

116076
-3

발간등록번호

11-1543000-002619-01

기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화기술 개발 최종보고서

2019. 02. 14.

주관연구기관 / 농업회사법인(주)하나종묘
협동연구기관 / 세종대학교, 서울대학교

농림축산식품부
농림식품기술기획평가원

기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화기술 개발 최종보고서

2019


농림식품기술기획평가원
농림축산식품부

제 출 문


농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 “기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화기술 개발”(개발기간 : 2016. 09. 05. ~ 2018. 12. 31.)과제의 최종보고서로 제출합니다.

2019. 03. 29.

주관연구기관명 : 농업회사법인(주)하나중요 

협동연구기관명 : 세종대학교 산학협력단장  (인)

서울대학교 산학협력단장 

주관연구책임자 : 김동암

협동연구책임자 : 송기환

협동연구책임자 : 박지영

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의합니다.

보고서 요약서

과제고유번호	116076-3	해당단계 연구기간	2016.09.05. ~ 2018.12.31.	단계구분	(1단계)/ (1단계)
연구사업명	단위사업	농식품기술개발사업			
	사업명	농생명산업기술개발사업			
연구과제명	대과제명	기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화기술 개발			
	세부과제명	기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화 연구			
연구책임자	김동암	해당단계 참여연구원 수	총: 9명 내부: 7명 외부: 2명	해당단계 연구개발비	정부: 700,000천원 민간: 175,000천원 계: 875,000천원
		총연구기간 참여연구원 수	총: 9명 내부: 7명 외부: 2명	총연구개발비	정부: 700,000천원 민간: 175,000천원 계: 875,000천원
연구기관명 및 소속부서명	농업회사법인(주)하나종묘 육종연구소 세종대학교 산학협력단 서울대학교 산학협력단			참여기업명	농업회사법인(주)하나종묘
국제공동연구	상대국명:			상대국 연구기관명:	
위탁연구	연구기관명:			연구책임자:	

※ 국내외의 기술개발 현황은 연구개발계획서에 기재한 내용으로 같음

연구개발성과의 보안등급 및 사유	공개
----------------------	----

구분	논문	특허	보고서 원문	연구시설 ·장비	기술요약 정보	소프트 웨어	화합물	생명자원		신품종	
								생명정 보	생물자 원	정보	실물
등록·기탁 번호											

국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황

구입기관	연구시설·장 비명	규격 (모델명)	수량	구입연월일	구입가격 (천원)	구입처 (전화)	비고 (설치장소)	NTIS 등록번호

요약

- 오이 내저온성의 부계유전 현상 구명
- 내저온성 오이 유전자원 선발
- 내저온성, 노균병 저항성, 흰가루병 저항성 복합형질 계통 육성
- 백다다기오이 및 가시오이 오이 후보품종 개발
- 중국 수출용 백다다기오이 및 가시오이 후보품종 선발
- 오이 신품종 품종보호출원 3건: ‘수미백다다기’, ‘고은백다다기’, ‘새론청장’
- 오이 품종의 시교사업 및 산업화
- 내저온성 오이 계통의 전장유전체 분석 및 내저온성 후보 유전자 분석
- 내저온성 오이 계통의 엽록체 및 미토콘드리아 유전체 분석을 통한 미토콘드리아 부계 유전양상 구명 및 내저온성 연관 유전자 분석
- 유전체 데이터 기반 내저온성 연관 분자마커 개발
- 내저온성 관련 유전자군의 분석

보고서 면수
143페이지

< 요약문 >

연구의 목적 및 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 연구 목표 : 내저온성 오이 품종과 내저온성 분자유종 기술 개발 <ul style="list-style-type: none"> 1) 오이 후보품종의 지역적응성시험과 시교사업을 통한 품종개발과 산업화 2) 고품질 다수확 내저온성 계통 및 조합 육성 3) 오이 내저온성 분자유종기술 확립 ○ 연구 내용 <ul style="list-style-type: none"> 1) 내저온성 오이 품종 상용화 연구 <ul style="list-style-type: none"> - 국내 및 중국 오이 주산단지 지역적응성시험 및 품종개발 2) 신규 고품질 다수확 내저온성 오이 계통 및 조합 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 내저온성 및 병 저항성(흰가루병, 노균병) 계통 육성 - 내저온성 고품질 다수확 계통 및 후보품종 육성 3) 오이 내저온성 분자유종기술 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 내저온성 오이 육종계통의 NGS 기반 핵 및 세포질 유전체 분석 - 내저온성 관련 유전자 발굴 및 유전자내 변이기반 마커 개발 - 내저온성 오이 육종에 활용하기 위한 분자 세트 개발 				
연구개발성과	<ul style="list-style-type: none"> ○ 오이 내저온성 유전분석을 통한 부계유전 양식 구명 ○ 내저온성 오이유전자원 선발 및 병저항성 복합형질 계통 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 유묘 실내 내저온성 검정 기술 개발 및 내저온성 유전자원 5점 선발 - 내저온성 노균병 및 흰가루병 저항성 6계통 육성 ○ 오이 신품종 육성 및 품종보호출원 : 수미백다다기 , 고은백다다기 , 새론 청장 육성 및 품종보호출원 ○ 오이 후보품종의 시교사업 및 산업화 <ul style="list-style-type: none"> - 백다다기오이 후보품종 2조합, 가시오이 4조합 선발 - 중국 산둥성 지역 시교사업을 통한 수출용 오이 품종 3조합 개발 ○ 내저온성 오이 계통의 유전체 분석 <ul style="list-style-type: none"> - 내저온성 및 감수성 오이 육종계통의 전장 유전체 분석 ○ 내저온성 오이 계통의 세포질 유전체(엽록체, 미토콘드리아) 분석 <ul style="list-style-type: none"> - 내저온성 계통과 감수성 계통, 정역교배 F₁의 엽록체 유전체 완성 및 미토콘드리아 변이지역을 분석하여 세포질 유전양상 검증 ○ 오이 내저온성 연관 분자마커 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 유전체 데이터를 바탕으로 내저온성 관련 후보 유전자 선발 , 총 1개의 분자표지 중 10개의 마커세트 선발 및 집단 적용 ○ 오이 내저온성 관련 유전자 분석 <ul style="list-style-type: none"> - 내저온성 관련 유전자군 (AP2/EREBP, dehydrin, SOD, APX, CAT)분석 				
연구개발성과의 활용계획 (기대효과)	<ul style="list-style-type: none"> ○ 개발된 오이 품종의 기술이전 및 사업화 ○ 국내 및 중국 수출용 고품질 다수확 오이 품종 개발 ○ 오이 내저온성 연관 유전체 정보를 활용한 체계적인 육종전략 수립 ○ 품종 보급을 통해 농산물 생산 안정화와 농가소득 향상에 기여 				
국문핵심어	오이	내저온성	품종	분자표지	유전체 분석
영문핵심어	cucumber	chilling tolerance	variety	molecular marker	genome sequencing

< 목 차 >

1. 연구개발과제의 개요	1
2. 연구수행 내용 및 결과	18
3. 목표 달성도 및 관련 분야 기여도	131
4. 연구결과의 활용 계획 등	138
붙임. 참고 문헌	140

1. 연구개발과제의 개요

1-1. 연구개발의 목적

가. 연구 개발의 목표

- 연구 개발의 최종 목표: 국내 저온기 시설재배 및 중국 월동재배용 내저온성 오이 품종 및 내저온성 분자유종기술 개발
- 세부 목표
 - (1) 내저온성 오이 품종 상용화
 - 선행연구를 바탕으로 후보품종들의 지역적응성시험 및 시교사업을 통해 품종개발 및 상용화
 - 저온스트레스(7℃ 이하)에 의한 착과 및 비대 불량 그리고 기형과 발생이 적어 수확량과 상품성이 우수한 오이 품종 개발 (그림 1-1)



그림 1-1. 연구개발 목표 품종의 주요 형질 구성요소

(2) 신규 내저온성 복합형질 오이 계통 및 조합 육성

- 성능이 개선된 고품질 다수확 내저온성 품종개발을 위해 우수 육종계통 육성
- 목표 형질: 기본요구 형질인 다수성을 바탕으로 내저온성 형질을 보유하며 흰가루병과 노균병에 저항성인 복합형질 계통 및 품종
- 목표 수량성: 시설재배 오이 단위면적당 생산량은 7,508kg/10a이며 (농림수산식품부, 2014) 목표품종은 착과율 향상과 기형과 발생 감소를 통해 5% 이상의 증수를 목표로 함.
- 형질별 육종목표 지수(1~9 scale): 기존 품종 대비 내저온성(3→7), 흰가루병 저항성(4→6), 노균병 저항성(3→5), 외관품질(7→9), 식미품질(5→6)을 개선 (그림 1-2)

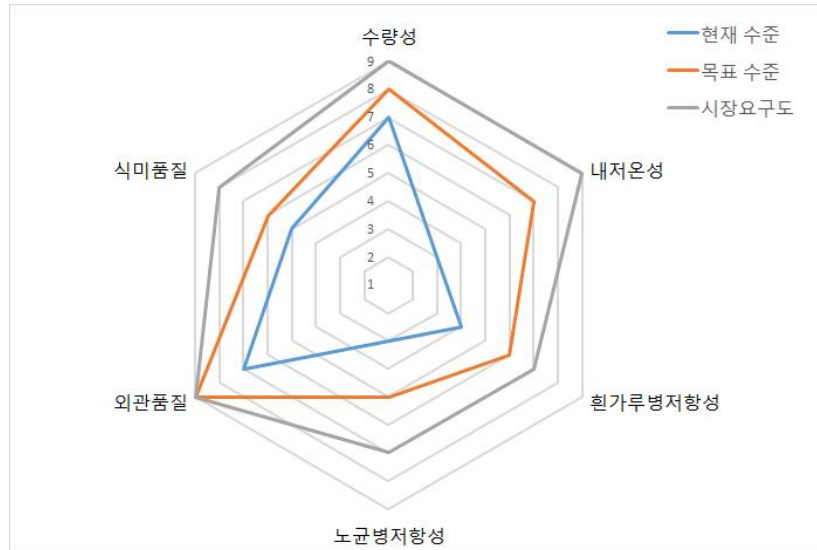


그림 1-2. 오이 주요 형질의 현재수준 및 목표수준

(3) 내저온성 오이 분자유종 기술 개발

- 내저온성 육종을 지속적이며 체계적으로 뒷받침할 수 있는 분자유종기술의 확립
- 핵과 세포질(엽록체, 미토콘드리아)의 유전체 분석을 통해 내저온성과 연관된 유전체 정보 분석
- 유전체 정보를 이용한 연관 분자표지 개발 및 이를 활용한 분리세대 및 여교잡세대 선발기술 확립

나. 연구개발의 목표시장

- 개발 대상 품종군은 백다다기오이와 가시오이이며 목표시장은 국내 저온기 시설재배와 중국 산동성 지역 일광온실(solar-greenhouse) 재배 작형
- 국내 저온기 재배작형은 10 ~ 1월 파종의 축성, 반축성작형으로 목표 품종군은 백다다기오이와 가시오이임.
- 중국 산동성 지역은 9 ~ 11월 파종, 11월 ~ 5월 수확의 월동재배작형으로 목표 품종군은 백다다기오이와 가시오이임.

1-2. 연구개발의 필요성

가. 국내 기술 수준 및 시장 현황

(1) 국내 기술동향 및 수준

- 오이 내저온성 품종 개발은 과학적이고 체계적으로 진행되지 못하고 있음.
 - 내저온성은 과채류 육종의 주요 목표형질이지만 정량적인 선발지표가 개발되지 못하였고 양적 형질로 유전 연구가 전무한 상황
 - 따라서 포장 재배시험 위주의 경험적인 수준의 연구가 진행되고 있으며 재현성 있는 선발기술은 적용되지 못하고 있음 : 특히, 저온기 박과작물 재배의 경우 재배시설과

인력의 제약점으로 인해 내저온성 평가와 선발에 어려움이 있으며 이에 따라 체계적인 유전자원 개발도 미흡한 실정임.

- 국내 주요 오이 품종들은 내저온성보다는 정상 생육조건에서의 다수성과 외관품질(과장, 과형, 과피색) 관련 형질 위주로 개발되었음.
- 국내의 오이 내병성, 환경스트레스 저항성 선발기술과 분자유종기술 개발은 글로벌 작물의 위상에도 불구하고 타 작물에 비해 연구가 활발하지 못하며 유전체 연구는 전무한 실정임.
- 기존의 국내 오이 품종들의 세포질 분석 결과 감수성으로 판정되었음.
- 미국 위스콘신대학의 연구팀에서 개발된 엽록체 연관 분자표지를 국내 시판품종에 적용한 결과 모두 감수성인 GY14 유전자형으로 판별되었음.
- 오이 내저온성 선발기술 개발과 품종개발 연구는 본 연구팀을 중심으로 진행되었으며 내저온성 유도선발 기술, 내저온성 연관 분자표지 개발 기초연구, 내저온성 품종 개발에 대한 선행연구가 있음.

(2) 국내 학술연구 동향

- 오이의 내저온성 관련 유전자 및 분자유종 연구는 활발히 이루어지지 못하고 있음 : 오이 저온반응 생리연구는 있으나, 내저온성 관련 분자유종 및 분자생물학 연구는 거의 전무함.
- 저온스트레스 반응 오이의 광합성 및 생리변화에 대한 연구는 부산대, 동국대, 충남대, 농진청 원예연구소에서 1990년대부터 진행되고 있음(Oh et al., 2009; Nam et al., 2006; Lee et al., 2005; Choi et al., 2002; Lee et al., 2002; Lee and Hong, 2002; Nam et al., 2001).
- 저온내성을 가지는 오이 품종 육성을 위한 연구의 일환으로 전남대 연구팀에 의해 저온내성 유전자를 발현하는 형질전환 오이를 개발하는 연구가 진행되었음(농림부, 1997-2001; 2004-2007).
- 최근에서야 동국대 연구팀에 의해 저온 감수성과 저항성인 오이 품종에 대한 소규모 분자 마커가 분석되었음 (Lee and Chung, 2011; Ali et al., 2013; Ali et al., 2014).
- 국내에서는 아직까지 내저온성 오이 품종 육성을 위한 유전체 수준 (genome-wide)에서의 내재해성 유전자 연구 및 분자마커 개발은 이루어지고 있지 않으며, 따라서 이를 이용한 분자유종 역시 전무한 상태임.

(3) 국내 오이종자 시장현황

- 오이는 주년생산체계가 가장 발달한 채소작물로 농가의 중요한 소득 작물
- 국내 오이의 10년간 연평균 생산량은 341,894톤이며 2014년도 기준으로 과채류 중 수박(642,945톤), 토마토(432,779톤) 다음으로 생산량이 많은 주요 채소작물임 .
- 2014년 기준 시설재배 과채류 중 딸기, 토마토, 수박에 이어 4번째로 생산액이

많음(그림 1-3)

- 국내 연간 오이 총생산액은 약 4,500억 원 수준으로 고추, 딸기, 수박, 배추, 토마토에 이어 큰 규모로 농가의 주요 소득원 : 특히, 식량작물, 특용작물, 원예작물들 중 단위면적당 소득이 가장 높은(3천4백만 원/10a) 중요 현금성 작물 (출처: 농촌진흥청, 2013년)

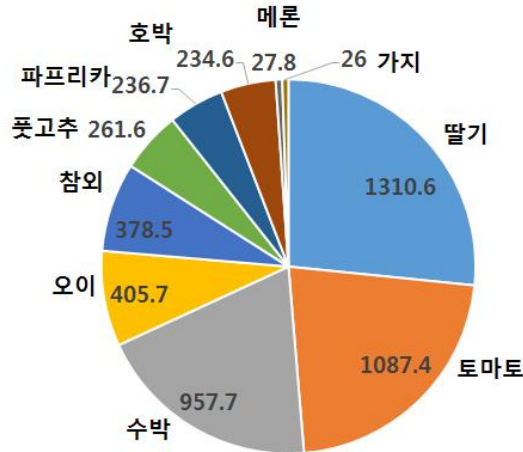


그림 1-3. 국내 시설재배 과채류 작물별 생산액(출처: 농림수산식품부, 2015)

- 국내 오이 종자시장 규모는 약 75억 규모로 백다다가가 약 71%, 취청계가 11%, 가시계가 17%를 차지; 저온기에 주로 재배되고 있는 백다다기오이와 가시오이에서 내저온성 품종 개발 필요성이 높음(출처: 종자회사 자료).

(4) 국내 산업계 현황

- 오이 품종개발은 민간 종자회사를 중심으로 수행: 국공립 연구기관의 육종지원 프로그램은 부재
- 팜한농과 농우바이오가 육종프로그램과 독자적인 영업망을 보유: 팜한농의 오이 육종프로그램이 가장 오랜 역사를 가지며 최근 몬산토코리아 인수를 통해 오이 유전자원을 확충
- 다수성과 상품성이 주요 육종목표 : 내병성 육종의 주요 목표인 노균병과 흰가루병의 경우 저항성 유전자원의 수량성과 과실품질 특성이 불량해 저항성 품종개발에 어려움을 겪고 있으며, 소규모 종자회사들은 다수성 위주의 품종보급에 주력하는 상황으로 환경적응성과 내병성에서 취약한 특성을 가짐.

나. 국외 기술 수준 및 시장 현황

(1) 국외 기술동향 및 수준

- 오이 전체 게놈 염기서열이 보고되었으며 중국그룹이 유전자 기능연구 주도
 - 채소작물 중에서 최초로 유전체 정보가 밝혀짐 : 중국농업과학원(CAAS)을 중심으로 한 중국 연구팀, 덴마크의 University of Southern Denmark, 미국의 University of California, Davis, Cornell University, University of Wisconsin 연구팀 등이 2009년 오이 게놈 염기서열을 보고하였음.
 - 특히, 중국 연구팀을 중심으로 오이 유전체 분석 및 유전자 기능 연구가 활발하게 수행되고 있음 : 최근에는 전사체 분석을 통한 암꽃(gynoecious) 유전자(2015), 쓴맛 유전자 기능 분석연구(2014)를 보고
 - Cucurbit Genomics Database에는 115개 accession의 SNP, INDELs 등이 보고되어 있음
- 과채류 내저온성 유전자 연구는 초기 단계
 - 국내외적으로 내저온성 과채류 품종 개발은 주요 육종목표가 되고 있으나 관련 생리 연구, 유전자 발현 연구, 분자유전학적 연구는 초기 단계임 : 내저온성의 생리적 기작에 대한 연구는 세포질 유동성, 광합성 능력, 근권의 흡수능력 측면에서 접근하고 있음.
 - 내저온성 선발지표 개발을 위해 세포막 구조의 손상, 세포 내용물의 용출, 항산화효소 함량 측정 등이 시도되었음.
 - 오이 내저온성 유전 및 육종연구는 중국 농업과학원과 미국 Wisconsin 대학교를 중심으로 연구가 진행 중이며 초보적인 유전분석이 수행되었고 엽록체 연관 분자표지를 개발하였음.

(2) 국외 학술연구 동향

- 오이 저온반응 연구는 중국이 선도하고 있음.
 - 중국에서 오이 저온반응 생리 및 내성 증진 기작에 대한 연구가 활발히 이루어지고 있음 (Zhang et al., 2015; Yu et al., 2015; Liu et al., 2014; Dong et al., 2014; Zhang et al., 2014; Li et al., 2014; Chen et al., 2014; Mei et al., 2013; Chen and Yang, 2013; Qian et al., 2013; Zhang et al., 2012; Zhang et al., 2011; Li et al., 2011; Zhou et al., 2009; Fan et al., 2008; Xu et al., 2008; Zhou et al., 2007; Miao et al., 2007; Hu et al., 2006; Sheng et al., 2006; Zhou et al., 2006; Zhou et al., 2004; Feng et al., 2003; Zhou et al., 2003; Zhao et al., 2003; Yu et al., 2002).
 - 이외에도 폴란드, 일본, 캐나다, 독일, 미국, 오스트레일리아에서도 오이 저온반응 생리 연구가 진행되었음 (Marta et al., 2016; Hawrylak-Nowak et al., 2010; Nakano et al., 2010; Szal et al., 2009; Posmyk et al., 2009; Govindachary et al., 2007; Nakano et al., 2006; Lee et al., 2005; Liu et al., 2005; Higuchi et al., 2003; Kudoh and Sonoike, 2002; Shen et al., 2000; Govindachary et al., 2004; Bukhov et al., 2004; Saltveit et al., 2004; Kim et al., 2001).
- 오이 저온반응 유전자 및 내저온성 분자유종 연구는 아직 활발히 이루어지고 있지 않음.

- Bi et al (2013) 는 Calvin cycle에 관여하는 transketolase 유전자를 발굴하고, 이를 이용하여 내저온성이 향상된 형질전환 오이를 제조하였음.
- North Carolina State University 연구팀에서는 핵에 존재하는 단일 우성유전자(*Ch*)를 보고하였음(Kozik 등, 2008) : 한편 Cordon과 Staub(2011)은 핵과 세포질의 내저온성 유전자원을 이용한 실험에서 핵보다는 세포질(엽록체)의 영향이 크다고 보고
- Chung et al (2007) 는 오이 품종 중 저온감수성 Gy14과 저항성 Chipper 의 엽록체 유전체 완전장 서열을 분석하고 서열 차이를 확인하였음.
- Yin et al (2004) 는 dehydrin 유전자가 발현하는 형질전환 오이를 제조하고 내저온성이 향상됨을 확인하였음.
- Chung et al (2003) 는 오이 내저온성 형질이 모계로 유전됨을 보고함 : 모계유전되는 엽록체 DNA 염기서열을 분석 비교한 결과, 내저온성 표현형과 연관된 SNP가 *atpB* 유전자와 *ycf1* 유전자에서 보고되었음.
- 오이 품종, 야생종에 대한 genome 서열 및 엽록체 유전체 서열이 보고됨.
 - 오이 야생종 (*C. sativus* var. *Hardwickii*, *Cucums hystrix*)의 엽록체 유전체 완전장 서열이 보고되었음 (Gao et al., 2015; Liu et al., 2015; Wu et al., 2016).
 - 오이 야생종을 포함한 115개 오이 line의 genome을 resequencing하고 비교함으로써, 오이 순화(domestication) 기작과 다양성을 분석하였음 (Qi et al., 2013).
 - 오이 품종 Chinese long 의 genome 서열이 중국 연구팀에 의해 완성되어 다른 박과작물(수박, 멜론)과 함께 공개되었음.
(<http://www.icugi.org/cgi-bin/ICuGI/index.cgi>, Huang et al. 2009)
 - 오이 품종 Gy14 에 대한 genome 서열이 미국 연구팀에 의해 완성되어 공개되었음 (https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html#!info?alias=Org_Csativus).
- QTL 분석으로 오이 열매길이를 결정하는 후보 유전자를 확인함 (Wei et al., 2016) .

(3) 국외 오이 종자시장 현황

- 글로벌 채소작물
 - 전 세계 오이 재배면적은 약 210만 ha로 10대 채소작물 중 약 11%를 차지하는 중요 채소작물이며 총 생산액은 360억 달러(37조원) 규모(그림 1-4)
 - 아시아지역 오이 재배면적은 전 세계 재배면적의 약 80%이며 중국은 전 세계 재배면적의 70%를 차지하는 최대 생산지임(FAO, 2015).
- 오이 종자시장은 전 세계적으로 메이저 채소종자 시장을 형성
 - 전 세계 오이 종자시장은 4,200억원 규모로 채소작물 중 토마토 다음으로 양파와 함께 큰 시장을 형성하고 있음(그림 1-5).
 - 특히, 중국 오이 종자시장 규모는 12.61억 위엔(RMB)으로 전체 채소종자 시장에서 12.9%를 차지하는 가장 비중이 높은 채소작물(농림부, 2008)



그림 1-4. 전 세계 주요 채소작물의 재배면적(출처 : FAO, 2015)

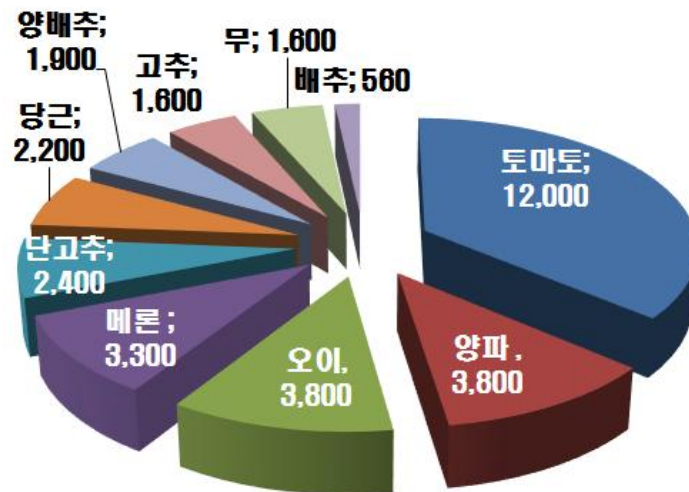


그림 1-5. 전 세계 10대 채소작물의 시장규모 (단위: 억원)
(출처 : 국립원예특작과학원, 2012)

○ 중국 시설재배의 급성장과 고급 종자 수요 확대

- 세계 최대 오이 생산국인 중국에서는 토마토와 함께 양대 채소작물(재배면적 약 130만 ha)
- 최근 산동성을 중심으로 시설재배면적이 급증함에 따라 내저온성 품종에 대한 수요가 확대되는 추세임 : 전체 재배면적의 약 25% 정도가 저온기 시설재배인 것으로 분석되고 있음(그림 1-6).

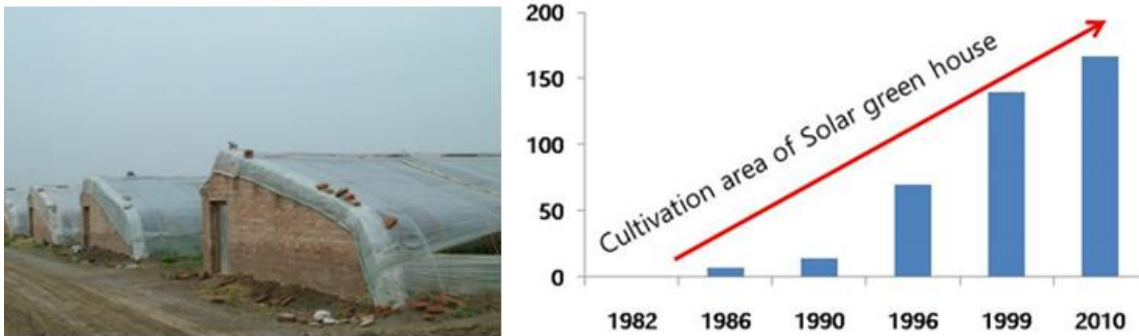


그림 1-6. 북방형 일광온실(solar green house) 및 재배면적 증가 추이

- 산동지역 시설재배면적은 180만Mu로(약 120,000ha) 유럽전체의 온실 재배면적과 같은 수준이며 주요 시설재배 작물은 토마토, 오이, 피망임
- 북방형 온실의 주요 작형인 월동재배는 9~10월 파종 10월 하순 ~12월 초 정식, 6~7월 까지 수확하는 작형으로 오이 1주당 조수익은 15RMB 수준
- 오이 종자생산가격은 400RMB/kg, 도매가격은 600RMB/kg, 소매가격은 1,500RMB/kg 수준 : 저온기 우점품종인 JinYou No. 35의 경우 1립 당 0.2 RMB(약 35원)수준으로 일반 품종에 비해 6~7배 높은 가격을 형성.

(4) 국외 경쟁기관 현황

○ 기후변화 대응 환경스트레스 저항성 육종

- 다국적 기업들은 차세대 육종의 주요 목표를 기후변화에 대비한 내재해성에 두고 이를 위한 유전자원 개발과 품종 개발에 박차를 가하고 있음.
- 내저온성은 내서성, 내건성과 함께 주요 환경스트레스 저항성 형질로 이와 관련된 생리와 유전자 발현 조절 메커니즘 연구가 수행되고 있음.
- 오이의 경우 미국 위스콘신 대학에서 내저온성 관련 세포질 및 핵내 조절인자에 대한 연구를 수행

○ 다국적기업들의 중국 시설재배 시장 진출

- 급증하는 시설 재배면적에 따라 다국적 기업 및 중국 현지 종자회사들은 시설재배용 내저온성 품종 개발에 주력

- 중국의 주요 우점 품종은 TKCRI (Tianjin Kernel & Cucumber Research Institute), 중국농업과학원의 품종들 : 월동재배 품종의 경우 1개의 우점 품종(Jinyou No. 35, TKCRI)이 연 100억원의 매출을 기록하는 등 월동작형의 종자시장 규모가 팽창
- 주요 다국적 종자회사들(몬산토, 신젠타, 누넴 등)과 Chia-Tai, East-West와 같은 아시아 종자회사들은 시설재배 시장을 목표로 육종연구를 수행 : 몬산토는 TKCRI의 품종을 도입하여 사업화하고 있으며 신젠타는 유럽형 오이(Long Dutch Green), Enza Zaden은 미니오이(Beith Alpha type) 육종프로그램을 보유

(5) 국외 지식재산권 현황

○ 박과작물 내저온성 관련 특허분석

- 박과작물의 내저온성 분야는 내건성, 내서성 등 stress 저항성 관련 유전자와 관련된 특허가 소수 보고되고 있으나 내저온성 선발 및 육종과 직접적인 관련성이 있는 특허는 없음.
- 수박의 경우 3배체 생산을 위한 접목재배와 이를 통한 내저온성 증진(US 8772582 B2), 저장도 수박 품종에서의 내저온성 증진이 등록되었음(US 7820884 B2); 그러나 품종 자체의 내저온성 증진과는 관련성이 없으며 고품질 수박을 요구하는 국내와 중국시장에 적용하기 어려움(표 1-1).
- 오이의 경우 Enza Zaden의 "Macario"가 특허등록 되어 있음; "Macario"는 미국형 슬라이서 오이로 국내 및 아시아 지역에서는 재배되지 않는 품종군에 속함(US 8450564 B2).

표 1-1. 박과 채소작물의 내저온성 관련 주요 특허 내용

작물	특허명	특허(출원) 번호	등록 (출원) 년도	회사명	유사점	차이점
수박	Methods for plant seed production	US 8772582 B2	2014	Seminis Vegetable Seeds	접목재배를 통한 접수식물체의 내냉성 증진과 3배체 획득	접수식물체의 유전적인 내냉성 증진에 대한 발명이 아님
수박	Dual purpose watermelon: reduced sugar watermelon for type 2 diabetics, and pollenizer for seedless watermelons	US 7820884 B2	2012	Gold Seed Co. Llc	식물체의 초세 강화를 통한 내냉성 증진	수박과실의 당도와 상품성이 감소함으로 국내에 적용하기 어려움
오이	Cucumber hybrid macario	US 8450564 B2	2013	Enza Zaden Beheer B.V.	복합내병성 내냉성 품종 개발	American slicer 오이로 아시아 지역 품종군과 상이함

다. 연구개발의 중요성

(1) 기후변화에 따른 생산기반 악화 대응기술 개발

○ 기후변화로 인한 이상기후로 예측할 수 없는 피해 발생

- 최근 기후변화로 인해 이상고온과 이상저온 현상이 빈발하면서 농업생산에 큰 위협요인으로 작용하고 있음 : 최근 20년간 1월 최저기온이 하강 (그림 1-7)

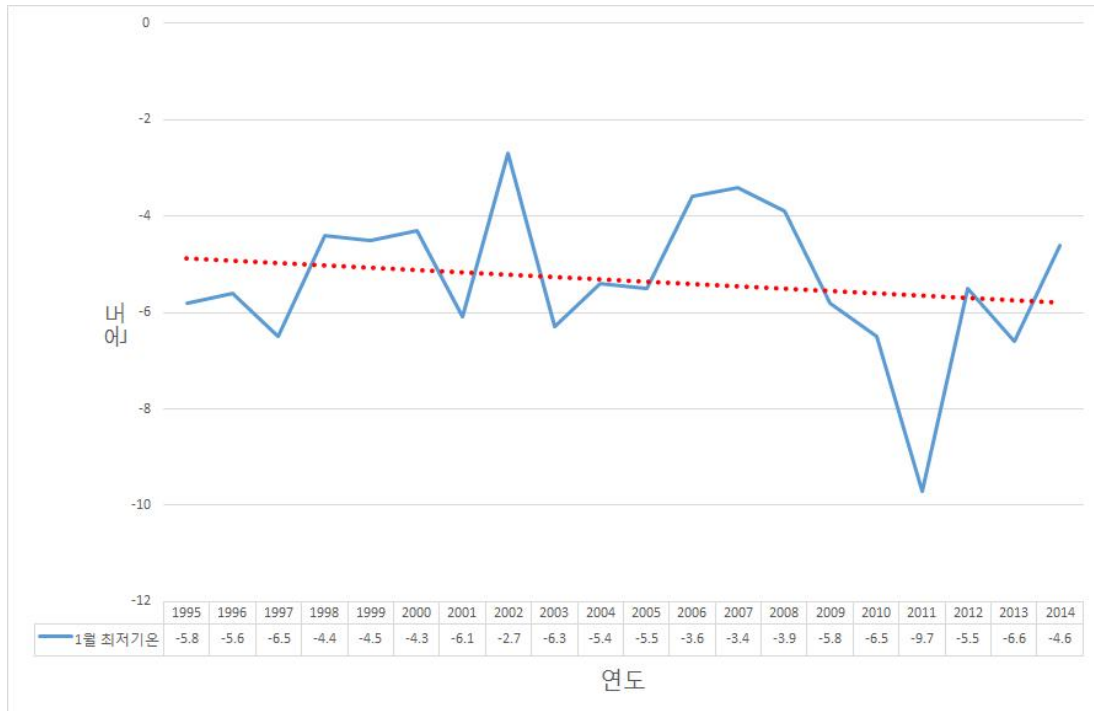


그림 1-7. 지난 20년간 1월 중 최저기온 변화양상(출처: 기상청, 2015)

- 2015년 농업부문에 영향을 미친 이상기후로는 겨울철의 한파와 대설, 봄철의 저온과 호우, 여름철의 우박과 가뭄 등으로 요약될 수 있음 (이상기후보고서, 2015): 2015년 11월 ~ 12월 저온과 일조부족으로 중부지역의 많은 오이 재배농가 폐농사례 발생
- 2014년 12월의 기온은 평년보다 2.1℃ 낮았고, 특히 12월 상순의 기온은 평년보다 3.3℃ 낮아서 늦게 파종하여 적정 잎 수가 확보되지 못한 일부 월동작물에서 동해 발생 : 4월 중반까지의 쌀쌀한 날씨와 잦은 강수 현상으로 인해 시설채소작물 및 과수의 착과불량 피해 발생
- 이상저온 및 일조부족의 대표적인 피해 사례는 2010년 냉해로 인한 먹을거리 폭등(이상기후특별보고서, 2010)
 - 2010년 이상저온과 일조량 부족으로 월동작물의 생육부진, 수정불량, 낙화, 병해충발생 등으로 수량 및 상품성 저하 → 전체 시설면적의 28%(14,000 ha)에 피해 발생(표 1-2)
 - 잦은 강수에 의한 저온 및 일조부족 (2010. 1~3월)으로 채소재배에 큰 피해가 발생하여 오이 41.6%, 방울토마토 27.3%, 풋고추 55.6%, 상추 20.6%, 배추 93.5% 로 가격급등

표 1-2. 2010년도 저온 일조부족에 의한 시설작물별 피해규모

구분	피해면적 (ha)	피해율		
		~30%	30~50%	50%~
계	14,105	594	4,128	9,383
채소	12,594	259	3,278	9,057
과수	67	2	51	14
화훼	349	50	282	17
기타	1,095	283	517	295

(출처 : 이상기후특별보고서, 2010)

- 과채류 생산에는 극한 온도의 시기와 빈도가 평균온도의 증가보다 더 중요한 요인
 - 과채류에서는 영양생장보다 생식생장이 온도스트레스에 더 민감 : 생식생장 단계는 대부분의 작물이 좁은 온도변화에만 내성을 가지고 있고 만약 적정 온도범위를 초과하게 되면 화분 형성 감소, 낙화(flower abortion), 착과율 감소 및 낙과(fruit abortion), 기형과 발생이 증가
 - 과채류는 온도스트레스에 민감하며 하루 동안의 고온이나 하룻밤의 저온만으로도 생식생장에 치명적인 영향을 미침.
- 내저온성 오이 품종개발은 이상기상 현상에 대응한 가장 효과적인 방안
 - 오이는 기상조건에 민감하게 반응하는 작물이며 미숙과를 연속수확하기 때문에 일시적인 저온이 수확기간 동안 장기간에 걸쳐 피해를 유발함 : 순땀이, 칼슘결핍, 착과불량, 비대불량, 기형과 증가 등 (그림 1-8)
 - 호온성 작물로 수확 최성기에는 시설 내 최저온도를 11 ~ 16℃로 유지해야 함으로 저온에 의한 난방비 부담이 크게 증가하며 무가온 시설재배의 경우 높은 수준의 위험에 노출되어 있음.



그림 1-8. 오이에서 저온피해에 의한 식물체 피해(순땀이, 칼슘결핍)와 기형과 발생

- 고유 내저온성 유전자원을 활용한 육종기술 및 원천 육종자원 개발
 - 선행연구에서 선발된 유전자원 “CT1”은 실내 유도검정과 포장 성숙식물체 검정을 통해 선발된 계통으로 기존의 국내 및 중국 계통에 비해 높은 수준의 내저온성을 나타냄으로 이를 활용하여 차별화된 계통 및 품종 육성이 가능

○ 체계적인 내저온성 품종 육성 기반 확립

- 핵, 세포질 유전에 따라 crossing block 작성 방법 계통 육성전략을 수립하여 효율적인 내저온성 품종 육성
- 실내검정과 포장검정을 통한 육종계통의 체계적인 내저온성 평가:
내저온성 선발과정에서 기존의 경험 위주의 포장선발을 핵심 내저온성 선발지표 개발을 통해 재현성과 반복성을 확보
- 본 연구의 유전체 기반 (genome-wide) 분자표지를 이용한 내저온성 오이 분자유종은 기존의 단편적인 오이 내저온성 연구보다 효율적이며 효과적으로 내저온성 오이 품종 육성 기반을 제공할 것임.

(2) 기술적 측면

○ 오이 세포질(미토콘드리아) 부계유전 및 내저온성 연관 유전자 구명

- 오이에서는 미토콘드리아가 부계유전을 하는 것으로 보고되고 있음으로 미토콘드리아 내저온성 유전자를 동정할 경우 독보적인 유전자 연구 가능 : 고유 내저온성 유전자원 "CT1" 자원의 내저온성은 핵과 미토콘드리아 유전자에 의해 발현되는 것으로 보이며 이를 이용한 관련 유전자의 독보적 연구 가능

○ 내저온성 유전연구와 관련 유전자 연구분야에서 선두 그룹으로 역할 가능

- 국내외적으로 내저온성에 대한 유전연구는 초기단계이며 고유 유전자원을 활용한 유전연구를 통해 관련 분야 선두 연구그룹으로 부상 가능
- 차세대시퀀싱 기술(NGS)을 이용한 핵, 엽록체(chloroplast), 미토콘드리아 (Mitochondria)의 유전체 분석을 통해 내저온성 관련 염기서열 변이/유전자 동정 및 이를 활용한 연관 분자표지 개발

○ 내저온성 복합형질 육종 기반 확립

- 기존의 내저온성 육종은 저온기 포장 재배시험을 통해 이루어지고 있어 인위적인 저온처리가 어렵고 육종집단의 규모를 확대시키기 어려움 : 실내 유묘검정과 분자유종기술을 적용할 경우 계절적인 한계점을 극복할 수 있으며 대규모 집단을 대상으로 계통 육성이 가능함.
- 특히, 내병성(흰가루병, 노균병, CMV)검정과 연계가 가능함으로 복합형질계통 육성에 활용할 수 있음 : 오이의 주요 곰팡이병인 흰가루병과 노균병의 경우 3~4개의 열성 유전자가 관여하는 양적 형질임으로 분자표지 기술을 병행 적용하여 복합형질 선발이 가능

(3) 경제산업적 측면

○ 시설재배 농가의 주요 현장애로사항인 저온피해 경감 기술 개발

- 기후변화에 의한 피해는 이미 생산현장에서 심각한 수확량 감소와 농가소득 감소를

초래하여 재배농가에 실질적인 피해를 입히고 있어 내저온성 품종개발을 통한 안정적인 생산기반 확립이 절실히 요구됨.

- 내저온성 품종 개발을 통한 농산물의 안정적인 공급 및 농가소득 향상
 - 과채류 중 수박, 토마토 다음으로 생산량이 많은 주요 채소작물이며, 총생산액은 약 4,500억 원 수준으로 고추, 딸기, 수박, 배추, 토마토에 이어 큰 규모로 농가의 주요 소득원임.
 - 내저온성 품종 개발은 수확량 증가와 생산비 절감을 통해 농가소득 증대에 기여 : 수확 최적기에는 난방비가 총 생산비의 40% 이상을 차지하고 있음.
- 내저온성 품종 개발은 화석연료 사용 절감을 통해 이산화탄소 배출량을 경감시킬 수 있는 친환경 녹색기술
- 글로벌 채소작물인 오이를 수출 품목으로 육성 가능
 - 아시아 지역의 오이 종자시장 성장잠재력이 높으며 세계 최대 오이 생산지이며 최대 종자시장인 중국 산둥성 지역이 인접해 있음으로 수출 품목으로 개발 가능

1-3. 연구개발 범위

가. 세부과제별 연구 내용

- 품종개발 및 상용화 연구, 계통 및 조합육성, 분자유종기술 개발 분야별 주요 연구내용은 다음과 같음.



