11.7±0.9	22.0±1.3	29.0±2.6	27.7±1.2	4.0±0.3	1.8±0.1	0.44	294±41
61815	1.5	53±13.3	2.7	3	2	6.5	5	11.7±1.4	22.5±0.4	29.1±0.7	28.6±1.6	4.0±0.2	1.9±0.1	0.37	309±49
61817	1.4	45±7.3	1.2	3	2	8.5	4	11.1±1.1	22.5±0.4	27.8±1.2	28.1±0.9	4.0±0.1	1.8±0.1	0.45	304±38
61821	1.8	32±3.0	1.5	3	2	8.5	4	11.8±0.7	21.7±1.2	29.2±1.2	26.6±0.5	4.1±0.5	1.8±0.2	0.43	275±47

^z10마디까지의 마디당 암꽃 발생수 ^y5~20 마디의 암꽃 발생 비율 ^x5~20 마디에서 정상적으로 발육하는 자방의 수, 5주 평균

^w3: 측지 발생 적음 ~ 7: 측지 발생 많음 ^v1: 하향엽, 2:수평엽, 3:상향엽 ^u3: 수확시기 늦음 ~ 7: 수확시기 빠름 ^t3: 약함 ~ 7: 강함

- 엽의 길이는 대비종과 공시조합들이 유사했으며, 엽의 폭은 BN61817이 비교적 좁았다.
- 과장은 BN61810과 BN61821이 대비종에 비해 비교적 짧았다. 백침계 취청오이인 BN61821는 기존의 흑침계 취청오이에 비해 과장이 1.5~2cm 정도로 짧아 단점으로 부각되었다. 따라서 품종을 개발하기 위해서는 기존의 박스보다 작은 크기의 박스를 이용하거나 비닐팩 포장에 필요할 것으로 판단되었다. 전체적으로 식물체의 생육특성과 과실 특성을 바탕으로 BN61817를 최종선발하였으며(그림 2-6-5), 이를 ‘삼복낙합’으로 명명하여 품종보호출원하였다(출원 2017-460).



그림 2-6-5. 취청오이 신품종 ‘삼복낙합’의 식물체(A) 및 과실(B)

민원인을 가족같이, 민원을 내일같이
 통지된 내용에 의문이 있으시면 담당자에게 문의하시기 바랍니다.
 담당자: 김지유 전화: (054) 912-0113 FAX: (054) 912-0210
 인터넷 홈페이지: www.seed.go.kr
 39660 경상북도 김천시 혁신8로 119

품종보호출원번호 통지서

출원일자: 2017. 9. 7	품종보호 출원번호: 출원 2017 - 460
	품종명칭 출원번호: 명칭 2017 - 1061

작 물 명: 오이
 품종 명칭: 삼복낙합
 출 원 인: 세종대학교산학협력단
 주 소: 서울 광진구 군자동, 세종대학교 집현관 216호 산학협력단

2017년09월07일

국립종자원



제 7절 태국농장을 이용한 특성 평가 및 세대진전(제1협동)

1. 오이 쓴맛 분리집단의 특성 평가 및 세대진전

- 오이 쓴맛의 유전분석과 연관 분자마커 개발을 위해 제1세부에서 제공받은 분리집단을 태국 콘캔의 파트너종묘 육종포장에서 전개하였다.
- 식물체 쓴맛이 있는 'SJ6101', 쓴맛이 없는 'SJ6109', 이들의 F₁, 그리고 F₂ 집단에 대한 쓴맛 평가를 수행하였다. 2016년 1월 20일 과종하여 2월 15일 정식하였으며 3월 18일부터 20일 까지 3차에 걸쳐 쓴맛에 대한 패널테스트를 실시하였다(그림 2-7-1).



그림 2-7-1. 태국 농장의 오이 쓴맛 분리집단 재배 전경

- 조사기의 식물체 크기는 본엽 5 ~ 12매였으며, 240 개체 중 조사가 가능한 201 개체에 대해 식물체 정단부 어린잎을 씹어 쓴맛을 0~4 scale로 평가하였다. 3차에 걸친 평가 후 3회 모두 scale 0를 나타낸 개체를 쓴맛이 없는 개체로, scale 1~4를 나타낸 개체를 쓴맛이 있는 개체로 판정하였다.
- 분리비 검정 결과 기존의 보고와 같이 쓴맛은 단인자 우성 유전자에 의해 결정되는 것으로 나타났으며 예상되는 3:1 분리비에 부합하였다(표 2-7-2). F₂ 개체를 자가수정하여 F₃ 종자를 확보하였다.

표 2-7-1. 오이 쓴맛 분리집단(F₂)의 쓴맛 패널 테스트 결과

BN	초세	쓴맛(1) ^z	쓴맛(2)	쓴맛(3)	BN	초세	쓴맛(1) ^z	쓴맛(2)	쓴맛(3)
61014-001	5	3	3	3	61014-049	3	-	-	0
61014-002	3	0	0	0	61014-050	5	4	4	4
61014-003	1	0	0	0	61014-051	3	2	2	2
61014-004	5	0	2	2	61014-052	1	-	-	0
61014-005	7	4	4	4	61014-053	2	4	4	4
61014-006	3	-	-	2	61014-054	1	-	-	2
61014-007	3	0	2	2	61014-056	3	4	4	4
61014-008	2	0	0	1	61014-057	3	3	3	3
61014-009	2	0	0	2	61014-058	7	4	4	4
61014-010	6	4	4	4	61014-059	2	-	-	3
61014-011	3	-	-	0	61014-060	2	2	2	2
61014-012	5	0	0	0	61014-062	1	-	-	3
61014-013	3	-	-	0	61014-064	3	2	2	2
61014-014	3	2	2	2	61014-065	1	-	-	1
61014-015	5	3	3	3	61014-066	3	3	3	3
61014-016	3	3	3	3	61014-068	3	0	2	3
61014-017	4	0	2	3	61014-070	3	3	3	3
61014-018	7	3	3	3	61014-071	3	0	2	2
61014-019	7	4	4	4	61014-072	1	-	-	0
61014-021	3	3	3	3	61014-073	1	-	-	2
61014-022	1	-	-	0	61014-074	4	0	2	2
61014-026	3	0	1	2	61014-075	3	0	0	0
61014-028	3	1	2	2	61014-076	5	4	4	4
61014-029	2	1	0	1	61014-077	3	0	0	0
61014-031	1	0	0	0	61014-078	8	0	0	0
61014-032	2	0	2	0	61014-079	3	-	-	2
61014-033	3	3	3	3	61014-080	3	0	0	0
61014-034	2	-	-	0	61014-081	4	0	0	0
61014-035	2	0	1	2	61014-082	3	0	2	2
61014-036	2	-	-	2	61014-083	3	4	4	4
61014-037	1	-	-	0	61014-084	3	0	0	2
61014-038	3	3	3	3	61014-085	2	0	0	0
61014-039	1	-	-	0	61014-086	3	1	2	2
61014-040	4	1	3	3	61014-087	3	0	2	2
61014-041	5	4	4	4	61014-088	5	2	2	2
61014-042	1	-	-	0	61014-089	2	-	-	2
61014-044	3	-	-	2	61014-091	3	0	2	2
61014-045	3	3	3	3	61014-092	5	0	2	2
61014-047	3	0	2	3	61014-093	2	-	-	2
61014-048	3	0	0	2	61014-094	5	3	3	3

표 2-7-1. 계속

BN	초세	쓴맛(1) ^z	쓴맛(2)	쓴맛(3)	BN	초세	쓴맛(1) ^z	쓴맛(2)	쓴맛(3)
61014-049	3	-	-	0	61014-095	5	0	0	0
61014-050	5	4	4	4	61014-096	5	4	4	4
61014-051	3	2	2	2	61014-097	3	-	-	2
61014-052	1	-	-	0	61014-098	3	0	1	2
61014-053	2	4	4	4	61014-099	4	3	3	3
61014-054	1	-	-	2	61014-100	4	0	1	1
61014-056	3	4	4	4	61014-101	3	0	2	2
61014-057	3	3	3	3	61014-102	3	0	0	0
61014-058	7	4	4	4	61014-103	3	0	2	2
61014-059	2	-	-	3	61014-104	2	-	-	4
61014-060	2	2	2	2	61014-105	4	0	3	3
61014-062	1	-	-	3	61014-106	5	2	2	2
61014-064	3	2	2	2	61014-107	5	4	4	4
61014-065	1	-	-	1	61014-108	5	0	0	0
61014-066	3	3	3	3	61014-109	2	0	0	1
61014-068	3	0	2	3	61014-111	3	0	0	0
61014-070	3	3	3	3	61014-112	3	0	2	1
61014-071	3	0	2	2	61014-113	1	-	-	0
61014-072	1	-	-	0	61014-115	1	-	-	2
61014-073	1	-	-	2	61014-116	1	-	-	3
61014-074	4	0	2	2	61014-117	1	-	-	2
61014-075	3	0	0	0	61014-118	1	-	-	3
61014-076	5	4	4	4	61014-119	1	-	-	3
61014-077	3	0	0	0	61014-120	1	-	-	4
61014-078	8	0	0	0	61014-122	1	-	-	4
61014-079	3	-	-	2	61014-127	1	-	-	2
61014-080	3	0	0	0	61014-128	1	-	-	2
61014-081	4	0	0	0	61014-129	4	2	2	2
61014-082	3	0	2	2	61014-131	3	0	1	2
61014-083	3	4	4	4	61014-132	5	0	0	0
61014-084	3	0	0	2	61014-133	3	0	0	0
61014-085	2	0	0	0	61014-134	2	-	-	3
61014-086	3	1	2	2	61014-135	3	0	1	2
61014-087	3	0	2	2	61014-136	3	3	3	3
61014-088	5	2	2	2	61014-137	3	0	0	0
61014-089	2	-	-	2	61014-138	3	2	2	2
61014-091	3	0	2	2	61014-139	3	0	0	0
61014-092	5	0	2	2	61014-140	3	2	2	2
61014-093	2	-	-	2	61014-142	2	-	-	2
61014-094	5	3	3	3	61014-143	2	-	-	2

표 2-7-1. 계속

BN	초세	쓴맛(1) ²	쓴맛(2)	쓴맛(3)	BN	초세	쓴맛(1) ²	쓴맛(2)	쓴맛(3)
61014-144	2	-	-	3	61014-195	4	0	2	2
61014-145	2	0	0	1	61014-196	5	3	3	3
61014-146	4	2	2	2	61014-197	6	0	2	2
61014-147	2	-	-	2	61014-198	5	2	2	2
61014-148	4	0	0	0	61014-200	3	0	0	0
61014-150	3	0	0	0	61014-202	5	0	0	0
61014-151	5	3	3	3	61014-204	-	-	-	3
61014-152	3	1	3	3	61014-206	4	3	3	3
61014-153	5	4	4	4	61014-207	3	0	2	3
61014-155	2	0	2	2	61014-208	5	0	0	0
61014-157	4	2	2	2	61014-209	6	0	0	0
61014-158	4	-	-	2	61014-210	5	4	4	4
61014-159	2	-	-	3	61014-211	5	4	4	4
61014-160	3	1	2	2	61014-212	4	3	3	3
61014-162	6	4	4	4	61014-213	4	0	0	0
61014-163	5	0	0	0	61014-214	5	3	3	3
61014-164	6	2	2	2	61014-215	3	2	2	2
61014-165	5	4	4	4	61014-216	6	4	4	4
61014-166	4	1	2	2	61014-217	3	1	2	2
61014-168	4	4	4	4	61014-218	4	1	2	2
61014-169	7	4	4	4	61014-219	4	1	2	2
61014-170	3	1	2	2	61014-220	3	-	-	2
61014-171	5	4	4	4	61014-221	2	-	-	2
61014-172	6	0	0	0	61014-222	6	4	4	4
61014-173	7	4	4	4	61014-223	3	0	0	0
61014-174	6	0	0	0	61014-224	5	2	2	2
61014-177	2	-	-	2	61014-225	3	-	-	0
61014-178	4	0	0	0	61014-226	5	0	2	2
61014-179	6	4	4	4	61014-227	6	2	2	2
61014-180	3	2	2	2	61014-229	3	-	-	3
61014-181	2	-	-	0	61014-230	6	4	4	4
61014-182	2	-	-	1	61014-231	6	0	0	0
61014-183	3	2	2	2	61014-232	3	1	0	1
61014-184	7	4	4	4	61014-233	5	3	3	3
61014-185	5	4	4	4	61014-234	1	-	-	2
61014-186	4	2	2	2	61014-235	1	-	-	2
61014-187	4	0	0	0	61014-236	2	1	2	2
61014-192	3	2	2	2	61014-237	6	3	3	3
61014-193	3	0	1	2	61014-238	3	0	2	2
61014-194	4	0	0	0	61014-239	6	2	2	2
					61014-240	7	0	0	0

²0:쓴맛 없음 ~ 4: 쓴맛이 강함

표 2-7-2. 오이 쓴맛 분리집단의 쓴맛 분리비

Population	Total	Phenotype		Expected ratio	χ^2	P-value
		Bitter	Non-bitter			
'SJ6101'	10	10				
'SJ6109'	10		10			
F ₁	10	10		1:0		
F ₂	201	153	48	3:1	0.081	0.9

2. 내병성 및 내저온성 형질 유전집단 육성

- 태국 콘캔 농장을 활용하여 오이의 만할병 저항성, bitterness-free, 내저온성 유전분석 집단을 육성하였다(그림 3-7-2).



그림 2-7-2. 태국 콘캔 농장의 오이 재배 전경;
 <파종> 2016.11.20 <정식> 12.15 <교배> 1.10~1.20 <탈종> 2.20

- 제1세부에서 제공받은 양친 계통과 F₁ 조합을 이용하여 만할병 저항성 1개 집단, bitterness-free 2개 집단의 BC₁F₁과 F₂ 집단을 육성하였다(표 2-7-3).
- 본엽 10매 내외로 식물체가 성장하였을 때 교배작업을 실시하였고 교배 후 30~40일 후 탈종하였다. 노균병 발생이 심해 전체적으로 종자 수확량은 높지 않았다.