품종개발 및 상용화 연구(하나종묘)

- 지역적응성시험 및 시교사업을 통한 품종개발(한국, 중국)
- 육종계통 세대진전/종자생산력 검정/ 채종시스템 확립
- 품종보호출원 및 상용화



내저온성 계통육성 및 신규 품종 육성(세종대)

- 내저온성 복합형질 계통 육성
- 신규 내저온성 조합 육성 및 농가시험 조합 선발
- 내저온성 유전분석



내저온성 분자유종기술 개발(서울대)

- 핵 게놈 전장유전체 분석을 통한 내저온성 유전자 동정
- 세포질(엽록체, 미토콘드리아) 전장유전체 분석을 통한 내저온성 유전자 동정
- 내저온성 연관 분자표지 개발 및 활용기술 개발

나. 연차별 개발목표 및 내용

(1) 1차년도

① 개발 목표

- 주관연구기관(하나종묘): 내저온성 오이 시교조합 선발
- 협동연구기관 1(세종대학교): 내저온성 복합내병성 오이 계통 선발
- 협동연구기관 2(서울대학교): 오이 내저온성 유전자원의 전장유전체 비교 분석 및 다형성 마커 (SSR, SNP, InDel) 선발

② 개발 내용 및 범위

- 주관연구기관(하나종묘): 국내 저온기 오이 주산단지와 중국 산둥성 일광형 온실 재배 시험 및 특성평가
 - 지역적응성 시험: [국내] 상주, 천안, 안성 군위
[중국 산둥성] Shou-Guang, Qing-Zhou
 - 시험대상 품종군: 백다다기오이, 가시오이 20 조합 이상 공시
 - 조합 특성조사: 식물체(순댓이, 무기양분 결핍증, 생육량), 내병성(흰가루병, 노균병), 착과 비대(착과율, 과비대성), 수량성(수확량, 기형과 발생), 품질(외관 품질, 식미품질), 균일성 등

- 시교조합 선발: 재배 농가의 의견수렴을 통해 후보품종 선발
→ 품종의 성능에 따라 시교사업 조기 승급 추진
- 시교조합 생산: 선발조합 시교 종자 생산 (500g/조합)
- 원종 증식: 농가시험 조합 양친 계통의 원종 증식, 생산성 검정
- 육성 계통의 세대진전: 태국 농장을 활용하여 제1협동과제와 협력하여 복합형질 계통 세대진전
- 협동연구기관 1(세종대학교): 육종계통 유묘검정과 포장검정을 통한 내저온성, 내병성 검정 및 특성분석
 - 계통 특성평가: 선행연구를 통해 육성된 백다다기 150 계통, 가시오이 100 계통
 - 복합형질 계통 선발: 유묘 내병성(흰가루병, 노균병) 검정, 포장 내병성 검정 및 내저온성 평가 및 선발
 - 조합친 선발: 특성평가 결과를 토대로 신규 조합 육성에 이용할 모계 및 부계 계통 선발 → 선발조합의 성능에 따라 주관기관과 장외시험 추진
 - 원원종 생산: 선발 계통의 원원종 생산 (50g/ 계통)
 - 유전분석: 내저온성 분리집단(F2, BC1F1) 유묘검정을 통한 유전연구
 - 유전체 분석 재료 육성: 세포질 유전분석에 이용될 정역교배 F1, F2, BC 세대 육성 → 제2협동과제에 제공
 - 신규 복합형질 개선 계통 육성: 선행연구에서 작성한 crossing block 이용 분리집단 육성 및 선발, 세대진전(F3 세대)
- 협동연구기관 2(서울대학교): 유전체 분석 및 다형성 마커 선발
 - 오이 내저온성 유전자원의 전장유전체 비교 분석 및 다형성 마커 (SSR, SNP, InDel) 선발
 - NGS 분석으로 내저온성 유전자원 전장유전체 분석, 변이지역 확인, 및 분자마커 선발
 - 내저온성/감수성 일대잡종 정역교배 세포질 유전체(엽록체, 미토콘드리아) 비교분석: NGS 전장유전체 서열을 이용해서 엽록체 및 미토콘드리아 유전체 서열 조립 및 변이 지역 확인

(2) 2차년도

① 개발 목표

- 주관연구기관(하나종묘): 내저온성 오이 후보품종 선발 (3 품종)
- 협동연구기관 1(세종대학교): 신규 내저온성 복합내병성 오이 조합 육성
- 협동연구기관 2(서울대학교): 오이 내저온성 연관 핵 및 세포질 유전체 변이 기반 분자표지 개발 및 검증

② 개발 내용 및 범위

- 주관연구기관(하나종묘): 국내 및 중국 오이 주산단지 확대 농가시험
 - 시교사업: 1차년도 시험지역의 오이 재배 선도농가(2~3 곳) 시교사업
 - 시험대상 품종군: 백다다기오이, 가시오이 6 조합 이상 공시
 - 특성조사: 1차년도 평가 결과를 바탕으로 수량성, 상품성, 균일성을 중점적으로 평가
 - 후보품종 선발 및 세분시장 포지셔닝: 시교사업을 지역 작목반과 공동으로 평가
 - 농가 보급용 종자 생산: 선발된 후보품종의 농가보급용 종자 생산 (10kg/조합)
 - 개선 복합형질계통 세대진전: 태국 농장을 활용하여 제1협동과제와 협력하여 복합형질 계통 세대진전
- 협동연구기관 1(세종대학교): 신규 복합형질 오이 조합 작성 및 장내 성능검정을 통한 선발
 - 신규조합 작성: 1차년도에 선발된 복합형질 계통을 이용하여 신규 조합 작성 (200 조합)
 - 장내 조합 성능검정 및 선발: 내저온성, 수량성, 상품성, 내병성 평가 및 선발 (20 조합)
 - 장외시험 종자생산 : 선발조합 장외시험용 종자 생산 (20g/조합)
 - 원원종 특성 평가 : 원원종 순도검정, 증식율, 특성표 작성 → 주관연구기관과 공유
 - 오이 유전자원 및 육종계통의 내저온성 그룹핑 : 중국, 인도, 동남아시아, 유럽, 미국 등지에서 수집한 약 200 점의 유전자원과 100 점 이상의 육종계통을 대상으로 유묘 및 포장 내저온성 검정 및 그룹핑 → 제2협동기관의 분자육종 기술 적용 및 계통 육성에 활용
 - 신규 복합형질 개선 계통 육성 : 분리집단 개체선발 및 세대진전 (주관연구기관과 협력하여 태국 농장 활용, F6 세대)
 - 세포질 유전연구 : 내저온성 분리집단(F2, BC1F1, BC1F2)을 이용한 세포질 유전연구 → 제2협동과제에 재료 전달
- 협동연구기관 2(서울대학교): 전장유전체 비교분석 및 분자표지 개발
 - 전장유전체, 세포질 유전체 비교 분석 : 내저온성 유전자원 전장유전체 세포질 유전체 비교 분석, 변이지역 확인, 및 분자마커 선발
 - 오이 내저온성 연관 핵 및 세포질 유전체 변이 기반 분자표지 개발 및 검증 : 내저온성 연관 유전체 변이지역을 기반으로 분자표지 개발 및 내냉성/감수성 라인에 적용/검증
 - 오이 내저온성 관련 후보 유전자 발굴 : 내저온성 관련 유전자 발굴 및 유전자내 변이 지역 분석

(3) 3차년도

① 개발 목표

- 주관연구기관(하나종묘): 내저온성 오이 품종 개발 (3 품종)
- 협동연구기관 1(세종대학교): 신규 내저온성 복합내병성 농가시험 오이 조합 선발
- 협동연구기관 2(서울대학교): 내저온성 연관 분자표지 검증 및 실용화

② 개발 내용 및 범위

- 주관연구기관(하나종묘): 세분시장별 시범포 운영 및 제품 개발
 - 시범포 사업: 2차년도 선발 후보품종을 이용한 주산단지 시범포 운영 및 품평회 개최
 - 농가시험 종자 보급: 선도 농가 중심 시험재배용 종자 보급 및 재배 컨설팅
 - 품종보호출원
 - 개선 복합형질계통 세대진전: 태국 농장을 활용하여 제1협동과제와 협력하여 복합형질 계통 세대진전
- 협동연구기관 1(세종대학교): 신규 내저온성 조합 상세 특성 검정 및 농가시험 조합선발
 - 신규 조합 장내/장의 성능검정 및 선발: 2차년도에 선발된 조합 특성검정을 통해 농가시험 조합 선발(5 조합) → 제1세부과제 제공
 - 신규 선발조합 원원종 순도검정 및 원종 증식
 - 신규 복합형질 개선 계통 육성: 분리집단 개체선발 및 세대진전(F8 세대) (주관연구기관과 협력하여 태국 농장 활용)
 - 분자유종기술 적용연구: 제2협동과제에서 개발된 분자표지, 유전체 정보를 이용한 BAS 적용
- 협동연구기관 2(서울대학교): 분자표지 실용화 기술 개발 연구
 - 오이 내저온성 연관 핵 및 세포질 유전체 변이 기반 분자표지 개발 및 검증 : 내저온성 연관 유전체 변이지역을 기반으로 분자표지 개발 및 내저온성/감수성 라인에 적용/검증
 - 오이 내저온성 관련 후보 유전자 기능 분석 : 내저온성 유전자 발현 분석 및 내저온성 라인에서의 차이 분석
 - 분자표지 실용화 기술 개발 : 대규모 집단을 신속히 분석할 수 있는 high-throughput 기술 개발

2. 연구수행 내용 및 결과

2-1. 오이 내저온성 유전분석 및 내저온성 유전자원 선발

가. 1차 내저온성 유전분석(2016~2017년)

- 내저온성 계통(YH, KW)과 감수성 계통(CF, MG, HH), 이들 간의 정역교배 F_1 , F_2 , BC_1F_1 을 대상으로 실내 내저온성 검정을 수행하였음(그림 2-1).
- 저온처리 방법
 - 처리시기: 본엽 1.5매
 - 수분관리: 처리 1일 전 저면관수
 - 처리온도 및 시간: 3~4℃, 48시간
 - 광원 : 백색 LED lamp, $70\mu\text{mol}^{-2}\text{s}^{-1}$
 - 광주기: 24시간 연속광 처리
- 내저온성 지수는 1 ~ 5 scale로 분류하였으며, 검정 결과 감수성 계통은 1 ~ 3, 저항성 계통은 4 ~ 5의 내저온성 반응을 나타내었음(그림 2-1).



그림 2-1. 유묘를 이용한 실내 내저온성 검정 및 오이 계통의 내저온성지수 분류

- 정역교배 F_1 에 대한 내저온성 검정 결과 (HH x KW) 조합의 내저온성이 (KW x HH) 조합보다 높았으며, BC_1F_1 조합에서도 내저온성친인 KW를 부계로 이용할 경우 내저온성이 높은 것으로 나타나 부계의 영향이 있는 것으로 판단되었음(그림 2-2). (CF x KW) 조합의 정역교배에서는 시험에 따라 정역교배의 결과가 상이하여 추가적인 시험을 수행하고자 함(표 2-1).
- 정역교배 분리집단(F_2)에서 내저온성친을 모계로 이용할 경우 내저온성 개체의 수가 증가하였음(그림 2-3).
 - HHG x KWS F_2 에서 내저온성 : 감수성 개체수 = 18:16 (1.1:1)
 - KWS x HHG F_2 에서 내저온성 : 감수성 개체수 = 83:52 (1.6:1)
- 이상의 결과를 볼 때 내저온성은 모계와 부계의 영향을 받고 교배조합에 따라 상이한

차이를 나타내어 양친 계통의 핵과 세포질 유전자의 상호작용이 관여하는 것으로 판단되었음.

표 2-1. 오이 내저온성 계통과 감수성 계통 및 F₁, BC₁F₁, F₂ 집단의 평균 내저온성

BN	계통명/ 조합명	세대	처리1	처리2
72003	HH	P	1.7±1.0	2.1±0.6
72004	CF	P	1.5±0.7	1.6±0.7
72006	YH	P	3.9±0.6	4.3±0.7
72007	KW	P	4.0±0.9	4.3±0.6
72017	HH x KW	F ₁	4.1±0.8	3.3±0.7
72021	KW x HH	F ₁	2.4±0.9	3.1±0.7
72024	CF x KW	F ₁	2.2±0.8	2.7±0.9
72023	KW x CF	F ₁	3.0±0.9	2.2±0.7
72018	(HH x KW) x KW	BC ₁ F ₁	4.3±0.8	4.5±0.6
72019	(HH x KW) x HH	BC ₁ F ₁	3.4±0.6	3.6±0.6
72026	(CF x KW) x CF	BC ₁ F ₁	3.3±1.0	2.3±0.8
72020	HH x KW	F ₂	2.0±1.0	-
72022	KW x HH	F ₂	2.4±1.0	2.5±0.9
72027	CF x KW	F ₂	2.2±1.1	2.6±1.1



그림 2-2. 오이 내저온성 계통(KW)과 감수성 계통(HH) 및 이들 간의 정역교배에서 내저온성 반응 차이

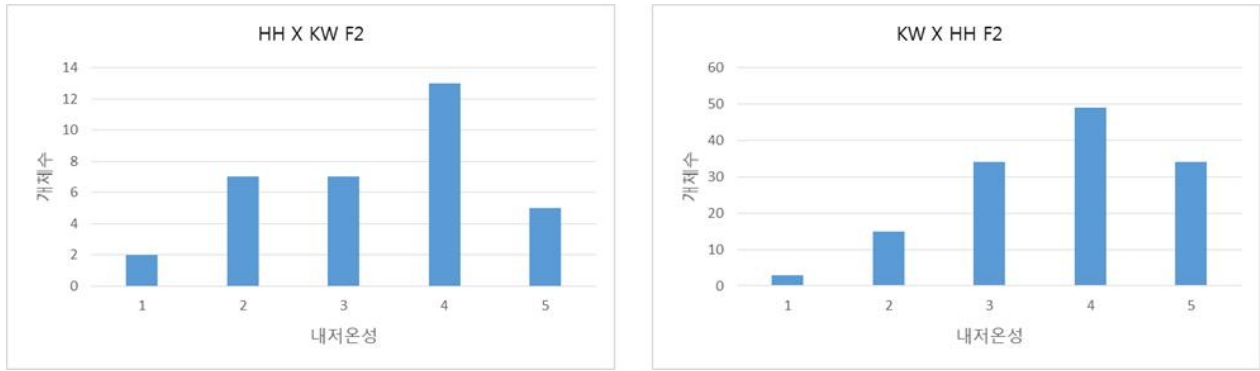


그림 2-3. 오이 내저온성 분리집단에서의 분리양상

나. 2차 내저온성 유전분석(2018년)

- 내저온성 계통(CT1, KW)과 감수성 계통(CS1, CF), 이들 간의 정역교배 F_1 , F_2 , BC_1F_1 을 대상으로 실내 내저온성 검정을 수행하였음(그림 2-4).
- 저온처리 방법
 - 처리시기: 본엽 1.5매
 - 수분관리: 처리 1일 전 저면관수
 - 처리온도 및 시간: 3~4°C, 48시간
 - 광원 : LED lamp (R:B = 3:1), $80 \mu\text{mol}^{-2}\text{s}^{-1}$
 - 광주기: 24시간 연속광 처리
- 내저온성 지수는 1 ~ 5 scale로 분류하였음(그림 2-4).

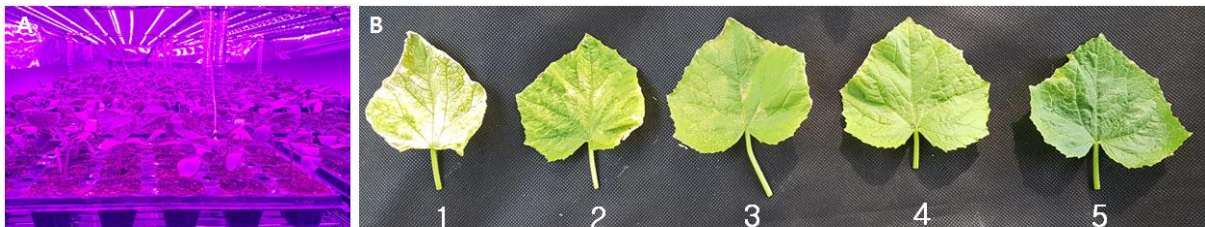


그림 2-4. 오이 유묘를 이용한 내저온성 검정(A) 및 내저온성 지수 분류(B); 1: 감수성, 3: 중도 내저온성, 5: 내저온성

- 저온처리 후 감수성 계통(CS1)의 내저온성지수는 1.6, 저항성 계통은 4.8이었으며 F_1 세대에서는 저항성 계통이 부계일 때 내저온성이 높게 나타났음(표 2-2, 그림 2-5).
- 여교배 세대에서는 종자친을 감수성 계통으로 이용할 경우 정역교배의 결과가 유사하였으나 저항성친을 모계로 이용할 경우 저항성친이 부계인 조합에서 내저온성이 유의하게 높았음(표 2-2).
- 정역교배 F_2 집단에서 내저온성의 분포는 저항성친을 부계로 이용할 경우 내저온성이 높게 나타났음. 부계로 감수성친을 이용할 경우 내저온성지수 1~2인 개체의 비율은 67.8%였으며 저항성친이 부계일 경우 51.9%로 나타났음(그림 2-6).

- 1년차와 2년차의 내저온성 유전분석 결과 내저온성은 부계의 영향을 받는 것으로 판단되었음.

표 2-2. 오이 내저온성 계통(CT1)과 감수성 계통(CS1) 및 F₁, BC₁F₁ 세대에서의 내저온성

계통/조합	세대	내저온성 ^z
CS1	Inbred	1.6 ± 0.3 ^a
CT1	Inbred	4.8 ± 0.2 ^d
CT1 × CS1	F ₁	2.9 ± 0.3 ^b
CS1 × CT1	F ₁	3.7 ± 0.9 ^c
CS1 × (CT1 × CS1)	BC ₁ F ₁	2.5 ± 0.3 ^b
CS1 × (CS1 × CT1)	BC ₁ F ₁	2.6 ± 0.3 ^b
CT1 × (CT1 × CS1)	BC ₁ F ₁	3.6 ± 0.7 ^c
CT1 × (CS1 × CT1)	BC ₁ F ₁	4.6 ± 0.3 ^d

^z1: 감수성, 3: 중도 내저온성, 5: 내저온성; DMRT (*P*<0.05)



그림 2-5. 내저온성 오이 계통(CT1) 및 감수성 계통(CS1)과 정역교배 유식물체의 내저온성 반응

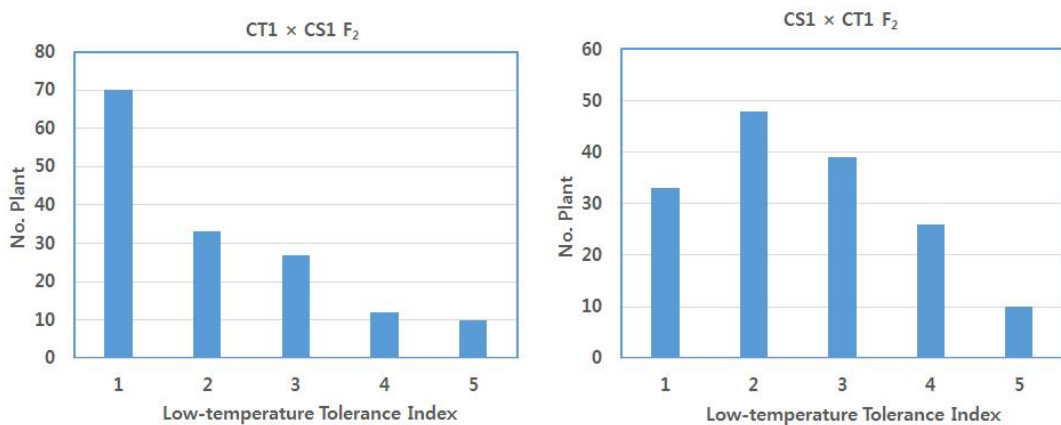


그림 2-6. 내저온성 오이 계통(CT1)과 감수성 계통(CS1)의 정역교배 F₂ 집단에서의 내저온성 분리양상

다. 내저온성 오이 유전자원 선발

- 오이 유전자원에 대한 내저온성을 평가하여 신규 내저온성 계통을 선발하고 GWAS를 이용한 내저온성 연관 유전자 동정을 위한 기초연구를 수행하기 위해 다양한 품종군의 214 계통에 대한 내저온성을 평가하였음.
- Pickle (AP) 3계통, Slicer (PSL) 24 계통, Beith Alpha (BAP) 18계통, 유럽온실오이 (EUR) 4계통, 가시오이(C) 39계통, 청장계(H) 25계통, 백다다기(W) 16계통, 태국형 (THS, TAS) 63계통, 기타 유전자원 19계통에 대한 내저온성을 검정하였음.
- 저온처리(3℃) 24시간 처리(처리1)와 48시간 처리(처리2)를 통해 두 처리구에서 모두 내저온성 반응을 보이는 5계통을 선발하였음(표 2-3).

표 2-3. 오이 유전자원 내저온성 평가 및 선발

Group ^z	BN	개체수	내저온성(1) ^y	내저온성(2) ^y	Group ^z	BN	개체수	내저온성(1) ^y	내저온성(2) ^y
AP	CT001	10X2	2.8±0.5	2.4±0.8	C	CT057	10X2	3.0±0.8	1.6±0.5
AP	CT002	10X2	5.0±0.4	3.0±1.7	C	CT058	10X2	2.2±0.8	1.0±0.0
AP	CT003	10X2	5.0±0.5	3.6±0.5	C	CT059	10X2	4.0±0.0	1.0±0.0
AS	CT004	10X2	4.0±1.0	2.7±0.5	C	CT060	10X2	2.0±1.0	1.0±0.0
AS	CT005	10X2	3.0±0.0	2.5±1.0	C	CT061	10X2	2.6±0.5	1.0±0.0
BAF	CT006	10X2	2.5±1.0	2.7±0.5	C	CT062	10X2	3.0±0.0	1.0±0.0
BAF	CT007	10X2	2.8±0.5	2.6±0.8	C	CT063	10X2	2.0±0.8	1.6±0.5
BAF	CT008	10X2	2.3±0.5	2.0±1.0	C	CT064	10X2	2.6±0.9	1.2±0.4
BAF	CT009	10X2	2.6±0.5	3.6±0.5	C	CT065	10X2	2.3±0.6	1.2±0.4
BAF	CT010	10X2	3.0±1.0	2.2±1.0	C	CT066	10X2	3.2±0.4	1.4±0.8
BAF	CT011	10X2	1.4±0.5	2.2±1.0	C	CT067	10X2	3.2±0.4	3.0±1.0
BAP	CT012	10X2	2.35±1.0	2.2±0.8	C	CT068	10X2	3.0±0.0	1.2±0.4
BAP	CT013	10X2	3.0±0.0	1.0±0.0	C	CT069	10X2	3.0±0.0	4.0±0.0
BAP	CT014	10X2	2.4±0.5	3.4±1.3	C	CT070	5x2	-	2.2±1.2
BAP	CT015	10X2	4.0±0.0	2.4±1.3	C	CT071	10X2	4.5±0.6	3.0±0.0
BAP	CT016	10X2	2.4±0.5	2.4±0.8	C	CT072	10X2	3.6±0.5	4.2±0.4
BAP	CT017	10X2	2.0±1.0	2.6±0.5	C	CT073	10X2	3.0±0.7	4.0±0.0
BAP	CT018	10X2	2.8±0.5	3.0±0.0	C	CT074	10X2	3.0±0.8	2.6±0.5
BAP	CT019	10X2	1.8±1.1	1.8±0.4	C	CT075	10X2	3.4±0.5	3.4±0.5
BAP	CT020	10X2	3.8±0.5	2.6±0.5	C	CT076	10X2	3.0±0.0	3.8±0.4
BAP	CT021	5x2	-	1.0±0.0	C	CT077	10X2	2.4±0.9	2.4±1.3
BAP	CT022	10X2	2.6±0.5	2.6±0.8	C	CT078	10X2	4.0±0.0	2.8±1.7
BAP	CT023	10X2	1.7±0.6	1.0±0.0	C	CT079	10X2	1.8±1.1	2.4±0.5
EU	CT025	10X2	3.6±0.5	1.8±0.4	C	CT080	10X2	2.0±1.0	3.4±0.8
EU	CT026	10X2	3.0±0.5	1.2±0.4	C	CT081	10X2	2.5±0.6	3.6±0.5
EU	CT027	10X2	-	1.0±0.0	C	CT082	10X2	3.0±0.0	3.2±0.8
EU	CT030	10X2	1.0±0.0	2.6±0.5	C	CT083	10X2	3.0±0.0	4.2±0.4
PSL	CT031	10X2	3.2±0.8	2.0±0.0	C	CT084	10X2	4.3±1.0	4.2±0.4
PSL	CT032	10X2	3.4±0.5	2.8±0.4	C	CT085	10X2	4.3±0.5	2.6±1.5
PSL	CT033	10X2	4.0±0.0	1.5±0.5	C	CT086	10X2	4.0±1.0	3.8±0.4
PSL	CT034	10X2	1.8±1.0	1.8±0.4	H	CT087	10X2	3.8±0.5	3.2±0.8
PSL	CT035	10X2	1.0±0.0	2.0±1.0	H	CT088	10X2	3.4±0.5	2.4±0.5
PSL	CT036	10X2	1.8±0.4	2.4±1.3	H	CT089	10X2	2.6±0.9	2.0±0.0
PSL	CT037	10X2	1.4±0.9	2.6±0.8	H	CT090	10X2	4.0±0.0	1.6±0.8
PSL	CT038	10X2	1.0±0.0	1.2±0.4	H	CT091	10X2	4.4±0.5	4.2±0.4
PSL	CT039	10X2	2.0±1.0	4.0±0.0	H	CT092	10X2	3.3±1.0	3.6±0.5
PSL	CT040	10X2	1.4±0.9	1.8±0.4	H	CT093	10X2	3.0±0.0	1.2±0.5
PSL	CT041	10X2	2.4±0.5	1.0±0.0	H	CT094	10X2	4.3±0.5	1.0±0.0
PSL	CT042	10X2	3.25±0.5	1.2±0.4	H	CT095	10X2	3.5±0.7	1.8±0.4
PSL	CT043	10X2	1.0±0.0	1.7±0.9	H	CT096	10X2	3.0±0.0	1.6±1.1
PSL	CT044	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	H	CT097	10X2	2.8±0.5	1.4±0.5
PSL	CT045	10X2	1.6±0.9	2.4±0.5	H	CT098	10X2	3.6±0.5	1.2±0.4
PSL	CT046	10X2	1.6±0.9	1.4±0.5	H	CT099	10X2	3.8±0.8	1.2±0.4
PSL	CT047	10X2	1.5±0.7	2.0±0.7	H	CT100	10X2	3.5±0.7	1.2±0.4
C	CT048	10X2	2.2±0.8	1.0±0.0	H	CT101	5x2	-	4.4±0.5
C	CT049	10X2	3.8±0.4	2.2±0.8	H	CT102	10X2	4.2±0.8	3.4±0.8
C	CT050	10X2	3.0±0.5	1.0±0.0	H	CT103	10X2	3.3±0.5	2.8±0.8
C	CT051	10X2	3.2±0.4	1.6±0.8	H	CT104	10X2	4.2±0.4	4.6±0.5
C	CT052	10X2	2.7±1.5		H	CT105	10X2	3.5±0.6	4±0.4
C	CT053	10X2	1.0±0.0	1.6±0.8	H	CT106	10X2	4.0±0.0	3.0±1.2
C	CT054	10X2	3.4±0.5	1.4±0.5	H	CT107	10X2	3.8±1.0	3.4±0.5
C	CT055	10X2	2.0±1.0	1.2±0.4	H	CT108	10X2	3.2±0.4	3.8±0.4
C	CT056	10X2	2.0±0.8	1.4±0.5	H	CT109	10X2	3.6±0.5	1.0±0.0

표 2-3. 계속

Group ^z	BN	개체수	내저온성(1) ^y	내저온성(2) ^y	Group ^z	BN	개체수	내저온성(1) ^y	내저온성(2) ^y
H	CT110	10X2	3.2±0.4	1.6±0.8	THS	CT166	10X2	1.4±0.5	1.8±0.4
H	CT111	10X2	3.0±0.5	2.4±0.5	THS	CT167	10X2	1.0±0.0	1.6±0.5
W	CT112	10X2	2.8±0.5	1.0±0.0	THS	CT168	10X2	3.5±0.6	1.2±0.4
W	CT113	10X2	1.8±0.8	1.6±0.5	THS	CT169	10X2	2.3±1.5	2.6±0.8
W	CT114	10X2	2.0±1.0	1.8±0.8	THS	CT170	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
W	CT117	10X2	3.5±0.6	1.0±0.0	THS	CT172	10X2	1.0±0.0	2.0±0.0
W	CT118	10X2	3.5±0.6	1.6±0.5	THS	CT173	10X2	1.6±0.9	1.0±0.0
W	CT119	10X2	1.8±1.1	1.6±0.5	THS	CT174	10X2	1.0±0.0	1.4±0.5
W	CT120	10X2	3.0±0.7	1.6±0.5	THS	CT175	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
W	CT121	10X2	3.8±0.5	2.2±0.8	THS	CT176	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
W	CT122	10X2	3.3±0.6	1.0±0.0	THS	CT177	10X2	1.2±0.4	1.0±0.0
W	CT123	10X2	3.0±1.2	1.6±0.8	THS	CT178	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
W	CT124	10X2	4.0±0.8	1.6±0.5	THS	CT179	10X2	2.0±1.0	1.0±0.0
W	CT125	10X2	4.0±0.8	1.4±0.5	THS	CT180	10X2	1.4±0.9	1.2±0.4
W	CT126	10X2	3.2±0.4	1.8±0.4	THS	CT181	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
W	CT127	10X2	3.0±0.8	1.0±0.0	THS	CT182	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
W	CT128	10X2	3.2±0.4	1.4±0.5	THS	CT183	10X2	2.5±0.6	1.6±0.5
W	CT129	10X2	4.2±0.4	1.2±0.4	THS	CT184	10X2	2.8±1.1	1.8±0.8
TAS	CT130	10X2	3.2±0.4	2.0±0.0	THS	CT185	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
TAS	CT131	10X2	1.3±0.6	1.2±0.4	THS	CT186	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
TAS	CT132	10X2	4.8±0.5	1.0±0.0	THS	CT187	10X2	1.0±0.0	1.2±0.4
TAS	CT133	10X2	3.3±1.2	1.4±0.5	THS	CT188	10X2	2.0±1.0	1.2±0.4
TAS	CT134	10X2	1.8±1.0	1.5±0.5	THS	CT189	10X2	1.3±0.5	1.0±0.0
TAS	CT135	10X2	2.4±0.9	2.2±0.9	THS	CT190	10X2	1.0±0.0	2.6±0.5
TAS	CT136	10X2	2.6±1.5	3.0±0.0	THS	CT191	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
THS	CT137	10X2	-	1.4±0.5	THS	CT192	10X2	2.0±1.0	1.4±0.5
THS	CT138	10X2	-	1.0±0.0	THS	CT193	10X2	3.0±1.2	1.4±0.5
THS	CT139	10X2	-	1.0±0.0	THS	CT194	10X2	2.3±0.5	1.6±0.8
THS	CT140	10X2	1.4±0.5	1.8±0.4	THS	CT195	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
THS	CT141	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	THS	CT196	10X2	3.2±0.4	1.0±0.0
THS	CT142	10X2	1.0±0.0	1.2±0.4	THS	CT197	10X2	1.5±1.0	1.0±0.0
THS	CT143	10X2	2.3±0.5	3.0±0.0	THS	CT198	10X2	1.8±1.3	1.8±0.8
THS	CT144	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	THS	CT199	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0
THS	CT145	10X2	2.5±1.0	1.8±0.4	THS	CT200	10X2	1.0±0.0	2.8±0.4
THS	CT146	10X2	1.0±0.0	1.6±0.8	Z	CT201	10X2	1.6±0.6	3.2±0.4
THS	CT147	10X2	2.0±1.4	1.8±0.4	Z	CT202	10X2	1.4±0.5	3.6±0.5
THS	CT148	10X2	3.0±0.5	1.0±0.0	Z	CT203	10X2	2.3±1.0	2.6±0.8
THS	CT149	10X2	1.0±0.0	2.0±0.0	Z	CT204	10X2	3.0±0.0	4.2±0.4
THS	CT150	10X2	1.0±0.0	1.4±0.5	Z	CT205	10X2	4.0±0.0	4.2±0.8
THS	CT151	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	Z	CT207	10X2	2.3±0.5	4.4±0.5
THS	CT152	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	Z	CT209	10X2	5.0±0.0	4.8±0.4
THS	CT153	10X2	2.0±1.0	1.0±0.0	Z	CT210	10X2	3.5±0.6	1.0±0.0
THS	CT154	10X2	1.0±0.0	2.8±0.4	Z	CT211	10X2	3.0±0.0	2.2±1.0
THS	CT155	10X2	1.0±0.0	1.2±0.4	Z	CT212	10X2	3.0±0.4	3.0±1.0
THS	CT156	10X2	1.0±0.0	1.8±1.0	Z	CT213	10X2	3.2±0.4	4.4±0.8
THS	CT157	10X2	2.8±1.0	2.4±0.5	Z	CT214	10X2	3.4±0.5	2.2±1.0
THS	CT158	10X2	1.5±1.0	1.6±0.5	Z	CT215	10X2	2.8±0.4	3.2±0.4
THS	CT159	10X2	3.0±0.0	1.0±0.0	Z	CT216	10X2	3.0±0.7	1.4±0.5
THS	CT160	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	Z	CT217	10X2	1.0±0.0	1.8±0.4
THS	CT161	10X2	4.0±0.0	1.0±0.0	Z	CT218	10X2	3.6±0.5	2.6±1.1
THS	CT162	10X2	2.6±1.5	1.2±0.4	Z	CT219	10X2	4.0±0.5	1.4±0.5
THS	CT163	10X2	1.0±0.0	1.0±0.0	Z	CT221	10X2	3.0±0.0	2.2±0.4
THS	CT164	10X2	2.0±1.2	2.0±0.0	Z	CT222	10X2	2.8±1.0	2.6±0.8
THS	CT165	10X2	1.0±0.0	1.6±0.5					

^zAP: American Pickling, BAF: Beith Alpha Open-Field, BAP: Beith Alpha Parthenocarpic, EU: Long Dutch Green, PSL: Parthenocarpic Slicer, C: Chines Long Green, W:Korean Semi-white, TAS: Taiwanese Slicer, THS: Oriental Slicer, H: KOREAN Solid Green, Z: 기타 ^y1:내저온성 약함 ~ 5:강함

라. 오이 내저온성 유전분석을 위한 집단 육성

- 내저온성 유전분석을 위한 집단육성을 위해 저항성 친(YH, KW)과 감수성 친(HH, CF)을 이용하여 정역교배 F₁, BC₁, F₂ 집단을 육성하였음 (그림 2-7, 표 2-4).



그림 2-7. 오이 내저온성 유전분석을 위한 계통 및 양액재배를 통한 유전분석 집단 육성

표 2.4. 오이 내저온성 유전분석을 위한 집단 육성

그룹	BN_A	BN_B	계통명_A	계통명_B	세대
감수성 x 감수성	72003	x 72004	HH	x CF	F ₁
감수성 x 저항성	72003	x 72006	HH	x YH	F ₁
감수성 x 저항성	72003	x 72007	HH	x KW	F ₁
감수성 x (감수성x저항성)	72003	x 72010	HH	x HH/YH	BC ₁ F ₁
감수성 x (저항성x감수성)	72003	x 72014	HH	x YH/HH	BC ₁ F ₁
감수성 x (감수성x저항성)	72003	x 72017	HH	x HH/KW	BC ₁ F ₁
감수성 x (저항성x감수성)	72003	x 72021	HH	x KW/HH	BC ₁ F ₁
감수성 x 감수성	72004	x 72003	CF	x HH	F ₁
감수성 x 저항성	72004	x 72006	CF	x YH	F ₁
감수성 x 저항성	72004	x 72007	CF	x KW	F ₁
감수성 x (저항성x감수성)	72004	x 72023	CF	x KW/CF	BC ₁ F ₁
감수성 x (감수성x저항성)	72004	x 72024	CF	x CF/KW	BC ₁ F ₁
저항성 x 감수성	72006	x 72003	YH	x HH	F ₁
저항성 x 감수성	72006	x 72004	YH	x CF	F ₁
저항성 x 저항성	72006	x 72007	YH	x KW	F ₁
저항성 x (감수성x저항성)	72006	x 72010	YH	x HH/YH	BC ₁ F ₁
저항성 x (저항성x감수성)	72006	x 72014	YH	x YH/HH	BC ₁ F ₁
저항성 x 감수성	72007	x 72003	KW	x HH	F ₁
저항성 x 감수성	72007	x 72004	KW	x CF	F ₁
저항성 x 저항성	72007	x 72006	KW	x YH	F ₁
저항성 x (감수성x저항성)	72007	x 72017	KW	x HH/KW	BC ₁ F ₁
저항성 x (저항성x감수성)	72007	x 72021	KW	x KW/HH	BC ₁ F ₁
저항성 x (저항성x감수성)	72007	x 72023	KW	x KW/CF	BC ₁ F ₁
저항성 x (감수성x저항성)	72007	x 72024	KW	x CF/KW	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 감수성	72010	x 72003	HH/YH	x HH	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 감수성	72010	x 72003	HH/YH	x HH	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 저항성	72014	x 72006	HH/KW	x YH	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 저항성	72014	x 72006	HH/KW	x YH	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 감수성	72017	x 72003	HH x KW	x HH	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 저항성	72017	x 72007	HH x KW	x KW	F ₁
(저항성x감수성) x 감수성	72021	x 72003	KW x HH	x HH	BC ₁ F ₁
(저항성x감수성) x 저항성	72021	x 72007	KW x HH	x KW	F ₁
(저항성x감수성) x 감수성	72023	x 72004	KW x CF	x CF	BC ₁ F ₁
(저항성x감수성) x 저항성	72023	x 72007	KW x CF	x KW	F ₁
(감수성 x 저항성) x 감수성	72024	x 72004	CF x KW	x CF	BC ₁ F ₁
(감수성 x 저항성) x 저항성	72024	x 72007	CF x KW	x KW	F ₁

2-2. 내저온성 및 병 저항성 오이 계통 육성

가. 1차년도 육종계통 특성평가 및 선발(2017년)

- 백다다기오이, 가시오이, 취청오이 계통에 대한 내저온성 및 내병성을 평가하였음(그림 2-9, 그림 2-9).
- 공시 계통: 백다다기오이 159계통, 가시오이 95계통 취청오이 27계통 (F₃ ~ F₁₀)
- 경종 개요: 파종 '17. 04. 05, 정식 05. 08, 특성평가 05. 15 ~ 07. 20
- 정식주수: 계통당 5 ~ 20주
- 특성조사 항목: 질성, 흰가루병저항성, 노균병저항성, 초세, 엽조직 괴사(necrosis), 과형
- 실내 내저온성 검정: 저온생육실을 이용하여 평가(3 ℃, 48 시간 24 시간 일장)
- 복합형질 계통선발
- 내저온성검정과 포장 병저항성 검정을 통해 복합형질 계통 11점을 선발하였음(표 2-5).