표 2-7-3. 오이 형질 유전분석 집단 종자 생산량

형질	종자번호	교배번호	계통번호	세대	식물체수	종자량
만할병 저항성	16-2061	6201-0	51045/51040	F2	15	630 립
만할병 저항성	16-2062	6203 x 6205	(51045/51040)/51040	BC1F1	5	60 립
만할병 저항성	16-2063	6203 x 6207	(51045/51040)/51045	BC1F1	5	45 립
만할병 저항성	16-2064	6205-0	51040	INBRED	10	105 립
만할병 저항성	16-2065	6207-0	51045	INBRED	10	90 립
bitterness-free	16-2066	6208 x 6209	51005/51035	F2	15	1,200 립
bitterness-free	16-2067	6208 x 6210	(51005/51035)/51005	BC1F1	5	32 립
bitterness-free	16-2068	6208 x 6211	(51005/51035)/51035	BC1F1	5	40 립
bitterness-free	16-2069	6210-0	51005	INBRED	10	3 립
bitterness-free	16-2070	6211-0	51035	INBRED	10	25 립
bitterness-free	16-2071	6213-0	51044/51022	F2	15	460 립
bitterness-free	16-2072	6212 x 6213	51044/51022	F2	15	850 립
bitterness-free	16-2073	6212 x 6214	(51044/51022)/51044	BC1F1	5	17 립
bitterness-free	16-2074	6212 x 6215	(51044/51022)/51022	BC1F1	5	3 립
내저온성	16-2075	6216 x 6217	51064/51069	F2	15	730 립

제 8절 오이 원종 증식 및 증식률 검정(제1협동)

- ‘청수백다다기’와 ‘삼복낙합’양친 계통의 원종을 생산하고 증식률 자료를 확보하기 위해 양친 계통에 대한 증식을 수행하였다(그림 2-8-1). 2017년 7월 15일 파종하여 20일 육묘한 실생묘를 정식하였으며 교배는 9월 10일부터 2주간 실시하였다.
- 교배는 암꽃 착생율이 높은 모계의 경우 경우 주당 5~6개의 꽃을 교배하였고, 부계의 경우 3~4개의 꽃을 교배하였다. 교배 60일 후 종과를 수확하여 7일 간 후숙시킨 후 탈중하였다. 탈중 후 2일 간 발효한 후 수세하였고 수세 후에는 락스 10%(유효 염소 농도 0.4%) 용액을 이용하여 종자소독을 실시하였다.



그림 2-8-1. 오이 원종 생산 포장 전경

- 주당 종자 생산량은 청수백다다기A 친이 8.1g, 청수백다다기B 친이 3.3g, 삼복낙합A 친이 7.6g, 삼복낙합B친이 3.0g 이었다(표 3-8-1). 천립중과 주당 종자생산량을 고려할 때 각 계통별 증식률(종자수/개체)은 각각 357, 125, 298, 106이었다.

표 2-8-1. ‘청수백다다기’와 ‘삼복낙합’ 양친 계통의 종자생산성

종자번호	계통명	정식 주수 (A)	수확과수 (B)	종자 생산량(g) (C)	수확과수 /식물체 (B/A)	종자생산량 /식물체(g) (C/A)	종자생산량 /과(g) (C/B)	천립중 (g)
17-3438	청수 백다다기A	450	1,010	3,659	2.2	8.1	3.6	22.8
17-3443	청수 백다다기B	70	108	228	1.5	3.3	2.1	26.0
17-3451	삼복낙합A	70	160	534	2.3	7.6	3.3	25.6
17-3455	삼복낙합B	30	56	90	1.9	3.0	1.6	28.2

제 3 장 목표달성도 및 관련 분야 기여도

		코드번호	D-06	
제 1 절 연구목표 달성도				
구분	세부과제명	세부연구목표	달성도 (%)	연구개발 수행내용
1차년도 (2016)	고온스트레스 저항성, 바이러스저항성 계통육성 및 저항성 연관분자표지 개발 (제1세부)	고온스트레스 저항성 오이 조합육성	100	- 고온착과력이 우수한 노균병 저항성 백다다기오이 BN62003 등 13계통, 가시오이 2계통(BN62113, BN62155) 선발 - 선발 계통을 이용하여 백다다기오이 47조합, 취청오이 14조합 작성
		농가시험 대상 조합 선발	100	- 장내 조합성능검정을 통해 백다다기오이 3조합(62512, 62518, 62521), 취청오이 3조합(62577, 62588, 62583) 선발
		바이러스(CMV, ZYMV) 저항성 계통 선발	100	- CMV 유묘검정을 통해 백다다기오이 4계통 153개체 선발 - 이 들 계통 중 CMV, 노균병, 흰가루병 복합저항성(중도저항성 이상) 3계통 선발(CM1606, CM1607, CM1608, CM1609)
		CMV 저항성 유전분석	100	- CMV 저항성 유전분석(F ₁ , F ₂)을 통해 단인자 우성 유전 현상을 확인하였음
	내서성과 고온착과력이 우수한 오이 품종 개발 (제1협동)	후보품종 지역적응성 시험 및 품종 개발	100	- 농가시험을 통해 백다다기오이 ‘청수백다다기’의 특성자료 제공, 품종보호출원(출원2016-470) - 농업회사법인(주) 하나종묘로 특성자료 제공하여 시교사업과 제품개발을 수행
		육종계통의 세대진전	100	- 쓴맛의 유전분석과 연관 분자마커 개발을 위해 태국 콘캔 농장을 활용하여 분리집단을 육성하였으며 분리집단(F ₂ , 240 개체)에 대한 쓴맛 검정과 세대진전(F ₃)을 수행 - 쓴맛의 유전분석을 통해 단인자 우성 유전 구명
		CMV 선발 계통 포장저항성 검정	100	- 유묘검정을 통해 선발된 백다다기오이 4계통의 포장 재배시험을 통해 과형과 포장저항성 평가를 기준으로 25개체를 선발
		CMV 저항성 연관 분자표지 개발을 위한 집단 육성	100	- 저항성친과 이병성친의 F ₁ 을 이용하여 F ₂ 집단을 육성하여 제1세부에 유전분석과 마커 개발 재료 제공

구분	세부과제명	세부연구목표	달성도 (%)	연구개발 수행내용
2차년도 (2017)	고온스트레스 저항성, 바이러스저항성 계통육성 및 저항성 연관분자표지 개발 (제1세부)	고온스트레스 저항성 오이 품종 개발	100	- 고온착과력이 우수한 노균병 및 흰가루병 저항성 백다다기오이 10계통 육성 - 백다다기오이 40조합, 취청오이 10조합 작성 - 백다다기오이 72506 등 6조합과 취청오이 72579 등 5조합을 후보품종으로 선발
		바이러스(CMV, ZYMV) 저항성 계통 육성	100	- 백다다기오이 42계통, 가시오이 6계통, 취청오이 3계통의 ZYMV 저항성 검정을 통해 백다다기오이 6계통, 가시오이 1계통 선발 - 선발된 저항성 계통 중 과형이 우수한 계통과 노균병 및 흰가루병 저항성 백다다기오이 6계통, 다수확 가시오이 및 취청오이 6계통의 분리모집단 육성
		CMV 저항성 연관 분자표지 개발	90	- 오이의 CMV 저항성 유전자 동정을 위해 genome-wide 탐색을 통해 3개의 eIF4E homologs (eIF4E-I, Csa017331; eIF4E-II, Csa016950; eIF4E-III, Csa009073)와 한 개의 pseudogene (eIF4E, Csa011806)을 동정, 유전자 발현 분석을 통해 eIF4G 또는 이의 paralogs가 오이에서 CMV 저항성에 관련될 가능성을 제시
		쓴맛 연관 분자표지 개발 (추가 성과)	100	- Bt-InDel-1 Marker의 염기서열 분석과 genotyping 수행 - Bi 유전자 기반 HRM 마커 개발 및 평가 - Bi 유전자 기반 KASP 마커의 평가 및 KASP 마커를 이용한 261육종계통의 쓴맛 유전자형 분석 수행
	내서성과 고온착과력이 우수한 오이 품종 개발 (제1협동)	후보품종 지역적응성 시험 및 품종 개발	100	- 농가시험을 통해 취청오이 '삼복낙합'의 특성평가 품종보호출원(출원 2017-460).
		육종계통의 세대진전	100	- 제1세부에서 제공받은 양친 계통과 F ₁ 조합을 이용하여 만할병 저항성 1개 집단, bitterness-free 2개 집단의 BC ₁ F ₁ 과 F ₂ 집단을 육성
		원종 증식 및 증식률 검정	100	- '청수백다다기'와 '삼복낙합'의 양친 계통의 증식률; 청수백다다기 A친: 357배, B친:125배, 삼복낙합 A친: 298배, B친: 106배

제 2 절 관련분야 기여도

1. 오이 쓴맛 유전자형 대량분석 기술 개발

- 국내 대부분의 오이 품종은 고온, 저온, 건조, 질소질 비료 과용 등과 같은 불량환경에서 쓴맛이 발현되어 상품성이 저하되는 문제점을 가지고 있다. 따라서 쓴맛이 없는 유전자형을 갖는 유전자원으로부터 형질 도입이 필요한 실정이다.
- 과실의 쓴맛을 평가하기 위해서는 과실 착과기까지 식물체 재배가 필요하며 쓴맛 발현을 위한 인위적인 환경조건 조성이 필요하다. 또한 패널테스트는 평가자들 간에 민감도의 차이가 있어 정확한 평가가 어려운 실정이다.
- 오이 쓴맛에 관여하는 *Bi* 유전자의 경우 *bi* 대립유전자를 지닌 오이 식물체는 환경 조건에 관계없이 쓴맛이 없는 잎과 열매를 보인다. 현재까지 *Bi* 유전자 자체의 서열에 기초한 분자 표지는 지금까지 개발되지 않았다.
- 본 연구에서는 오이 양친 계통 'SJ6, 육종효율 증진101'과 'SJ6109'의 *Bi* 유전자의 직접 염기서열 분석을 통해 다형성 SNP를 확보하였고, 이 SNP를 유전자 기반 high-resolution melting (HRM) 및 Kompetitive Allele-Specific PCR (KASP) 마커를 개발하는 데 사용하였다. 개발된 SNP 유래 HRM 및 KASP 마커를 이용하여 쓴맛 유전자형 분석을 위한 빠르고 비용 효율적인 분석법을 구축하였다. 또한 개발된 마커를 육종 계통에 적용하여 쓴맛 유전형 분석을 완료하였다.
- 본 연구에서 개발된 KASP 마커는 향후 쓴맛이 없는 오이 계통 육성에 실질적인 활용이 가능하며 육종효율 증진에 크게 기여할 것으로 기대된다.

2. 오이 CMV 저항성 열성 유전자 동정 기초연구

- 본 과제에서는 한국 오이 유전자원에서 CMV 저항성이 열성 단인자에 의해 결정됨을 확인하였고 candidate gene approach를 통해 MAS에 활용 가능한 저항성 연관 분자마커를 개발하고자 하였다.
- 현재까지 활용 가능한 오이 CMV 저항성 연관 분자마커는 보고된 사례가 없는 실정이며, eukaryotic translation initiation factors인 eIF4E isoforms이 바이러스 감염에 대한 열성 저항성을 부여하는 것으로 알려져 있다. 이에 본 연구에서는 오이 게놈에서 genome-wide 탐색을 통해 3개의 eIF4E homologs와 한 개의 pseudogene (eIF4E)을 동정하였다.

- RT-PCR 분석을 통해 CMV 감염식물체의 eIF4E 유전자 발현을 분석한 결과 저항성과 이병성 친 모두에서 eIF4E-I와 eIF4E-III (eIF(iso)4E)가 상시발현하는 것으로 나타났다. 따라서 eIF4G 또는 이의 paralogs가 오이에서 CMV 저항성에 관련될 수 있음을 알 수 있었다.
- 본 연구 결과는 국내 오이의 CMV 저항성 유전자 기초 연구로서 의미를 가지며 향후 저항성 유전자 동정과 연관 분자마커 개발에 기여할 것으로 판단된다.

3. 복합내병성 (CMV, ZYMV, 노균병, 흰가루병) 오이 계통 육성

- 노균병과 흰가루병은 절대활물기생 진균으로 전 세계적으로 오이에서 가장 큰 피해를 주고 있다. 특히, 흰가루병은 약제저항성이 쉽게 발생하여 방제가 어려워 저항성 품종 개발이 요구되고 있다. 기후온난화에 따라 국내에서도 바이러스 피해가 급증하고 있으며 최근에는 바이러스 피해로 조기에 폐농하는 사례가 다수 보고되고 있다. 국내에서 발생하는 주요 바이러스는 CMV, ZYMV, WMV로 알려져 있으며 주로 복합감염 되어 심각한 피해를 초래하고 있다.
- 국내 대부분의 품종은 다수성 위주로 개발되어 내병성이 약한 수준으로 내병성 품종 개발이 시급한 실정이다. 본 과제에서는 육종계통에 대한 노균병, 흰가루병 포장저항성 검정과 CMV와 ZYMV에 대한 유묘검정을 통해 저항성 계통을 선발하였다. 선발된 CMV 저항성 백다다기오이 계통 중 백다다기-1은 노균병과 흰가루병에도 저항성을 나타내었으며, 백다다기-2와 백다다기-3는 중도저항성을, 백다다기-4는 노균병 저항성을 나타내었다. ZYMV 저항성으로 백다다기오이 6계통과 가시오이 1계통을 선발하였으며, 백다다기오이 3계통은 노균병 중도저항성 이상을, 가시오이는 노균병과 흰가루병에 복합저항성을 나타내었다.
- 이 들 저항성 계통들은 기존의 시장요구를 만족시킬 수 있는 수준의 과실 특성을 가지고 있어 직접 다수확 복합내병성 품종 개발에 활용이 가능하다. 본 과제에서는 선발된 저항성 자원과 다수확 흰가루병/노균병 복합저항성 계통 간의 분리모집단을 육성하였으며 이를 활용하여 다수확 복합내병성 품종 개발에 기여할 수 있을 것으로 판단된다.

4. 고온착과력이 우수한 고품질 오이 품종 개발

- 본 과제에서는 ‘청수백다다기’와 ‘삼복낙합’을 품종보호출원 하였으며, ‘청수백다다기’는 하나종묘에 기술이전 하여 시장 개발에 착수하였다. 두 품종은 고온착과력이 우수한 품종으로 고온기 안정적인 오이 생산에 기여할 것으로 기대된다. ‘청수백다다기’는 노균병과 흰가루병에 중도저항성 품종으로 약제 방제 비용과 노력을 절감할 수 있으며 고온기 과실의 바탕색 착색이 우수하고 균일도가 높은 품종으로 농가소득 증대에 기여할 수 있을 것으로 기대하고 있다.