품종군	내저온성/흰가루병저항성/ 노균병저항성	내저온성/노균병저항성	합계
백다다기	3	2	5
가시오이	3	3	6
합계	6	5	11



그림 2-8. 오이 계통 특성평가를 통한 개체선발 전경

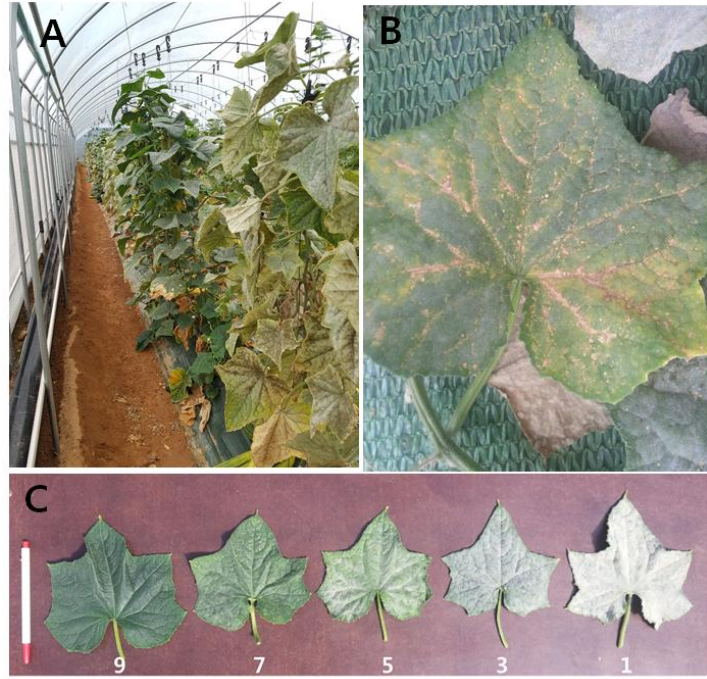


그림 2-9. 오이 계통 육성포장에서 흰가루병 저항성과 이병성 계통 (A), 엽맥의 괴사(necrosis)현상(B) 및 흰가루병 저항성 분류기준(C)

표 2-5. 오이 육성계통의 주요 특성 평가(일부 계통의 데이터)

Group ^z	TRAIT ^y	BN	세대	성발현 ^x	조숙성 ^w	내저온성 ^w	흰가루병 저항성 ^w	노균병 저항성 ^w	염괴사 ^v	연속작과 ^w
WW		71001(대비종)	F ₁	GY	5	5	3	3	N	5
WW		71002(대비종)	F ₁	GY	7	3	3	3	N	7
WW		71003(대비종)	F ₁	GY	8	6	4	3	N	5
WW		71004(대비종)	F ₁	GY	8	5	5	3	N	5
WW		71005(대비종)	F ₁	GY	7	3	3	3	N	7
WW		71006(대비종)	F ₁	GY	9	3	3	3	N	7
WW		71007(대비종)	F ₁	GY	9	4	5	3	N	7
WW		71008(대비종)	F ₁	GY	7	5	6	5	N	6
WW	CT PM DM	71015	F ₄	GY	5	7	4~7	7	N	6
WW	DM	71017	Inbred	GY	5	5	3	7	N	6
WW	CT DM	71020	Inbred	GY	6	7	-	7	N	4
WW	PM DM	71046	F ₄	GY MO	5	5	5~7	7	N	7
WW	DM	71049	13	GY	4	5	-	7	N	5
WW	DM	71050	Inbred	GY	4	5	-	7	N	7
WW	DM	71051	Inbred	GY	5	5	-	7	N	5
WW	DM	71052	Inbred	GY	5	5	-	7	N	5
WW	DM	71053	Inbred	GY	5	5	-	7	N	3
WW	CT DM	71054	F ₄	GY	5	7	5	7	N	7
WW	DM	71064	F ₄	MO	4	5	3	7	N	3
WW	DM	71066	F ₄	GY PF	4	5	5	7	N	5
WW	DM	71068	Inbred	MO	5	5	-	7	N	-
WW	DM	71069	Inbred	MO	5	5	-	7	Y	-
WW	DM	71073	Inbred	MO	5	5	-	7	N	-
WW	PM	71083	F ₄	PF	5	5	4~7	5	N	5
WW	CT PM DM	71084	F ₄	PF GY	4	7	4~7	7	N	3~5
WW	CT PM DM	71085	F ₄	GY	5	7	4~7	7	N	3~5
WW	DM	71104	F ₁₂	MO	5	5	-	7	N	-
WW	CT DM	71105	F ₁₃	MO	5	7	-	7	N	-
WW	DM	71108	F ₄	GY	5	5	5	7	N	6
WW	DM	71125	F ₆	MO GY	5	5	3	7	N	7
WW	DM	71126	F ₆	MO GY	6	5	3	7	N	-
WW	DM	71127	F ₆	MO	7	5	3	7	N	-
WW	DM	71128	Inbred	GY	6	5	-	7	N	5
WW	PM DM	71146	F ₄	GY	5	3	5~7	7	N	7
WW	PM DM	71148	F ₃	MO GY	5	3	6~7	7	N	6~7
C	CT DM	71175	F ₅	GY	7	7	5	7	N	5
C	CT DM	71187	F ₅		-	7	6	7	N	-
C	CT DM	71188	F ₅	MO	4	7	6	7	N	-
C	DM	71189	F ₅	MO	5	5	7	7	N	-
C	DM	71190	F ₅	MO	8	5	7	7	N	-
C	CT DM	71199	F ₅	MO	5	7	7	7	N	-
C	DM	71200	F ₅	MO	8	5	7	7	N	-
C	DM	71208	F ₅	MO	3	5	7	7	Y	-
C	PM DM	71213	F ₅	MO	4	3	4~7	7	N	-
C	DM	71229	Inbred	GY	5	3	-	7	N	5
C	CT DM	71238	F ₅	MO	5	7	5	7	N	-
C	CT DM	71239	Inbred	MO	7	7	-	7	N	-
C	DM	71242	F ₅	MO	2	5	7	7	N	-
C	DM	71244	F ₅	MO	3	5	7	7	N	-

^zWW:백다다기오이, C:가시오이 ^yDM:노균병 저항성, PM:흰가루병 저항성, CT:내저온성

^xGY: gynoeocious, PF: Pre-dominantly female, MO: monoecious

^w3:늦음(약함) ~ 7:빠름(강함) ^vN:없음, Y:있음

나. 2차년도 육종계통 특성평가 및 선발(2018년)

- 1차년도에 선발된 백다다기오이, 가시오이, 취청오이 계통에 대한 내저온성 및 내병성을 평가하였음
 - 공시 계통:
 - (춘계) 백다다기오이 149계통, 가시오이 203계통, 취청오이 36계통, 일본형 오이 47계통, 미니오이 6계통, 기타 그룹 20 계통
 - (추계) 백다다기오이 108계통, 가시오이 79계통, 취청오이 18계통, 일본형 오이 15계통, 미니오이 6계통, 기타 그룹 5계통
 - 경종 개요:
 - (춘계) 파종 04.01, 정식 05.03, 특성평가 05.10 ~ 07.05
 - (추계) 파종 08.10, 정식 08.30, 특성평가 09.10 ~ 11.30
 - 정식주수: 계통당 5 ~ 15주
 - 특성조사 항목: 절성, 착과력, 조숙성, 흰가루병 저항성, 노균병 저항성, 초세, 세균병 저항성(necrosis), 과형
- 병저항성 계통 선발
 - 1차년도 병저항성 검정 및 2차년도 병저항성 검정 결과를 바탕으로 흰가루병/노균병 복합저항성 계통 2점, 노균병 저항성 계통 29점, 흰가루병 저항성 계통 11점을 선발하였음(표 2-6).
 - 착과력 및 과형을 기준으로 백다다기오이 20계통, 가시오이 5계통, 일본형 오이 4계통을 선발하였음. 이 들 계통 중 백다다기 오이 84023는 노균병과 흰가루병에 복합 저항성을 나타내었으며 84028, 84030, 84090, 84091은 흰가루병 저항성이었으며 일본형 오이 84139는 노균병 저항성이었음(표 2-6).

품종군	흰가루병 / 노균병 저항성	노균병 저항성	흰가루병 저항성	합계
백다다기	2	0	11	13
가시오이	0	26	0	26
기타	0	3	0	3
합계	2	29	11	42

표 2-6. 오이 육종계통의 주요 특성 및 선발

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17추계	'18추계	'18추계	'17추계	'18추계	17추계	18추계	18추계	'17추계	'17추계				'17추계	'17추계	'18추계
WW	84015	F7	W	GY/PF	MO	MO	5	7	7	5	6	5	3	3	5	7	R	D	D
WW	84016	F7	W	GY	GY	GY	5	5	6	5	6	4	3	3	6	7	S	R	S
WW	84017	Inbred	W	GY	GY	GY	5	5	5	4	7	3	3	5	3	7	R	R	R
WW	84018	Inbred	W	GY	GY	GY	5	7	6	3	7	3	3	3	4	7	R	D	R
WW	84019	F16	W	GY	GY	GY	5	5~7	3	3	5	7	7	1	3	7	S	R	R
WW	84020	Inbred	W	GY	GY	GY	-	7	-	5	7	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84021	Inbred	W	GY	GY	GY	3	7	5	5	6	7	7	3	3	7	R	R	R
WW	84022	Inbred	W	GY	GY	GY	-	7	-	4	5	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84023	Inbred	W	GY	GY	GY	5	7	6	5	5	9	7	1	7	7	S	R	S
WW	84024	F18	W	GY	GY	GY	5	7	5	3	6	7	7	1	7	7	R	R	R
WW	84025	F16	W	GY	GY	GY	5	6	4	6	4	9	7	1	5	7	R	R	R
WW	84026	F20	W	GY	GY	GY	5	7	4	6	3	7	7	5	4	7	R	R	R
WW	84027	Inbred	W	GY	GY	GY	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84028	F7	W	GY	GY	GY	5	5	5~7	5	3	7	6	7	5	7	R	R	S
WW	84029	F7	W	GY	GY	-	5	7	5~7	5	3	7	6	7	3	7	R	R	R
WW	84030	F7	W	GY/MO	GY	GY	5	7	7	5	3	7	7	5	6	7	R	R	S
WW	84031	F7	W	GY/MO	GY	GY	5	7	7	7	3	7	7	3	3	7	S	R	R
WW	84032	F7	W	GY	GY	GY/MO	5	7	7	5	5	5	7	5	3	7	R	S	R
WW	84033	F16	W	GY	MO	GY/MO	4	7	5	5	3	7	7	1	3	7	R	R	R
WW	84034	F7	W	GY	GY	GY/MO	5	7	5	3	3	4	4	1	3	4	R	R	D
WW	84035	F7	W	GY	MO	MO	5	7	5~7	6	4	5	3	6	3	7	S	S	R
WW	84036	Inbred	W	MO	MO	MO	5	5	-	3	3	4	3	3	3	7	R	R	R
WW	84037	Inbred	W	MO	MO	MO	5	5	-	3	5	4	2	7	3	5	R	R	R
WW	84038	F15	W	MO	MO	MO	5	7	-	3	5	5	4	1	3	3	D	R	R
WW	84039	F15	W	MO	MO	MO	5	6	-	3	5	5	3	1	3	4	R	R	R
WW	84040	F7	W	GY	-	MO	5	5	6	3	3	4	4	3	3	7	S	R	D
WW	84041	F7	W	GY	-	MO	5	5	6	3	3	4	4	3	3	7	S	R	R
WW	84042	F7	W	GY/PF	GY	GY	5	7	5~7	5	4	4	6	7	3	5	R	S	D
WW	84043	F7	W	GY/MO	-	MO	5	3	5~7	6	4	4	4	8	3	5	R	S	R
WW	84044	F7	W	GY/MO	MO	MO	5	3	5~7	6	4	4	4	8	3	5	R	S	R
WW	84045	F7	W	GY/MO	GY	GY	5	7	5~7	3	4	4	4	7	3	7	R	S	R
WW	84046	F7	W	MO/GY	-	MO	5	5	5~6	4	4	5	4	1	4	7	S	S	S

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^w			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17춘계	'18춘계	'18추계	'17춘계	'18춘계	17춘계	18춘계	18춘계	'17춘계	'17추계				'17춘계	'17춘계	'18춘계
WW	84047	F7	W	MO/GY	MO	MO	5	5	5~6	4	4	5	4	1	3	7	S	S	R
WW	84048	F7	W	MO/GY	-	MO	5	3~7	5~6	5	3	5	4	1	3	7	S	S	R
WW	84049	F7	W	MO/GY	MO	MO	5	3~7	5~6	5	3	5	4	1	3	7	S	S	S
WW	84050	F7	W	MO/GY	-	MO	5	3~7	5~6	5	3	5	4	1	3	7	S	S	S
WW	84051	F7	W	MO/GY	-	MO	5	3	5~6	4	3	5	4	1	3	7	S	R	R
WW	84052	F6	W	GY	MO	MO/GY	5	5	7	4	3~6	3	4	7	3	7	R	R	R
WW	84053	F7	W	GY	GY	MO/GY	5	3~6	7	3	3	3	4	3	3	7	R	S	D
WW	84054	F7	W	GY	GY	GY	5	3~6	7	3	3	3	4	3	3	7	R	S	D
WW	84055	F6	W	GY	GY	GY	6	5	7	3	3	3	4	3	2	7	S	S	R
WW	84056	F7	W	GY/MO	MO	MO	5	2	5~7	3	3	5	3	3	3	7	R	S	D
WW	84057	F7	W	GY/MO	MO	MO	5	3~7	5~7	5	4	5	4	3	3	5	S	R	D
WW	84058	F7	W	GY/MO	MO	MO	5	5~7	5~7	5	5	5	4	3	3	5	S	S	D
WW	84059	F7	W	GY/MO	MO	MO	5	5~7	5~7	5	5	5	4	3	3	5	S	S	R
WW	84060	F9	W	MO/GY	MO	MO	5	3~7	7	3	3	3	3	3	3	2	R	S	R
WW	84061	F15	W	MO	MO	MO	4	5	-	3	4	7	6	5	5	3	R	R	R
WW	84062	F15	W	MO	-	MO	4	5	-	3	5	7	4	7	6	3	R	R	R
WW	84063	F9	W	GY/MO	MO	MO	3	1	-	4	3	3	7	5	3	3	S	R	R
WW	84064	F9	W	GY/MO	MO	MO	3	7	-	3	5	3	7	5	5	3	S	R	S
WW	84065	F9	W	GY/MO	MO	MO	3	3~7	-	5	4	3	7	5	6	3	S	R	S
WW	84066	F9	W	MO	MO	MO	2	3	4	5	3	3	7	1	5	5	R	S	D
WW	84067	F9	W	MO	MO	MO	2	7	4	5	3	3	7	1	3	5	R	R	D
WW	84068	F7	W	MO	MO	MO	-	7	-	6	3	-	3	5	3	7	R	D	D
WW	84069	F7	W	GY	MO	MO	5	5	7	3	5	4	4	2	2	5	R	R	R
WW	84070	F7	W	GY	GY	GY/MO	5	3	7	3	4	4	5	3	4	3	R	R	D
WW	84071	F6	W	MO/GY	MO	MO	5	7	6~7	4	3	4	7	2	3	5	R	S	D
WW	84072	F6	W	MO/GY	GY	MO	5	5	6~7	5	3	4	7	4	5	5	R	R	D
WW	84073	F5	W	GY	MO	MO	7	3	5~7	7	5	3	2~4	3	3	5	R	S	R
WW	84074	F5	W	GY	MO	MO	7	3	5~7	7	5	3	2~4	3	3	5	R	S	R
WW	84075	F5	W	GY	MO	MO	7	3	5~7	7	5	3	2~4	3	3	5	R	S	R
WW	84076	F5	B	GY/MO	GY	GY	3~7	7	5~7	4	4	4	4~7	6	3	3	R	R	S
WW	84077	F5	B	GY/MO	GY	GY	3~7	3	5~7	7	5	4	3~4	5	3	3	R	R	R
WW	84078	F5	B	GY/MO	GY	GY	3~7	3	5~7	5	6	4	3~4	5	3	3	R	R	R

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u '17추계	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17추계	'18추계	'18추계	'17추계	'18추계	17추계	18추계	18추계	'17추계	'17추계				'17추계	'18추계	'18추계
WW	84079	F5	B	GY/MO	-	GY	3~7	3	5~7	5	6	4	3~4	5	4	3	R	R	D
WW	84080	F4	B	GY/MO	-	GY	3~7	5	5~7	3	6	4	3~4	5	3	3	R	R	D
WW	84081	F5	W	MO/GY	MO	MO	3~7	4	5	3	5	5	3~5	3	3	5	R	R	R
WW	84082	F5	W	MO/GY	MO	MO	3~7	3	5	3	4	5	3~5	3	3	5	R	S	R
WW	84083	F5	W	MO/GY	MO	MO	3~7	5	5	5	5	6	5~7	8	4	5	R	S	R
WW	84084	F5	W	MO/GY	MO	MO	3~7	5	5	5	5	6	5~7	8	4	5	R	R	R
WW	84085	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~7	7	5	7	5	4	4	3	3	5	R	S	R
WW	84086	F5	W	GY	MO	GY	4~5	5	5	7	6	6	4~6	3	3	3	R	S	R
WW	84087	F5	W	GY	GY	GY	4~5	5	5	7	4	6	4~6	3	3	3	R	S	R
WW	84088	F5	W	GY	GY	GY/MO	4~5	3	5	3	6	6	4~6	3	3	3	R	R	S
WW	84089	F5	W	GY	GY	GY	4~5	3	5	3	5	6	4~6	3	3	3	R	R	R
WW	84090	F5	W	GY	GY	GY/MO	4~5	3	5	7	3	7	7	5	3	5	R	R	S
WW	84091	F5	W	GY	GY	GY/MO	4~5	3	5	7	4	7	7	5	3	5	R	R	S
WW	84092	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	3	5	5~7	5	4	5	R	R	S
WW	84093	F5	W	GY/MO	GY	MO	5~6	7	5	7	4	5	5~7	5	3	5	R	S	D
WW	84094	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	4	5	5~7	5	4	5	R	S	D
WW	84095	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	5	5	6	3	5	5~7	5	5	5	R	S	S
WW	84096	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	4	5	5~7	5	3	5	R	S	R
WW	84097	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	4	5	5~7	5	5	5	R	S	R
WW	84098	F5	W	GY/MO	GY	GY/MO	5~6	7	5	7	5	5	5~7	5	3	5	R	R	S
WW	84099	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	5	5	5~7	5	6	5	R	R	R
WW	84100	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	4	5	5~7	5	5	5	R	S	R
WW	84101	F5	W	GY/MO	GY	GY	5~6	7	5	7	4	5	5~7	5	4	5	R	S	R
WW	84102	F5	W	MO	MO	MO	5~7	3	5	5	4	4	4	2	3	3	R	S	R
WW	84103	F5	W	MO	MO	MO	5~7	3	5	5	4	4	4	2	2	3	R	S	R
WW	84104	F5	W	MO	MO	MO	4~6	7	-	5	5	7	4	3	1	1	R	R	R
WW	84105	F5	W	MO	MO	MO	4~6	7	-	5	5	7	4	3	3	1	R	R	S
WW	84106	F5	W	MO	MO	MO	3~7	5	-	4	5	3	5~7	5	5	5	R	R	S
WW	84107	F3	W	MO	MO	MO	-	7	-	3	3	-	2	5	3	7	R	R	D
WW	84108	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84109	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	S
WW	84110	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	D

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17춘계	'18춘계	'18추계	'17춘계	'18춘계	17춘계	18춘계	18춘계	'17춘계	'17추계				'17춘계	'17춘계	'18춘계
WW	84111	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84112	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	5	7	R	R	D
WW	84113	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84114	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	D
WW	84115	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84116	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84117	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84118	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	R
WW	84119	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	S
WW	84120	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	D
WW	84121	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	3	7	R	R	D
WW	84122	F3	W	MO	MO	MO	-	-	-	-	-	-	3	5	1	7	R	R	R
HB	84123	Inbred	B	MO	MO	MO	-	7	-	5	5	-	3	5	3	7	R	R	R
HB	84124	F5	B	MO	MO	-	-	7	-	4	3	-	3	5	5	7	R	R	R
HB	84125	F15	B	MO	MO	MO	7	4	-	3	4	3	3	3	3	7	R	R	D
HW	84126	F4	W	GY	GY	GY	-	3	-	5	4	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84127	F5	W	GY	GY	GY	-	3	-	5	4	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84128	F6	W	GY	GY	GY	-	3	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84129	F6	W	GY	GY	GY	-	5	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84130	F6	W	GY	GY	GY	-	5	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
HB	84131	Inbred	B	MO	MO	MO	-	5	-	3	3	-	3	5	3	7	R	R	R
HB	84132	Inbred	B	MO	MO	MO	3	3	-	3	4	4	5	2	4	7	R	R	R
HB	84133	Inbred	B	MO	MO	MO	7	7	-	5	5	3	3	2	3	7	R	R	R
HB	84134	Inbred	B	MO	MO	MO	4	3	-	4	4	3	3	2	4	7	R	R	R
HB	84135	Inbred	B	MO	MO	MO	7	3	-	4	3	3	4	2	3	7	R	R	R
HB	84136	Inbred	B	MO	MO	MO	7	3	-	4	3	3	4	2	3	7	R	R	R
JSL	84137	F8	W	GY	MO	MO	7	6	-	5	3	6	4	6	3	7	R	R	R
JSL	84138	F8	W	GY	MO	MO	7	6	-	5	3	6	4	6	3	7	R	R	R
JSL	84139	F6	W	GY/MO	GY/MO	GY/MO	-	6	-	5	3	-	3	5	7	7	R	R	S
JSL	84140	F6	W	MO	MO	MO	-	5	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
JSL	84141	F7	W	MO	MO	MO	-	3	-	5	4	-	3	5	7	7	R	R	R
JSL	84142	F6	W	MO	MO	MO	-	7	-	5	3	-	3	5	4	7	R	R	R

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17춘계	'18춘계	'18추계	'17춘계	'18춘계	17춘계	18춘계	18춘계	'17춘계	'17추계				'17춘계	'17춘계	'18춘계
JSL	84143	F7	W	MO	MO	MO	-	4	-	5	4	-	3	5	5	7	R	R	R
JSL	84144	F7	W	MO	MO	MO	-	4	-	5	4	-	3	5	5	7	R	R	R
JSL	84145	F7	W	MO	MO	MO	-	5	-	5	4	-	3	5	5	7	R	R	S
JSL	84146	F7	W	MO	MO	MO	-	5	-	5	4	-	3	5	7	7	R	R	R
JSL	84147	F6	W	MO	MO	MO	-	5	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
JSL	84148	F6	W	GY	GY	GY	-	7	-	3	3	-	3	5	3	7	R	R	S
JSL	84149	F5	W	GY	GY	GY	-	7	-	3	3	-	3	5	3	7	R	D	R
JSL	84150	F5	W	MO	MO	MO	-	7	-	3	3	-	3	5	5	7	R	R	R
JSL	84151	F6	W	MO	MO	MO	-	7	-	7	4	-	3	5	4	7	R	D	S
HW	84152	F11	W	MO	MO	MO	-	7	-	3	4	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84153	F6	W	MO	MO	MO	-	5	-	3	3	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84154	F6	W	-	GY	GY	-	7	-	2	4	-	3	5	3	7	R	R	R
HW	84155	F6	W	-	MO	MO	-	5	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
MINI	84156	F5	W	-	MO	MO	-	5	-	3	3	-	3	5	4	7	R	R	R
MINI	84157	F9	W	GY	GY	GY	-	7	-	5	5	-	3	5	5	7	R	R	R
MINI	84158	F12	W	GY	GY	GY	-	5	-	7	5	-	3	5	3	7	R	R	R
MINI	84159	F12	W	GY	GY	GY	-	5	-	7	5	-	3	5	4	7	R	R	R
MINI	84160	F10	W	GY	GY	GY	-	6	-	3	5	-	3	5	3	7	R	R	R
MINI	84161	F10	W	GY	GY	GY	-	7	-	5	5	-	3	5	3	7	R	R	R
C	84162	Inbred	W	GY	PF	PF	7	7	6	6	5	2	2	5	3	7	R	R	R
C	84163	F5	W	GY/MO	GY	GY	7	7	-	5	3	4	3	3	3	7	R	R	R
C	84164	F5	W	GY/MO	MO	MO	7	7	-	5	3	3	3~4	4	3	7	R	R	D
C	84165	F5	W	GY/MO	GY	MO	7	5	-	4	3	3	3~4	5	3	7	R	R	D
C	84166	F5	W	GY/MO	GY	GY/MO	7	7	-	3	3	3	3~4	5	5	7	R	R	D
C	84167	F8	W	MO	MO	MO	8	7	-	3	4	4	4	7	3	7	R	R	D
C	84168	F7	W	MO	MO	MO	5	5	-	3	3	7	5	6	6	7	R	R	D
C	84169	F8	W	MO	MO	MO	7	5	-	4	4	4	3	2	3	7	R	R	R
C	84170	F8	W	MO	MO	MO	8	3	-	3	3	4	4	2	3	7	R	S	R
C	84171	F8	W	MO	MO	MO	8	3	-	3	3	4	4	2	3	7	R	S	D
C	84172	F8	W	MO	MO	MO	8	3	-	3	3	4	4	2	4	7	R	S	R
C	84173	F8	W	MO	MO	MO	8	3~7	-	3	3	4	3	2	5	7	R	S	S
C	84174	F8	W	MO	MO	MO	8	3~7	-	3	3	4	3	2	6	7	R	S	R

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u '17춘계	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17춘계	'18춘계	'18추계	'17춘계	'18춘계	17춘계	18춘계	18춘계	'17춘계	'17추계				'17춘계	'17추계	'18춘계
C	84175	F6	W	MO	MO	MO	-	7	-	3	3	-	3	5	3	7	R	S	S
C	84176	F6	W	MO	MO	MO	-	7	-	3	3	-	3	5	5	7	R	S	S
C	84177	F8	W	MO	MO	MO	3	5	-	3	3	-	4	5	5	7	R	S	R
C	84178	F6	W	MO	MO	MO	-	6	-	3	3	-	3	5	4	7	R	D	D
C	84179	F8	W	GY/MO	GY	GY/PF	7	5	5	3	5	6	4	7	3	7	R	R	R
C	84180	F8	W	GY/MO	GY	GY	7	5	4	3	5	7	4	3	3	7	R	R	R
C	84181	F8	W	MO/GY	GY	MO	5	5	5~7	7	4	3	3	7	3	7	S	D	D
C	84182	F7	W	MO/GY	GY	GY	5	5	5~7	7	4	3	3	7	3	7	S	D	R
C	84183	F8	W	MO/GY	GY	GY	5	5	5~7	7	4	3	3	7	3	7	S	D	R
C	84184	F8	W	MO/GY	GY	GY	5	5	5~7	6	5	3	3	7	3	7	R	R	R
C	84185	F6	W	MO	MO	MO	-	4	-	3	3	-	3	5	5	7	R	R	R
C	84186	F8	W	MO	MO	MO	4	3	-	6	4	7	4	2	7	7	R	R	R
C	84187	F8	W	MO	MO	MO	4	5	-	4	4	7	3	2	5	7	R	S	S
C	84188	F8	W	MO	MO	MO	4	5	-	4	4	7	3	2	6	7	R	S	R
C	84189	F6	W	MO	MO	MO	-	3	-	3	3	-	3	5	5	3	R	R	D
C	84190	Inbred	W	MO	MO	MO	7	7	-	3	3	3	3	2	4	7	R	R	D
C	84191	F17	W	MO	MO	MO	7	7	-	4	4	6	5	3	6	7	D	R	R
C	84192	F5	W	MO	MO	MO	7	5	-	5	4	4	4~5	3	7	7	R	S	D
C	84193	F5	W	MO	MO	MO	7	5	-	5	4	4	4~5	3	3	7	R	S	R
C	84194	F5	W	MO	MO	MO	7	3	-	3	3	4	4~5	3	7	7	R	R	R
C	84195	F5	W	MO	MO	MO	7	2	-	3	3	4	4~5	3	3	7	R	R	R
C	84196	F5	W	MO	MO	MO	7	2	-	3	4	4	4~5	3	7	7	R	R	R
C	84197	F5	W	MO	MO	MO	7	5	-	5	3	3	2~3	5	3	7	R	R	D
C	84198	F8	W	MO	MO	MO	5	3	-	3	3	4	6	4	3	7	R	R	R
C	84199	F8	W	MO	MO	MO	5	5	-	2	3	4	5	7	3	7	R	R	D
C	84200	F11	W	MO	MO	MO	5	5	-	3	3	6	5	1	5	7	S	R	R
C	84201	F11	W	MO	MO	MO	5	5	-	2	3	6	5	1	5	7	S	R	R
C	84202	F10	W	MO	MO	MO	-	4	-	3	3	-	3	5	6	7	R	R	S
C	84203	F5	W	MO	MO	MO	7	5	-	4	3	5	3~5	2	5	7	R	R	R
C	84204	F5	W	MO	MO	MO	7	5	-	3	3	7	4~7	2	5	7	R	R	R
C	84205	F6	W	MO	MO	MO	2~5	7	-	3	3	7	4	3	4	7	R	S	D
C	84206	F6	W	MO	MO	MO	2~5	7	-	5	3	7	4	3	3	7	R	R	R

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17춘계	'18춘계	'18추계	'17춘계	'18춘계	17춘계	18춘계	18춘계	'17춘계	'17추계				'17춘계	'17춘계	'18춘계
C	84207	F6	W	MO	MO	MO	2~5	7	-	5	3	7	4	3	3	7	R	R	R
C	84208	F5	W	MO	MO	MO	-	7	-	6	3	-	3	5	3	7	R	R	R
C	84209	F5	W	MO	MO	MO	-	7	-	6	3	-	3	5	3	7	R	R	D
C	84210	F5	W	MO	MO	MO		7		6	3		3	5	4	7	R	R	D
C	84211	F13	W	MO	MO	MO	7	6	-	5	3	4	5	2	4	7	R	R	R
C	84212	F13	W	MO	MO	GY	-	5	-	5	3	-	3	5	3	7	R	R	R
C	84213	F6	W	GY/MO	GY	GY/MO	3~5	3	-	7	4	4	3~5	7	3	7	R	D	D
C	84214	F5	W	MO	GY	MO	-	3	-	3	3	-	3	5	6	7	R	R	D
C	84215	F5	W	MO	MO	MO	-	3	-	3	3	-	3	5	3	7	R	R	R
C	84216	F6	W	MO	MO	MO	3~7	7	-	6	3	7	5	3	3	7	S	R	R
C	84217	F6	W	MO	MO	MO	3~7	7	-	6	3	7	5	3	3	7	S	R	R
C	84218	F8	W	GY	GY	GY	8	6	5~7	3	3	3	3	5	3	7	R	R	D
C	84219	F10	W	MO	MO	MO	3~7	5	-	2	3	5	4	5	4	7	R	R	D
C	84220	F6	W	MO	MO	MO	-	3	-	3	3	-	3	5	4	7	R	R	D
C	84221	F10	W	MO	MO	MO	-	5	-	5	4	-	3	5	3	7	R	R	R
C	84222	F10	W	MO	MO	MO	-	7	-	5	3	-	3	5	4	7	R	R	R
C	84223	F4	W	MO	MO	MO	8	5	5	5	4	6	3~4	1	4	7	R	R	R
C	84224	F4	W	MO	MO	MO	8	3	5	6	4	6	3~4	1	3	7	R	R	R
C	84225	F4	W	MO	MO	MO	8	7	5	3	3	6	3~4	1	3	7	R	R	R
C	84226	F4	W	MO	MO	MO	8	7	5	3	3	6	3~4	1	3	7	R	R	R
C	84227	F4	W	MO	MO	MO	8	5	5	5	4	6	3~4	1	3	7	R	R	R
C	84228	F4	W	MO	MO	MO/PF	7	5	5	7	3	7	5~7	1	5	7	R	R	R
C	84229	F4	W	MO	MO	MO	7	5	5	6	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84230	F4	W	MO	MO	MO/PF	7	6	5	7	2	7	5~7	1	3	7	R	D	R
C	84231	F4	W	MO	MO	MO	7	7	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84232	F4	W	MO	MO	MO	7	7	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84233	F4	W	MO	MO	MO	7	7	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84234	F4	W	MO	MO	MO	7	5	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84235	F4	W	MO	MO	MO	7	7	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84236	F4	W	MO	GY	GY/MO	7	7	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84237	F4	W	MO	MO	MO	7	7	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84238	F4	W	MO	MO	MO	7	5	5	7	3	7	5~7	1	3	7	R	R	R

표 2-6. 계속

Group ^z	BN	세대	침색 ^y	성발현 ^x			조숙성 ^w		착과력 ^v			흰가루병 저항성 ^v		측지 ^u	노균병 저항성 ^v	세균병 저항성 ^v	선발 ^t		
				'17추계	'18추계	'18추계	'17추계	'18추계	'17추계	18추계	18추계	'17추계	'17추계				'17추계	'17추계	'18추계
C	84239	F4	W	MO	MO	MO	7	4	5	7	4	7	5~7	1	3	7	R	R	R
C	84240	F4	W	MO	MO	MO	7	4	5	7	4	7	5~7	1	3	7	R	R	R
ZZ	84241	F8	W	MO	MO	MO	-	3	-	7	-	-	3	5	3	7	R	R	R
ZZ	84242	Inbred	W	MO	MO	MO	-	5	-	5	-	-	3	5	4	7	R	R	R
ZZ	84243	F2	W	-	-	MO	-	3	-	-	-	-	3	5	5	7	R	R	R
ZZ	84244	F2	W	-	-	MO/GY	-	3	-	-	-	-	3	5	4	7	R	R	R
ZZ	84245	F2	W			MO		3					3	5	6	7	R	R	R

^zWW:백다다기오이, HB:흑침 취청오이, HW:백침 취청오이, C:가시오이, JSL:일본형 오이, MINI: mini 오이

^yW:백색, B:흑색 ^xGY:gunoecious, PF:pre-dominantly female, MO:monoecious

^w3:숙기 늦음, 착과력 낮음 ~ 7:숙기 빠름, 착과력 높음

^v3:이병성 ~ 7:저항성

^u3:측지 발생이 적음 ~ 7:측지 발생이 많음

^tS:선발, R:재시험 D:도태

2-3 육종계통의 세대진전

- 태국 콘캔 농장의 망실 하우스를 활용하여 육종계통에 대한 세대진전을 수행하였음(그림 2-10).
 - 경종 개요: (과종)'16. 11. 10, (정식)'16. 11. 30, (교배)'16. 12. 20 ~ 12. 30,
(내병성 선발) '17. 02. 04 ~ 02. 10 (수확 및 탈종)'17. 02. 20
- 백다다기오이 3개 분리집단, 가시오이 2개 분리집단에 대하여 노균병저항성과 과형을 기준으로 선발하였음 ($F_2 \rightarrow F_3$) (표 2-7).



그림 2-10. 태국 콘캔 농장의 망실하우스를 이용한 오이 세대진전 및 선발

표 2-7. 태국 콘캔 농장을 활용한 오이 분리집단 개체 선발수

Group	BN	세대	과종	정식수	선발수(%)
가시오이	63001	F ₂	500	450	7(1.6)
백다다기	63002	F ₂	500	480	12(2.5)
백다다기	63003	F ₂	500	400	10(2.5)
백다다기	63004	F ₂	500	350	7(2.0)
가시오이	63005	F ₂	500	420	5(1.2)
합계			2,500	2,100	41(2.0)

2-4 오이 조합작성 및 조합성능검정

가. 신규 교배조합 작성 및 병저항성 내저온성 평가(2017년)

- 선발된 육성계통을 이용하여 신규 교배조합을 작성하고 조합성능검정을 수행하였음
 - 공시 조합: 백다다기오이 65조합/ 대비종 7품종, 가시오이 23조합/ 대비종 6품종, 취청오이 14조합/ 대비종 1품종
 - 경종 개요: 파종 '17. 04. 05, 정식 05. 08, 특성평가 05. 15 ~ 07. 20
 - 정식주수: 조합 당 5주, 2반복
 - 특성조사 항목: 내저온성, 착과력, 흰가루병저항성
 - 내저온성 검정: 저온생육실을 이용하여 실내 내저온성 평가(3℃, 48시간, 24시간 일장) (그림 2-11)
- 조합성능검정을 통해 백다다기오이 12조합, 가시오이 7조합, 취청오이 7조합을 예비선발하였음(표 2-8).



그림 2-11. 오이 조합의 실내 내저온성 검정(A) 및 조합성능검정 전경(B)

표 2-8. 오이 F₁ 조합의 내저온성 및 주요 특성평가

Group ^z	BN	내저온성 ^y	착과력(1) ^x	착과력(2) ^x	흰가루병 저항성 ^x	선발
WW	71501(대비종1)	2.7	7	4.0	3	
WW	71502(대비종2)	1.7	7	3.3	3.5	
WW	71503(대비종3)	2.1	4	3.3	3	
WW	71504(대비종4)	1.5	6.5	3.7	3.5	
WW	71505(대비종5)	2.5	7	4.7	3	
WW	71506(대비종6)	2.6	6	3.3	3	
WW	71507(대비종7)	-	7	4.7	3	
WW	71509	2.0	6	4.7	3	
WW	71510	2.0	5	4.3	3.5	
WW	71511	2.0	5	4.0	3	선발
WW	71512	1.7	5.5	5.7	4	선발
WW	71513	2.0	6	4.8	3.5	
WW	71514	2.3	6	4.2	4.5	선발
WW	71515	2.3	7	5.2	4	선발
WW	71516	2.8	7	4.5	3	선발
WW	71517	3.4	5	4.3	3	
WW	71518	2.6	5.5	4.7	3	
WW	71519	3.2	7	5.3	3	선발
WW	71520	1.1	6.5	4.3	4	선발
WW	71521	1.7	5	3.3	3	선발
WW	71522	2.0	7	3.8	3	
WW	71523	1.4	6	3.5	3.5	
WW	71524	1.5	5.5	3.3	4	
WW	71525	1.6	6	3.5	3	
WW	71526	2.5	4.5	3.7	4.5	
WW	71527	1.5	6	3.7	3	
WW	71528	1.3	5.5	3.7	4	
WW	71529	1.6	5	3.0	4.5	
WW	71530	1.7	5.5	3.3	4	
WW	71531	1.3	7	3.8	4	
WW	71532	1.4	6	3.3	4	
WW	71533	1.8	6	3.8	4	
WW	71534	2.7	5	4.5	4.5	
WW	71535	3.0	5.5	4.2	4	
WW	71536	1.1	5	4.2	4	
WW	71538	-	6	4.0	3	
WW	71539	1.0	3.5	3.2	4.5	
WW	71540	2.2	5	4.2	3.5	
WW	71541	2.1	4	3.8	3.5	선발
WW	71542	2.3	7.5	3.8	4	
WW	71543	2.9	4.5	3.8	3	
WW	71544	3.5	4	3.8	5	
WW	71545	3.0	4.5	3.5	4.5	
WW	71546	1.9	5.5	3.7	3	선발
WW	71547	1.3	3	3.3	3.5	
WW	71548	2.1	7.5	4.0	3	선발
WW	71549	1.6	5	3.8	4	
WW	71550	2.6	4.5	3.3	3.5	
WW	71552	3.5	6	3.5	4.5	
WW	71553	3.0	4.5	4.0	4	
WW	71554	2.2	4.5	3.7	4.5	
WW	71555	2.3	3.5	4.0	4	
WW	71556	3.0	4	4.0	4	

표 2-8. 계속

Group ^z	BN	내저온성 ^y	착과력(1) ^x	착과력(2) ^x	흰가루병 저항성 ^x	선발
WW	71557	2.3	3.5	3.8	4	
WW	71558	2.8	3	3.3	4	
WW	71559	2.8	4	5.3	4	
WW	71560	2.9	3	3.8	3	
WW	71561	1.9	3.5	3.6	3.5	선발
WW	71562	2.7	3	4.2	3.5	
WW	71563	3.2	3	4.4	3	
WW	71564	2.7	3	4.0	3.5	
WW	71565	3.0	3	3.5	3.5	
C	71566(대비종1)	3.1	6	4.5	3	
C	71567(대비종2)	3.7	5	4.2	3	
C	71568(대비종3)	3.2	7	4.8	5	
C	71569(대비종4)	3.8	4	3.5	5	
C	71570(대비종5)	3.2	7	5.0	6	
C	71571(대비종6)	4.5	4	4.3	6.5	
C	71572	3.5	3	3.5	5.5	
C	71573	3.8	2.5	3.7	6	
C	71574	3.1	2	3.3	7	
C	71575	3.0	2.5	3.7	6	
C	71576	3.0	1	3.7	6.5	
C	71577	3.2	6	4.7	5	
C	71578	2.5	5	5.3	4.5	
C	71579	3.4	3	5.0	6	
C	71580	3.3	6	5.2	5.5	
C	71581	4.0	3	4.0	5	
C	71582	3.1	4	3.5	5.5	
C	71584	3.0	4	4.2	4.5	
C	71585	3.0	3	4.6	4	선발
C	71586	2.4	3	4.5	3.5	선발
C	71587	3.8	4	3.8	3.5	
C	71588	3.2	2	4.6	3.5	
C	71589	3.0	4	4.4	3	선발
C	71590	3.5	3	4.0	3	
C	71591	2.5	7	5.8	4	선발
C	71592	3.1	6	5.2	3.5	선발
C	71593	3.1	4	4.2	3	선발
C	71594	2.8	5	5.2	3	선발
HB	71595(대비종1)	3.3	6	5.0	3	
HB	71596	3.7	6	3.2	3	
HB	71597	3.3	4.5	4.4	3	
HB	71598	4.4	6	4.4	3	
HB	71599	4.5	6	4.4	3	선발
HB	71600	3.5	7	4.4	3	선발
HB	71601	3.7	6	4.2	3	선발
HB	71602	2.3	7	4.6	3	선발
HB	71603	3.0	6	3.6	3.5	선발
HB	71604	3.6	4.5	4.0	3.5	
HB	71605	3.2	5	4.6	3	선발
HB	71606	3.5	4.5	3.0	3.5	
HB	71607	3.5	4.5	3.2	3.5	
HW	71608	4.0	5	3.4	3.5	선발

^zWW:백다다기오이, C:가시오이 HB:흑침 취청오이, HW: 백침 취청오이

^y1:약함 ~ 5:강함 ^x3:이병성(낮음)~7:저항성(강함)

나. 가시오이 장내 조합성능검정 및 후보품종 선발

○ 가시오이 후보품종 선발을 위한 장내성능검정

- 시험지역 : 안성시 공도읍 실험농장
- 공시조합 : 가시오이 72549 외 27조합, 대비종 3품종
- 경종 개요 : 과중 '17. 08. 01, 정식 08. 25, 조사 09. 20 ~ 10. 25
- 정식주수 : 조합 당 10주, 2반복
- 특성조사 항목 : 절간장, 엽장, 정단부 생육, 절성, 과장, 과경, 과중

○ 특성조사를 바탕으로 가시오이 3조합을 선발하였음(표 2-9, 그림 2-12)

표 2-9. 가시오이 선발조합의 주요 특성

BN	절성 ^z (%)	절간장 (cm)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	흰가루병 저항성 ^y	내저 온성 ^y	과장 (cm)	과중 (g)	과경 (cm)
대비종1	97	7.7±0.3	16.8±0.4	25.3±3.2	3	3	33.0±1.5	247.0±35.0	3.5±0.2
대비종2	37	7.5±0.9	14.0±1.0	18.5±0.5	3	4	35.7±1.5	298.3±30.9	3.5±0.3
72552	33	8.5±0.9	16.2±1.0	19.3±1.2	7	4	34.3±2.5	336.7±51.9	3.7±0.3
72554	97	7.5±1.5	17.5±0.5	19.8±0.8	7	7	36.5±0.7	341.5±38.9	3.5±0.1
72574	93	10.2±0.3	19.2±2.0	23.8±1.3	5	7	37.3±1.8	327.0±30.4	3.6±0.1

^z15마디까지의 암꽃 착생비율, 10주 조사치의 평균 ^y3: 약함 ~ 7: 강함



그림 2-12. 가시오이 선발조합의 과실 형태

다. 조합성능검정 및 후보품종 선발(2018년)

(1) 춘계 조합성능검정 및 후보품종 선발

- 1차년도 선발조합 및 신규 작성 조합을 대상으로 조합성능검정을 수행하였음(그림 2-13)
 - 공시 조합 : 백다다기오이 35조합/ 대비종 4품종, 가시오이 12조합/ 대비종 3품종, 취청오이 11조합/ 대비종 1품종
 - 경종 개요 : 파종 '18. 02. 23, 정식 03. 25, 특성평가 04. 10 ~ 06. 30
 - 정식주수 : 조합 당 5주, 2반복
 - 특성조사 항목 : 유묘내저온성, 초세, 착과력(5월 30일 ~ 6월 29일), 흰가루병저항성, 수확량(5월 16일 ~ 6월 20일), 상품과율, 과형
 - 내저온성 검정 : 1차년도와 동일한 조건에서 저온생육실을 이용하여 실내 내저온성 평가(3℃, 72시간, 24시간 일장)
- 조합성능검정을 통해 후보품종 4조합(백다다기 3, 가시오이 1)을 선발하였으며 19조합(백다다기 16, 가시오이 1, 취청오이 3)을 재시험을 위한 조합으로 선발하였음(그림 2-14, 표 2-10).
- 백다다기오이 선발 조합 중 81506, 81526, 81536, 81511, 81518은 흰가루병에 대해 중도저항성 이상을 나타내었음.