제 3 절 후속 연구의 필요성

1. CMV 저항성 마커 개발

- 본 연구에서 저항성 자원으로 이용된 계통 이외의 신규 저항성 자원을 선별하여 저항성 연관 분자마커 개발 연구가 필요함.
- 본 연구에서 이용된 저항성 계통은 CMV_Pa, CMV_P1, CMV_LS, CMV_Pepper, CMV_Fny, CMV-Mf, CMV_Kor strain에 저항성이었으나 최근 동정된 국내 CMV strain을 수집하여 저항성 반응에 대한 추가 평가가 필요함.
- 저항성과 이병성 계통에서 CMV 저항성 유전자 eIF4E-I와 eIF4E-III가 상시발현하는 것으로 나타나 번역과정에서의 단백질 발현 차이에 대한 분석이 필요하며, eIF4G 또는 이의 paralogs 유전자 발현에 대한 추가연구의 필요성이 제기되었음.
- 또한 바이러스 저항성 유전자 데이터베이스를 활용하여 후보 유전자를 동정하고 저항성과 이병성 계통과 이들의 분리집단(F₂)을 대상으로 GBS 또는 resequencing 방법을 통해 저항성 유전자의 발굴이 필요함.

2. 흰가루병 저항성 육종을 위한 추가 연구

- 최근 들어 흰가루병 약제 저항성균의 출현이 문제되고 있어 오이 주산단지의 흰가루병원균의 수집과 분류 연구가 필요하며 race에 따른 유전자원 및 육종계통에 대한 저항성 검정이 필요함.
- 흰가루병은 절대활물 기생균으로 인공접종에 어려움이 있어 leaf disc를 이용한 기내 접종 등과 같은 기술 개발이 필요함.
- 오이 흰가루병 저항성은 3~5개의 열성유전자에 의해 결정되고, 다수성의 고품질 저항성 개체 선별을 위해서는 대규모 분리집단(F₂, BCF₂)에 대한 선별이 필요함으로 유묘를 이용한 실내검정 시스템 구축과 유묘 저항성과 포장 저항성의 연관 분석이 필요함.

2. 체계적인 내병성 고온스트레스 저항성 복합 검정시스템 구축

- 흰가루병과 함께 오이에서 가장 문제되는 노균병도 5개의 열성 유전자가 저항성에 관여하고 절대활물기생균임으로 복합내병성 품종개발을 위해서는 대규모 유묘검정이 필요함. 따라서 흰가루병 저항성 선별(유묘) + CMV 저항성 마커 선별 --> 노균병 저항성 선별 --> 고온스트레스 저항성 선별의 검정시스템 구축에 대한 추가적인 연구가 필요함.

제 4 장 연구결과의 활용계획

코드번호 D-07

1. 연구개발과제의 대표적 연구실적

번호	구분 (논문/특허/기타)	논문명/특허명/기타	소속 기관명	역할	논문게재지/ 특허등록국가	Impact Factor	논문게재일 /특허등록 일	사사여부 (단독사사 또는 중복사사)	특기사항 (SCI여부/ 인용횟수 등)
1	품종	청수백다다기	세종대	육성자	대한민국		2016.10.05	단독사사	
2	품종	삼복낙합	세종대	육성자	대한민국		2017.09.07	단독사사	
3	기술 이전	청수백다다기	세종대	육성자			2017.03.01	단독사사	
4	논문	Development of <i>Bi</i> Gene-based SNP Markers for Genotyping for Bitter-free Cucumber Lines	세종대	교신 저자	Horticulture, Environment, and Biotechnology 59(2)	0.812	2018.04.01	단독사사	SCI
5	학술 발표	Inheritance Study of a CMV Resistance Gene in Cucumber (<i>Cucumis Sativus</i> L.) and Candidate Gene Analysis	세종대	교신 저자	Korean J. Hortic. Sci. Technol. 34 (Suppl D) May 2016		2016.05.25	단독사사	

2. 실용화·산업화 계획

- 본 연구과제를 통하여 개발되고 기술이전이 완료된 ‘청수백다다기’를 대상으로 홍천, 연천, 포천 등 고온기 백다다기오이 주산단지에서 시교사업과 보급을 확대하여 시장에 정착할 수 있도록 함.
- ‘삼복낙합’의 기술이전을 실시하고 고온기 취청오이 주산단지인 천안, 안성 등지에서 시교 사업을 통해 시장에 진입할 수 있도록 함.
- 육성된 신품종에 대한 국내 및 해외 생산기반을 확보하고, 전국적인 마케팅 및 판매망을 보유한 회사와 협력하여 품종을 개발함.

3. 교육·지도·홍보 등 기술확산 계획

- 작목반 및 육묘장과 연계하여 품종을 개발하고, 재배농가를 대상으로 품종특성에 따른 재배기술을 지도하여 품종이 확산될 수 있도록 함.
- 개발된 ‘청수백다다기’는 고온기 쓴맛이 적게 발현됨으로 이를 차별화 형질로 부각하여 품종보급에 활용함.
- 향후 지속적인 다수확 내병성 신품종을 개발하고 그 실적을 언론기관(신문사 등)에 배포하여 성과를 홍보하고자 함.

4. 특허, 품종, 논문 등 지식재산권 확보계획 등

- 본 과제를 통하여 품종보호출원 2건이 이루어져 품종개발 목표를 달성하였으며, 연구과제를 통해 육성된 후보품종을 대상으로 농가시험을 실시하여 품종을 선발하고 품종보호출원을 수행할 예정임

5. 추가연구, 타연구에 활용 계획 등

- 개발된 쓴맛 KASP 마커는 품종개발에 직접적인 활용이 가능한 마커로 향후 지속적인 신품종 개발에 활용할 예정임.
- 노균병/흰가루병/CMV 복합저항성, 노균병/ZYMV 복합저항성 백다다기오이 계통과 노균병/흰가루병/ZYMV 복합저항성 가시오이 계통을 활용하여 다수확 복합내병성 품종 개발에 활용하고자 함.
- 육성 계통을 유전체 분석과 비교유전체 연구를 통한 유용 형질 연관 분자마커 개발과 MAB 기술 개발에 활용하고자 함.

6. 기타 사항

- 국내에 보급된 오이 품종들이 흰가루병과 노균병 등의 진균병에 약하고, 최근 심각한 피해를 초래하고 있는 바이러스(CMV, ZYMV 등) 병에도 이병성으로 저항성 품종에 대한 재배자의 수요가 매우 높은 상황임. 특히, 바이러스 병해 피해는 기후온난화에 따라 급속히 확산되고 있는 실정으로 저항성 품종의 개발과 보급이 시급함.
- 오이는 단위면적당 농가소득이 가장 높은 중요한 소득작물로 다수확 저항성 품종을 개발함으로써 안정적인 농가소득 기반을 제공할 필요성이 높을 뿐만 아니라 안전한 저농약 먹거리 공급 측면에서 중요성이 큼. 따라서 본 과제를 통해 육성된 저항성 계통을 활용한 지속적인 품종개발과 보급이 필요함.

제 5 장 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보

코드번호

D-08

1. 중국 시장 동향

- 세계 최대 시설오이 재배단지인 중국 산둥성 지역의 저온기 오이 재배작형이 9월 과중, 10월 정식, 이듬해 5~6월 수확하는 단일 작형에서 9월 과중과 2월 과중 작형으로 빠르게 분할되고 있다. 이는 기후변화와 재배환경이 열약해짐에 따라 장기재배 방식을 통한 고품질 오이 생산이 어려워지기 때문이다. 이에 따라 전체 종자시장의 규모는 확대 추세이며 재배자 수준에서 재배 안정성이 높은 품종에 대한 수요가 증가하고 있다.
- 기존의 중국 가시오이 품종은 암꽃의 착생비율이 25%인 monoecy 품종이 주류였으나 최근 암꽃 착생률이 60% 이상이거나 100%인 자성(gynoecy) 품종이 시장에 출시되고 있다. 관수와 관비 기술이 보급됨에 따라 질성이 높은 품종의 재배가 확산될 것으로 전망된다.