그림 2-13. 오이 조합성능검정 시험포장 전경(2018년 춘계)

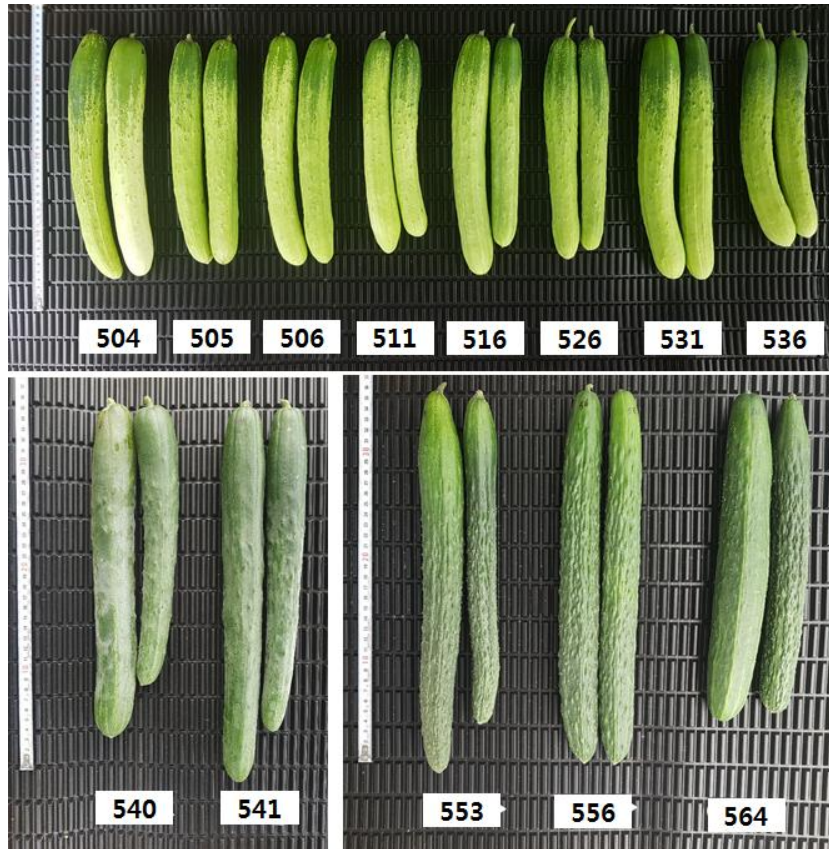


그림 2-14. 조합성능검정을 통해 선발된 오이 조합의 과실 비교(2018년 춘계 작형)

표 2-10. 오이 조합의 주요 특성 및 선발결과(2018년 춘계작형)

품종군	BN_2018 봄	절성 (%) (15마디)	절간장 (cm) (10마디)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	초세 ^z	유묘 내저온성 ^y	흰가루병 저항성 ^x	착과수 (10마 디)	착과력 (1) ^w	착과력 (2) ^w	주당 총수확 수 (A)	주당 상품과수 (B)	상품과율 (%) (B/A)x10 0	선발
백다다기	81501(대비중)	68.9 ± 10.2	90.2 ± 9.1	16.2 ± 2.7	21.6 ± 4.0	4.5	1.6	3	1.7	3.8	3.0	6.8	4.6	69	
백다다기	81502(대비중)	75.6 ± 20.4	101.3 ± 8.7	15.8 ± 3.1	24.2 ± 2.1	6.5	2.0	3.5	1.3	4.0	4.8	7.5	5.4	72	
백다다기	81503(대비중)	75.6 ± 13.9	74.8 ± 7.3	16.5 ± 0.5	23.5 ± 1.2	4	1.0	2.5	3.1	6.0	4.3	8.1	5.6	69	
백다다기	81504(대비중)	91.1 ± 3.8	85.2 ± 8.0	15.8 ± 2.4	23.2 ± 3.1	4.5	1.3	2.5	2.6	4.3	4.8	8.3	6.0	73	
백다다기	81505	93.3 ± 0.0	81.5 ± 9.4	18.1 ± 0.1	23.2 ± 1.1	6.5	-	5	2.1	5.5	5.0	8.1	6.0	74	재검
백다다기	81506	93.3 ± 0.0	74.0 ± 4.9	17.9 ± 0.6	21.5 ± 0.7	5	2.3	5.5	2.2	4.5	5.5	7.7	6.3	82	시교
백다다기	81507	93.3 ± 0.0	82.2 ± 2.6	16.9 ± 1.2	21.3 ± 0.8	5	2.0	2.5	1.8	5.0	4.5	8.1	6.4	79	
백다다기	81508	93.3 ± 0.0	88.2 ± 6.5	17.9 ± 1.4	22.9 ± 0.5	5.5	1.0	2.5	2.6	5.0	4.3	8.1	6.5	80	
백다다기	81509	82.2 ± 19.2	84.8 ± 2.6	18.4 ± 1.4	23.5 ± 3.1	6	-	3.5	2.0	4.8	3.3	8.0	6.5	81	
백다다기	81510	91.1 ± 3.8	87.8 ± 13.6	19.2 ± 1.7	23.6 ± 2.4	5.5	1.5	3.5	2.1	5.3	4.5	8.4	7.0	83	재검
백다다기	81511	84.4 ± 10.2	88.2 ± 11.8	19.1 ± 2.8	23.9 ± 0.8	4	2.5	5.5	1.7	5.5	5.0	8.0	5.8	73	재검
백다다기	81512	84.4 ± 3.8	93.4 ± 7.2	17.1 ± 2.6	22.9 ± 0.8	6.5	-	3.5	2.6	4.8	4.0	9.2	6.6	72	
백다다기	81513	91.1 ± 3.8	85.5 ± 9.3	18.2 ± 0.2	21.8 ± 0.5	4.5	3.7	4	2.1	4.8	4.0	7.7	6.4	83	재검
백다다기	81514	88.9 ± 3.8	84.8 ± 4.6	20.4 ± 0.7	22.8 ± 0.5	5	-	3.5	1.7	4.8	4.5	8.1	6.5	80	재검
백다다기	81515	86.7 ± 0.0	85.7 ± 16.2	18.9 ± 0.6	24.2 ± 0.2	5.5	1.8	5	1.5	4.3	4.5	7.1	6.0	85	
백다다기	81516	91.1 ± 3.8	93.9 ± 6.4	21.1 ± 1.8	25.7 ± 0.6	4.5	2.6	3.5	2.6	5.3	4.8	8.7	7.4	85	재검
백다다기	81517(청수)	88.9 ± 7.7	84.2 ± 7.1	19.1 ± 1.0	24.1 ± 0.9	4	2.3	3.5	2.1	5.8	4.8	8.2	6.7	82	재검
백다다기	81518	86.7 ± 0.0	92.2 ± 7.2	20.7 ± 1.5	24.4 ± 1.5	5.5	3.0	5.5	2.0	5.0	4.3	8.1	6.3	78	재검
백다다기	81519	91.1 ± 3.8	94.0 ± 2.6	21.3 ± 0.9	25.2 ± 0.9	5.5	2.6	5.5	1.8	4.0	4.0	7.3	5.4	74	
백다다기	81520	84.4 ± 3.8	85.5 ± 1.7	20.3 ± 0.8	22.8 ± 2.2	5.5	3.0	5	1.6	3.8	4.3	6.5	4.8	74	
백다다기	81521	91.1 ± 3.8	71.3 ± 3.0	17.1 ± 1.0	21.2 ± 1.0	5	2.4	4	2.0	4.3	4.3	7.2	6.1	85	
백다다기	81522	86.7 ± 11.5	84.5 ± 6.7	18.3 ± 2.0	24.5 ± 0.7	6	2.2	4	2.3	4.5	3.8	8.0	6.4	80	재검

표 2-10. 계속

품종군	BN_2018봄	질성 (%) (15마디)	절간장 (cm) (10마디)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	초세 ¹	유묘 내저온성 ²	흰가루병 저항성 ³	착과수 (10마 디)	착과력 (1) ^w	착과력 (2) ^w	주당 총수확 수 (A)	주당 상품과수 (B)	상품과율 (%) (B/A)x10 0	선발
백다다기	81523	84.4 ± 7.7	91.2 ± 7.7	20.2 ± 1.9	25.7 ± 2.2	5	2.8	3.5	2.4	5.5	4.5	9.6	7.6	79	재검
백다다기	81524	77.8 ± 10.2	84.1 ± 3.4	18.8 ± 0.7	23.5 ± 0.7	6	-	4.5	1.5	4.3	3.8	4.9	3.4	70	
백다다기	81525	93.3 ± 0.0	90.8 ± 7.9	19.9 ± 1.7	23.4 ± 0.9	4.5	2.7	5	1.9	3.8	4.0	8.2	5.9	72	
백다다기	81526	93.3 ± 0.0	85.5 ± 8.2	20.5 ± 0.6	24.9 ± 1.2	4.5	1.0	5.5	2.1	4.3	5.5	8.4	6.8	80	시교
백다다기	81527	88.9 ± 3.8	86.1 ± 13.3	19.6 ± 2.4	26.6 ± 2.6	5.5	2.6	3	2.3	4.5	3.8	9.2	7.0	76	
백다다기	81528	88.9 ± 7.7	90.2 ± 9.2	20.9 ± 0.6	25.9 ± 2.3	5	2.8	3	2.0	4.5	4.0	15.6	6.3	41	재검
백다다기	81529	88.9 ± 7.7	89.5 ± 5.4	19.8 ± 1.7	25.2 ± 2.0	5	3.3	3.5	1.2	4.5	4.8	8.0	6.6	82	재검
백다다기	81530	84.4 ± 7.7	72.9 ± 1.4	18.2 ± 0.8	21.3 ± 0.2	5	2.5	5	1.6	3.5	4.5	7.8	6.2	80	
백다다기	81531	91.1 ± 3.8	92.2 ± 12.1	20.7 ± 2.2	23.1 ± 1.6	6	3.5	5	2.0	5.0	5.3	8.8	6.3	72	재검
백다다기	81532	93.3 ± 0.0	86.0 ± 9.6	19.8 ± 0.7	23.9 ± 0.5	5.5	2.6	4.5	1.5	5.0	4.3	9.7	7.2	75	재검
백다다기	81533	91.1 ± 3.8	68.0 ± 5.0	17.7 ± 2.8	23.8 ± 3.5	5	4.3	3	1.4	4.5	4.8	8.4	6.4	76	
백다다기	81534(수미)	75.6 ± 16.8	86.9 ± 10.5	19.2 ± 1.3	24.8 ± 2.0	4	2.6	3	2.3	4.8	4.8	8.3	6.3	76	
백다다기	81535	51.1 ± 10.2	85.3 ± 3.0	18.5 ± 0.7	22.8 ± 2.2	5	2.8	5	0.7	4.0	3.8	7.4	5.3	72	
백다다기	81536	91.1 ± 3.8	81.5 ± 8.7	20.5 ± 0.6	24.0 ± 3.0	5.5	3.0	5.5	1.5	4.0	5.0	7.0	5.1	73	시교
백다다기	81537	82.2 ± 13.9	193.8 ± 18.3	19.5 ± 1.3	25.0 ± 0.8	6	3.2	4	1.8	3.5	4.3	7.1	4.9	69	
백다다기	81538	71.1 ± 23.4	98.5 ± 12.6	19.5 ± 0.4	22.5 ± 2.3	5.5	-	3	2.0	4.3	3.5	8.2	6.3	77	재검
백다다기	81539	77.8 ± 15.4	92.9 ± 6.0	20.6 ± 0.6	25.5 ± 1.3	5	3.0	5.5	1.9	4.3	3.3	7.4	6.4	87	재검
취청오이	81540	75.6 ± 16.8	84.1 ± 7.1	22.0 ± 2.4	25.1 ± 1.9	5	3.6	3	1.3	4.8	4.5	10.5	7.9	75	
취청오이	81541	60.0 ± 6.7	88.2 ± 8.2	20.3 ± 1.1	24.1 ± 1.1	7	4.3	3	1.4	4.5	3.8	8.4	6.5	78	선발
취청오이	81542	66.7 ± 6.7	92.5 ± 14.6	20.2 ± 1.6	24.0 ± 3.0	5	4.4	3	2.1	5.0	3.5	8.3	4.8	58	재검
취청오이	81543	64.4 ± 10.2	84.1 ± 13.8	21.0 ± 0.6	23.8 ± 0.8	6.5	5.0	3	1.4	4.8	4.0	8.6	6.6	77	재검
취청오이	81544(삼복)	86.7 ± 6.7	84.1 ± 8.5	19.3 ± 0.0	23.3 ± 2.0	4.5	3.8	3	1.9	5.0	3.5	8.3	5.9	71	
취청오이	81545	60.0 ± 6.7	94.2 ± 7.2	19.9 ± 0.5	23.3 ± 1.8	5	4.0	3	1.6	6.0	3.8	8.1	5.5	68	

표 2-10. 계속

품종군	BN_2018 봄	절성 (%) (15마디)	절간장 (cm) (10마디)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	초세 ¹	유묘 내저온성 ²	흰가루병 저항성 ³	착과수 (10마 디)	착과력 (1) ^w	착과력 (2) ^w	주당 총수확 수 (A)	주당 상품과수 (B)	상품과율 (%) (B/A)x10 0	선발
취청오이	81546	64.4 ± 3.8	96.2 ± 16.2	19.5 ± 1.6	23.2 ± 1.0	6.5	3.0	3	2.3	5.0	3.5	8.3	6.3	76	
취청오이	81547	48.9 ± 10.2	79.4 ± 6.4	17.8 ± 1.1	21.3 ± 0.8	6.5	3.0	3.5	2.4	4.5	4.3	8.0	6.0	75	
취청오이	81548	40.0 ± 6.7	81.8 ± 2.8	18.9 ± 1.3	23.3 ± 2.2	4.5	3.3	3	2.0	4.8	4.3	9.1	6.4	70	
취청오이	81549	64.4 ± 13.9	80.3 ± 1.7	18.3 ± 1.2	21.5 ± 1.4	6	3.4	3	1.9	4.3	3.3	9.9	7.4	75	
취청오이	81550	48.9 ± 3.8	87.0 ± 4.8	20.0 ± 1.8	23.5 ± 2.0	6	3.4	3	2.1	3.5	3.5	9.1	7.0	77	
취청오이	81551	57.8 ± 26.9	71.7 ± 1.2	19.4 ± 1.8	21.1 ± 1.2	5	-	3	2.9	5.5	4.3	9.4	7.0	75	
가시오이	81552(대비중)	28.9 ± 3.8	101.3 ± 6.6	19.2 ± 1.3	23.0 ± 2.1	4.5	3.5	3.5	1.6	3.3	3.8	8.3	6.4	77	
가시오이	81553(대비중)	75.6 ± 10.2	86.5 ± 0.5	19.6 ± 1.6	22.7 ± 1.5	4.5	2.6	2.5	2.6	5.3	3.8	11.4	8.1	71	
가시오이	81554(대비중)	51.1 ± 16.8	95.7 ± 5.1	18.6 ± 0.7	21.9 ± 1.4	4	4.6	3	2.0	5.5	5.3	9.6	7.1	74	
가시오이	81555	91.1 ± 3.8	92.3 ± 4.1	18.4 ± 0.5	22.3 ± 1.0	5	4.8	3.5	2.8	5.5	4.0	10.1	8.4	83	
가시오이	81556	66.7 ± 23.1	96.5 ± 3.0	19.8 ± 2.1	22.6 ± 2.3	6	2.3	3	2.5	5.3	4.3	10.0	7.3	73	시교
가시오이	81557	75.6 ± 10.2	104.9 ± 7.0	21.2 ± 1.3	23.2 ± 0.3	7	3.3	3	2.2	5.3	4.0	10.5	6.6	63	
가시오이	81558	84.4 ± 7.7	78.9 ± 5.6	20.5 ± 1.8	25.0 ± 3.6	5	3.6	3	2.6	5.3	4.5	10.5	7.8	74	
가시오이	81559	73.3 ± 17.6	79.5 ± 2.4	17.6 ± 2.3	23.2 ± 1.8	3.5	3.5	3	2.6	4.8	5.0	8.3	5.5	67	
가시오이	81560	88.9 ± 3.8	78.9 ± 1.9	18.0 ± 0.6	21.7 ± 1.6	4.5	3.2	3	2.3	4.5	3.8	8.6	6.6	77	
가시오이	81561	82.2 ± 13.9	86.1 ± 8.0	20.2 ± 2.4	23.5 ± 3.2	6.5	-	3	2.3	5.0	4.5	8.9	6.6	75	
가시오이	81562	91.1 ± 3.8	73.5 ± 12.0	16.5 ± 1.3	21.7 ± 2.1	3.5	2.8	4.5	2.5	4.5	5.3	9.1	6.6	73	품종등록
가시오이	81563	82.2 ± 3.8	64.5 ± 4.9	16.5 ± 2.0	22.6 ± 1.8	3.5	3.0	4.5	2.4	3.5	4.8	7.3	4.5	62	
가시오이	81564	68.9 ± 3.8	55.8 ± 6.8	18.1 ± 1.1	24.1 ± 1.0	3	3.2	4.5	3.3	4.8	5.3	7.8	6.1	79	선발
가시오이	81565	82.2 ± 19.2	63.2 ± 10.1	15.1 ± 2.5	20.7 ± 1.4	5	3.3	4.5	2.7	4.3	4.3	6.1	5.4	88	
가시오이	81566	73.3 ± 13.3	74.1 ± 7.4	18.5 ± 2.3	25.1 ± 9.0	4.5	3.8	4	2.0	4.8	5.0	5.8	3.6	63	

¹3:약함 ~ 7:강함, ²1:감수성 ~ 5:내저온성, ³3:이병성 ~ 7:저항성, ^w3: 약함 ~ 7: 강함

(2) 추계 조합성능검정 및 후보품종 선발

- 1차년도 선발조합 및 신규 작성 조합을 대상으로 조합성능검정을 수행하였음(그림 2-15).
 - 공시 조합 : 백다다기오이 61조합/ 대비종 3품종, 가시오이 27 조합/ 대비종 5품종, 취청오이 9조합/ 대비종 1품종
 - 경종 개요 : 과중 '18. 08. 15, 정식 09. 05, 특성평가 09. 20 ~ 12. 20
 - 정식주수 : 조합 당 7주, 2반복
 - 특성조사 항목 : 조숙성, 측지 발생, 절성, 수확량(10월 29일 ~ 11월 29일), 상품과율, 과형
 - 내저온성 검정 : 성숙식물체를 대상으로 저온기(11월 27일 ~ 12월 15일)에 정단부 생육 및 잎의 황백화를 기준으로 내저온성을 평가하였음.
- 조합성능검정을 통해 후보품종 6조합(백다다기 2, 가시오이 4)을 선발하였으며 25조합(백다다기 16, 가시오이 8, 취청오이 1)을 재시험을 위한 조합으로 선발하였음(그림 2-16. 표 2-11).
- 백다다기오이 선발 조합 중 82607, 가시오이 선발 조합 중 82510, 82511, 82522, 82523, 82524, 82525, 82526, 82530, 취청오이 선발 조합 중 82541는 내저온성이 중간저항성 이상을 나타내었음.
- 선발 조합 중 백다다기 오이 82566과 82565는 춘계 시험에서 흰가루병 저항성을 나타내었음.



그림 2-15. 오이 조합성능검정 포장 전경(A) 및 식물체의 저온 피해(B) (2018년 추계 작형)



그림 2-16. 조합성능건정을 통해 선발된 오이 후보품종 과형 비교 A: 다다기오이, B: 가시오이 C: 취청오이

표 2-11. 오이 조합의 주요 특성 및 선발결과(2018년 추계작형)

Group	BN_2018	BN_2018총계	측지 ^z	내저온성 ^y	조숙성 ^x	질성(%)	주당 수확수 ^w	과장 (cm)	과경 (cm)	과중 (g)	선발
가시오이	82501(대비종1)	81553	2	4.5	7	58	4.0	30.1 ± 0.5	33.3 ± 2.3	206 ± 13	
가시오이	82502(대비종2)	81552	2	3.5	7.5	53	2.9	38.4 ± 3.5	37.1 ± 2.5	306 ± 35	
가시오이	82502A(대비종3)		3	3.5	7.5	44	3.6	36.7 ± 2.3	35.2 ± 1.7	270 ± 36	
가시오이	82503(대비종4)	81554	2	3	7.5	60	3.6	34.4 ± 2.9	34.5 ± 2.3	250 ± 16	
가시오이	82504(대비종5)		4	3	7	64	5.8	31.0 ± 1.6	33.4 ± 2.6	211 ± 16	
가시오이	82505		3	2	3	82	4.5				
가시오이	82506	81556	4.5	3	6.5	44	5.2	32.3 ± 3.2	33.9 ± 3.0	239 ± 64	새론청장
가시오이	82507		6	4.5	4	76	5.2				
가시오이	82508		8	4	1.5	16	4.5				
가시오이	82510		5	5	7	78	5.9	32.4 ± 2.0	35.4 ± 1.3	255 ± 25	시교
가시오이	82511		7	5	5	47	4.5	33.6 ± 2.6	35.3 ± 2.8	278 ± 41	시교
가시오이	82512		3	3	4.5	42	6.4	36.6 ± 2.9	33.2 ± 3.0	269 ± 65	선발
가시오이	82513		3	3	3.5	24	6.0				
가시오이	82514		3.5	1	7	91	5.9				
가시오이	82515		4	1	6.5	67	4.1	32.5 ± 0.7	35.5 ± 1.9	255 ± 26	시교
가시오이	82516		7	2	4.5	53	4.8				재시험
가시오이	82517		5	2	5	80	4.4				
가시오이	82518		7.5	2.5	4	49	3.3				
가시오이	82519		6.5	3.5	4.5	51	4.1				
가시오이	82520		5.5	4.5	5	100	4.9				
가시오이	82521		4	5.5	5	91	3.5				
가시오이	82522		4.5	6.5	5.5	100	4.7	29.1 ± 2.9	33.2 ± 1.4	192 ± 27	선발
가시오이	82523		4	5.5	6.5	100	4.0	35.7 ± 2.4	36.3 ± 3.7	309 ± 62	중국 시교
가시오이	82524		2	5.5	6	78	4.3				재시험
가시오이	82525		3	6	7	100	4.0	30.6 ± 0.8	34.2 ± 2.5	224 ± 24	선발
가시오이	82526		4	5	7	98	5.4	32.1 ± 1.7	36.1 ± 2.8	252 ± 44	선발

표 2-11. 계속

Group	BN_2018	BN_2018총계	측지 ^z	내저온성 ^y	조숙성 ^x	질성(%)	주당 수확수 ^w	과장 (cm)	과경 (cm)	과중 (g)	선발
가시오이	82527		4.5	4.5	3	98	6.5				
가시오이	82528		5	4.5	4.5	73	4.1				
가시오이	82529		4	5.5	3.5	62	4.1				
가시오이	82530	81564	4	6	4	62	3.8				재시험
가시오이	82531	81562	5	3	4	89	5.8	34.3 ± 2.8	37.5 ± 1.8	284 ± 54	선발
가시오이	82532		4	3	5	100	4.8				
취청오이	82533(대비중1)	81540	4	5.5	3	80	3.0	28.4 ± 2.1	39.8 ± 2.2	270 ± 43	
취청오이	82534	81541	3	4.5	3	96	2.8				
취청오이	82535	81542	3.5	4.5	3	73	3.0				
취청오이	82536	81543	4	5	3	62	2.5				
취청오이	82537(삼복)		3.5	5.5	3.5	42	2.8	28.5 ± 0.7	40.4 ± 2.0	284 ± 29	
취청오이	82538		4.5	5.5	4	36	3.6				
취청오이	82539		3	4.5	5	44	4.1				
취청오이	82540		3.5	4.5	4.5	31	2.9				
취청오이	82541		5	6	5.5	76	3.2	28.9 ± 1.4	40.3 ± 2.1	282 ± 27	선발
취청오이	82542		3.5	5.5	3	100	4.9				
백다다기	82543	81502	4.5	3.5	4	100	5.9	25.2 ± 0.8	36.0 ± 1.9	203 ± 23	
백다다기	82544	81504	7	2.5	4	100	5.3	22.9 ± 2.3	32.3 ± 0.8	160 ± 35	
백다다기	82545	81503	7	1.5	4.5	100	6.0	23.8 ± 1.6	36.9 ± 4.0	204 ± 44	
백다다기	82546	81510	3	1	6.5	93	5.4	23.7 ± 1.3	36.4 ± 1.4	192 ± 17	선발
백다다기	82547		5	1.5	6.5	98	5.3	23.4 ± 0.5	38.7 ± 2.5	217 ± 32	선발
백다다기	82548	81523	4.5	2	3	91	4.9				재시험
백다다기	82549	81528	4.5	2.5	6	100	4.8				
백다다기	82550(수미)	81534(수미)	3	4.5	5.5	87	5.4	23.4 ± 3.4	36.1 ± 2.2	183 ± 19	
백다다기	82551(청수)	81517 청수	3	5	6.5	98	4.5	23.4 ± 1.8	36.9 ± 2.4	205 ± 43	
백다다기	82552	81529	3	4.5	5	98	5.1				

표 2-11. 계속

Group	BN_2018	BN_2018총계	측지 ^z	내저온성 ^y	조숙성 ^x	질성(%)	주당 수확수 ^w	과장 (cm)	과경 (cm)	과중 (g)	선발
백다다기	82553		2.5	3.5	4	91	3.7				
백다다기	82554		4	4	2.5	71	2.7				
백다다기	82555		2	3.5	3.5	82	3.4				
백다다기	82556		1	3.5	2.5	96	2.7				
백다다기	82557		7.5	3.5	3	33	2.3				재시험
백다다기	82558		5.5	3.5	4.5	80	3.6				
백다다기	82559		3	3.5	5	87	3.2				
백다다기	82560		5.5	3.5	4	87	3.8				재시험
백다다기	82561		5.5	3.5	4	89	4.4				
백다다기	82562		3	3.5	4	91	3.2				
백다다기	82563		5	4	4.5	40	2.8				
백다다기	82564		4	3.5	3	96	3.2				재시험
백다다기	82565	81506	2	2	3	100	3.9				재시험
백다다기	82566	81511	2.5	2.5	4	100	4.1	23.5 ± 1.8	36.4 ± 2.6	189 ± 30	시교
백다다기	82567(고은)	81526	3.5	2.5	4	100	3.9	23.2 ± 1.3	35.5 ± 3.1	193 ± 37	
백다다기	82569		1	2.5	4	67	3.4	24.0 ± 1.4	36.0 ± 0.1	195 ± 35	선발
백다다기	82570	81518	1.5	2.5	4	100	3.4				
백다다기	82571		1	3	2.5	67	2.7				
백다다기	82572		1	2	4	100	3.8				
백다다기	82573		3	2	3.5	98	3.7				
백다다기	82574		2	2	3.5	98	4.7	23.6 ± 0.7	35.8 ± 2.0	198 ± 24	선발
백다다기	82575		3	3	3	100	3.9				
백다다기	82576	81531	1.5	3	3.5	100	5.3				
백다다기	82577		1	3	3	98	4.2	24.8 ± 2.6	36.0 ± 3.7	223 ± 70	시교
백다다기	82578	81513	5	3	3.5	100	4.8				
백다다기	82579		7	1.5	3	80	4.3				
백다다기	82580		7.5	2	3	67	3.7				

표 2-11. 계속

Group	BN_2018	BN_2018총계	측지 ^z	내저온성 ^y	조숙성 ^x	질성(%)	주당 수확수 ^w	과장(cm)	과경(cm)	과중(g)	선발
백다다기	82581		7.5	2	4.5	98	5.3				채시험
백다다기	82582		7	2	3	84	4.1				
백다다기	82583		2	3	3.5	98	3.3				
백다다기	82584		4.5	4	3.5	100	4.5	24.6 ± 1.0	38.5 ± 1.6	232 ± 16	선발
백다다기	82585		5	4	4	100	4.7	28.0 ± 7.7	38.0 ± 2.2	216 ± 41	선발
백다다기	82586	81514	4	3.5	3.5	100	4.1				
백다다기	82587	81522	2.5	3	3	98	3.7				
백다다기	82588	81538	3.5	2.5	4	100	3.7				
백다다기	82589	81539	5.5	2.5	4	98	3.3				
백다다기	82590		3	2.5	4	98	4.0				
백다다기	82591		2	3	4	100	4.1				
백다다기	82592		2.5	3	3.5	100	4.5				
백다다기	82593		4	3	3	89	3.3				
백다다기	82594		3.5	2.5	3	98	3.4				
백다다기	82595		5	2	3	100	5.4				
백다다기	82596		6	1.5	3	100	5.4	20.1 ± 0.9	38.2 ± 2.1	177 ± 26	선발
백다다기	82597		5.5	2	4	67	4.2				
백다다기	82598		4.5	2.5	3.5	53	3.7				
백다다기	82599		4.5	2.5	3	87	3.4				
백다다기	82600		4	2.5	3	76	3.6				
백다다기	82601		6.5	2.5	3	27	1.4				
백다다기	82603		5	2.5	3	98	3.7				
백다다기	82604		7.5	3.5	3	91	4.2				
백다다기	82605		7.5	3	3	98	4.6	22.4 ± 1.2	37.1 ± 1.2	197 ± 19	선발
백다다기	82606		6	4	3	96	4.3				
백다다기	82607		7	5	3	42	2.5				채시험
백다다기	82608		7	3	4	100	4.5	22.5 ± 0.9	37.2 ± 1.2	202 ± 18	선발

^z3:적음 ~ 7:많음, ^y성숙식물체의 포장내저온성 3:약함 ~ 7:강함, ^x3:숙기 늦음 ~ 7:숙기 빠름 ^w주당 평균수확수(2018년 10월 29일 ~11월 29일)

2.4 오이 후보품종의 농가시험 및 선발

○ 백다다기오이 후보품종 선발을 위해 농가시험을 수행하였음

- 시험지역 : 경기도 안성시 미양면

- 공시조합 : 63001외 17조합, 대비종 1품종

- 경종 개요 : 과중 '16. 09. 30, 접목 '16. 10. 10, 정식 '16. 11. 04, 조사 '16. 12. ~ '17. 05. 30

- 정식주수 : 조합 당 15주, 2반복, 흑종호박 접목재배

- 특성조사 항목 : 절간장, 엽장, 정단부 생육, 절성, 착과율, 기형과율, 지방 길이, 과장, 과경, 과중, 과피 및 과육 색

- 내저온성: 5회 조사치의 평균 ('16. 12. 15 ~ '17. 02. 26)

- 지방길이: 10개 지방의 평균길이 측정

- 측지발생: 3회 측정치의 평균 ('16. 12. 15 ~ '17. 01. 08)

- 과비대성: 6회 조사치의 평균 ('17. 01. 09 ~ 02. 25)

- 과장, 과중: 10과 3회 조사치의 평균 ('17. 01. 15 ~ 02.26)

○ 특성조사를 바탕으로 6개 조합을 선발하였음(그림 2-17, 표 2-12).



그림 2-17. 백다다기오이 농가시험 전경 및 및 선발조합 과형 비교

표 2-12. 백다다기오이 조합의 주요 특성 및 선발결과

BN	내저온성 ^z	조숙성 [†]	자방 길이 (cm)	절간장 (cm)	엽장 (cm)	측지 발생 ^x	저온 비대성 ^w	과장 (cm)	과중 (g)	최종 선발
63001	4.0±2.6	5.5	3.5±0.0	14.5±0.5	19.8±0.7	3.0	2.8	24±0.3	-	선발
63002	5.0±1.4	5	3.6±0.1	14.5±0.9	21.8±1.2	5.0	3.3	-	-	
63003	6.8±1.1	5.5	3.7±0.3	14.3±1.5	20.1±1.2	3.3	4.3	24.3±0.4	162±14	선발
63004	4.8±2.0	5	3.5±0.1	14.5±0.9	21.0±0.6	3.0	3.3	-	-	
63005	5.0±1.2	5.5	3.5±0.2	13.7±0.6	22.5±1.2	3.3	4.7	22.9±0.7	185±17	선발
63006	4.6±1.5	5	3.4±0.2	14.2±0.3	23.3±0.6	3.7	4.8	23.3±0.3	181±23	선발
63007	3.8±0.4	5	3.7±0.2	14.3±0.3	22.3±0.8	3.7	5.3	23.9±0.2	172±12	선발
63008	5.0±0.7	5	3.5±0.1	13.7±0.6	22.5±1.2	3.0	3.5	-	-	
63009	5.0±1.9	7	3.7±0.2	14.7±1.3	22.3±0.6	3.7	3.3	-	-	
63010	6.6±0.9	5.5	3.5±0.2	14.5±1.5	20.0±0.4	6.3	3.5	-	-	
63011	5.0±1.6	5.5	3.6±0.2	13.7±1.3	20.8±0.3	3.0	4.5	23.8±0.5	-	
63012	4.8±2.0	5.5	3.7±0.2	13.5±0.5	20.8±0.9	5.7	3.8	-	-	
63013	6.4±1.3	5	3.3±0.3	13.3±1.0	20.5±1.6	5.7	3.8	-	-	
63014	4.6±0.5	5	3.5±0.1	12.5±0.5	20.3±0.5	4.7	3.0	-	-	
63015	5.6±1.3	4.5	3.4±0.1	11.7±0.6	19.3±0.7	3.0	2.7	-	-	
63016	6.6±0.9	5	3.3±0.2	12.7±0.6	20.5±1.2	5.3	2.7	-	-	
63017	6.6±0.9	6.5	3.5±0.2	11.1±0.3	20.0±0.8	4.7	4.0	24.6±0.2	161±3	선발
63018	6.6±0.9	5	3.6±0.2	10.8±0.3	19.3±0.4	5.0	3.3	-	-	
대비종	5.2±1.5	7	3.5±0.1	12.2±0.3	16.3±0.8	3.0	4.7	23.1±0.8	170±13	

^z3: 약함, 7: 강함 ^y3: 늦음 ~ 7: 빠름 ^x3: 적음 ~ 7: 많음 ^w3: 약함 ~ 7: 강함

2-5 중국 산둥성 오이 조합성능검정 및 후보품종 선발

가. 1차년도 조합성능검정 및 후보품종 선발(2017년)

- 가시오이 후보품종 선발을 위해 중국 현지시험을 수행하였음
 - 시험지역: 중국 산둥성 Qingzhou시 天成農業開發有限公司 일광온실
 - 공시조합: 가시오이 C519외 17조합 대비종 1품종, 취청오이 H576외 3조합 대비종 1품종
 - 경종 개요: 파종 '17. 01. 20, 접목 '17. 01. 30, 정식 '17. 02. 18, 조사 '17. 03. 20 ~ '17. 05. 30
 - 정식주수: 조합 당 15주 2반복, 블룸리스 대목 접목재배
 - 특성조사 항목: 절간장, 엽장, 정단부 생육, 절성, 착과율, 기형과율, 과장, 과경, 과중, 과피 및 과육 색
- 특성조사를 바탕으로 가시오이 5조합을 선발하였음(표 2-13, 그림 2-18).

표 2-13. 중국 산둥성 현지 적응성시험 오이 조합특성 및 선발결과

Type	No.	조합명	% Female flower	과장 (cm)	과경 (cm)	과실 목의 길이 ^z	과실 정부의 모양 ^y	과실 혹의 크기 ^z	과실 주름의 정도 ^z	과실 줄무늬의 길이 ^z	과실 광택	과육 색	선발
가시	1	C767	60	36.5±1.5	4.3±0.3	5	1	7	7	3	강	녹	
가시	2	C519	87	37.0±0.5	4.2±0.2	5	1	5	5	3	강	녹	
가시	3	C790	97	28.0±0.5	3.7±0.2	3	3	5	6	5	강	연록	
가시	4	C522	92	28.5±0.5	3.6±0.2	6	3	6	6	3	약	연록	
가시	5	C570	95	30.5±1.5	4.3±0.3	6	1	6	5	3	강	연록	
가시	6	C555	97	30.5±1.5	4.1±0.2	5	2	3	3	3	중	녹	선발
가시	7	C558	90	31.5±1.5	3.5±0.1	3	3	3	3	5	약	연록	
가시	8	C559	92	27.0±1.0	3.8±0.2	3	3	3	3	3	중	녹	선발
가시	9	C560	80	32.0±2.0	4.2±0.2	2	3	5	3	3	약	연록	
가시	10	C563	95	31.0±1.0	3.9±0.1	3	2	5	5	3	중	연록	
가시	11	대비중	96	31.5±0.5	3.6±0.2	3	2	5	5	6	중	연록	
가시	12	C578	92	32.0±1.0	3.9±0.1	3	1	5	6	5	중	연록	선발
가시	13	C580	87	31.5±1.5	4.0±0.1	5	2	5	4	5	약	연록	
가시	14	C582	90	34.5±0.5	3.9±0.1	6	1	5	6	5	강	녹	
가시	15	C583	90	33.0±1.0	4.1±0.1	3	1	5	4	5	강	녹	선발
가시	16	C685	92	34.5±0.5	3.7±0.1	3	1	5	6	7	약	연록	
가시	17	C788	87	33.5±0.5	3.9±0.1	4	1	5	5	5	강	녹	
가시	18	C794	95	33.5±0.5	4.0±0.2	3	3	5	5	3	중	녹	선발
가시	19	C566	95	31.0±1.0	3.8±0.2	5	2	4	5	6	중	연록	
취청	20	대비중	55	35.5±0.5	3.7±0.1	1	1	3	1	7	중	연록	
취청	21	H576	45	29.0±2.0	4.4±0.2	1	1	3	1	7	중	연록	
취청	22	H581	50	26.0±1.0	3.5±0.1	1	1	3	1	8	중	연록	
취청	23	H583	60	28.0±2.0	3.9±0.1	1	3	3	1	5	중	녹	선발
취청	24	H577	40	27.5±0.5	3.5±0.3	1	1	3	1	5	강	연록	

^z1:짧다, 작다 ~ 9: 길다, 크다

^y과정부의 모양>1:뾰족하다, 2: 뽕룩하다, 3:둥글다, 4:절두형



그림 2-18. 산동성 오이 성능검정 조합의 과실 형태

나. 2차년도 조합성능검정 및 후보품종 선발(2018년)

(1) 2018년 춘계 조합성능검정

- 1차년도 선발조합 및 장내 성능검정을 통해 선발된 신규 후보품종들을 대상으로 중국 산둥성 지역에서 현지시험을 수행하였음(그림 2-19).
 - 시험지역: 중국 산둥성 Qingzhou시 天成農業開發有限公司 일광온실
 - 공시조합: 백다다기오이 8조합, 가시오이 6조합 대비종 2품종, 취청오이 2조합 대비종 1품종
 - 경종 개요: 파종 '18. 02. 25, 정식 '18. 03. 30, 조사 '18. 05. 20 ~ '18. 05. 30
 - 정식주수: 조합 당 15주 2반복, 실생묘 재배
 - 특성조사 항목 : 절간장, 엽장, 정단부 생육, 절성, 착과율, 기형과율, 과장, 과경, 과중, 과피 및 과육 색
- 특성조사를 바탕으로 백다다기오이 1조합, 가시오이 2조합을 선발하였음(표 2-14, 그림 2-20)
 - 백다다기오이 801는 '청수백다다기'오이로 현지 마케팅 팀이 사천성 지역에서 시교사업을 수행하는 것을 제안하였음.
 - 가시오이 812과 813은 대비종에 비해 절성이 높고 노균병에 저항성이었으며 농가 확대 시험을 수행하기로 하였음.



그림 2-19. 산둥성 일광온실을 이용한 오이 조합성능검정 전경(2018년 춘계 작형)



그림 2-20. 산둥성 일광온실의 조합 성능검정을 통해 선발된 백다다기오이 및 가시오이

표 2-14. 산동성 일광온실을 이용한 조합성능검정에서 오이 조합의 주요 특성(2018년 춘계 작형)

품종군	BN	조합(품종)명	정단 생육	10마디당 정상자방수	절성 (%)	마디당 암꽃수	절간장 (cm)	엽장 (cm)	과장 (cm)	과경 (cm)	과중 (g)	노균병 저항성	시험 결과
백다다기	801	청수백다다기	5	47 ± 2.1	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	9.1 ± 0.8	16.8 ± 0.8	25.5	3.8	230	6	선발
백다다기	802	72507	4	4.2 ± 0.8	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	12.7 ± 1.5	17.0 ± 1.0	27.7	4	251	5	
백다다기	803	72509	4	5.0 ± 1.4	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	11.0 ± 1.0	16.7 ± 0.6	27.4	3.6	224	4	
백다다기	804	수미백다다기	4	4.8 ± 1.6	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	10.0 ± 1.3	17.5 ± 0.5	25.1	3.5	215	5	
백다다기	805	72518	3	3.6 ± 0.5	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	8.7 ± 1.8	16.2 ± 1.5	28.1	3.9	244	4	
백다다기	806	72520	3	4.0 ± 1.2	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	8.8 ± 0.3	15.5 ± 0.9	28.4	3.9	243	5	
백다다기	807	72526	5	3.6 ± 1.1	100.0 ± 0.0	1.0 ± 0.0	7.5 ± 0.5	15.8 ± 0.8	28.2	3.6	260	4.5	
백다다기	808	72531	5	3.6 ± 1.1	100.0 ± 0.0	1.2 ± 0.4	7.8 ± 0.3	14.3 ± 0.6	29.5	3.6	253	6	
가시오이	809	낙동청장	5	4.8 ± 0.8	94.0 ± 5.5	1.2 ± 0.4	11.8 ± 1.3	17.5 ± 1.8	33.0	3.5	247	3	
가시오이	810	JinYou No.35	5	4.6 ± 0.5	6.6 ± 1.3	1.0 ± 0.0	8.8 ± 0.8	18.3 ± 0.6	-	-	-	3	
가시오이	811	72552	3	4.6 ± 1.3	96.0 ± 5.5	1.4 ± 0.5	7.2 ± 0.3	16.8 ± 1.3	35.7	3.5	298	3	
가시오이	812	72554	4	3.6 ± 0.5	80.0 ± 7.1	1.2 ± 0.4	10.7 ± 0.6	16.3 ± 1.3	34.3	3.7	337	5	선발
가시오이	813	72557	4	3.6 ± 0.9	92.0 ± 13.0	1.8 ± 0.4	10.5 ± 0.9	20.5 ± 0.5	36.5	3.5	342	5	선발
가시오이	814	72571	5	6.8 ± 0.8	98.0 ± 4.5	1.6 ± 0.5	8.5 ± 0.5	17.2 ± 1.2	38.5	3.6	345	4	
가시오이	815	72574	6	6.0 ± 0.7	86.0 ± 15.2	1.4 ± 0.5	12.3 ± 1.5	17.7 ± 0.8	37.3	3.6	327	3	
가시오이	816	72575	4	4.6 ± 0.9	98.0 ± 4.5	1.2 ± 0.4	13.7 ± 2.1	16.8 ± 1.0	37.5	3.8	335	3	
취청오이	817	신세대	7	4.8 ± 0.8	98.0 ± 4.5	1.0 ± 0.0	10.7 ± 1.5	18.0 ± 1.0	31	4.0	340	5	
취청오이	818	72580	6	4.8 ± 1.3	92.0 ± 8.4	1.4 ± 0.5	9.2 ± 0.3	17.5 ± 0.5	31.7	4.0	345	4	
취청오이	819	72585	5	3.8 ± 0.8	84.0 ± 11.4	1.0 ± 0.0	9.7 ± 1.5	18.0 ± 1.0	29.6	3.9	315	4	

(2) 2018년 추계 조합성능검정

- 2017년 춘계 작형과 2018년 춘계 작형에서 선발된 백다다기오이 및 가시오이 조합을 대상으로 중국 산둥성 지역에서 현지시험을 수행하였음(그림 2-21).
 - 시험지역 : 중국 산둥성 Qingzhou 시 天成農業開發有限公司 비닐하우스
 - 공시조합 : 백다다기오이 3조합, 가시오이 4조합
 - 경종 개요 : 파종 '18. 08. 01, 정식 '18. 08. 20, 조사 '18. 09. 20 ~ '18. 10. 10
 - 정식주수 : 조합 당 20주, 2반복
 - 특성조사 항목 : 착과율, 기형과율, 외관품질
- 특성조사를 바탕으로 가시오이 2조합을 선발하였음(표 2-15, 그림 2-22).
 - 가시오이 825와 826는 춘계 작형에서 선발되었던 조합으로 대비종에 비해 질성이 높고 과실 목의 길이가 짧았으며 내저온성이 비교적 높아 현지 마케팅팀이 저온기 농가 확대시험을 수행하기로 하였음.



그림 2-21. 산둥성 비닐하우스 재배 작형에서의 오이 조합성능검정 전경(2018 추계)



그림 2-22. 산둥성 비닐하우스 작형에서의 오이 조합별 과실(2018 추계)

표 2-15. 산동성 오이 조합성능검정 목록 및 시험 결과(2018 추계)

품종군	BN	BN_2018 추계	조합(품종)명	시험 결과
백다다기	821	801	청수백다다기	
백다다기	822	804	수미백다다기	
백다다기	823		81506	
가시오이	824	811	72552	
가시오이	825	812	72554	선발
가시오이	826	813	72557	선발
가시오이	827		81564	

2-6 오이 등록 품종 및 후보품종의 종자 생산력 검정

가. 2017년도 육성 품종 및 후보품종의 종자생산력 검정

- 등록 품종 및 후보품종의 종자 생산력을 검정하였음 (그림 2-23).
 - 대상 품종 및 시교 조합 : '수미백다다기', '고은백다다기', '새론청장', 백다다기오이 11조합, 가시오이 16조합, 취청오이 2조합
 - 채종 시설 : 방충 비닐하우스, 재식거리 : 35×40 cm
 - 모계와 부계의 정식비율 : 4:1
 - 교배 전 순도 확인 : 교배 전 모계와 부계의 특성조사를 통해 계통의 순도 확인
 - 경종 개요 : (과중) 04. 01, (정식) 05. 06, (교배) 06.10 ~06.20, (종과수확) 07.30
 - 탈종 및 조제 후 주당 종자생산량 조사
- 교배시기가 비교적 고온기로 전체적인 종자생산은 낮은 수준이었으며 조합에 따른 경향을 파악하는데 활용할 수 있을 것으로 판단되었음 (표 2-16, 표 2-17).
 - 백다다기오이 중 '수미백다다기'의 과실당 종자 생산량은 1.1g(약 41립)으로 비교적 낮았으며 '고은백다다기'는 1.6 g(약 55립)이었음.
 - 가시오이 '새론청장'의 과실당 종자생산량은 1.3 g(약 63립)이었음.
 - 백다다기오이 후보품종들의 평균 과실당 종자생산량은 0.76 g, 가시오이는 1.76 g, 취청오이는 2.07 g이었음.
 - 과실당 종자생산량에서 백다다기오이 중에서는 71531 이 2.71 g 으로 가장 높았으며 가시오이에서는 71579가 3.21 g으로 가장 높았음.



그림 2-23. 오이 종자생산선발조합의 시험용 종자 생산(A) 및 원종 증식(B) 포장 전경

표 2-16. 오이 품종의 종자생산력(2017년)

품종명	주수 (A)	과수 (B)	종자 생산량(g) (C)	주당 종자생산량(g) (C/A)	과당 종자생산량(g) (C/B)	천립중(g)
수미백다다기	110	155	165	1.5	1.1	26.2 ± 0.8
고은백다다기	75	112	180	2.4	1.6	29.3 ± .4
새론청장	30	58	75	2.5	1.3	20.8 ± 0.6

표 2-17. 오이 후보품종의 종자생산력 (2017년)

품종군	조합명	SN	MN_A	MN_B	과수	종자 생산량(g)	과당 종자량(g)
백다다기	71511	17-2045	71286	71287	80	27.1	0.34
백다다기	71512	17-2073	71342	71343	40	41.0	1.03
백다다기	71513	17-2043	71282	71283	21	57.0	2.71
백다다기	71514	17-2044	71284	71285	23	16.7	0.73
백다다기	71515	17-2074	71344	71345	55	32.8	0.60
백다다기	71516	17-2046	71288	71289	160	174.7	1.09
백다다기	71521	17-2048	71292	71293	14	7.9	0.56
백다다기	71528	17-2049	71294	71295	48	11.1	0.23
백다다기	71535	17-2050	71296	71297	22	11.7	0.53
백다다기	71555	17-2051	71298	71299	69	31.1	0.45
백다다기	71561	17-2075	71346	71347	36	1.4	0.04
가시오이	71577	17-2054	71304	71305	20	52.8	2.64
가시오이	71578	17-2055	71306	71307	40	74.2	1.86
가시오이	71579	17-2056	71308	71309	53	170.1	3.21
가시오이	71580	17-2057	71310	71311	41	116.9	2.85
가시오이	71581	17-2058	71312	71313	40	114.1	2.85
가시오이	71582	17-2061	71318	71319	32	89.3	2.79
가시오이	71583	17-2059	71314	71315	43	112.5	2.62
가시오이	71584	17-2060	71316	71317	30	63.1	2.10
가시오이	71585	17-2062	71320	71321	58	63.5	1.09
가시오이	71587	17-2063	71322	71323	10	7.0	0.70
가시오이	71588	17-2064	71324	71325	35	22.8	0.65
가시오이	71590	17-2065	71326	71327	42	20.7	0.49
가시오이	71591	17-2066	71328	71329	38	32.8	0.86
가시오이	71592	17-2067	71330	71331	43	38.6	0.90
가시오이	71593	17-2068	71332	71333	60	94.7	1.58
가시오이	71594	17-2069	71334	71335	49	49.0	1.00
취청오이	71598	17-2070	71336	71337	36	67.0	1.86
취청오이	71604	17-2071	71338	71339	41	93.2	2.27

나. 2018년도 오이 후보품종의 종자생산력 검정

- 후보품종의 종자 생산력을 검정하였음.
 - 대상 후보품종: 2017년도에 선발된 백다다기오이 5조합, 가시오이 3조합
 - 채종 시설 : 방충 비닐하우스, 재식거리: 35 ×40cm
 - 모계와 부계의 정식비율: 4:1
 - 교배 전 순도 확인: 교배 전 모계와 부계의 특성조사를 통해 계통의 순도 확인
 - 경종 개요: (과종) 04. 01, (정식) 05. 06, (교배) 09. 10 ~ 09. 20, (종과수확) 11. 01 ~ 11. 10
 - 탈종 및 조제 후 주당 종자생산량 조사
- 백다다기오이의 평균 과실당 종자생산량은 1.3 g이었으며 가시오이는 1.0 g이었으며 백다다기오이 조합에서는 72507이 가시오이에서는 72552의 종자생산력이 가장 높았음(표 2-18).

표 2-18. 오이 후보품종의 종자생산력 (2018년)

품종군	조합명	SN	MN_A	MN_B	과수	종자 생산량(g)	과당 종자량(g)
백다다기	72507	18-2001	T82001	T82003	90	168.0	1.9
백다다기	72509	18-2002	T82004	T82005	50	87.7	1.8
백다다기	72517	18-2004	T82008	T82009	20	18.4	0.9
백다다기	72518	18-2005	T82010	T82011	50	50.5	1.0
백다다기	72520	18-2006	T82012	T82013	35	26.1	0.7
가시오이	72552	18-2008	T82016	T82017	85	137.1	1.6
가시오이	72554	18-2009	T82018	T82019	70	77.5	1.1
가시오이	72574	18-2010	T82021	T82023	11	2.9	0.3

2-7 오이 신품종 품종보호출원, 품종홍보 및 판매

가. 오이 신품종 품종보호출원

○ 수미백다다기(Sumi-Baekdadagi)

- 출원일자 : 2017. 09. 07
- 품종보호 출원번호: 출원 2017-461
- 출원인: 세종대학교산학협력단
- 식물체의 주요 형태적 특성
 - ① 식물체의 생육형은 무한형이다.
 - ② 잎몸은 하향엽으로 녹색의 강도가 진하다.
 - ③ 잎몸의 길이는 길며 정부의 엽절길이/잎몸길이 비율이 중간 정도이다.
 - ④ 식물체의 성표현은 자성형이며 단위결과성이 높다.
 - ⑤ 백다다기오이로 자방 모용의 색은 흰색이다.
 - ⑥ 마디당 암꽃 수는 주로 1개이다.
 - ⑦ 과실의 횡단면의 모양은 조금 각지다.
 - ⑧ 과실 정부의 모양은 뭉툭하다.
 - ⑨ 과실의 바탕색이 진하다.
 - ⑩ 과실의 혹의 크기는 작다.



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 - 461
	품종명칭 출원번호: 명칭 2017 - 1062

작 품 명 : 오이
 품종 명칭 : 수미백다다기
 출 원 인 : 세종대학교산학협력단
 주 소 : 서울 경진구 교차로, 세종대학교 김현관 216호 산학협력단

2017년09월07일

국립종자원 

○ 고은백다다기(Goeun-Baekdadagi)

- 출원일자 : 2018. 11. 09
- 품종보호 출원번호: 출원 2018-606
- 출원인: 세종대학교산학협력단
- 식물체의 주요 형태적 특성
 - ① 식물체의 생육형은 무한형이다.
 - ② 잎몸은 하향엽이며 녹색의 강도는 중간 정도이다.
 - ③ 식물체의 성표현은 자성형이며 단위결과성이 높다.
 - ④ 백다다기오이로 지방 모양의 색은 흰색이다.
 - ⑤ 마디당 암꽃 수는 주로 1개이다.
 - ⑥ 과실의 목이 없으며 과실의 바탕색이 진하다.
 - ⑦ 과실의 혹은 작다.



민원인을 가족같이, 민원을 내일같이	
<small>불거진 내용에 의문이 있으시면 담당자에게 문의하시기 바랍니다. 담당자: 송수연 전화: (054) 912-0115 FAX: (054) 912-0210 인터넷 홈페이지: www.seed.go.kr</small>	
39660	경상북도 김천시 혁신8로 119

품종보호출원번호 통지서

출원일자: 2018.11.9	품종보호 출원번호: 출원 2018 - 606 품종명칭 출원번호: 명칭 -
-----------------	---

작 품 명: 오이
 품종 명칭: 고은백다다기
 출 원 인: 세종대학교산학협력단
 주 소: 서울 광진구 구자동, 세종대학교 김천관 216호 산학협력단

2018년11월09일

국립종자원

○ 새론청장 (Saeron-Cheongjang)

- 출원일자 : 2018. 11. 06
- 품종보호 출원번호: 출원 2018-600
- 출원인: 세종대학교산학협력단
- 식물체의 주요 형태적 특성
 - ① 식물체의 생육형은 무한형이다.
 - ② 식물체의 15마디까지의 총 길이는 짧다.
 - ③ 잎몸은 수평엽이며 녹색의 강도는 짙다.
 - ④ 잎몸 가장자리의 물결모양은 중간이며 가장자리의 거치는 중간이다.
 - ⑤ 식물체의 성표현은 혼성자성형이며 단위결과성이 높다.
 - ⑥ 가시오이로 자방 모양의 색은 흰색이다.
 - ⑦ 과실의 목이 짧으며 없으며 과실의 바탕색의 강도는 짙다.
 - ⑧ 과실의 주름의 정도가 강하다.
 - ⑨ 과실의 흑의 크기가 크다.




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

품종보호출원번호 통지서

출원일자: 2018.11. 6	품종보호 출원번호: 출원 2018 - 600
	품종명칭 출원번호: 명칭 2018 - 1473

작 품 명: 오이
 품종 명칭: 새론청장
 출 원 인: 세종대학교산학협력단
 주 소: 서울 광진구 군자동, 세종대학교 김원관 216호 산학협력단

2018년11월06일

국립종자원 

나. 선행연구 개발 품종(선행연구 품종, 신품종) 현장지도 교육 및 자체평가회

1) 경기도 시흥시 팍준기 재배농가

- 재배품종 : 청수백다다기
- 파종일 : 2017년 2월 25일
- 정식일 : 2017년 4월 5일
- 작황조사 : 절성, 수량성, 상품성, 재배용이성, 착색
- 지도교육 : 수확기 관리 요령, 적정 시비 요령, 병충해방제 프로그램 적용
- 2차 컨설팅 실시 : 2018년 재방문을 통해 재배농가의 높은 만족도 및 고온버텨짐성에 확실한 장점을 보유한 품종임을 확인



<경기도 시흥시 청수백다다기 재배 전경>

2) 강원도 양양군 권혁남 재배농가

- 재배품종 : 청수백다다기
- 파종일 : 2017년 5월 25일
- 정식일 : 2017년 6월 25일
- 작황조사 : 절성, 수량성, 상품성, 재배용이성, 착색
- 지도교육 : 고온기 관리 요령, 기형과 발생 감소를 위한 조치 요령



<강원도 양양군 청수백다다기 재배 전경>

3) 경기도 포천군 유재종 재배농가

- 재배품종 : 수미백다다기
- 파종일 : 2018년 4월 19일
- 정식일 : 2018년 6월 5일
- 작황조사 : 절성, 수량성, 상품성, 재배용이성, 착색, 내병성
- 지도교육 : 신품종 특성, 적정 환기 관리 요령, 비절현상 감소를 위한 조치 요령



<경기도 포천군 수미백다다기 재배 전경>

4) 충청북도 괴산군 청천면 자체평가회

- 재배품종 : 청수백다다기
- 재배농가명 : 정성채
- 정식일 : 2018년 5월 20일
- 평가회일시 : 2018년 6월 28일
- 평가내역 : 재배품종의 고온버팀성에 대한 우수성 확인, 높은 상품과율 및 낮은 기형과율 확인, 다비성 품종으로 비배관리가 다소 까다로운 단점 확인
- 재배농가의견 : 고온기 재배의 용이성이 가장 큰 장점임, 향후 지속적인 재배의향 확인 및 지역 내 홍보효과 기대



<경기도 포천군 자체평가회>

5) 세미나를 통한 품종 홍보

- 대형 농가 세미나 실시를 통한 자사 품종 홍보 (경기도 시흥시)
- 청수백다다기 수미백다다기 품종 집중 홍보
- 자사 보유 품종의 인지도 확대를 위한 홍보
- 자사 보유 품종의 타품종 대비 우수성(내병성, 환경적응성)에 관한 집중 홍보
- 향후 출시될 예비 품종 (고은백다다기 등)에 관한 홍보

다. 사업화

- 선행개발품종 “청수백다다기” 참여기업 (주)다나를 통해 판매중이며 향후 점차 공급량이 증가할 것으로 예상됨.
- “수미백다다기” 및 “새론청장오이”의 시판을 준비중이며 이후 품종의 인지도 향상에 주력할 계획임.

전자계산서				승인번호		20181221-10000000-13301635	
공급자	등록번호	종사업장번호	상호(법인명)	등록번호	종사업장번호	상호(법인명)	성명
	사업장주소	사업장주소	사업장주소	사업장주소	사업장주소	사업장주소	사업장주소
	업태	종목	업태	종목	업태	종목	업태
	이메일	이메일	이메일	이메일	이메일	이메일	이메일
	작성일자	공급가액	수정사유	비고			
2018-12-21		해당없음					
월	일	품목	규격	수량	단가	공급가액	비고
12	01	청수백다다기	kg				
12	01	수미백다다기	kg				
12	01	새론청장오이	kg				
합계금액		현금	수표	어음	외상미수금	이 금액을 (청구) 함	

본 인쇄물은 국세청 홈택스(www.hometax.go.kr)에서 발급 또는 전송 입력된 전자(세금)계산서입니다.
 발급사실 확인은 상기 홈페이지의 *조회/발급>전자세금계산서> 제3자 발급사실 조회 *를 이용하시기 바랍니다.



<매출증빙 및 판매품종>

2-8. 전장 유전체, 세포질 유전체 비교 분석

가. 저온내성 및 감수성 오이 계통의 genomic DNA 추출 및 NGS 분석

- 내저온성 2계통(고정계통) 및 감수성 3계통(고정계통)의 종자를 협동1 과제로부터 수령한 후, 각 계통별로 10립의 종자를 발아시키고 한달간 growth chamber(25℃, 연속광)에서 재배하고 잎을 sampling하였다(Table I-1-1, Fig. I-1-1). 이후 해당 계통별 잎으로부터 순도 높은 genomic DNA를 추출하였다(Fig. I-1-2). 각 계통별 엽록체 및 미토콘드리아 유전체를 완성하기 위해서, Illumina MiSeq platform을 이용하여 NGS 분석을 수행하였다.

Table I-1-1. Cucumber accessions used for genomic DNA isolation

내저온성	Type	BN	계통명
감수성	Chinese long green	CT601	CFN
감수성	Korean solid green	CT602	MGL
감수성	Korean semi-white	CT603	HHG
저온내성	Korean solid green	CT604	YHB
저온내성	Korean solid green	CT605	KWS

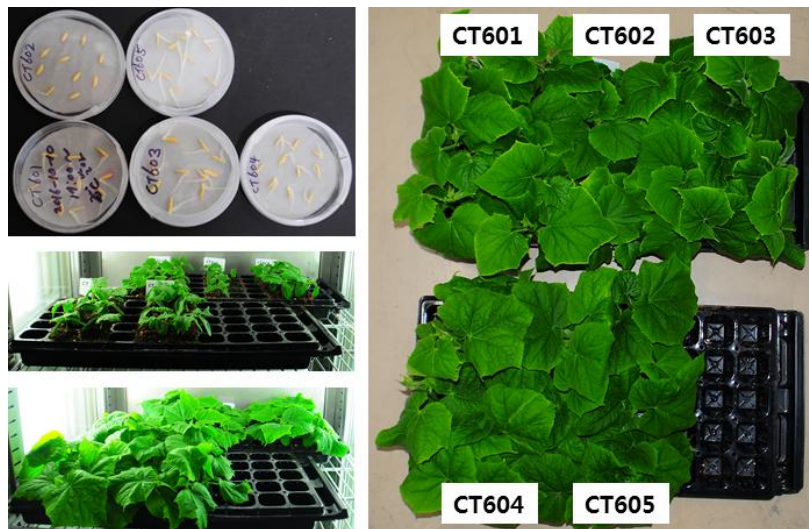


Fig. I-1-1. Cultivation of cucumber plants for genome analysis.

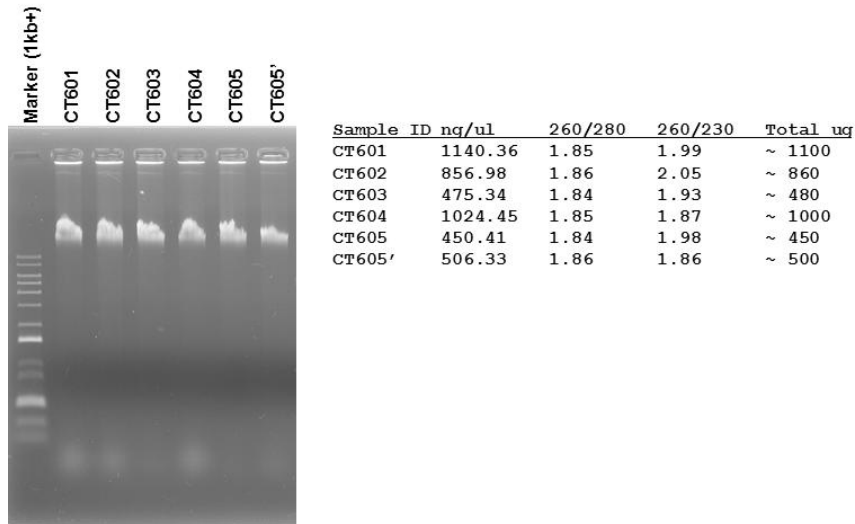


Fig. I-1-2. Genomic DNAs isolated from leaves of each of cucumber accessions.

나. 오이 내저온성 유전자원의 유전체 비교 분석

1) 핵 유전체 비교를 통한 내저온성 연관 변이 지역 발굴

- 제1협동과제에서 육종중인 오이의 저온 감수성 육종 라인 3종류 (Line no. CS1001, CS1002, CT603)와 저항성 육종라인 2종류 (Line no. CT604, CT605)의 genome을 re-sequencing 분석한 후, 오이 reference genome 서열 (cv. Chinese long ver. 2.0)에 mapping하고 저항성 라인과 감수성 라인 간에 차이나는 변이지역 (SNP, InDel)을 탐색하였다 (Table I-2-1, Table I-2-2). 이외에도 45S nuclear ribosomal DNA (45S nrDNA) 서열을 완성하고 비교함으로써 변이지역을 확인하였다 (Fig. I-2-1).
- 그 결과, 오이 7개 염색체상에서 총 26,579개의 저온 저항성 육종라인 2종류에서만 발견되는 변이지역을 발견할 수 있었으며, 이중 SNP는 22,554 (84.9%), InDel은 4,025 (15.1%)개였다 (Table I-2-3). 염색체별로는 Chr. 3에서 변이지역이 가장 많이 발견되었고, 그 다음이 Chr. 2, Chr. 1 순이었다. 변이지역의 존재하는 위치로는 intergenic region이 가장 많았고 (20,020, 75.3%), 그 다음이 intron (4,829, 18.2%), coding sequence (CDS, 1,182, 4.5%) 순이었다 (Table I-2-4). CDS 지역에서 발견되는 변이중 코돈에 변화를 주어서 암호화하는 아미노산이 변하게 하는 non-synonymous 변이가 521개였고, 아미노산 변화가 없는 synonymous 변이가 661개였다.

Table I-2-1. Raw data of genome re-sequencing used in this study

Inbred line type	Cold -response	Line no.	Before trimming		After trimming		
			Read no.	Length (bp)	Read no.	Length (bp)	%
MGL (Korean solid green)	sensitive	CS1001	2,861,968	856,903,647	2,627,534	585,903,596	68.37
CFN (Chinese long green)	sensitive	CS1002	3,110,572	931,526,838	2,893,384	647,128,997	69.47
HHG (Korean semi-white)	sensitive	CT603	17,297,446	5,142,128,900	15,896,154	3,603,670,712	70.08
YHB (Korean sold green)	tolerant	CT604	18,093,442	5,375,626,242	16,566,420	3,753,151,695	69.82
KWS (Korean sold green)	tolerant	CT605	16,757,070	4,974,236,790	15,469,504	3,518,878,279	70.74

Table I-2-2. Mapping information of genome re-sequencing data on cucumber reference genome

Inbred line type	Cold -response	Line no.	Used trimmed reads	Best hit paired	Unmapped	Average depth (x)
MGL (Korean solid green)	sensitive	CS1001	2,627,534	1,575,426	261,808	2.49
CFN (Chinese long green)	sensitive	CS1002	2,893,384	1,720,476	309,580	2.64
HHG (Korean semi-white)	sensitive	CT603	15,896,154	12,528,534	835,854	13.29
YHB (Korean sold green)	tolerant	CT604	16,566,420	13,173,818	892,960	13.92
KWS (Korean sold green)	tolerant	CT605	15,469,504	12,007,104	904,680	12.66

Table I-2-3. Polymorphic sites identified in nuclear genome sequences of cold-tolerant lines when compared with cold-sensitive lines

Chr. no.	SNP	InDel	Total
Chr 1	3,889	681	4,570
Chr 2	4,212	738	4,950
Chr 3	4,591	803	5,394
Chr 4	1,088	207	1,295
Chr 5	2,387	431	2,818
Chr 6	2,942	576	3,518
Chr 7	3,445	589	4,034
Total	22,554	4,025	26,579

* SNP and InDel were determined by comparison with reference genome sequence (Chinese long v2)

Table I-2-4. Position of polymorphic sites identified in nuclear genome sequences of cold-tolerant lines when compared with cold-sensitive lines

Chr. no.	Genic regions					Intergenic regions	Total
	CDS		UTR		Intron		
	Synonymous	Non-synonymous	5'	3'			
Chr 1	106	69	20	69	660	3,646	4,570
Chr 2	117	95	31	62	961	3,684	4,950
Chr 3	105	76	11	48	1,170	3,984	5,394
Chr 4	28	28	5	30	276	928	1,295
Chr 5	73	95	20	79	488	2,063	2,818
Chr 6	75	54	24	33	481	2,851	3,518
Chr 7	157	104	39	77	793	2,864	4,034
Total	661	521	150	398	4,829	20,020	26,579

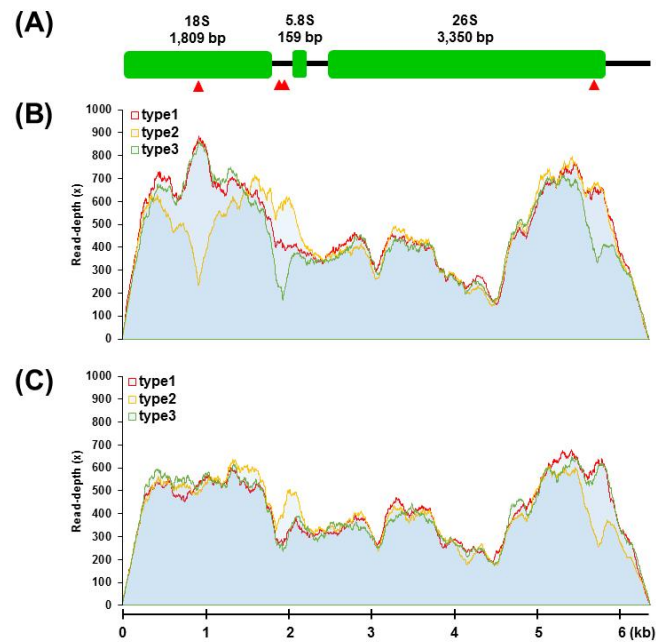


Fig. I-2-1. Assemblies of cucumber 45S nrDNA sequences. One major (type 1) and two minor (type 2 and 3) 45S nrDNA sequences were de novo assembled for each of four cucumber samples. (A) Structure of 45S nrDNA sequences (6,350 bp) assembled in cucumber. All 45S nrDNA structures and sequences were identical with exceptions of four SNPs (red triangles). (B,C) Read-depth of major (type 1) and minor (type 2 and 3) 45S nrDNA sequences. high-quality PE reads of var. Korean solid green (B) and var. Chinese long green (B) were mapped and read-depth (x) were determined.

2) 세포질 유전체 비교를 통한 내저온성 연관 변이 지역 발굴

- 저온 감수성 오이 육종 라인 3종류 (Line no. CS1001, CS1002, CT603)와 저항성 오이 육종라인 2종류 (Line no. CT604, CT605)의 genome re-sequencing data를 오이 reference mitochondria genome 서열 (NC_016005.1)에 mapping하고 저항성 라인과 감수성 라인간에 차이나는 변이지역을 탐색하였다. 그 결과, 저온 저항성 라인에서만 발견되는 13개의 SNP를 찾을 수 있었고, 이들 중 4개는 *NADH dehydrogenase subunit 2 (nad2)* 유전자의 intron 부분에 존재하였고, 다른 4개는 *NADH dehydrogenase subunit 5 (nad5)* 유전자의 intron 부분에 존재하였으며, 나머지 5개는 intergenic region에 존재하였다 (Table I-2-5, Table I-2-6).
- 엽록체 유전체상의 변이를 찾기 위해서, 저온 감수성 오이 육종 라인 3종류 (Line no. CS1001, CS1002, CT603)와 저항성 오이 육종라인 2종류 (Line no. CT604, CT605)의 genome re-sequencing data를 이용해서 전장 엽록체 유전체를 assembly하고 그 서열을 비교하였다. 하지만, 저온 저항성 라인 두 종류 모두에서만 발견되는 변이지역을 찾을 수는 없었다.

Table I-2-5. Polymorphic sites identified in mitochondria genome sequences of cold-tolerant lines when compared with cold-sensitive lines

	SNP	InDel	Total
Mt (NC_016005.1)	13	0	13

Table I-2-6. Position of polymorphic sites identified in mitochondria genome sequences of cold-tolerant lines when compared with cold-sensitive lines

	Genic regions				Intron	Intergenic regions	Total
	CDS		UTR				
	Synonymous	Non_synonymous	5'	3'			
Mt (NC_016005.1)	0	0	0	0	8	5	13

다. 오이 내저온성 유전자원의 엽록체 유전체 완성

- 저온 감수성 오이 육종 라인 3종류 (Line no. CS1001, CS1002, CT603), 저항성 오이 육종라인 2종류 (Line no. CT604, CT605), 육종라인들 간 교배를 통해 얻은 F₁ 식물체들(Line no. CS1003, CS1004, CF01, CF02, CF03, CF04, CF06)의 genome re-sequencing data를 이용해서 전장 엽록체 유전체를 assembly 하였다(Table I-3-1). 완성된 전장 엽록체 유전체는 155,501 - 155,525 bp 였으며 기존에 보고된 오이 품종 GY14 (DQ865975), CHIPPER (DQ865976), Baekmibaekdadagi (DQ119058), Borszczagowski (AJ970307) 의 엽록체 유전체와 거의 동일하였다.
- 모부분과 F₁ 식물체의 전장 엽록체 유전체 서열을 비교함으로써, 오이 엽록체가 모계유전함을 재확인할 수 있었다.
- 완성된 전장 엽록체 유전체중, 저온 저항성 육종라인인 Line no. CT604 (Korean sold green type, YHB)의 엽록체 유전체는 *ycf1* 유전자내에 24bp deletion을 가지고 있었으며, 이 변이는 기존에 오이에서는 전혀 보고되지 않은 새로운 것이었다(Fig. I-3-1). 이 부분에서 InDel 마커를 설계해서 오이 육종라인에 적용하면, 육종라인 Line no. CT604 만을 구분할 수 있었다(Fig. I-3-2). 이 결과는 논문 Mitochondrial DNA part B:Resource 2017 2(2) 755-756에 게재 발표되었다.

Table I-3-1. List of chloroplast genomes assembled in cucumber breeding lines used in this study

Inbred line type	Cold response	Line no.	Total length (bp)	LSC (bp)	IRb (bp)	SSC (bp)	IRa (bp)
MGL (Korean solid green)	sensitive	CS1001	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
CFN (Chinese long green)	sensitive	CS1002	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
MGL x CFN		CS1003	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
CFN x MGL		CS1003	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
HHG (Korean semi-white)	sensitive	CT603	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
YHB (Korean sold green)	tolerant	CT604	155,501	86,877	25,187	18,250	25,187
KWS (Korean sold green)	tolerant	CT605	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
CFN x MGL		CF01	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
MGL x CFN		CF02	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
YHB x HHG		CF03	155,501	86,877	25,187	18,250	25,187
HHG x YHB		CF04	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
KWS x HHG		CF03	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187
HHG x KWS		CF04	155,525	86,877	25,187	18,274	25,187

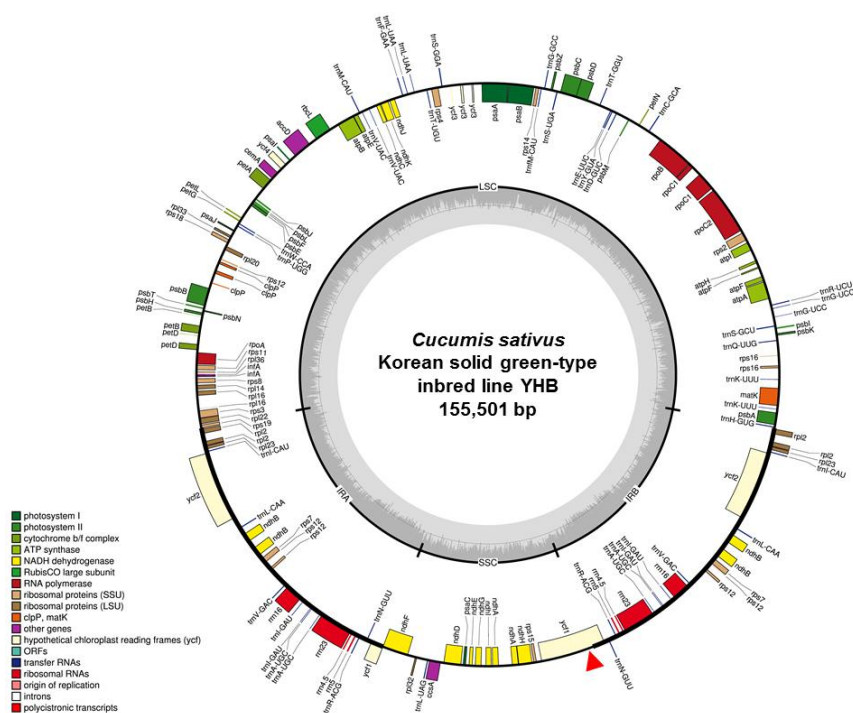


Fig. I-3-1. Chloroplast genome map of cucumber Korean solid green-type inbred line YHB (CT604). The map was generated using OGDRAW (<http://ogdraw.mpimp-golm.mpg.de/>). Genes transcribed clockwise and counterclockwise are indicated on the outside and inside of the large circle, respectively. The four parts of the chloroplast genome and GC content are indicated on the inner circle. A novel 24-bp deletion site is indicated by red arrow head.

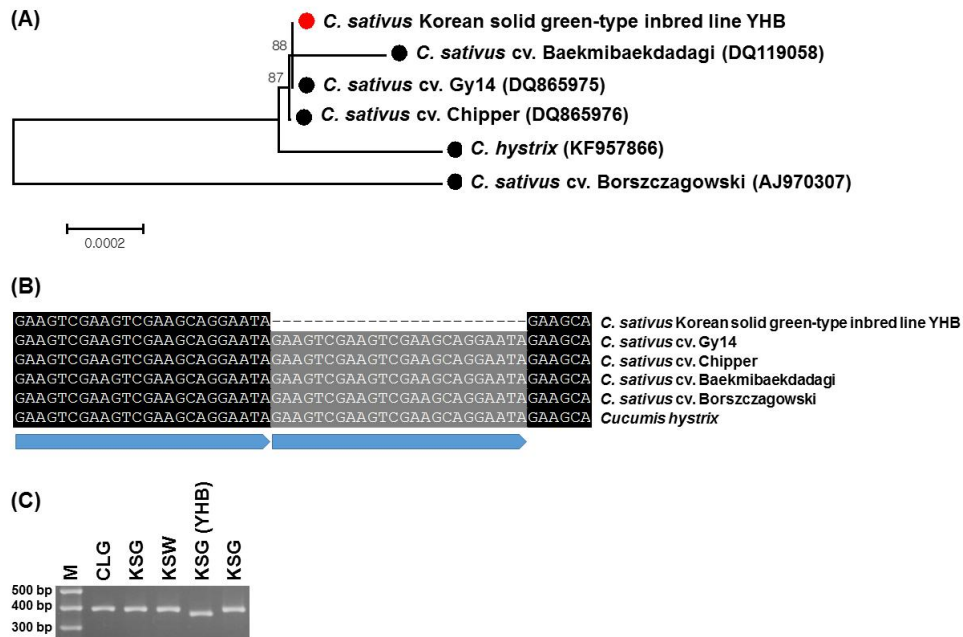


Fig. I-3-2. Phylogenetic tree and sequence comparison of cp genome sequences of inbred line YHB and other cucumber cultivars. (A) Tree was generated with complete cp genome sequences by multiple alignment using MAFFT (<http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/index.html>) and a neighbor-joining (NJ) analysis using MEGA 7.0 (Kumar et al., 2016). Numbers in the nodes are bootstrap support values (>50%) from 1000 replicates. (B) A novel 24-bp deletion site found within *ycf1* gene in chloroplast genome sequence of inbred line YHB. Tandem repeat of 24 bp is indicated by box below sequence alignment. (C) Confirmation of 24-bp deletion using PCR analysis with genomic DNA. M, 100-bp DNA size marker; CLG, Chinese long green-type cucumber variety; KSG, Korean solid green-type cucumber variety; KSW, Korean semi white-type cucumber variety.

라. 오이 세포질 유전체 유전양식 분석

- 선행연구 및 1차년도 연구로부터 얻은 MGL-type 및 CFN-type 오이 육종라인 간 구분용 엽록체 유전체 유래 SNP를 이용함으로써, 오이 엽록체 유전체 유전양식을 파악하였다(Fig. I-4-1). 미토콘드리아 유전양식 조사를 위해서는, 오이 genome re-sequencing data를 미토콘드리아 유전체에 mapping함으로써 확인한 292개 변이지역의 대부분 및 F1 식물체에서의 분포양상을 조사하고 이중 20 bp이상 차이나는 6개 InDel 변이지역을 마커로 사용하였다(Fig. I-4-2, Table I-4-1, Table I-4-2, Fig. I-4-3).
- 오이 F₁ 식물체의 미토콘드리아 유전체에서 발견되는 292개의 변이지역의 genotype은 모두 부계유전 패턴을 보였으며, 이중 6개 변이에 대한 genomic DNA PCR을 통한 검증에서도 역시 미토콘드리아가 부계 유전함이 확인되었다(Fig. I-4-2, Fig. I-4-3). 이와는 반대로 오이 엽록체 유전체에 존재하는 변이는 F₁ 식물체에서 모계 유전되었으며, 이는 genomic DNA PCR 검증실험에 의해서도 확인되었다(Fig. I-4-3).
- 결론적으로, 세포질 유전체 서열 분석을 통해서, 오이의 미토콘드리아는 대다수의 다른 식물종들과는 달리 부계유전으로 다음 세대로 전달되고, 엽록체는 다른 식물종들과 같이 모계유전으로 전달됨이 확인되었다(Fig. I-4-4).