2. 오이 분자육종 기술 개발

가. 노균병, 흰가루병 저항성 분자마커 개발

- Wisconsin 대학, North Carolina University, Bayer Vegetable Seeds, USDA_ARS 연구팀은 오이 순계 WI7120 (PI 330628)의 노균병 저항성 QTL mapping을 수행하여 저항성에 관여하는 1개의 major QTL과 2개의 minor QTL을 동정하였다. WI7120 x 9930의 교배조합으로부터 338개 SSR, SNP마커를 이용하여 연관지도를 작성하였고, 243 개체의 F_{2:3} 집단을 이용하여 QTL을 mapping 하였다(Wang 등, 2016).
- 중국 저장성 농업과학원 채소연구소팀은 흰가루병 저항성 유전자 동정을 위해 specific length amplified fragment (SLAF) sequencing방법과 BSA 방법을 함께 적용하였다. 저항성친과 이병성친을 이용하여 251개체의 F₂ 분리집단을 육성하였다. 평균 depth가 99.11x인 73,100 개의 SLAF tag를 시퀀싱하여 총 5,355개의 polymorphic tag를 동정하였으며 140개의 저항성 연관 SLAF를 동정하였다. 이 들 중 두 개의 Hot region을 1번과 6번 염색체에서 발견하였다. 이 영역에는 독소 대사, 세포 스트레스 반응, 상해 반응 등 저항성 기작과 관련된 5개 유전자 존재한다 (Zhang 등, 2015).

- 중국 농업과학원 채소화훼연구소(IVF, CAAS)팀은 오이 줄기의 흰가루병 저항성 유전자에 대한 맵핑과 후보 유전자 분석을 수행하였다. 저항성친과 이병성친의 F₂ 집단에 대해 10개의 SSR 마커를 이용하여 맵핑하였으며, 하배측의 저항성은 단인자 열성유전자(*pm-h*)에 의해 결정되고 식물체의 전체적인 저항성에 중요한 역할을 한다고 보고하였다(Liu 등, 2017).
- Wisconsin 대학, North Carolina University, 북경농업과학원, USDA_ARS 연구팀은 야생 오이 유전자원 PI197088에서 유래한 148개 RIL 집단을 이용하여 2,780개의 SNP를 이용하여 유전자지도를 작성하고, GBS (genotyping-by-sequencing) 방법을 이용하여 흰가루병과 노균병 저항성에 대한 QTL mapping을 수행하였다. 실험 결과 노균병 저항성에 관여하는 11개의 QTL(3 개 major QTL)과 흰가루병 저항성에 관여하는 4개의 QTL를 맵핑하였다(Wang 등, 2017).
- 중국 Yangzhou 대학교 연구팀은 흰가루병 저항성 후보 유전자 동정을 위해 저항성친과 이병성친을 이용하여 12회의 여교잡을 통해 육성된 CSSL (Chromosome Segment Substitution Line)을 이용하였다. 여교잡 계통과 이병성친의 전장유전체 분석을 통해 SNP와 indel을 동정하였으며, qRT-PCR을 통해 5개 저항성 유전자를 동정하였으며 upstream영역에서 두 개의 전사체 조절 유전자가 흰가루병 저항성에 관여함을 보고하였다(Xu 등, 2017).

나. PRSV 저항성 분자마커 개발

- 중국 농업과학원 채소화훼연구소(IVF, CAAS) 팀은 오이 PRSV (papaya ring spot virus) 저항성 유전자를 SSR 마커를 이용하여 F₂ 집단에서 단인자 열성 유전자를 맵핑하였다(Tian 등, 2015)

다. 과실 형질 연관 QTL 분석

- 중국 Shanghai Jiaotong University 연구팀은 Specific Length Amplified Fragment (SLAF)에 기반한 고밀도 유전자지도를 작성하였고 QTL 분석을 통해 과실 형질에 관련된 QTL 분석을 수행하였다. 153개의 F₂ 집단을 이용하여 4,475개의 SNP 마커를 이용하여 평균 유전적 거리가 0.35cM인 유전자지도를 작성하고 이로부터 과실 길이, 과경에 대한 QTL 분석을 통해 15개 QTL을 동정하였다(Zhu 등, 2016).

참고문헌

코드번호	D-14
Agrawal AA, Janssen A, Bruin J, Posthumus MA, Sabelis MW (2002) An ecological cost of plant defence: attractiveness of bitter cucumber plants to natural enemies of herbivores. <i>Ecol lett</i> 5:377-385	
Andeweg JM, DeBruyn JW (1959) Breeding of non-bitter cucumbers. <i>Euphytica</i> 8:13-20.	
Balkema-Boomstra AG, Zijlstra S, Verstappen FW, Inggamer H, Mercke PE, Jongsma MA, Bouwmeester HJ (2003) Role of cucurbitacin C in resistance to spider mite (<i>Tetranychus urticae</i>) in cucumber (<i>Cucumis sativus</i> L.). <i>J Chem Ecol</i> 29:225-235.	
Bisht IS, Bhat KV, Tanwar SP, Bhandari DC, Joshi K, Sharma AK (2004) Distribution and genetic diversity of <i>Cucumis sativus</i> var. <i>hardwickii</i> (Royle) Alef in India. <i>J Horti Sci Biotechnol</i> 79:783-791.	
Bisognin DA (2002) Origin and evolution of cultivated cucurbits. <i>Ciência Rural</i> 32:715-723.	
Cardinal AJ, Whetten R, Wang S, Auclair J, Hyten D, Cregan P, Bachlava E, Gillman J, Ramirez M, et al (2014) Mapping the low palmitate fap1 mutation and validation of its effects in soybean oil and agronomic traits in three soybean populations. <i>Theor Appl Genet</i> 127:97-111.	
Caranta C, PXieger S, Lefebvre V, Daubeze AM, Thabuis A, Palloix A. (2002) QTLs involved in the restriction of Cucumber mosaic virus (CMV) long-distance movement in pepper. <i>Theor Appl Genet.</i> 104:586-591.	
Chhetri M, Bariana H, Wong D, Sohail Y, Hayden M, Bansal U (2017) Development of robust molecular markers for marker-assisted selection of leaf rust resistance gene Lr23 in common and durum wheat breeding programs. <i>Mol Breed</i> 37:21.	
Chi X, Gu X, Zhang S, Wang X, Wang Y (2007) Identification of molecular markers linked to foliage non-bitterness gene (bi) in <i>Cucumis sativus</i> L. <i>Acta Horti Sin</i> 34:1177-1182.	
Distefano G, Caruso M, La Malfa S, Gentile A, Wu SB (2012) High resolution melting analysis is a more sensitive and effective alternative to gel-based platforms in analysis of SSR—an example in citrus. 7:e44202.	
Dogimont C, Leconte L, Perin C, Thabuis A, Lecoq H, Pitrat M. (2000) Identification of QTLs contributing to resistance to different strains of Cucumber Mosaic cucumovirus in melon. <i>Acta Horti.</i> 510:391-398.	
Doyle JJ, Doyle JL (1987) Isolation of plant DNA from fresh tissue. <i>Focus</i> 12:13-15	