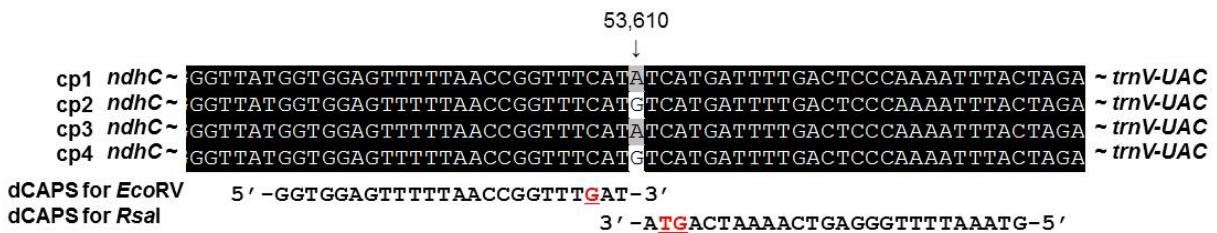


Fig. I-4-1. A SNP found between cp genomes of two cucumber varieties. A single SNP was found at 53,610 bp of cp genomes between Korean solid green (CFND, cp1) and Chinese long green (MGLCC, cp2), which was also present in cp genomes of their reciprocal F1 hybrids (CFND x MGLCC, cp3; MGLCC x CFND, cp4). The position of SNP was intergenic region between *ndhC* and *trnV-UAC* gene. Two dCAPS primers for the SNP were shown.

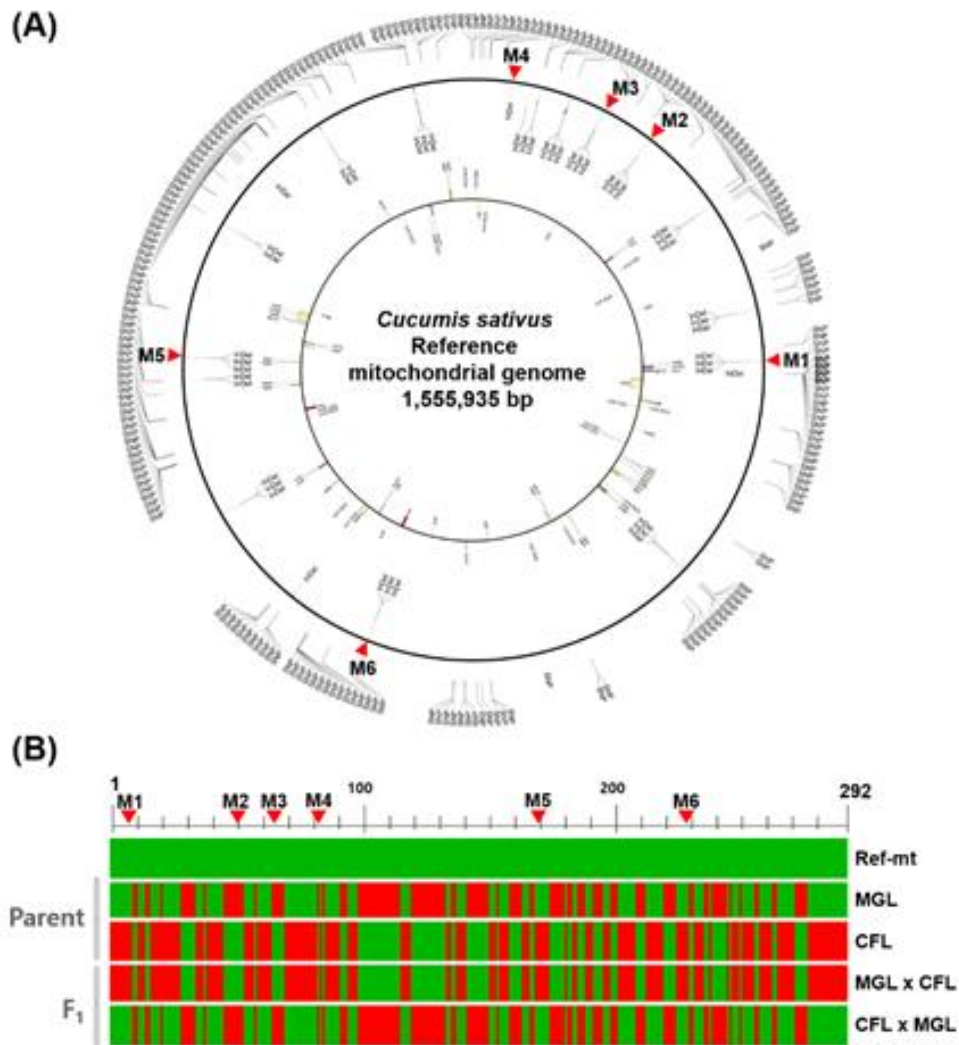


Fig. I-4-2. Polymorphic sites in mt sequences between two parental lines and F₁ hybrids. (A) Map of cucumber reference mt genome (NC_016005) with polymorphic sites. The 292 polymorphic sites found in mt sequences between two parental lines, MGL and CFL, are indicated in outmost circle. The map was generated using OGDRAW. (B) Genotype comparison of the polymorphic sites in parental lines and F₁ hybrids. The same color indicates the same genotype of polymorphic sites among parental lines and F₁ hybrids. Ref-mt indicates genotype in reference mt genome.

Table I-4-1. InDel sites with length difference of more than 20 bp found in mitochondrial sequences between two cucumber varieties.

Position ^a	Reference ^b	Korean solid green (MGL)	Chinese long green (CFN)	MGL x CFN	CFN x MGL
7613 (intergenic of rps10~nad4)	G	G	GGTCCTACTTCC ATATGGATA (21 bp)	GGTCCTACTTCC ATATGGATA (21 bp)	G
226850 (intergenic of matR~atp6)	CCTACGGATAAAA TCCTCCGGA (21 bp)	C	CCTACGGATAAAA TCCTCCGGA (21 bp)	CCTACGGATAAAA TCCTCCGGA (21 bp)	C
274021 (intergenic of rps13~trnF-GAA)	CGTAGGACTATC CATTAGAA (21 bp)	C	CGTAGGACTATC CATTAGAA (21 bp)	CGTAGGACTATC CATTAGAA (21 bp)	C
355356 (intergenic of trnF-GAA~rpl5)	ACTACTTCTAAT GGATAGTC (20 bp)	A	ACTACTTCTAAT GGATAGTC (20 bp)	ACTACTTCTAAT GGATAGTC (20 bp)	A
766753 (intergenic of sdh3~nad6)	C	C	CITATCCGTAGT CCGGAGGAT (22 bp)	CITATCCGTAGT CCGGAGGAT (22 bp)	C
1074192 (intergenic of trnD-GUC~trnM-CAU)	C	C	CCTACGGATAAAA TCCTCCGGA (21 bp)	CCTACGGATAAAA TCCTCCGGA (21 bp)	C

^{a,b} Based on mt genome sequence (NC_016005, 1,555,935 bp) previously reported in cucumber cultivar Calypso (Alverson et al., 2011).

Table I-4-2. Molecular markers designed in this study

Marker ID	Marker type	Direction	Primer sequences (5'-3')	Estimated amplicon sizes (bp)			
				MGL	CFN	MGL x CFN	CFN x MGL
Cp-SNP-01	dCAPS	F	GGTGGAGTTTTTAACCG GTTTGAT	245	269	245	269
		R	TTCGAGTCCGTATAGCCC TATATTA				
Cp-SNP-02	dCAPS	F	TGAAGAAGGAAAGAGA AGACGACTA	256	231	256	231
		R	GTA AATTTTGGGAGTCA AAATCA GT A				
Mt-InDel-01	InDel	F	GCGGACTGCTTCGGTTA AT	258	265	265	258
		R	ACCTGTCTACGTGCCA AAG				
Mt-InDel-02	InDel	F	AGAAAGGTCCAAAGCCC TTC	329	354	354	329
		R	GCAGCGAGAAAGTCAGA GGA				
Mt-InDel-03	InDel	F	TTCTCTCCGTACCGGTA GT	347	371	371	347
		R	TCACCTGGACCTTCTTT GG				
Mt-InDel-04	InDel	F	ACCTTAGGCCGGACCTC TTA	365	389	389	365
		R	CATCCATATGGGCCAAA GAA				
Mt-InDel-05	InDel	F	TTAGAAGCAGTCCGCAG GAT	303	328	328	303
		R	ACCGTCCGTAGGAGTCC TTT				
Mt-InDel-06	InDel	F	CCGGGAAATAGCAATGA AAG	555	580	580	555
		R	ACCTTCCTGCTCAGGGA AT				

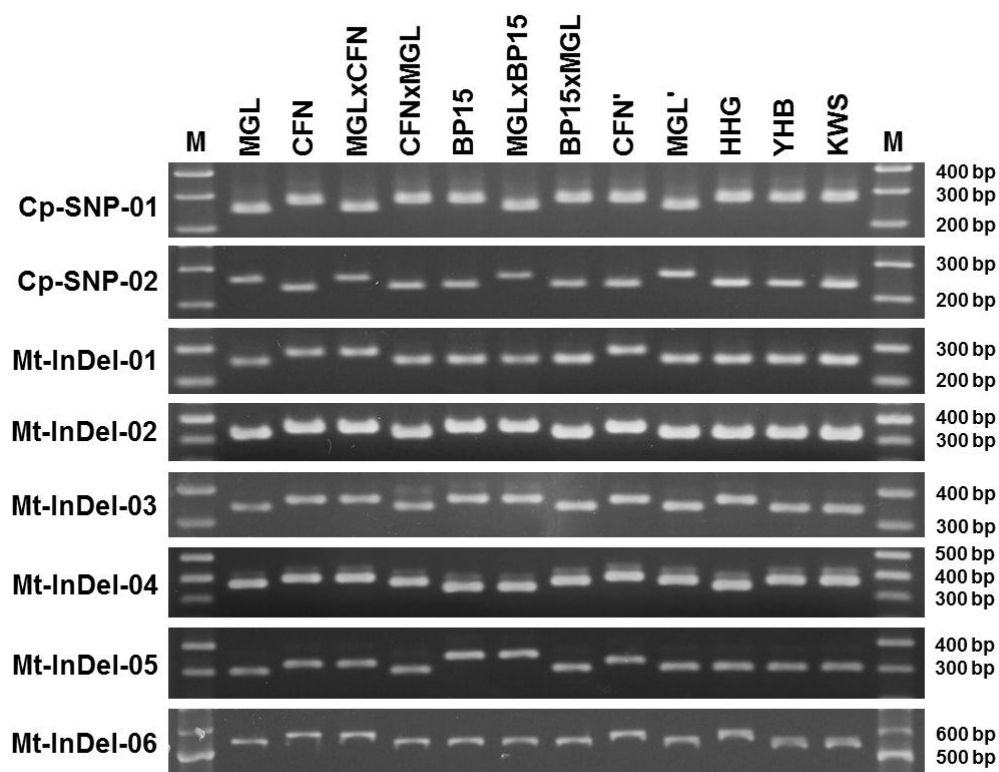


Fig. I-4-3. Validation of molecular markers derived from on cp and mt sequence polymorphisms. Eight molecular markers (Cp-SNP-01 to Mt-InDel-06) were designed based on cp and mt sequence polymorphisms and validated using genomic DNA PCR analysis with 12 cucumber samples. M, 100-bp size marker; MGL, Korean solid green-type inbred line; CFN, Chinese long green-type inbred line; MGLxCFN, an F₁ hybrid between MGL (maternal) and CFN (paternal); CFNxMGL, an F₁ hybrid between CFN (maternal) and MGL (paternal); BP15, Beithalpha-type inbred line; MGLxBP15, an F₁ hybrid between MGL (maternal) and BP15 (paternal); BP15xMGL, an F₁ hybrid between BP15 (maternal) and MGL (paternal); CFN', another plant of Chinese long green-type inbred line CFN; MGL', another plant of Korean solid green-type inbred line MGL; HHG, Korean semi-white-type inbred line; YHB, another Korean solid green-type inbred line; KWS, another Korean solid green-type inbred line.

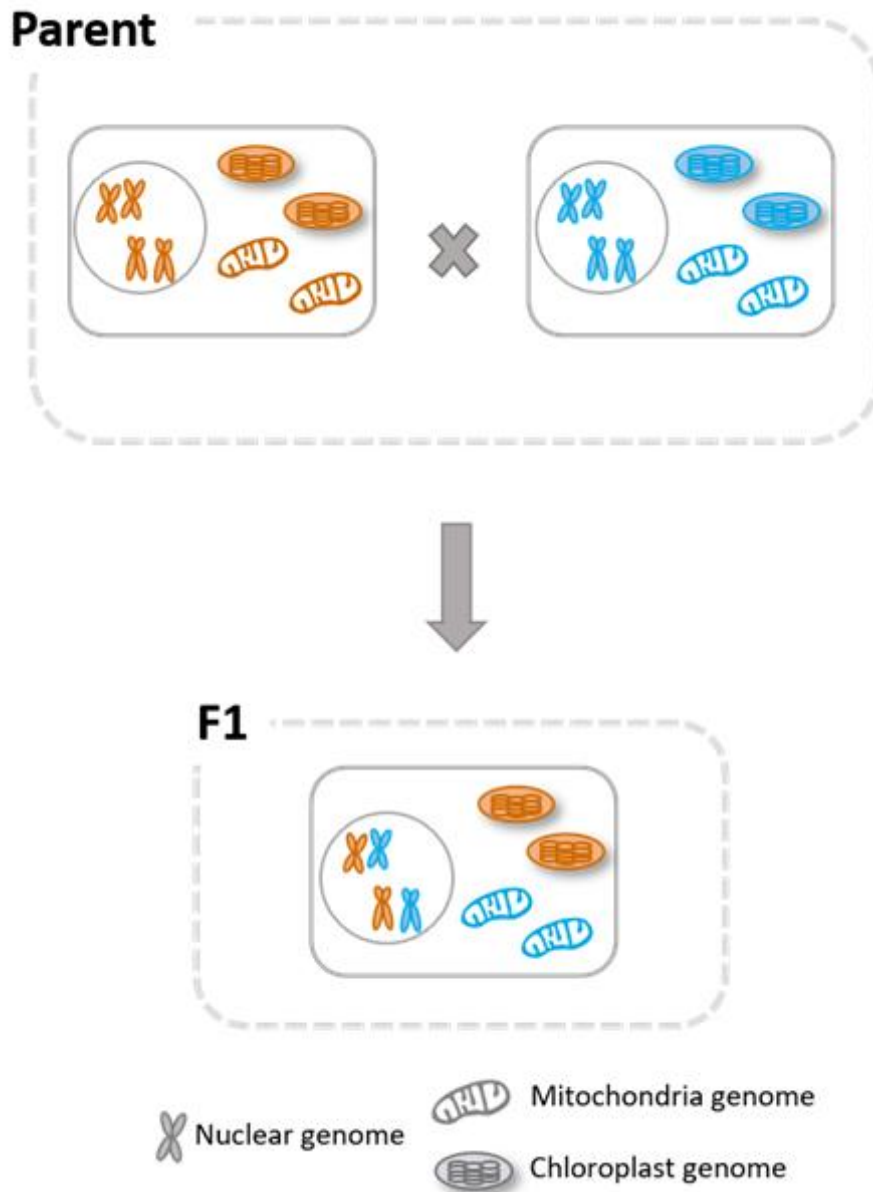


Fig. I-4-4. Inheritance pattern of cp and mt in cucumber. Complete organelle genome-based genotyping confirmed that cucumber cp was inherited maternally while mt was inherited paternally.

마. 오이 내저온성 유전자원의 미토콘드리아 유전체 완성

- 저온 감수성 오이 육종라인 HHG (CT603), 저항성 오이 육종라인 KWS (CT605)의 genome sequencing data를 이용해서 전장 미토콘드리아 유전체를 assembly 하였다(Table I-5-1, Table I-5-2). 미토콘드리아 서열의 assembly에는 기존에 보고된 오이 미토콘드리아 서열을 reference로 사용하였다.
- 완성된 저온 감수성 오이 육종라인인 HHG의 전장 미토콘드리아 유전체는 1,637,584 bp의 하나의 커다란 원형 genome 형태로 완성됐다. 이는 기존에 알려진 미토콘드리아 서열들과 일치하는 형태이며, reference로 사용 된 오이의 미토콘드리아 genome이 3개의 구분된 원형 genome 형태로 완성 된 것과는 차이가 있는 것을 확인 할 수 있었다.
- 저온 저항성 오이 육종라인인 KWS의 미토콘드리아 genome 서열은 96,182 bp의 작은 원형 genome과 1,555,540 bp의 큰 직선 형태의 genome 서열로 나뉘어서 완성됐다. 단 원형 형태의 작은 genome에는 유전자는 포함돼 있지 않았으며, 전체가 복잡한 반복서열들의 조합으로 이루어져 있는 것을 확인 할 수 있었다. 다만 미토콘드리아 서열의 경우, 다양한 반복 서열이 내부에 포함 돼 있으며, 반복 서열들간의 재조합에 따라 다양한 형태가 존재 할 수 있기 때문에 실제 세포 내부에는 완성된 것과는 다른 더 다양한 형태의 미토콘드리아 genome이 존재 할 것으로 추측 할 수 있다.
- 완성된 미토콘드리아 서열을 annotation 한 결과, tRNA 유전자를 제외한 단백질을 coding 하는 유전자의 수는 HHG와 KWS 사이에 차이는 없는 것으로 나타났다 (Fig. I-5-1).

Table I-5-1. Cucumber samples and NGS data used for mt assembly

Cucumber samples	Raw data		Trimmed data	
	reads	Bases	reads	bases
HHG (Cold susceptible)	17,297,446	5,142,128,900	14,141,756 (81.76%)	3,440,354,938 (66.91%)
KWS (Cold tolerant)	16,757,070	4,974,236,790	13,804,029 (82.38%)	3,362,463,150 (67.60%)

Table I-5-2. Assembly information of HHG and KWS mitochondrial genome

Sample name	Aligned no. of read	Coverage (x)	Mitochondrial genome length (bp)
HHG	1,056,920	151.39	1,637,584
KWS_linear	1,821,892	269.7	1,555,540
KWS_circular	31,510	71.11	96,182

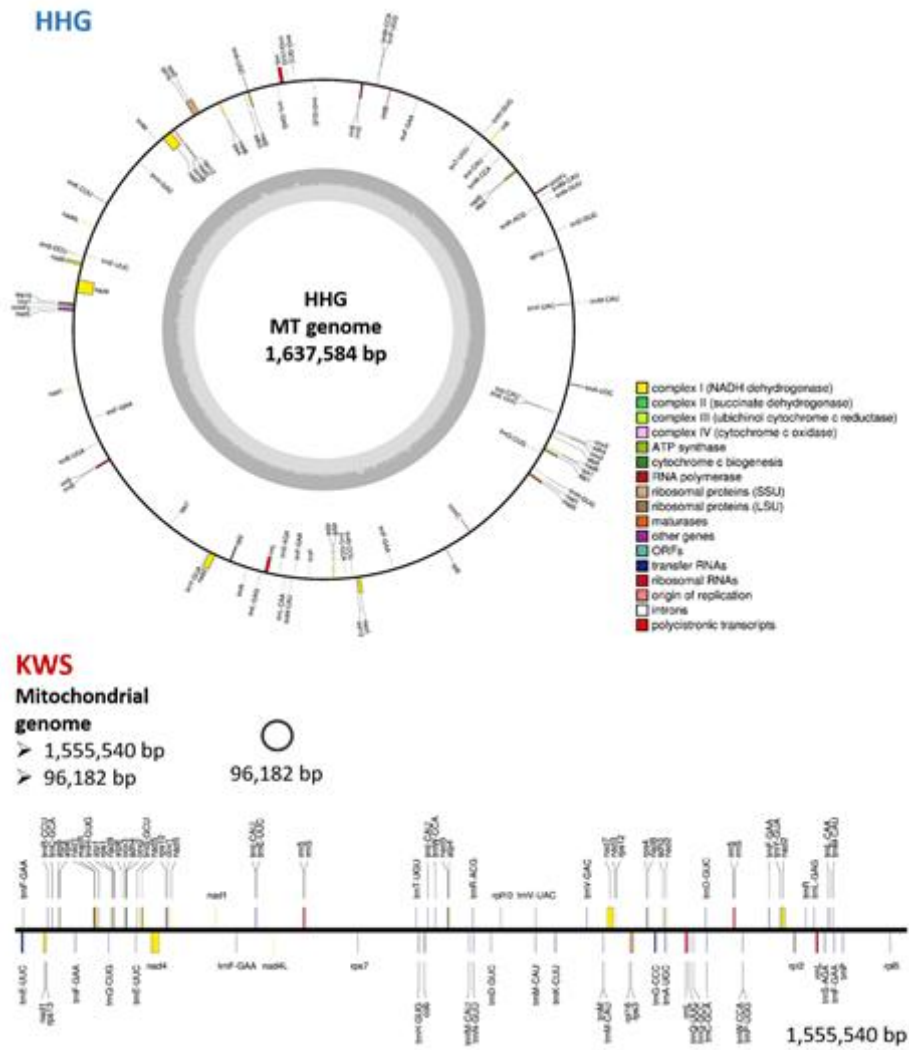


Fig. I-5-1. Mitochondria genome map of cucumber samples. HHG mt genome was assembled in single circle map. HHG mt genome was assembled in single circle map with 69 genes. KWS mt genome was assembled in one small circle map and one large linear map with 70 genes. There was no gene in the small circle genome of KWS mt.

2-9. 오이 내저온성 연관 핵 및 세포질 유전체 변이 기반 분자표지 개발 및 검증

가. 기존 엽록체 유전체 유래 내저온성 연관 분자표지의 적용

- 기존 엽록체 유전체 유래 내저온성 연관 분자표지로 보고된 CSycf1-SNP 마커는 오이 Gy14 (저온 감수성) 라인과 Chipper (저온 저항성) 라인의 엽록체 유전체의 비교연구를 통해서 확인된 *ycf1* 유전자상의 SNP를 바탕으로 한 dCAPS 마커였다(Ali et al., 2013).
- 위 분자표지를 본 연구에서 이용하고 있는 오이 육종자원 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS를 감수성 라인들과 구분해 내지 못하였다.(Fig. II-1-1). 이것은 본 연구에서 이용하고 있는 내저온성 오이 육종라인들이 기존에 알려진 Chipper 라인과는 다른 유전적 배경을 지니고 있는 신규 육종자원이기 때문으로 생각된다.

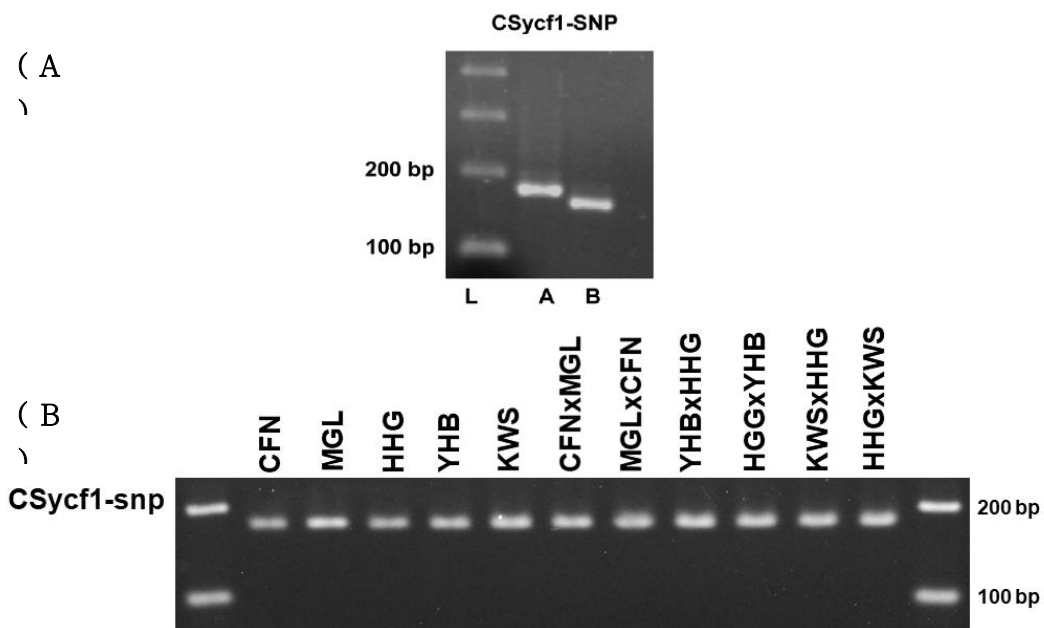


Fig. II-1-1. Application of reported cold-tolerance-related molecular marker. (A) A marker CSycf1-SNP was reported as dCAPS marker related to cold-tolerance in cucumber, based on SNP in *ycf1* gene between cucumber lines Gy14 (cold-sensitive, A) and Chipper (cold-tolerant, B) (Ali et al., 2013). (B) The CSycf1-SNP marker was applied to cucumber breeding lines used in this study. All cucumber lines including cold-tolerant lines (YHB and KWS) showed same genotype as cold-sensitive line reported in Ali et al (2013).

나. 내저온성, 감수성 품종간의 변이를 포함한 주요 내저온성 관련 후보 유전자군 탐색

- Genome re-sequencing data 를 이용해서 찾은 저온 저항성 라인 연관 변이를 가진 지역 중 유전자 지역을 좀 더 심도 있게 분석하였다.
- 각 유전자의 기능을 이해하고자 InterPro domain 분석으로 conserved domain을 찾았고, 매치되는 애기장대 유전자를 Blastp 분석으로 찾았다. 그 중, 다른 식물들의 연구에서 내저온성과 관련될 것으로 보고된 유전자와 상동성을 보이는 오이 유전자를 찾았고 이 유전자들이 가지고 있는 저항성 라인 연관 변이를 조사하였다.

- 그 결과, 16개의 내저온성 관련 후보 유전자를 선발할 수 있었다(Table II-2-1). 이중 14개는 오이 핵 유전체상에서 찾은 것이고, 2개는 오이 미토콘드리아 유전체상에서 찾은 것이다. 이들 유전자내에서 발견되는 변이를 기반으로, 총 16개의 유전자 중, 8개의 유전자 지역에서 14개의 분자 마커를 개발하였다.

Table II-2-1. List of cucumber candidate genes related to cold-tolerance, based on polymorphisms identified in cold-tolerant lines

Cucumber gene ID	Description	Description	Polymorphism location in genome		Polymorphism location in gene	Type
			Chr.	Position		
Csa1G005540	Spermidine synthase	Enzyme	Chr1	1025177-1028593	CDS, Intron	SNP, InDel
Csa2G122520	Heat shock protein	Molecular chaperon	Chr2	8177460-8179966	CDS, Intron	SNP, InDel
Csa2G249810	Dehydrin	Molecular chaperon	Chr2	12194743	CDS	SNP
Csa2G345970	Glutathione S-transferase	Antioxidant enzyme	Chr2	15452507	Intron	InDel
Csa2G351650	Thioredoxin	Antioxidant	Chr2	16146927-16147478	Intron, 3'UTR	SNP, InDel
Csa3G019400	AP2/EREBP gene	Transcription factor	Chr3	1935594	CDS	SNP
Csa3G020090	Heat shock protein	Molecular chaperon	Chr3	2121407-2121964	CDS, Intron, 3'UTR	SNP
Csa4G192040	Copper/zinc superoxide dismutase	Antioxidant enzyme	Chr4	9423532-9426325	CDS, Intron	SNP
Csa5G635440	Glutaredoxin	Antioxidant	Chr5	26184586-26185227	CDS	SNP
Csa6G504670	Glutaredoxin	Antioxidant	Chr6	25617222-25618623	CDS, Intron	SNP, InDel
Csa7G011830	Ascorbate peroxidase	Antioxidant enzyme	Chr7	712258-715854	CDS, Intron	SNP, InDel
Csa7G060160	BRI1-associated receptor kinase (BAK1)	Receptor	Chr7	3518182-4034405	Intron	SNP, InDel
Csa7G376370	Fatty acid desaturase	Enzyme	Chr7	13777156-13778715	CDS, Intron	SNP, InDel
Csa7G414510	Peroxidase	Antioxidant enzyme	Chr7	15995195-16007586	CDS, Intron	SNP
Cucumber mt gene	nad2 (NADH dehydrogenase subunit 2)	Enzyme	Mt (NC_016005.1)	63112-298482	Intron	SNP
Cucumber mt gene	nad5 (NADH dehydrogenase subunit 5)	Enzyme	Mt (NC_016005.1)	854113-996685	Intron	SNP

다. 핵 유전체상의 변이를 이용한 내저온성 연관 분자표지의 개발 및 적용

1) 항산화효소 유전자 Cu/ZnSOD 내의 변이를 이용한 분자표지

- 저온 저항성 및 감수성 오이 육종라인의 핵 유전체 분석으로부터 확인된 26,579개의 변이지역 중 내저온성과 연관되어 있을 것으로 추측되는 유전자상에 존재하는 변이지역을 찾아서 이를 분자표지로 개발하고 오이 육종라인에 적용하였다.
- 이 중 내저온성과 연관되어 있을 것으로 추측되는 후보 유전자로서 항산화효소 유전자인 *Cu/Zn superoxide dismutase (Cu/ZnSOD)* 유전자를 발굴하고, 이 후보 유전자상에 존재하는 내저온성과 감수성 육종 라인간의 DNA 서열 변이를 기반으로 내저온성 연관 분자표지를 개발하였다.
- 이 후보 유전자는 오이의 4번 염색체에 존재하는 유전자 (Csa4G192040)이며 감수성과 내저온성 간의 서열 변이가 genic 지역에서는 한 개 발견됐고 promoter와 intron 지역에서는 다수가 발견됐다. 본 연구에서는 genic 지역에서의 변이와 intron 지역에서의 변이를 기반으로 각각 한 개의 dCAPS 마커를 설계하였다 (Table II-3-1).
- 본 분자표지들을 본 연구에 사용되고 있는 18개 오이 육종라인에 적용하여 검증해 보았다. 그 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인과 감수성 육종라인들을 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상대로 hetero genotype 을 보였다 (Fig. II-3-1).

Table II-3-1. Two dCAPS markers developed based on polymorphisms found in *SOD* genes between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Chilling sensitive type	Chilling tolerant type	
Cs4G-Cu ZnSOD-DraI	Forward: CACAATCCAGTTCGTCCTCAAGTTTAA Reverse: GGTATCGCCAAGAGCATGGA	Genic regions in Csa4G192040	241 bp	268 bp	<i>Dra</i> I (TTTAAA)
Cs4G-Cu ZnSOD-AluI	Forward: TGACTCCACTATGGTTATAGTGAGC Reverse: ACTTATTCCACTTGGTTGGTTG	Intron in Csa4G192040	286 bp	314 bp	<i>Alu</i> I (AGCT)

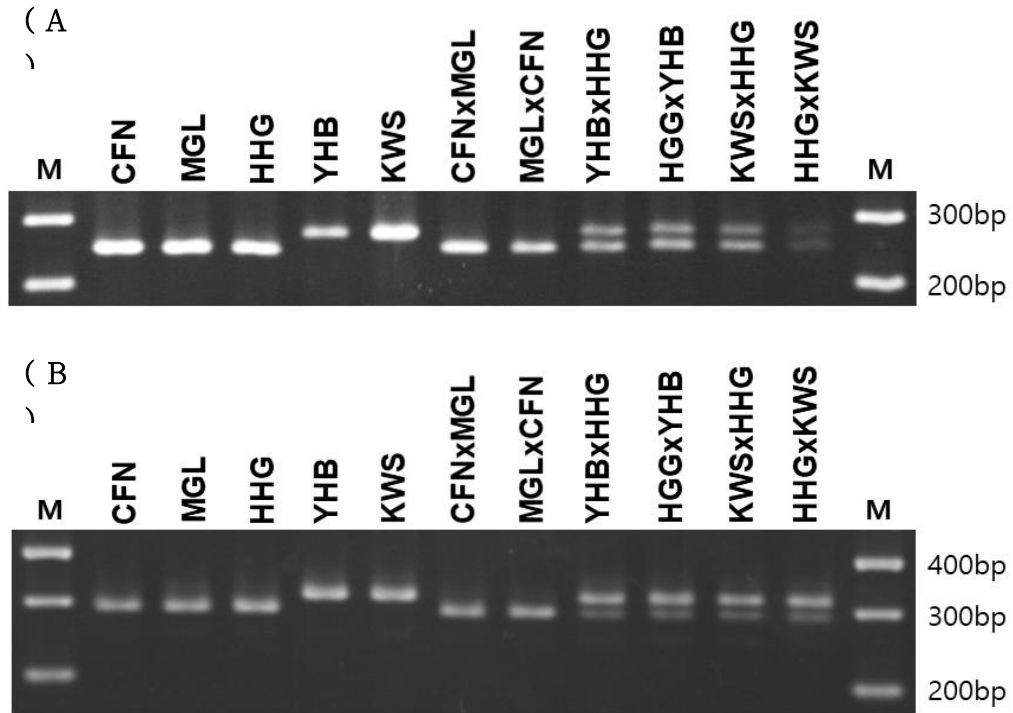


Fig. II-3-1. Validation of two dCAPS marker developed based on polymorphisms in cucumber *CuZnSOD* gene (Csa4G192040). (A) Cs4G-CuZnSOD-DraI. (B) Cs4G-CuZnSOD-AluI. Two dCAPS markers could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-sensitive lines. Sample name CFNxMGL to HHGxKWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

2) 항산화효소 유전자 APX 내의 변이를 이용한 분자표지

- 또 다른 후보 유전자로 7번 염색체에 위치하는 *ascorbate peroxidase* (APX) 유전자(Csa7G011830)를 선택하고, 이 유전자상에 존재하는 변이지역을 기반으로 1종의 dCAPS 마커를 설계하였다(Table II-3-2).
- 본 분자표지를 본 연구에 사용되고 있는 18개 오이 육종라인에 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인과 감수성 육종라인들을 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상대로 hetero genotype을 보였다 (Fig. II-3-2).

Table II-3-2. Information of dCAPS marker developed based on polymorphisms found in APX gene between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Cold sensitive type	Cold tolerant type	
Cs7G-APX-EcoR I	Forward: TATACCTTTTTTAGCATC AGGAATT Reverse: CAATGCATCTACTATGGC AAGA	Genic regions in Csa7G011830	322 bp	299 bp	<i>EcoR</i> I (GAATTC)

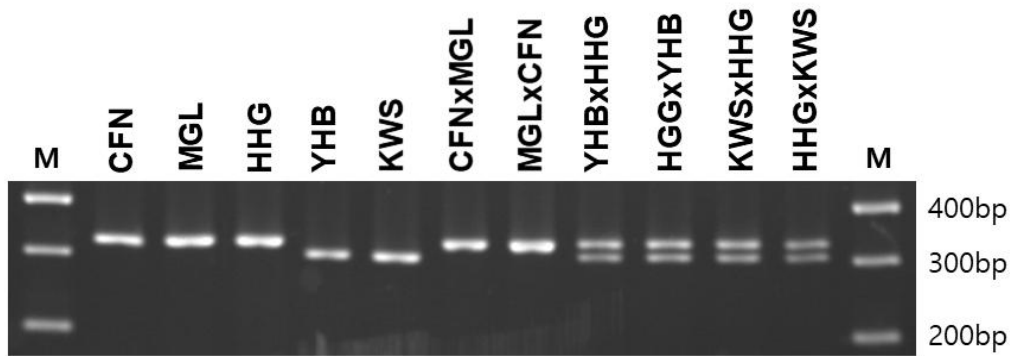


Fig. II-3-2. Validation of the dCAPS marker Cs7G-APX-EcoR1 developed based on polymorphisms in cucumber APX gene (Csa7G011830). The dCAPS marker could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-sensitive lines. Sample name CFNxMGL to HHGxKWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

3) 지방산 불포화 효소 유전자 FAD 내의 변이를 이용한 분자표지

- 추가적인 후보 유전자로 7번 염색체에 위치하는 fattyacid desaturase (FAD) 유전자 (Csa7G376370)를 발굴하고, 해당 유전자상에 존재하는 변이지역을 기반으로 총 1종의 dCAPS 마커와 1종의 InDel 마커를 설계하였다(Table II-3-3).
- 본 분자표지를 본 연구에 사용되고 있는 11개 오이 육종라인에 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인을 다른 감수성 육종라인과 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상과 같이 hetero genotype 을 보이는 것을 확인하였다 (Fig. II-3-3).

Table II-3-3. Information of molecular markers developed based on polymorphisms found in FAD gene between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Cold sensitive type	Cold tolerant type	
Cs7G-FA D-Hha I	Forward: AAATATCAAACCTGGAT TGCATGCG Reverse: AATCTCCTCCAAGGCTCT TTAG	Genic regions in Csa7G376370	274 bp	251 bp	Hha I (G/CGC)
Cs7G-FA D-InDel	Forward: TGAGTATTCTCTTGCTTA TACTGCA Reverse: ATCCAAAGTAGCTAAGG CAACA	Intron regions in Csa7G376370	295 bp	258 bp	

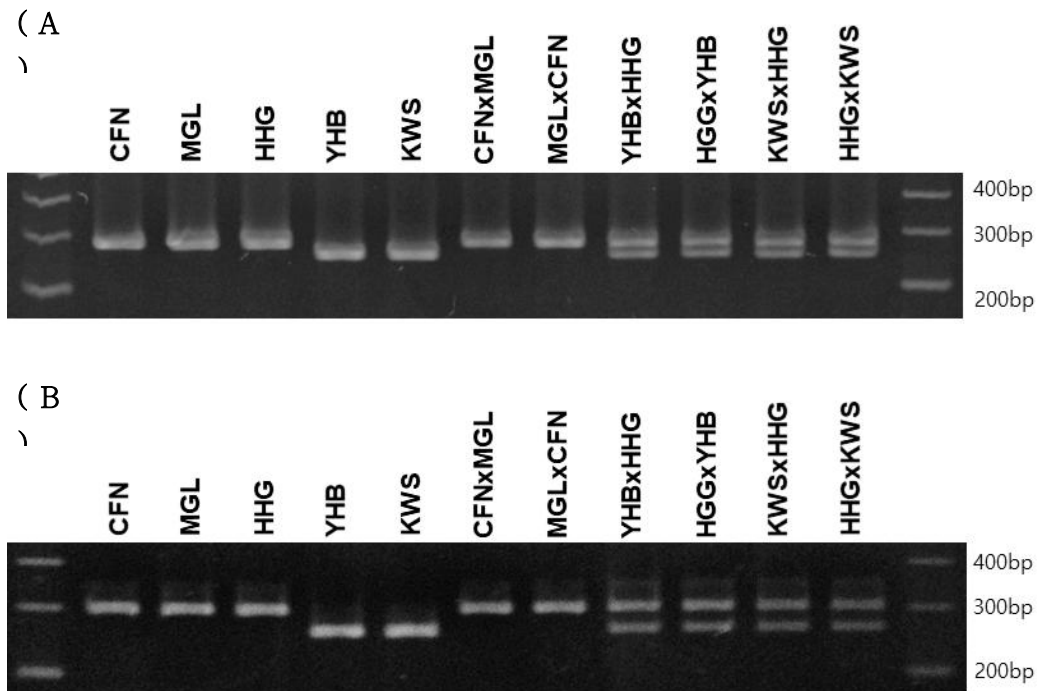


Fig. II-3-3. Validation of the dCAPS marker Cs7G-FAD-Hha I developed based on polymorphisms in cucumber *FAD* gene (Csa7G376370). (A) Cs7G-FAD-Hha I. (B) Cs7G-FAD-InDel. The markers could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-susceptible lines. Sample name CFNxMGL to HHGxKWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

4) 열 충격 단백질 유전자 *HSP* 내의 변이를 이용한 분자표지

- 오이 핵 유전체에 존재하는 heat shock protein (*HSP*) 유전자 중, 3번 염색체에 존재하는 유전자 (Csa2G122520, Csa3G020090)에 존재하는 변이지역을 기반으로 총 세 개의 dCAPS 마커를 설계하였다(Table II-3-4).
- 이 중 3번 염색체에 존재하는 변이지역은 실제로 단백질로 coding 되는 CDS 지역에 존재하는 변이지역이며, 해당 유전자 CDS 지역에서 발견된 두 개의 SNP를 기반으로 두 개의 마커를 설계하였다.
- 개발된 분자표지를 본 연구에 사용되고 있는 11개 오이 육종라인에 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인을 다른 감수성 육종라인과 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상대로 hetero genotype을 보이는 것을 확인 할 수 있었다 (Fig. II-3-4).

Table II-3-4. Three dCAPS markers developed based on polymorphisms found in *HSP* genes between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Chilling sensitive type	Chilling tolerant type	
Cs2G-HS P-RsaI	Forward: GGATGATGCTTCGAAGTTTTTGTA Reverse: TGAACAGGAAGCCATAAAGTCT	Genic regions in Csa2G122 520	216 bp	193 bp	<i>Rsa</i> I (GTAC)
Cs3G-HS P-AluI	Forward: ACACTCACCTTCACATCATCTTAGC Reverse: TGCTTGATGAATGATCTCTTTG	Genic regions in Csa3G020 090	419 bp	395 bp	<i>Alu</i> I (AGCT)
Cs3G-HS P-RsaI	Forward: CAGTCGGCTCGAGAATCGTGTA Reverse: CGATCCATTCTCTCAGACTAGG	Genic regions in Csa3G020 090	288 bp	267 bp	<i>Rsa</i> I (GTAC)

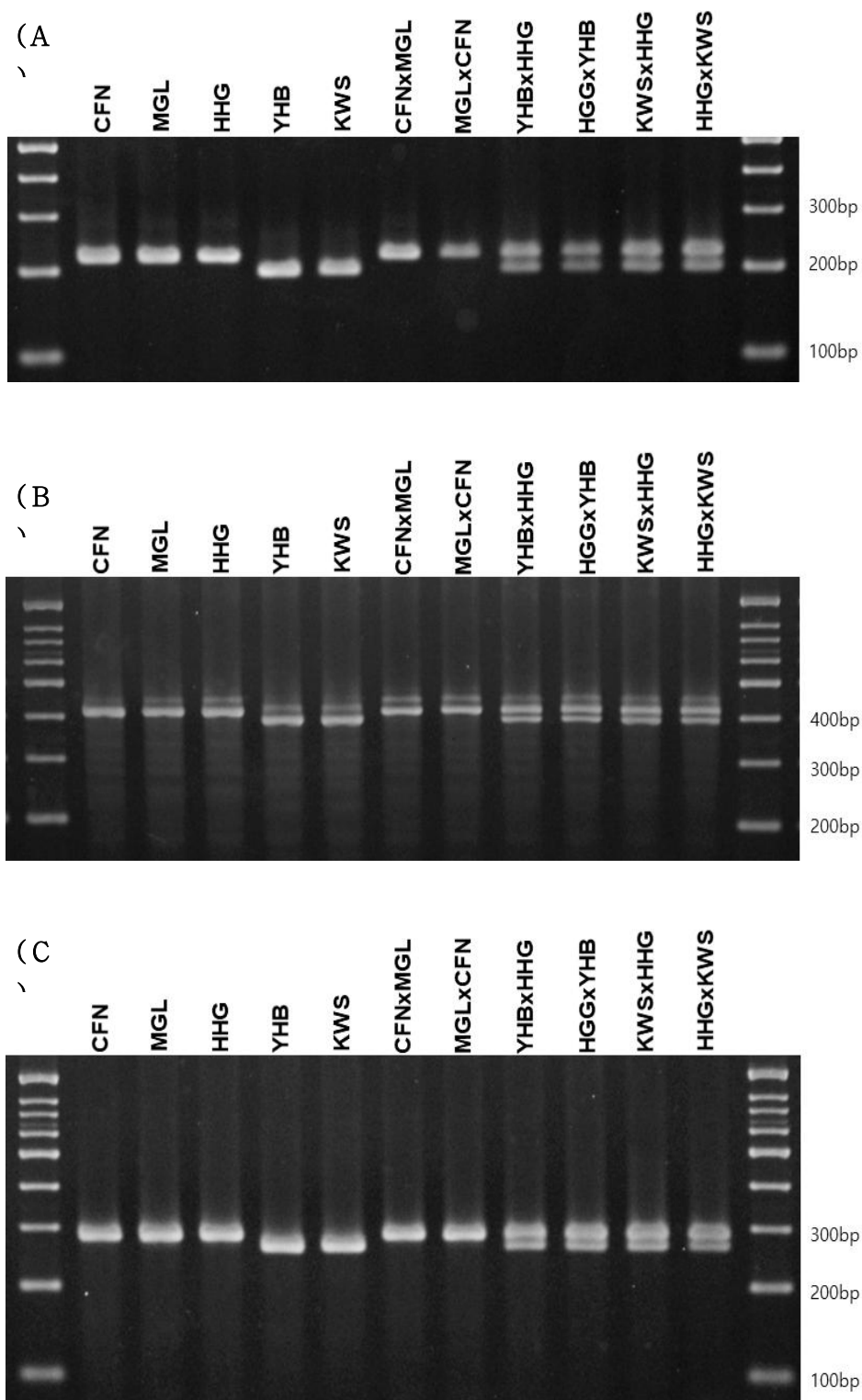


Fig. II-3-4. Validation of the dCAPS markers developed based on polymorphisms in cucumber *HSP* genes (*Csa2G122520*, *Csa3G020090*). (A) *Cs2G-HSP-Rsa I*. (B) *Cs3G-HSP-Alu I*. (C) *Cs3G-HSP-Rsa I*. The markers could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-susceptible lines. Sample name CFN×MGL to HHG×KWS indicate F_1 plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

5) AP2/EREBP 유전자 내의 변이를 이용한 분자표지

- 추가적인 후보 유전자로 3번 염색체에 위치하는 AP2/EREBP 유전자군에 속하는 Csa3G019400 유전자의 변이지역을 발굴하고, 해당 변이지역을 기반으로 총 1종의 dCAPS 마커를 개발하였다(Table II-3-5).
- 개발된 분자표지를 본 연구에 사용되고 있는 11개 오이 육종라인에 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인을 다른 감수성 육종라인과 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상대로 hetero genotype을 보이는 것을 확인 할 수 있었다 (Fig. II-3-5).

Table II-3-5. A dCAPS marker developed based on polymorphism found in AP2/EREBP gene family between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Cold sensitive type	Cold tolerant type	
Cs3G-AP 2-Msp I	Forward: CAGTCGGCTCGAGAATC GTGTA Reverse: ACACACACTGACACAAC CACTT	Genic regions in Csa3G019400	296 bp	276 bp	Msp I (CCGG)

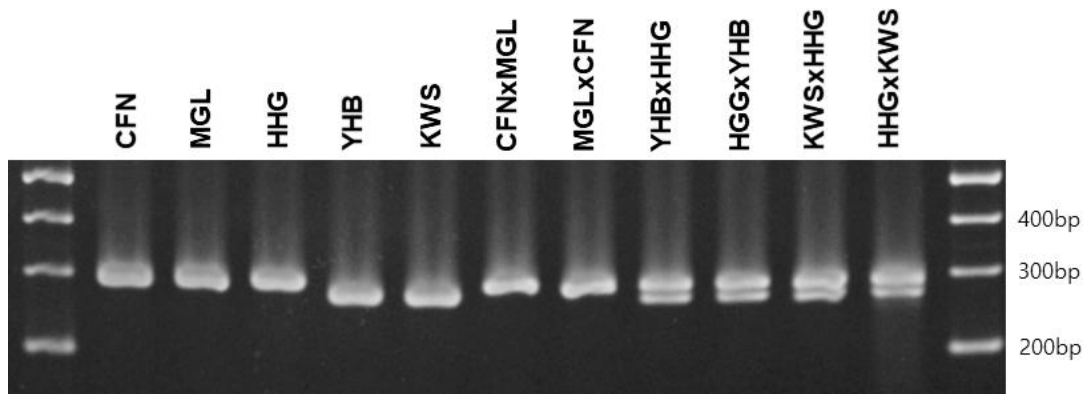


Fig. II-3-5. Validation of the dCAPS marker developed based on polymorphisms in cucumber AP2/EREBP gene family (Csa3G019400). The marker could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-susceptible lines. Sample name CFNxMGL to HHGxKWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

6) Glutaredoxin (GRX) 유전자 내의 변이를 이용한 분자표지

- 오이 핵 유전체에 존재하는 GRX 유전자 중, 5번 염색체에 존재하는 유전자(Csa5G635440)와 6번 염색체에 존재하는 유전자(Csa6G504670) 내부에 존재하는 변이지역을 기반으로 총 세 개의 dCAPS 마커를 설계하였다(Table II-3-6).
- 5번 염색체에는 CDS 상에 총 두 개의 변이지역(SNP)이 존재하는 것을 확인하였으며, 6번

염색체에는 6개의 CDS 서열중 한 개 서열 내부에 하나의 변이지역(SNP)이 존재하는 것을 확인하였다.

- 이를 토대로 개발된 분자표지를 본 연구에 사용되고 있는 11개 오이 육종라인에 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인을 다른 감수성 육종라인과 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상대로 hetero genotype을 보이는 것을 확인 할 수 있었다 (Fig. II-3-6).

Table II-3-6. Three dCAPS markers developed based on polymorphisms found in GRX genes between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Chilling sensitive type	Chilling tolerant type	
Cs5G-GR X-MboI	Forward: AATGGTTTAGAGGAAGTGGAGGGAT Reverse: CTCTCTCAAGCTCGAAAACATT	Genic regions in Csa5G635 440	202 bp	178 bp	<i>Mbo</i> I (GATC)
Cs5G-GR X-PstI	Forward: TCCTTTGAGAACCCATTTGATCTGC Reverse: AGTCTCTTAATTCCTCTGCCC	Genic regions in Csa5G635 440	333 bp	309 bp	<i>Pst</i> I (CTGCAG)
Cs6G-GR X-SalI	Forward: GTGTAATTTGGTGGAGGATGTCGA Reverse: ATTCAGGGAATAGGAAAAGGAA	Genic regions in Csa6G504 670	307 bp	284 bp	<i>Sal</i> I (GTCGAC)

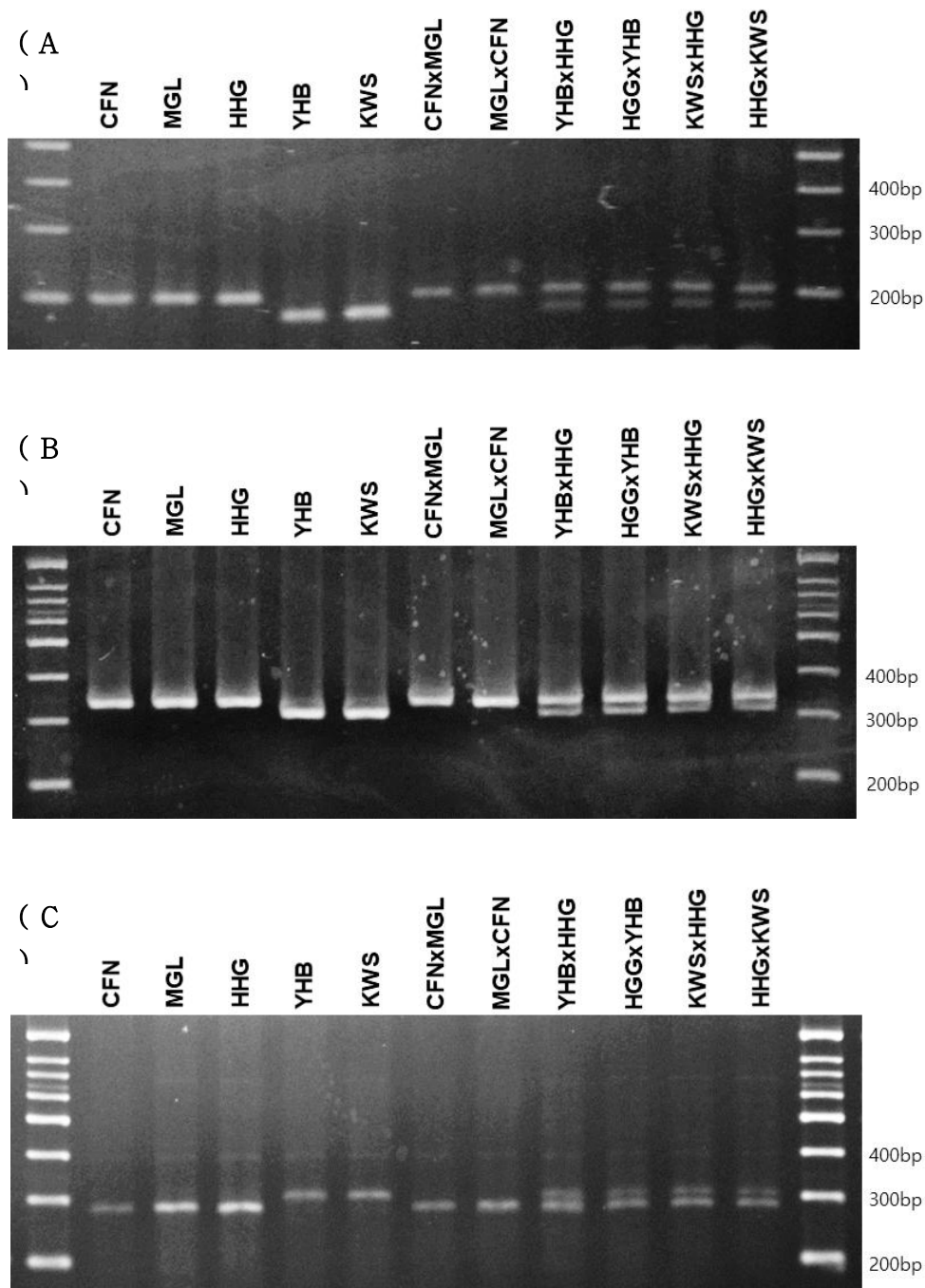


Fig. II-3-6. Validation of the dCAPS markers developed based on polymorphisms in cucumber *GRX* genes (Csa5G635440, Csa6G504670). (A) Cs5G-GRX-MboI. There are two restriction site in sequence of Cs5G-GRX-Mbo I PCR product sequence. Therefore, two bands which have 202-178bp size and 123bp length were marked on the gel. Smaller band was skipped in this gel picture. (B) Cs5G-GRX-PstI. (C) Cs6G-GRX-SalI. The markers could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-susceptible lines. Sample name CFNxMGL to HHGxKWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

7) Peroxidase 유전자 내의 변이를 이용한 분자표지

- 오이 핵 유전체에 존재하는 peroxidase 유전자 중, 7번 염색체에 존재하는 *POD* 유전자(Csa7G414520) 내부에 존재하는 2개의 CDS 중 2번째 CDS 서열에서 발견된 변이지역(SNP)을 기반으로 dCAPS 마커를 설계하였다(Table II-3-7).
- 이를 토대로 개발된 분자표지를 본 연구에 사용되고 있는 11개 오이 육종라인에 적용한 결과, 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인을 다른 감수성 육종라인과 구분 할 수 있었으며, 내저온성과 감수성 육종라인의 F₁ 식물체에서는 예상대로 hetero genotype을 보이는 것을 확인 할 수 있었다 (Fig. II-3-7).

Table II-3-7. A dCAPS marker developed based on polymorphism found in *POD* gene between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion		Used restriction enzyme
			Cold sensitive type	Cold tolerant type	
Cs7G-POD-Rsa I	Forward: ATAACCGACCCAAGTTT GGACCGTA Reverse: TCATCCATATTGCTCTAT TCCC	Genic regions in Csa7G414520	218 bp	242 bp	<i>Rsa</i> I (GTAC)

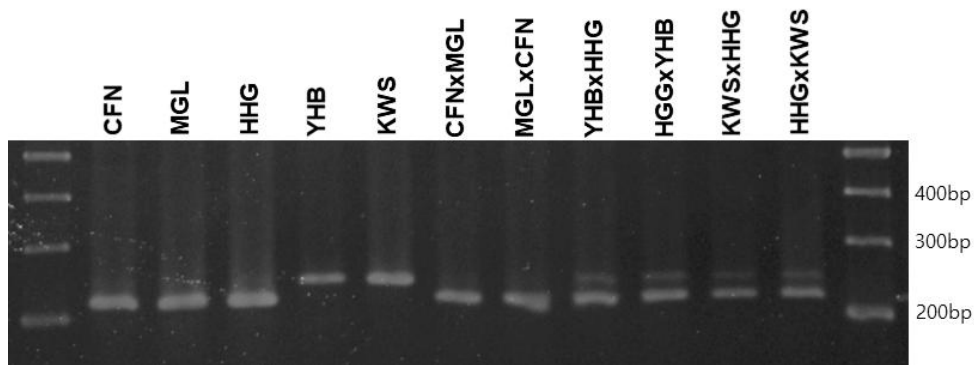


Fig. II-3-7. Validation of the dCAPS marker developed based on polymorphisms in cucumber *POD* gene (Csa7G414520). The marker could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-susceptible lines. Sample name CFNxMGL to HHGxKWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

라. 세포질 유전체상의 변이를 이용한 내저온성 연관 분자표지의 개발 및 적용

- 저온 감수성 오이 육종 라인 3종류 (Line no. CS1001, CS1002, CT603)와 저항성 오이 육종라인 2종류 (Line no. CT604, CT605)의 전장 엽록체 유전체를 assembly하고 그 서열을 비교하였다. 하지만, 저온 저항성 라인 두 종류 모두에서만 발견되는 엽록체 유전체상의 변이지역을 찾을 수는 없었다.
- 미토콘드리아 유전체상에서는 저온 감수성과 저항성을 구분할 수 있는 총 13개의 SNP를 찾았으며, 이중 *nad2*와 *nad5* 두 개의 유전자의 intron 지역에서 변이지역을 발견할 수 있었다.
- 이 중, *nad2* 지역에서는 repeat의 수가 많아 marker를 설계할 수 없었으며, *nad5* 유전자의 intron 지역에 존재하는 2bp 크기의 InDel 변이를 이용하여 총 1개의 InDel dominant 마커를 설계하였다 (Table II-4-1).
- 본 연구에 사용된 11개의 식물 샘플에 마커를 적용해 본 결과, 26cycle의 PCR 증폭 후에 내저온성 육종라인인 YHB와 KWS 육종라인을 다른 감수성 육종라인과 구분 할 수 있었으며(Fig. II-4-2), 이보다 PCR cycle이 증가하거나, 초기에 넣어준 DNA의 농도가 높을 경우, 기존의 band 위에 하나의 band가 더 생길 수 있음을 확인하였다. 하지만 추가적인 band가 생겨도 내저온성 육종라인과 감수성 육종라인을 구분하는데에는 문제가 없는 것을 확인 할 수 있었다.

Table II-4-1. Two dCAPS markers developed based on polymorphisms found in mitochondrial genes between chilling-tolerant and -susceptible cucumber inbred lines

Marker ID	Primer sequence	Location	Product size after digestion	
			Cold sensitive type	Cold tolerant type
CsMt-nad5-Domi	Forward: ACTACAAGTCTTCTTCTTATT C Reverse: AATCAGACTTCCGACCACCG	Intron in Mt nad5		204 bp

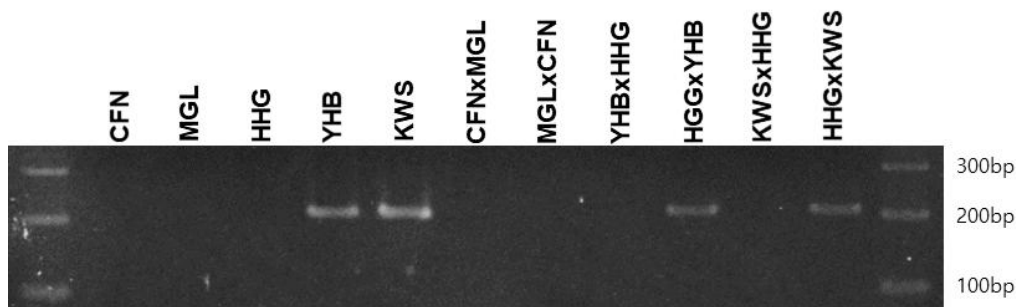


Fig. II-4-2. Validation of the dominant marker developed based on polymorphism in cucumber *nad5* gene (NC_016005). The marker could distinguish successfully cold-tolerant inbred lines (YHB and KWS) from cold-susceptible lines with 26cycle PCR amplification. If DNA concentration was high or PCR cycle was more than 26, one more band can be detected by gel electrophoresis.

But, the result is still same that the marker can distinguish cold-tolerant inbred lines from cold-susceptible lines. Sample name CFN×MGL to HHG×KWS indicate F₁ plants generated by reciprocal crossing between cold-tolerant and -sensitive lines.

2-10. 오이 내저온성 관련 후보 유전자 발굴

가. 주요 내저온성 관련 후보 유전자군 탐색

- 마커 개발을 위해 선별한 내저온성 관련 후보 유전자군(Table II-2-1)은 모두 저온, 고온, 건조 등의 외부 식물에 대한 식물의 저항성에 크게 관여하는 것으로 알려져 있다. 하지만, 이 중 몇몇 유전자군의 경우 오이를 포함한 박과식물에서는 그 기작과 역할이 제대로 연구되지 않았거나, 기능과 관련된 연구는 진행됐음에도 불구하고 genome 수준에서의 genetic 연구는 수행되지 않은 것을 확인 할 수 있었다.
- 따라서, 본 연구에서는 앞서 선정된 내저온성 관련 후보 유전자군 중, AP2/EREBP, dehydrin 유전자군, 항산화 작용에 관여하는 SOD, APX, CAT 유전자군에 대해 유전학적인 연구 배경을 마련하고자 유전자군 분석 연구를 수행하였다.
- 연구를 위해 오이를 포함한 박과 식물의 데이터베이스에 등록된 genome 서열과 애기장대의 해당 유전자군 서열을 사용하여 서로 비교 분석 하였으며, GenBank에 등록된 오이 전사체 정보를 이용하여 조직별 발현량 분석을 진행하였다.

나. 오이 AP2/EREBP 전사조절인자 유전자군 분석

- AP2/EREBP(APETALA 2/ethylene responsive element binding protein)는 식물의 가장 큰 전사조절인자 유전자군중 하나이며, 환경스트레스 신호전달을 포함하는 다양한 생물학적 프로세스에서 중요한 역할을 수행한다고 알려져 있다. AP2/EREBP는 크게 5개 group (ERF, DREB, AP2, RAV, soloist group)으로 나누어지고, 이중 DREB subfamily는 식물의 환경스트레스 반응과 내성에 매우 중요한 CBF/DREB 유전자를 포함하고 있다. 본 분석에는 오이를 포함한 박과 (Cucurbitaceae) 작물에서 AP2/EREBP 유전자군을 발굴하고 발현을 분석하였다.
- 오이, 야생오이, 멜론, 수박, bitter gourd의 genome 서열로부터 예측된 유전자 서열을 iTAK 프로그램으로 분석함으로써, 전사조절인자 유전자군을 선별하였고, 이로부터 AP2/EREBP 유전자군만을 추출하여 분석하였다 (Table III-2-1, Table III-2-2).
- 그 결과, 144, 132, 142 AP2/EREBP 유전자를 오이 3 품종 (cv. Chinese long, Gy14, Borszczagowski)에서 발굴하였으며, 153, 148 AP2/EREBP 유전자를 야생오이와 멜론에서 발굴하였다. 또한 145, 109 AP2/EREBP 유전자를 수박과 bitter gourd에서 발굴하였다.
- Phylogenetic tree 분석을 통해서 찾은 박과 AP2/EREBP 유전자를 기존에 알려진 것과 같이 5개 group으로 나눌 수 있었다 (Fig. III-2-1). 이 group들 중, 애기장대 CBF/DREB1 유전자와 함께 묶이는 A1 subgroup을 찾을 수 있었으며, 이로부터 25개의 박과 CBF/DREB1 상동 유전자를 확인하였다 (Fig. III-2-2).
- 이들 박과 CBF/DREB1 상동 유전자들은 애기장대 CBF/DREB1 유전자와 아미노산 서열 수준에서 30-55%의 유사성을 보였다. 이들 박과 CBF/DREB1 상동 유전자들은 다시 4개의 clade 로 나누어졌으며, 이중 Clade I 은 애기장대 CBF4/DREB1D와 유사했으며, Clade III 은 내냉성에 중요한 애기장대 CBF1/DREB1B 및 CBF3/DREB1A와 유사하였다. Clade III의 6개 박과 유전자들은 애기장대 CBF1/DREB1B 및 CBF3/DREB1A에서 잘 보존된

nuclear localization signal (NLS), AP2/EREBP domain, CBF/DREB1 signature 를 가지고 있었다 (Fig. III-2-3).

- 오이 136 AP2/EREBP 유전자들의 발현을 GenBank에 등록된 오이 전사체 정보를 이용하여 분석하였다 (Fig. III-2-4). 그 결과, 125 유전자가 조사된 10 개 오이 조직(leaf, stem, root, tendril, tendril base, female flower, male flower, ovary, unfertilized expanded ovary, and fertilized expanded ovary) 중 적어도 한 조직에서 발현하는 것으로 확인되었다.
- 오이 AP2/EREBP 유전자들의 발현 양상은 크게 12 group으로 나눌 수 있었다. 오이 AP2/EREBP 유전자들 중, 8개 유전자 [Csa2M279250.1 (AP2), Csa3M073900.1 (ERF), Csa3M646560.1 (ERF), Csa5M167110.1 (ERF), Csa6M124180.1 (DREB), Csa6M167230.1 (ERF), Csa6M518040.1 (ERF), and Csa7M448110.1 (ERF)]는 조사된 모든 오이 조직에서 발현이 높았으며, 오이 CBF1/DREB1 상동 유전자 4개 중 3개 (Csa3M180260.1, Csa5M155570.1, and Csa5M174570.1) 는 tendrill 조직에서 발현이 높았고, 나머지 하나 (Csa3M751440.1) 는 조사된 어떤 조직에서도 발현되지 않았다.

Table III-2-1. Gene sets of Cucurbitaceae species and *A. thaliana* used in this study

Scientific name (common name)	Chromosome number and genome size	Cultivar/ accession/ line	Total annotated genes	Reference and genome database
<i>Cucumis sativus</i> var. <i>sativus</i> (Cucumber)	2n = 2x = 14 367 Mb	Chinese cultivar Chinese long Inbred line 9930	24,522 (25,600 ^{z)})	Huang et al (2009) http://www.icugi.org/cgi-bin/ICuGI/index.cgi
		North American cultivar Gyn14 gynococious inbred line	21,503	Cavagnaro et al (2010) https://phytozome.jgi.doe.gov/
		North-European cultivar Borszczagowski line B10	26,587 (29,789 ^{y)})	Wóycicki et al (2011) http://csgenome.sggw.pl/en-us/
<i>Cucumis sativus</i> var. <i>hardwickii</i> (Wild cucumber)	Not available	Accession PI183967	22,746 (26,548 ^{z)})	Qi et al (2013) http://www.icugi.org/cgi-bin/ICuGI/index.cgi
<i>Cucumis melo</i> (Melon)	2n = 2x = 24 450 Mb	Double-haploid line DHL92	27,432 (34,848 ^{z)})	Garcia-Mas et al (2012) https://melonomics.net/
<i>Citrullus lanatus</i> (Watermelon)	2n = 2x = 22 425 Mb	East Asia watermelon cultivar 97103	23,440	Guo et al (2013) http://www.icugi.org/cgi-bin/ICuGI/index.cgi
<i>Momordica charantia</i> (Bitter gourd)	2n = 2x = 22 339 Mb	A monoecious inbred line OHB3-1	45,873 ^{x)}	Urasaki et al (2016)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	2n = 2x = 10 125 Mb		27,416 ^{w)}	Arabidopsis Genome Initiative (2000) https://www.arabidopsis.org/

^{z)}including alternative spliced forms.

^{y)}including genes encoding less than 50 amino acid sequence.

^{x)}including allelic forms and transposable elements.

^{w)}only used to identify and compare transcription factor gene families.

Table III-2-2. AP2/EREBP gene families identified in this study

Plant name	Cultivar/ accession/ line	Total AP2/ER EBP	Subfamily and group ^{y)}				
			ERF	DREB (CBF/DREB1 ^{x)})	AP2	RAV	Soloist
Cucumber	Chinese long	136 (144 ^{z)})	72	38 (4)	20	4	2
	Gy14	142	72	45 (4)	19	4	2
	Borszczagowski	132	69	39 (2)	18	4	2
Wild cucumber	PI183967	146 (153 ^{z)})	74	46 (4)	20	4	2
Melon	DHL92	140 (148 ^{z)})	71	45 (4)	18	4	2
Watermelon	97103	145	74	46 (4)	19	4	2
Bitter gourd	OHB3-1	109	54	34 (3)	17	2	2
Arabidopsis		147 ^{w)}	66	56 (6)	18	6	1 ^{v)}

^{z)}including alternative spliced forms.

^{y)}Based on classification by phylogenetic analysis without alternative spliced forms.

^{x)}CBF/DREB1-homologues identified by phylogenetic analysis.

^{w)}reported in Dietz et al (2010).

^{v)}only single gene (AT4G13040) was reported in *A. thaliana* (Nakano et al. 2006; Dietz et al. 2010)

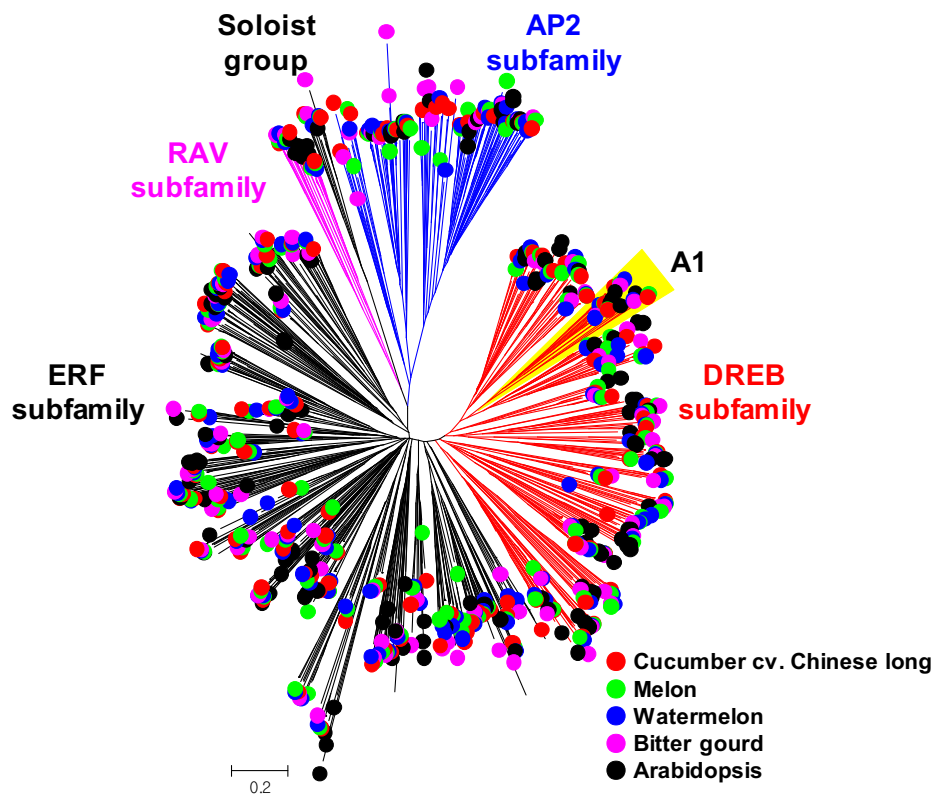


Fig. III-2-1. Phylogenetic tree of AP2/EREBP genes identified in five Cucurbitaceae species and *A. thaliana*. Tree was based on similarity among deduced amino acid sequences of AP2/EREBP genes identified in four Cucurbitaceae species and *A. thaliana*. Four subfamilies, DREB, ERF, RAV, and AP2, and a soloist group were divided based on the classification of *Arabidopsis* genes (Nakano *et al.* 2006; Dietz *et al.* 2010). Cucurbitaceae AP2/EREBP genes identified in cucumber cv. Chinese long were marked with red circles, while ones in cucumber cv. Gy14, cv. Borszczagowski, and wild cucumber were not marked in the tree. The A1 subgroup including CBF/DREB1 transcription factors of the DREB subfamily is marked with a yellow triangle. Multiple sequence alignment of the protein sequences were performed using MUSCLE included in MEGA 7 software and then the phylogenetic tree was generated using the Neighbor-Joining (NJ) method by MEGA 7 software. Scale bar represents the number of amino acid substitution per site. The bootstrap support values are omitted for a legible illustration.

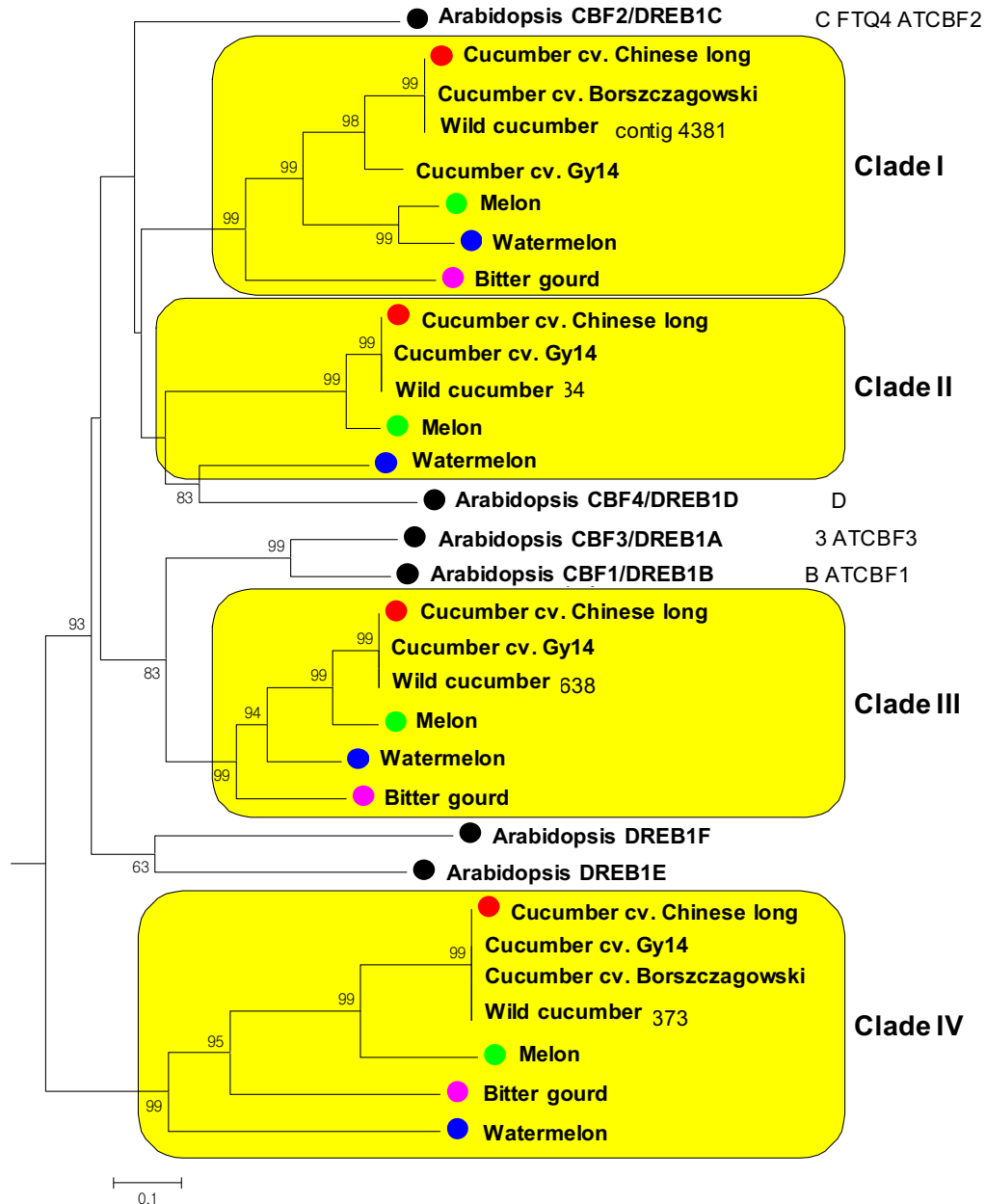


Fig. III-2-2. Phylogenetic tree of *CBF/DREB1*-homologous genes identified in five Cucurbitaceae species. Phylogenetic tree of the DREB A1 subgroup in Fig. 1 was enlarged to show Cucurbitaceae genes closely grouped with Arabidopsis *CBF/DREB1* genes at amino acid level. The four clades are marked with yellow boxes. The bootstrap support values more than 50 are shown in the branches. Scale bar represents the number of amino acid substitution per site. Clade I consists of Csa5M155570.1 (cv. Chinese long), Cucsa.302750.1 (cv. Gy14), gene_1#CSB10A_v1_contig_4381 (cv. Borszczagowski), evm.model.Chr5.580 (wild cucumber), MELO3C005629T1 (melon), Cla011488 (watermelon), and MOMC2_838 (bitter gourd). Clade II consists of Csa5M174570.1 (cv. Chinese long), Cucsa.166340.1 (cv. Gy14), evm.model.Chr5.834 (wild cucumber), MELO3C005367T1 (melon), and Cla002330 (watermelon). Clade III consists of Csa3M180260.1 (cv. Chinese long), Cucsa.251030.1 (cv. Gy14), evm.model.Chr3.1638 (wild cucumber), MELO3C006869T1 (melon), Cla006212

(watermelon), and MOMC16_201 (bitter gourd). Clade IV consists of Csa3M751440.1 (cv. Chinese long), Cucsa.378450.1 (cv. Gy14), gene_2#CSB10A_v1_contig_4841 (cv. Borszczagowski), evm.model.Chr3.3373 (wild cucumber), MELO3C009442T1 (melon), Cla017719 (watermelon), and MOMC32_103 (bitter gourd). Gene IDs of Arabidopsis CBF/DREB1 protein sequences in this tree are AT1G12610 (DREB1F), AT1G63030 (DREB1E), AT4G25470 (CBF2/DREB1C), AT4G25480 (CBF3/DREB1A), AT4G25490 (CBF1/DREB1B), and AT5G51990 (CBF4/DREB1D).

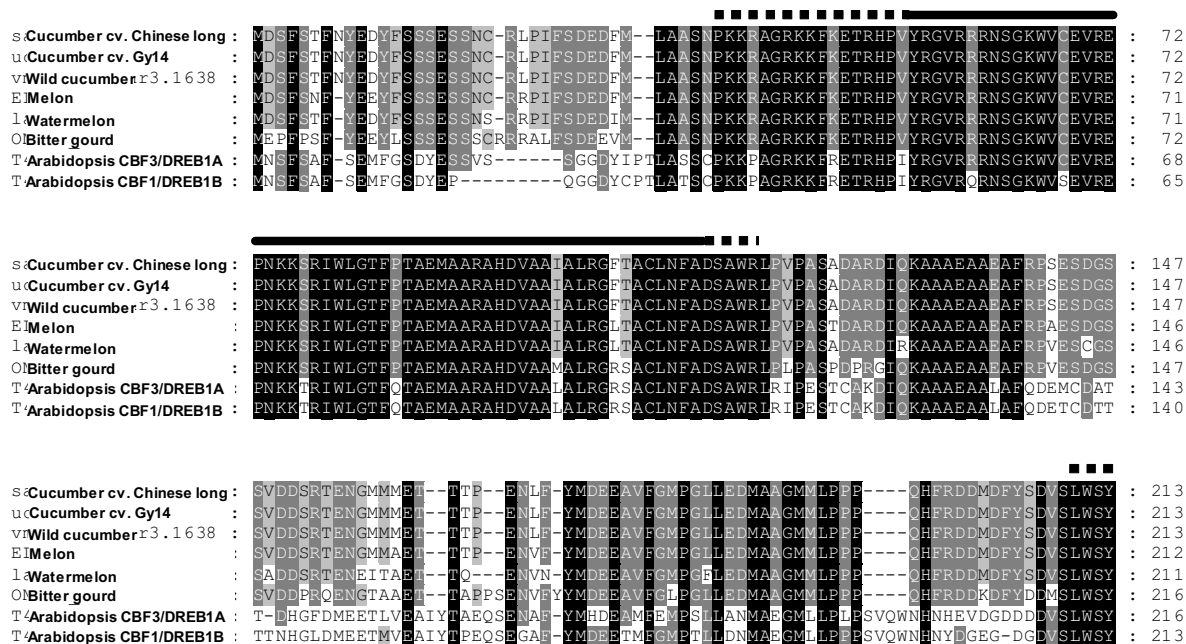


Fig. III-2-3. Multiple alignment of the deduced protein sequences of CBF/DREB1-homologous genes in Clade III with Arabidopsis CBF1/DREB1B and CBF3/DREB1A protein sequences. The AP2/EREBP domain is marked by an over-line and the CBF/DREB1-conserved amino acid residues, PKRPAGRTKFKETRHP (in NLS), DSAWR (after AP2/EREBP domain), and LWSY (in C-terminal) are marked by black dots. Shaded boxes indicate conserved residues among compared protein sequences. The alignment was made using MUSCLE in MEGA 7 program and visualized using GeneDoc software. Gene IDs of protein sequences used for multiple alignment are Csa3M180260.1 (cv. Chinese long), Cucsa.251030.1 (cv. Gy14), evm.model.Chr3.1638 (wild cucumber), MELO3C006869T1 (melon), Cla006212 (watermelon), MOMC16_201 (bitter gourd), AT4G25480 (CBF3/DREB1A), and AT4G25490 (CBF1/DREB1B).