- Essafi A, Díaz-Pendón JA, Moriones E, Monforte AJ, Garcia-Mas J, Martín-Hernández AM. (2009) Dissection of the oligogenic resistance to Cucumber mosaic virus in the melon accession PI 161375. *Theor Appl Genet.* 118(2):275-284.
- Gu X, Zhang S, Zhang S (2006) The AFLP markers linked with the bitter fruit gene (Bt) in cucumber. *Acta Hortic Sin* 33:140-142.
- Huang S, Li R, Zhang Z, Li L, Gu X, Fan W, Lucas WJ, Wang X, Xie B, et al (2009) The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. *Nat Genet* 41:1275-1281.
- Jeong HJ, Jo YD, Park SW, Kang BC (2010) Identification of Capsicum species using SNP markers based on high resolution melting analysis. *Genome* 53:1029-1040.
- Jeong HJ, Kwon JK, Pandeya D, Hwang J, Hoang NH, Bae JH, Kang BC (2012) A survey of natural and ethyl methane sulfonate-induced variations of eIF4E using high-resolution melting analysis in *Capsicum*. *Mol Breed* 29:349-360.
- Kano Y, Goto H (2003) Relationship between the occurrence of bitter fruit in cucumber and the contents of total nitrogen, amino acid nitrogen, protein, and HMG-CoA reductase activity. *Sci Hortic* 98:1-8.
- Lee HR, An HJ, You YG, Lee J, Kim HJ, Kang BC, Harn CH (2013) Development of a novel codominant molecular marker for chili veinal mottle virus resistance in *Capsicum annuum* L. *Euphytica* 193:197-205.
- Li M, Gong Y, Miao H, Wu J, Gu X, Zhang S, Wang X (2010) Fine mapping of the foliage bitterness gene (Bi) in *Cucumis sativus*. *Acta Hortic Sin* 37:1073-1078.
- Liu L, Venkatesh J, Jo YD, Koeda S, Hosokawa M, Kang JH, Goritschnig S, Kang, BC (2016) Fine mapping and identification of candidate genes for the sy-2 locus in a temperature-sensitive chili pepper (*Capsicum chinense*). *Theor Appl Genet* 129:1541-1556.
- Martínez-Silva AV, Aguirre-Martínez C, Flores-Tinoco CE, Alejandri-Ramírez ND, Dinkova TD. (2012) Translation initiation factor AtelF (iso) 4E is involved in selective mRNA translation in *Arabidopsis thaliana* seedlings. *PloS ONE.* 7(2):e31606.
- Miao H, Lu HW, Cui JY, Tian GL, Wehner TC, Gu XF, and Zhang SP. (2017) Molecular mapping and candidate gene analysis for resistance to powdery mildew in *Cucumis sativus* stem. *Genet.Mol.Res.* 16(3):gmr16039680.
- Mukherjee PK, Nema NK, Maity N, Sarkar BK (2013) Phytochemical and therapeutic potential of cucumber. *Fitoterapia* 84:227-236.
- Naruoka Y, Ando K, Bulli P, Muleta KT, Rynearson S, Pumphrey MO (2016) Identification and validation of SNP markers linked to the stripe rust resistance gene in wheat. *Crop Sci* 56:3055-3065.

- Neelam K, Brown-Guedira G, Huang L (2013) Development and validation of a breeder-friendly KASPar marker for wheat leaf rust resistance locus Lr21. *Mol Breed* 31:233-237.
- Phillips DR, Rasbery JM, Bartel B, Matsuda SP (2006) Biosynthetic diversity in plant triterpene cyclization. *Curr Opin Plant Biol* 9:305-314.
- Qi J, Liu X, Shen D, Miao H, Xie B, Li X, Zeng P, Wang S, Shang Y, et al (2013) A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *Nat Genet* 45:1510-1515.
- Rasheed A, Wen W, Gao F, Zhai S, Jin H, Liu J, Guo Q, Zhang Y, Dreisigacker S, et al (2016) Development and validation of KASP assays for genes underpinning key economic traits in bread wheat. *Theor Appl Genet* 129:1843-1860.
- Rubio M, Caranta C, Palloix A (2008) Functional markers for selection of potyvirus resistance alleles at the *pvr2-eIF4E* locus in pepper using tetra-primer ARMS-PCR. *Genome* 51:767-771.
- Seipp MT, Durtschi JD, Liew MA, Williams J, Damjanovich K, Pont-Kingdon G, Lyon E, Voelkerding KV, Wittwer CT (2007) Unlabeled oligonucleotides as internal temperature controls for genotyping by amplicon melting. *J Mol Diagn* 9:284-289.
- Shang Y, Ma Y, Zhou Y, Zhang H, Duan L, Chen H, Zeng J, Zhou Q, Wang S, et al (2014) Biosynthesis, regulation, and domestication of bitterness in cucumber. *Science* 346:1084-1088.
- Shibuya M, Adachi S, Ebizuka Y (2004) Cucurbitadienol synthase, the first committed enzyme for cucurbitacin biosynthesis, is a distinct enzyme from cycloartenol synthase for phytosterol biosynthesis. *Tetrahedron* 60:6995-7003.
- Tian G, Yang Y, Zhang S, Miao H, Lu H, Wang Y, Xie B, Gu X. (2015) Genetic analysis and gene mapping of papaya ring spot virus resistance in cucumber. *Molecular breeding* 35:110.
- Wang Y, VandenLangenberg K, Wen C, Wehner TC, Weng Y. (2017) QTL mapping of downy and powdery mildew resistances in PI 197088 cucumber with genotyping-by-sequencing in RIL population. *Theor Appl Genet.* 131: 1-15.
- Wang Y, VandenLangenberg K, Wehner TC, Kraan PA, Suelmann J, Zheng X, Owens K, Weng Y. (2016) QTL mapping for downy mildew resistance in cucumber inbred line WI7120 (PI 330628). *Theor Appl Genet.* 129(8):1493-505.
- Xu Q, Shi Y, Yu T, Xu X, Yan Y, Qi X, Chen X. (2016) Whole-Genome Resequencing of a Cucumber Chromosome Segment Substitution Line and Its Recurrent Parent to Identify Candidate Genes Governing Powdery Mildew Resistance. *PLOS ONE* 11(10): e0164469.

- Zhang P, Zhu Y, Wang L, Chen L, Zhou S (2015) Mining candidate genes associated with powdery mildew resistance in cucumber via super-BSA by specific length amplified fragment (SLAF) sequencing. *BMC Genomics* 16:1058.
- Zhang S, Miao H, Cheng Z, Zhang Z, Wu J, Sun R, Gu X (2011) The Insertion-deletion (Indel) marker linked to the fruit bitterness gene (*bt*) in cucumber. *J Agri Biotechnol* 19:649-653.
- Zhang S, Miao H, Sun R, Wang X, Huang S, Wehner TC, Gu X (2013) Localization of a new gene for bitterness in cucumber. *J Hered* 104:134-139.
- Zhang WW, Pan JS, He HL, Zhang C, Li Z, Zhao JL, Yuan XJ, Zhu LH, Huang SW, Cai R. (2012) Construction of a high density integrated genetic map for cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Theor Appl Genet.* 124(2):249-259.
- Zhu W, Huang L, Chen L, Yang J, Wu J, Qu M, Yao D, Guo C, Lian H, He H, Pan J, and Cai R. (2016) A High-Density Genetic Linkage Map for Cucumber (*Cucumis sativus* L.): Based on Specific Length Amplified Fragment (SLAF) Sequencing and QTL Analysis of Fruit Traits in Cucumber. *Front Plant Sci.* 7: 437.

[별첨]

자체평가의견서

1. 과제현황

			코드번호	D-15	
			과제번호	115079-2	
사업구분	농식품기술개발사업				
연구분야	원예작물 유전/육종		과제구분	단위	
사업명	농생명산업기술사업			주관	
총괄과제	-		총괄책임자	-	
과제명	기후온난화 대응 고온스트레스 저항성 오이 품종 개발		과제유형	(기초,응용,개발)	
연구기관	세종대학교 산학협력단		연구책임자	송기환	
연구기간 연구비 (천원)	연차	기간	정부	민간	계
	1차년도	2015.12.18. ~ 2016.12.17.	100,000	25,000	125,000
	2차년도	2016.12.18. ~ 2017.12.17.	100,000	25,000	125,000
	3차년도				
	4차년도				
	5차년도				
	계				
참여기업	농업회사법인 (주)파트너종묘				
상대국		상대국연구기관			

2. 평가일 : 2018년 2월 5일

3. 평가자(연구책임자) :

소속	직위	성명
세종대학교	부교수	송기환

4. 평가자(연구책임자) 확인 :

본인은 평가대상 과제에 대한 연구결과에 대하여 객관적으로 기술하였으며, 공정하게 평가하였음을 확약하며, 본 자료가 전문가 및 전문기관 평가 시에 기초자료로 활용되기를 바랍니다.

확약	
----	---

I. 연구개발실적

1. 연구개발결과의 우수성/창의성

■ 등급 : (아주우수, 우수, 보통, 미흡, 불량)

- 복합내병성 오이 계통 육성 : 노균병/흰가루병/CMV, ZYMV
- 오이 후보품종 육성 : 백다다기오이 6조합, 취청오이 5조합
- 오이 신품종 품종보호출원: ‘청수백다다기’, ‘삼복낙합’
- 기술이전 : ‘청수백다다기’ (농업회사법인 (주)하나종묘)
- 세계 최초로 오이 쓴맛 유전자(*Bi*) 기반 대용량 분석용 KASP 분자마커 개발

2. 연구개발결과의 파급효과

■ 등급 : (아주우수, 우수, 보통, 미흡, 불량)

- 고온착과력이 우수한 다수확 고품질 오이품종 보급 : 연속수확 작물인 오이에서 낙과와 기형과 발생 등의 고온 피해가 증가하고 있는 실정이며, 고온착과력이 우수한 품종은 농가소득증대에 기여
- 국내 오이 품종의 내병성 수준 향상 : 최근 바이러스 피해가 확산되고 있고 노균병과 흰가루병 피해가 증가하고 있으나 국내 품종들의 내병성 수준이 낮은 실정으로 본 과제를 통해 육성된 계통은 국내 품종의 내병성 강화에 기여할 수 있음

3. 연구개발결과에 대한 활용가능성

■ 등급 : (아주우수, 우수, 보통, 미흡, 불량)

- 개발된 신품종의 기술이전을 실시하였으며 오이 주산단지에서 품종개발을 통해 확산되도록 함
- 육성된 복합내병성 계통을 지속적인 오이 신품종 개발에 활용
- 오이 쓴맛 유전자(*Bi*) 기반 분자마커 활용 : 국내 오이 품종은 쓴맛 유전자를 가지고 있어 불량환경에서 쓴맛이 발현되는 문제점을 가지고 있으며, 본 과제에서 개발된 마커를 활용하여 쓴맛이 없는 오이 품종 개발에 활용가능

4. 연구개발 수행노력의 성실도

■ 등급 : (아주우수, 우수, 보통, 미흡, 불량)

- 연구개발 계획서의 연구 내용(품종 육성, 내병성 계통육성, 분자마커 개발)을 충실히 수행하였으며, 쓴맛 유전자 기반 분자마커 개발에 대한 추가 성과를 달성하였음

5. 공개발표된 연구개발성과(논문, 지적소유권, 발표회 개최 등)

■ 등급 : (아주우수, 우수, 보통, 미흡, 불량)

- SCI 논문 발표 1건 : Development of *Bi* Gene-based SNP Markers for Genotyping for Bitter-free Cucumber Lines. Horticulture, Environment, and Biotechnology 59(2)
- 학술발표 1건 : Inheritance Study of a CMV Resistance Gene in Cucumber (*Cucumis Sativus* L.) and Candidate Gene Analysis. Korean J. Hortic. Sci. Technol. 34 (Suppl I) May 2016
- 품종보호출원 2건 : ‘청수백다다기’(출원2016-470), ‘삼복낙합’(출원 2017-460)

II. 연구목표 달성도

세부연구목표 (연구계획서상의 목표)	비중 (%)	달성도 (%)	자체평가
○기후온난화 대응 고온스트레스 저항성 오이 유전자원 개발	20	100	- 고온차과력이 우수한 노균병/흰가루병 복합저항성 백다다기오이 10계통을 육성하여 목표를 달성하였음
○고온스트레스 저항성 다수확 오이 품종개발	40	100	- 백다다기오이 6조합, 취청오이 5조합의 후보품종을 선발하였고, ‘청수백다다기’와 ‘삼복낙합’의 품종보호출원을 완료하여 목표를 달성하였음
○바이러스 병해 증가에 대비한 CMV 및 ZYMV 저항성 오이 계통 육성	20	100	- 유묘검정과 포장저항성검정을 통해 CMV 저항성 백다다기오이 4계통, ZYMV 저항성 백다다기오이 6계통, 가시오이 1계통을 선발하여 목표를 달성하였음
○복합형질 품종개발을 위한 CMV 저항성 연관 분자표지 개발	20	90	- CMV 저항성 유전분석을 수행하였고 연관 분자마커 개발을 위한 후보유전자 분석을 수행하였으나 분자마커 개발을 위한 추가연구가 필요함
합계	100점	98점	

III. 종합의견

1. 연구개발결과에 대한 종합의견

- 본 연구과제의 최종목표는 고온차과력이 우수한 오이 품종 개발이며, 과제 수행을 통해 신품종 2건에 대한 품종보호출원과 1건에 대한 기술이전을 완료하여 산업화 기반을 확보하였음. 또한, 후보품종과 복합내병성 계통을 육성하여 지속적인 신품종 개발을 위한 기반을 구축하였음.
- 국내 오이 품종의 내병성 수준이 낮은 상황에서 개발된 육종계통들은 내병성 품종 개발에 기여할 것으로 판단됨
- 개발된 쓴맛 유전자 기반의 분자마커는 쓴맛 유전자가 있는 국내 품종의 육종연구에 실질적으로 활용되어 육종연한 단축에 기여할 것으로 판단됨

2. 평가시 고려할 사항 또는 요구사항

- 육종연구를 통한 신품종 개발에 장기 프로젝트가 필요한 상황에서 2년의 단기 연구과제를 통해 품종개발 성과를 달성하였음
- 오이 쓴맛 유전자 기반 분자마커 개발은 추가 연구성과로 육종연구에 활용도가 높음

3. 연구결과의 활용방안 및 향후조치에 대한 의견

- 개발된 신품종의 시장개발과 보급을 통해 산업화 추진
- 육성된 내병성 계통을 활용하여 오이 품종의 기본 요구형질인 다수성과 상품성을 충족하는 복합내병성(노균병, 흰가루병, CMV, ZYMV) 계통 육성과 품종 개발이 필요하며 이를 위한 추가 연구가 필요함

IV. 보안성 검토

--

※ 보안성이 필요하다고 판단되는 경우 작성함.

1. 연구책임자의 의견

--

2. 연구기관 자체의 검토결과

--

주 의

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