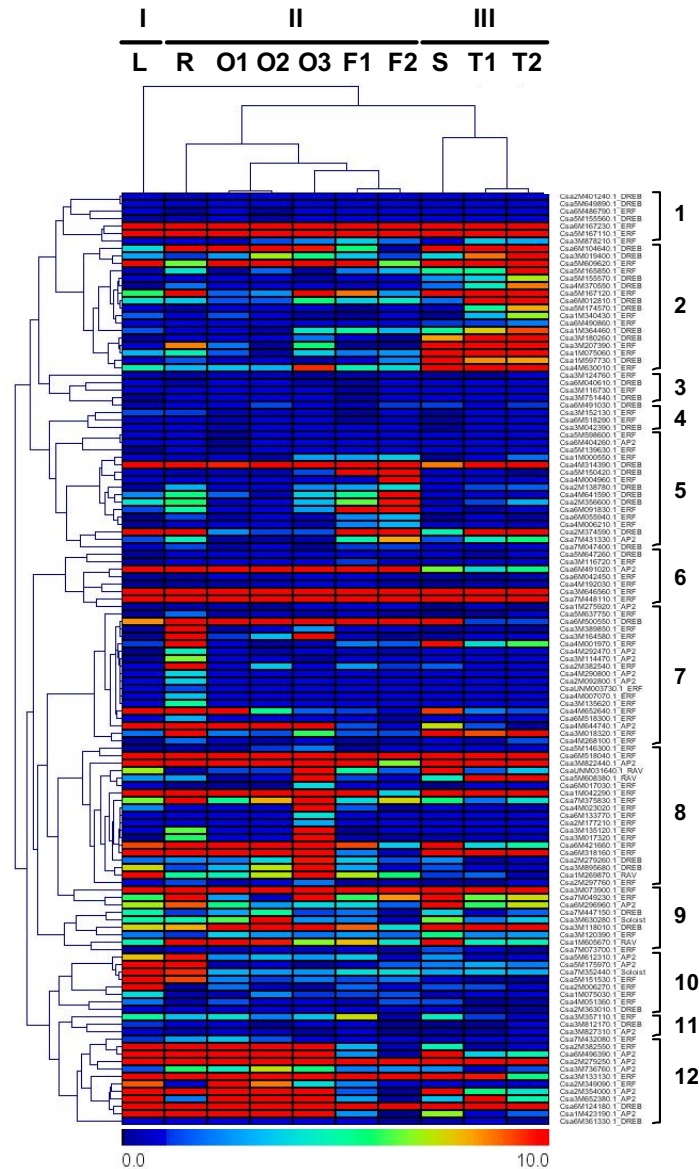


Fig. III-2-4. Expression profiles of 125 cucumber AP2/EREBP genes. Cucumber RNA-Seq data were retrieved from GenBank SRA database (Bioproject acc. PRJNA80169, Li *et al.* 2011) and employed to calculate FPKM values using RSEM program with default parameters (Supplementary Table S4). Hierarchical clustering based on expression pattern and heatmap drawing were performed using MeV s/w with default parameters. Color scale for expression level is shown at the bottom of heatmap. Eleven cucumber genes with FPKM values of zero were not included in this analysis. L, leaf; R, root; O1, ovary; O2, fertilized expanded ovary (7 days after flowering); O3, unfertilized expanded ovary (7 days after flowering); F1, female flower; F2, male flower; S, stem; T1, tendril; T2, tendril base. Three groups for tissues and 12 groups for genes are indicated on top and the right of heatmap, respectively.

다. 오이 dehydrin 유전자군 분석

- Dehydrin(DHN)은 LEA (late embryogenesis abundant) protein family의 group II에 속하는 단백질로서, 스트레스하에서 세포를 보호하는 molecular chaperon 으로 알려져 있다. DHN의 발현이 abiotic stress 조건 및 내성과 밀접하게 연관되어 있음이 많은 연구에서 보고되고 있다. 오이, 멜론, 수박에서 LEA protein 연구의 일부분으로 몇종류의 DHN 유전자가 밝혀져 있으나, 박과식물간의 비교 및 발현 연구는 아직도 부족한 실정이다. 본 분석에는 오이를 포함한 박과 (Cucurbitaceae) 작물에서 DHN 유전자군을 발군하고 발현을 분석하였다.
- 오이, 야생오이, 멜론, 수박, bitter gourd의 genome 서열로부터 예측된 유전자 서열을 InterProScan 프로그램으로 분석함으로써, DHN의 conserved domain을 가지고 있는 유전자를 선별하였다(Table III-3-1). 그 결과, 박과 5종의 8 genome 서열로부터 총 32 개의 DHN 유전자를 발굴하였으며, 오이 3 품종 (cv. Chinese long, Gy14, Borszczagowski)에서는 각각 4, 3, 4개의 DHN 유전자를 발굴하였다.
- DHN 단백질 구조를 분석한 결과, 박과 DHN 유전자들은 3개의 단백질 구조 type (K_n , SK_n , Y_nSK_n) 으로 나눌 수 있었으며, 다른 식물 DHN 유전자에서 발견되는 K_nS , Y_nK_n type은 발견되지 않았다 (Table III-3-1).
- 애기장대 10 DHN, 벼 8 DHN 유전자와 함께 phylogenetic tree를 작성한 결과, 아미노산 서열의 유사성에 기반해서 5개의 group으로 나누어짐을 확인 할 수 있었다(Fig. III-2-1). 특히 Group I 은 주로 SK_3 type DHN들로 구성되어 있었으며, 여기에는 애기장대와 벼에서 내냉성 및 내건성에 중요하다고 알려진 DHN 유전자들(COR47, ERD10, OsDHN1 등)이 다수 포함되어 있었다. 이 Group I 에 속하는 박과 DHN 유전자들은 애기장대와 벼의 DHN 유전자들에서 잘 보존된 S-segment 및 K-segment가 역시 잘 보존되어 있음을 확인할 수 있었다 (Fig. III-3-2).
- 오이와 멜론 DHN 유전자들의 발현을 GenBank에 등록된 오이와 멜론 전사체 정보를 이용하여 분석하였다 (Fig. III-3-3). 그 결과, 두 식물종 모두에서 SK_3 type DHN 유전자만이 조사된 조직에 관계없이 강하게 발현하고 있음을 알 수 있었고, 나머지 type (K , SK_2 , Y_2SK_2)의 DHN 유전자들은 발현이 매우 낮음을 알 수 있었다. 예외적으로 멜론 SK_2 type DHN 유전자 (MELO3C016402T1)는 열매에서 강하게 발현하였다.
- 오이, 멜론, 수박 genome database로부터 각 DHN 유전자의 프로모터 지역(시작코돈으로부터 상위 2Kb)를 추출한 후, cis-acting elements을 분석하였다(Fig. III-3-4). 애기장대와 벼의 DHN 프로모터에서 알려진 것과 같이, 박과 3종의 프로모터 지역에서도 환경스트레스 반응에 중요한 cis-acting element인 DRE와 ABRE 유사서열을 확인할 수가 있었다.

Table III-3-1. *DHN* genes identified in this study

Plant name	Cultivar/ accession/ line	Total <i>DHN</i> genes	DHN YSK architecture types				
			K _n	K _n S	SK _n	Y _n K _n	Y _n SK _n
Cucumber	Chinese long	4	1	0	2	0	1
	Gy14	3	1	0	2	0	0
	Borszczagowski	4	1	0	2	0	1
Wild cucumber	PI183967	4	1	0	2	0	1
Melon	DHL92	4	1	0	2	0	1
Watermelon	97103	5	1	0	2	0	2
	Charleston Gray	4	0	0	2	0	2
Bitter gourd	OHB3-1	4	0	0	1	0	3
Arabidopsis		10 ^{z)} (9 ^{y)})	1	1(0)	5	1	2
Japonica rice		8 ^{z)} (7 ^{y)})	0	1(0)	4	0	3

^{z)}reported in Hundertmark and Hinch (2008) and Verma *et al.* (2017).

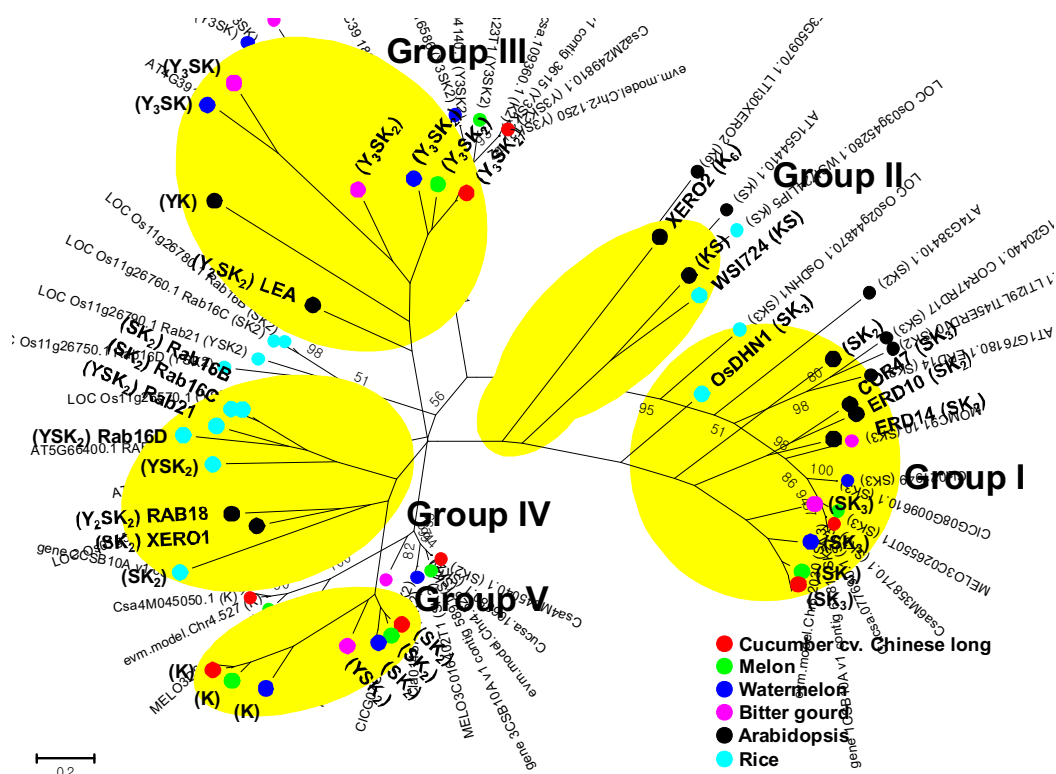


Fig. III-3-1. Phylogenetic tree of *DHN* genes identified in five Cucurbitaceae species. Tree was based on similarity among deduced protein sequences of *DHN* genes identified in five Cucurbitaceae species, *A. thaliana*, and *O. sativa*. Five groups, Group I to V, were divided based on the proximity among genes at amino acid level. *DHN* genes identified in cucumber cv. Chinese long and watermelon cv 97103 were marked with red and blue circles, respectively, while ones in cucumber cv. Gy14, cv. Borszczagowski, wild cucumber and watermelon cv. Charleston Gray were not marked in the tree. Multiple sequence alignment of the protein sequences were performed using MUSCLE included in MEGA 7 software and then the phylogenetic tree was generated using the Maximum Likelihood (ML) method by MEGA 7 software. Scale bar represents the number of amino acid substitution per site. The bootstrap support values are omitted for a legible illustration. Group I consists of Csa6M358710.1, Cusa.077690.1, gene_1#CSB10A_v1_contig_6781, evm.model.Chr6.2030, MELO3C026550T1, Cla021949, CICG08G009610.1, MOMC91_10, AT1G20440.1 (COR47), AT1G20450.1 (ERD10), AT1G76180.1 (ERD14), AT4G38410.1, and LOC_Os02g44870.1 (OsDHN1). Group II consists of AT1G54410.1, AT3G50970.1 (XERO2), and LOC_Os03g45280.1 (WSI724). Group III consists of Csa2M249810.1, Cusa.109360.1, gene_2#CSB10A_v1_contig_3615, evm.model.Chr2.1250, MELO3C023323T1, Cla015906, Cla016586, CICG02G004780.1, CICG11G004140.1, MOMC39_188, MOMC7_421, AT4G39130.1, and AT2G21490.1 (LEA). Group IV consists of AT3G50980.1 (XERO1), AT5G66400.1 (RAB18), LOC_Os01g50700.1, LOC_Os11g26570.1, LOC_Os11g26750.1 (Rab16D), LOC_Os11g26760.1 (Rab16C), LOC_Os11g26780.1 (Rab16B), and LOC_Os11g26790.1 (Rab21). Group V consist of Csa4M045040.1, Csa4M045050.1, Cusa.106380.1, evm.model.Chr4.526, evm.model.Chr4.527, gene_2#CSB10A_v1_contig_5891, gene_3#CSB10A_v1_contig_5891, MELO3C016401T1, MELO3C016402T1, Cla014570, Cla014571, CICG07G008700.1, and MOMC8_239. Protein architecture types of *DHN* genes indicated between parentheses.

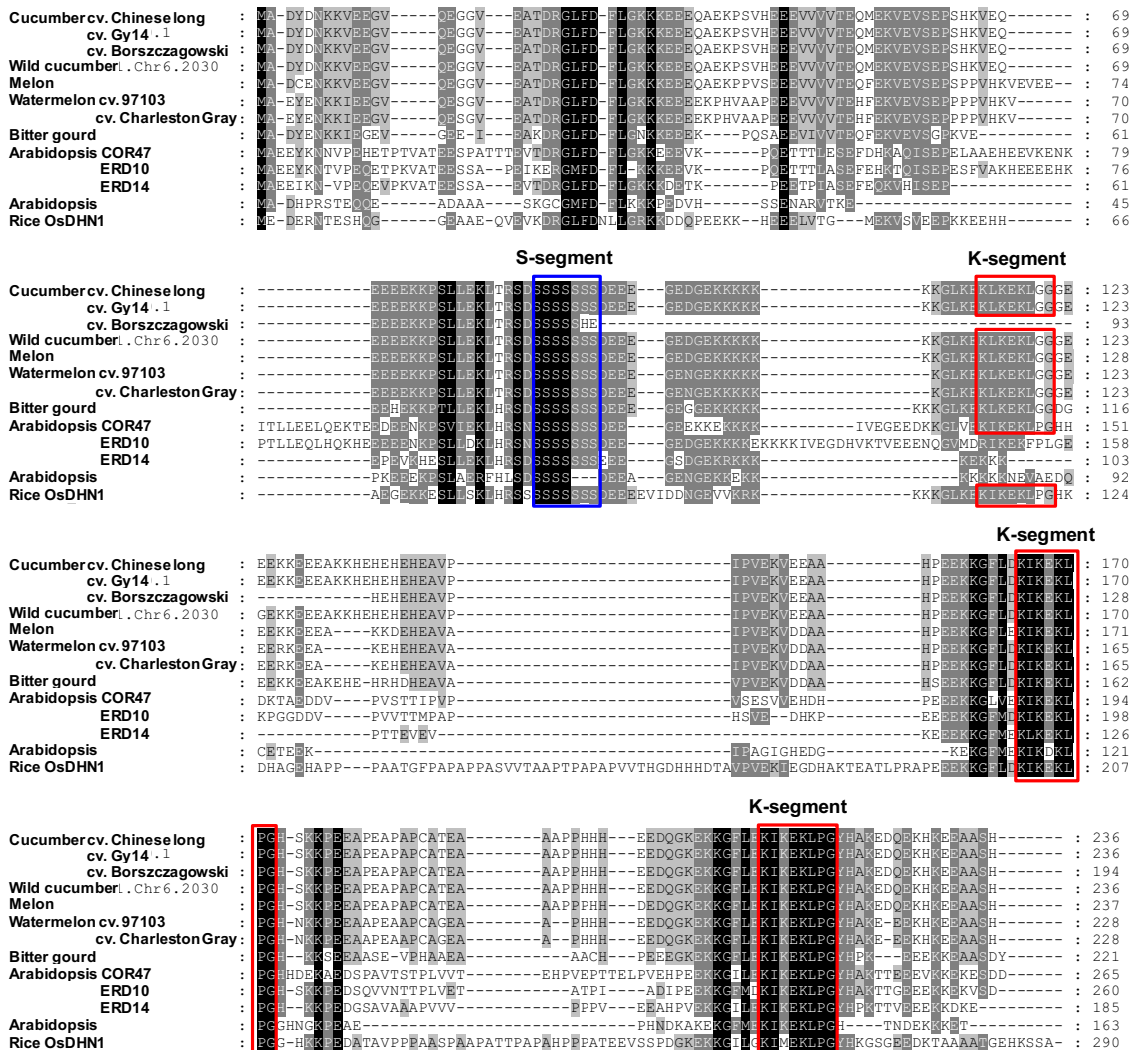


Fig. III-3-2. Multiple alignment of the deduced protein sequences of *DHN* genes in Group I. The conserved S- and K-segments are indicated by blue and red boxes, respectively. Shaded boxes indicate conserved residues among compared protein sequences. The alignment was made using MUSCLE in MEGA 7 program and visualized using GeneDoc software. Gene IDs of protein sequences used for multiple alignment are Csa6M358710.1 (SK₃, cv.Chineselong), Cucs0.077690.1 (SK₃,cv.Gy14), gene_1#CSB10A_v1_contig_6781 (SK₂, cv.Borszczagowski), evm.model.Chr6.2030 (SK₃, wild cucumber), MELO3C026550T1 (SK₃, melon), Cla021949 (SK₃, cv.97103), CICC08G009610.1 (SK₃, cv.CharlestonGray), MOMC91_10 (SK₃, bittergourd), AT1G20440.1 (SK₃, COR47, RD17), AT1G20450.1 (SK₂, ERD10), AT1G76180.1 (SK₂, ERD14), AT4G38410.1 (SK₂), and LOC_Os02g44870.1 (SK₃, OsDHN1).

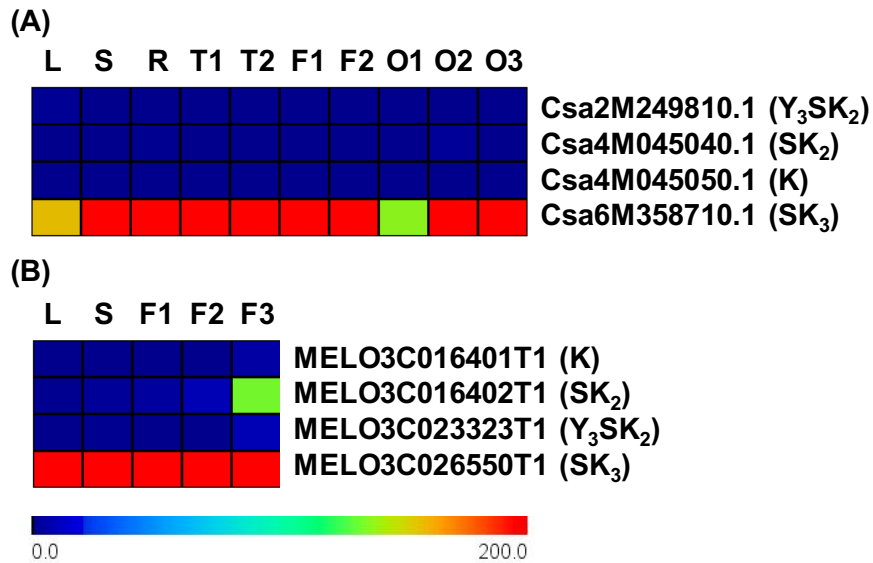


Fig. III-3-3. Expression profiles of *DHN* genes in cucumber and melon. Cucumber RNA-Seq data (Bioproject acc. PRJNA80169, Li *et al.* 2011) and melon RNA-Seq data (Bioproject acc. PRJNA300582, Kim *et al.* 2016) were retrieved from GenBank SRA database and employed to calculate FPKM values using RSEM program with default parameters (Supplementary Table S4). FPKM values for *DHN* genes of cucumber (A) and melon (B) were used to draw heatmap using MeV s/w with default parameters. Color scale for expression level is shown at the bottom of heatmap. L, leaf; S, stem; R, root; T1, tendril base; T2, tendril; F1, female flower; F2, male flower; F3, fruit; O1, ovary; O2, expanded ovary without fertilization (7 days after flowering); O3, expanded ovary after fertilization (7 days after flowering).

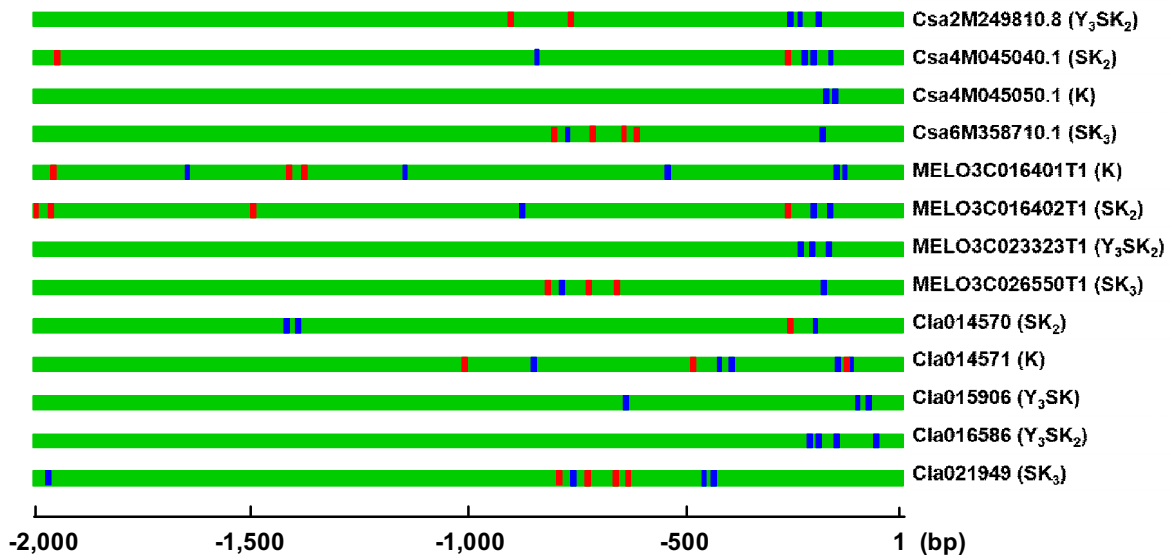


Fig. III-3-4. Putative *cis*-acting elements related to abiotic stress response located in *DHN* promoter sequences. Putative promoter sequences of 2-kb upstream from start codon were retrieved from genome databases of cucumber, melon, and watermelon and used to investigate putative *cis*-acting elements related to abiotic stress response using PlantPAN 2.0 (<http://plantpan2.itps.ncku.edu.tw/promoter.php>). Red and blue bars indicate DRE-like and ABRE-like sequences. Gene IDs of cucumber (cv. Chinese long), melon, and watermelon

DHN genes are started with Csa, MELO, and Cla, respectively.

라. 오이 항산화효소 유전자군 분석

- 주요 항산화효소인 superoxide dismutase (SOD), ascorbate peroxidase (APX), catalase(CAT)는 식물의 세포 내부의 활성산소를 제거하는 매우 중요한 효소들이며, 또한 이들 항산화 효소는 환경 스트레스 상황 하에서 하나의 반응 경로를 구성하여 식물의 저항성과 반응에 대단히 중요한 기능을 하고 있음이 많은 연구에서 보고되고 있다(Fig. III-4-1).
- 따라서 스트레스에 강한 저항성 식물을 육종하기 위해 다양한 식물의 항산화 작용과 연관된 많은 연구들이 진행되고 있다. SOD는 항산화와 관련된 연쇄 작용에 첫 번째로 작용하는 효소로서, 외부 환경 스트레스에 의해 급증하게 되는 활성산소가 식물세포에 피해를 주는 것을 막기 위해 활성산소를 H_2O_2 로 바꿔주는 역할을 한다. 이 때, SOD가 사용하는 금속에 따라 Cu/ZnSOD, MnSOD 혹은 Fe/MnSOD 등의 SOD로 분류되게 된다. H_2O_2 로 변환된 활성 산소는 이 후, peroxidase와 CAT의 작용에 의해 식물 세포에 피해를 주지 않는 산소와 물로 변환되게 된다.
- APX는 이러한 heme 구조를 포함하고 있는 peroxidase의 일종으로, class1에 해당하는 peroxidase이다. APX는 ascorbate의 산화를 통해 H_2O_2 를 H_2O 로 환원시킨다. 이 외에도 peroxidase family에는 class2와 class3 peroxidase가 있으며, 이들은 매우 종류가 많고 항산화작용에서 중요한 유전자 family이다. CAT는 거의 모든 생물에 존재하는 항산화 관련 효소로서, H_2O_2 를 물과 산소로 바꾸는 역할을 한다. 이러한 일련의 기작은 식물의 광합성 도중 발생하는 활성산소나 외부 스트레스에 의해 급격히 증가하게 되는 활성산소의 비율을 적정 수준으로 유지하기 위해 필수적이기 때문에, 많은 식물에서 주요하게 연구되고 있다.
- 박과식물에서도 항산화 효소의 기능과 환경 스트레스 반응과의 관계는 다양한 연구를 통해 밝혀져 있으나, 항산화 효소를 암호화하는 유전자군에 대한 연구는 충분히 이루어져 있지 않은 상황이다. 본 연구에서는 genome-wide search를 통해 오이를 포함한 5종의 박과 (Cucurbitaceae) 작물에서 SOD, APX, CAT 유전자군을 발굴하고, 오이에서의 발현을 분석하였다.
- InterProScan 프로그램을 이용하여 오이, 야생오이, 멜론, 수박, bitter gourd의 genome 서열로부터 SOD, APX, CAT 각각의 conserved domain을 가지고 있는 유전자를 조사하였다. 그 결과, 박과식물 5종의 8개 유전체 서열에서 총 74개의 SOD 유전자, 64개의 APX 유전자, 30개의 CAT 유전자를 발굴하였다(Table III-4-1).
- 오이에서는 품종에 따라 각각 cv. Chinese long 품종과 Gy14 품종에서 8, 7, 4개의 SOD, APX, CAT 유전자가 발견됐고, Borszczagowski 품종에서는 7, 6, 4개의 SOD, APX, CAT 유전자가 발견됐다.
- 각각의 SOD, APX, CAT 유전자를 애기장대 유전자들과 함께 phylogenetic tree로 작성하였고, 이를 통해 아미노산 서열 상 유사성이 큰 유전자들을 확인 할 수 있었다(Fig. III-4-2).
- SOD 유전자에서는 6개의 애기장대 SOD 유전자와 상동으로 추측되는 유전자군을 발견 할 수 있었으며, MnSOD, Fe/MnSOD가 서로 서열 유사성이 큰 것으로 나왔으며,

Cu/ZnSOD 유전자군간의 서열 유사성이 큰 것으로 나타났다.

- 단 두 개의 유전자군은 박과에서는 서로 유사성을 보이는 SOD 유전자들이 결집해 있지만, 애기장대에서는 비슷한 SOD 유전자가 없는 경우도 발견됐다. 이러한 SOD 유전자는 박과식물에는 전체적으로 분포해 있는 것으로 보아, 식물 진화과정에서 박과가 분화 되는 과정에서 획득하게 된 유전자로 추측된다. 또한 FeSOD와 MnSOD가 애기장대에서는 두 개씩 존재하는데 비해, 박과 식물에서는 하나의 상동유전자만 존재하는 것을 확인 할 수 있었다.
- MnSOD에 해당하는 상동 유전자의 서열을 모아서 분석 해 본 결과, 해당 서열이 매우 잘 보존 돼 있는 것을 확인 할 수 있었으며, 특히 MnSOD가 작용하기 위해 금속 이온이 결합 하는 부위에 해당하는 아미노산 서열지역이 멜론을 제외한 다른 박과식물에도 모두 남아있는 것을 추가적으로 확인 해 볼 수 있었다(Fig. III-4-4).
- APX의 경우, phylogenetic tree 를 작성해본 결과, APX1, APX2, APX3, APX5, APX4, APX6에 해당하는 박과식물의 APX 상동 유전자들을 grouping 할 수 있었다. 단 APX3 유전자의 경우, 오이를 포함한 일부 박과식물에서는 발견되지 않았으며, 애기장대의 APX중, APX3 혹은 APX5와 유사하지만 정확히 grouping 되지 않는 박과의 APX 유전자를 확인 할 수 있었다.
- APX 유전자의 서열을 기반으로 해당 유전자가 어디서 작용하는지를 확인 해 볼 수 있었으며, 특히 박과의 APX 유전자 중 세포소기관에서 작용하는 APX 유전자의 경우 해당 기능을 위해 필요로 하는 아미노산 서열지역이 잘 보존 돼 있는 것을 확인 할 수 있었다.
- APX 유전자 중, APX1과 TAPX에 해당하는 유전자들의 아미노산 서열을 분석해 보았다. APX1은 대표적인 세포질에서 작용하는 APX 효소를 coding 하는 유전자이며, TAPX는 엽록체의 틸라코이드에서 작용하는 APX 효소를 coding 하는 유전자이다.
- 박과의 APX1 유전자와 TAPX 유전자는 애기장대의 APX1, TAPX 서열을 이용하여 발굴하였다. 각각의 아미노산 서열을 비교해 본 결과, 박과의 APX1 서열에 엽록체 APX 서열에는 존재하지 않고, 세포질 APX 서열에만 존재하는 잘 보존된 아미노산 서열 지역들이 존재하는 것을 확인 할 수 있었다(Fig. III-4-6). 반대로 박과의 TAPX 서열을 분석한 결과, 마찬가지로 세포질 APX 서열에는 존재하지 않고, 엽록체 APX 서열에만 존재하는 특이적인 보존된 아미노산 서열 지역들이 박과 식물의 TAPX 유전자에 존재하는 것을 확인 할 수 있었다 (Fig. III-4-5).
- CAT의 경우, 애기장대에는 세 개의 CAT 유전자가 포함 돼 있었던 것에 비해, 박과 식물중 오이를 포함한 일부 식물은 네 개의 CAT 유전자를 가지고 있는 것이 확인 됐다. Phylogenetic tree 작성을 통해 해당 유전자들을 분석 해 본 결과, 박과식물만이 가지고 있는 CAT 유전자들이 서로 하나의 group으로 묶이며, 애기장대와 공유하는 상동 CAT 유전자들과 구분 되는 것을 확인 할 수 있었다.
- 애기장대 CAT1,2,3 유전자에 해당하는 박과식물의 상동 유전자의 아미노산 서열을 분석 한 결과, CAT 효소의 촉매 작용에 필요한 아미노산 서열인 His, Asn, Tyr 서열이 잘 보존 돼 있는 것을 확인 할 수 있었다. 또한 CAT의 내부에 존재하는 active 지역과

heme-ligand signature 지역, C-terminal 지역에 존재하는 peroxisome 으로 대상을 들여보내는데 필요한 서열들을 확인 할 수 있었다(Fig. III-4-7).

- 박과 식물 중 오이에서의 항산화효소 유전자의 발현량을 분석하기위해 geneBank에 등록된 오이 전사체 정보를 이용하여 발현을 분석하였으며, 그 결과, SOD 유전자는 대체로 잎과 덩굴 조직에서 발현률이 높은 것을 확인 할 수 있었다 (Fig. III-4-3). 이는 식물의 잎과 덩굴이 외부의 자극에 가장 빈번하게 노출되는 조직이기 때문으로 추측됐다. APX 유전자의 경우 조직에 따른 특이적 발현 경향이 분명하게 나뉘지는 않았지만, APX 종류에 따라 덩굴 조직에서 발현이 많이 되는 경우와, 꽃에서 발현이 많이 되는 유전자, 줄기와 잎에서 발현률이 높게 나타나는 유전자가 발견됐다.
- CAT 유전자의 경우 대체적으로 꽃 조직에서 발현률이 높은 것을 확인 할 수 있었다. 해당 자료는, 추후 추가적인 연구를 통해 환경 스트레스 상황에서의 조직별 발현 빈도를 비교하기 위한 기초 자료로 활용 될 수 있을 것으로 생각된다.

Table III-4-1. APX, SOD and CAT genes identified in this study

Plant name	Cultivar/ accession/ line	SOD	APX	CAT
Cucumber	Chinese long	8	7	4
	Gy14	8	7	4
	Borszczagowski	7	6	4
Wild cucumber	PI183967	8	7	3
Melon	DHL92	8	6	4
Watermelon	97103	8	7	4
	Charleston Gray	10	9	3
Bitter gourd	OHB3-1	9	7	2
Arabidopsis		8	8	3

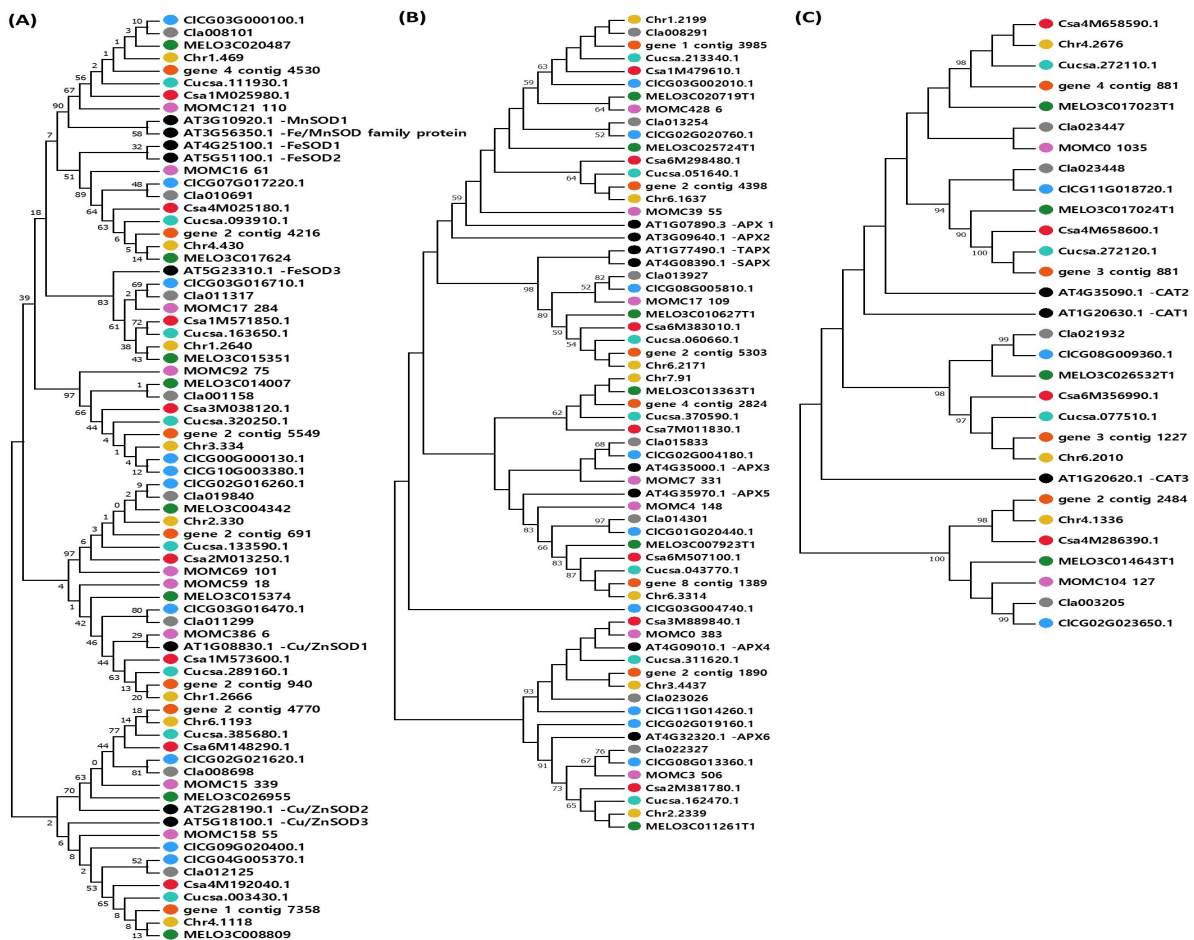


Fig. III-4-2. Phylogenetic analysis of APX, SOD, and CAT genes in five Cucurbitaceae species. APX, SOD, and CAT genes were identified in cucumber cultivars, wild cucumber, melon, watermelon cultivars and bitter gourd through genome-wide searches based on conserved domain information. Trees were drawn based on similarities among deduced protein sequences using MEGA7.0. (A) ML tree of 66 SOD genes with 8 Arabidopsis SOD genes. (B) ML tree of 56 APX genes with 8 Arabidopsis APX genes. (C) ML tree of 27 CAT genes with 3 Arabidopsis CAT genes.

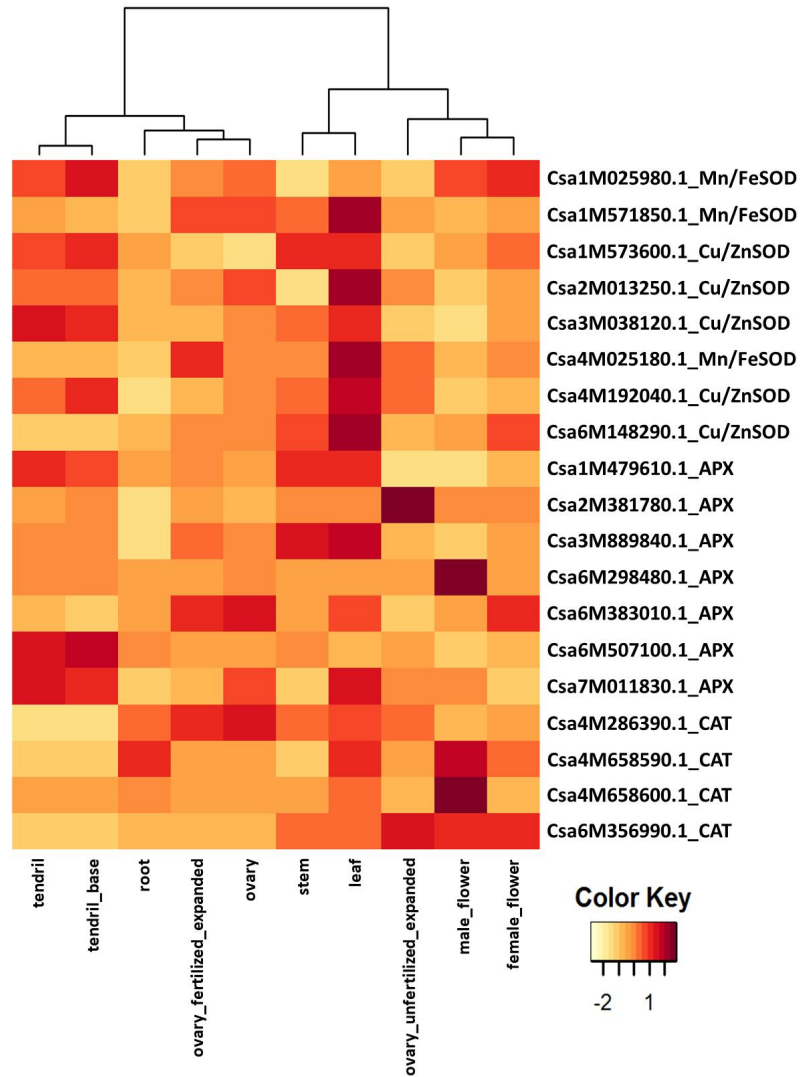


Fig. III-4-3. *In silico* expression profiling of SOD, APX, CAT genes in cucumber cv. Chinese long. The expression levels of 8 SOD genes, 7 APX genes, and 4 CAT genes of cucumber were analyzed using RNA-Seq data from GenBank SRA database. RSEM program was used to calculate Fragment Per Kilobase of transcript per Million mapped reads (FPKM) values and heatmap was drawn using heatmap.2 function provided by the R-package gplots.

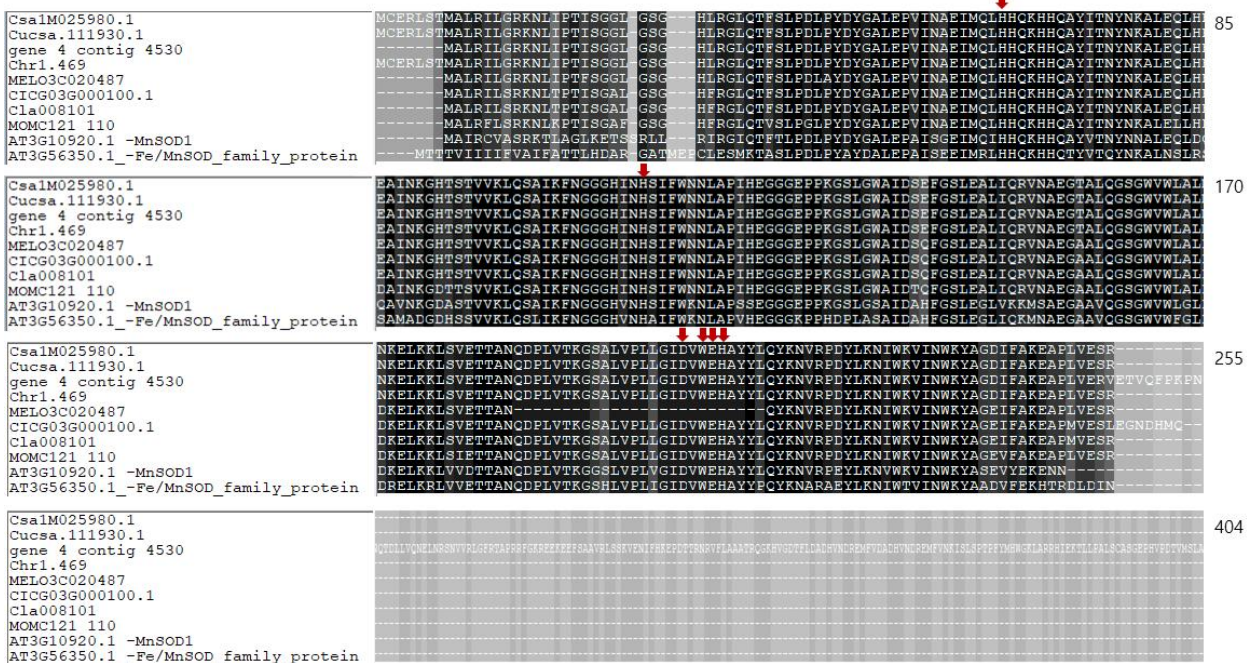


Fig. III-4-4. Multiple alignment of the deduced protein sequences of *MnSOD* genes. The conserved residues involved in metal binding were marked with red arrow. Shaded boxes indicate conserved residues among compared protein sequences. The alignment was made using MUSCLE in MEGA 7 program. Gene IDs of protein sequences used for multiple alignment are Csa1M025980.1 (cv.Chineselong), Cucsa.111930.1 (cv.Gy14), gene_4#contig4530 (cv.Borszczagowski), Chr1.469 (wild cucumber), MELO3C020487 (melon), Cla008101 (cv.97103), CIG03G000100.1 (cv.CharlestonGray), MOMC121_110 (bittergourd), AT3G10920.1 (arabidopsis), AT3G56350.1 (arabidopsis).

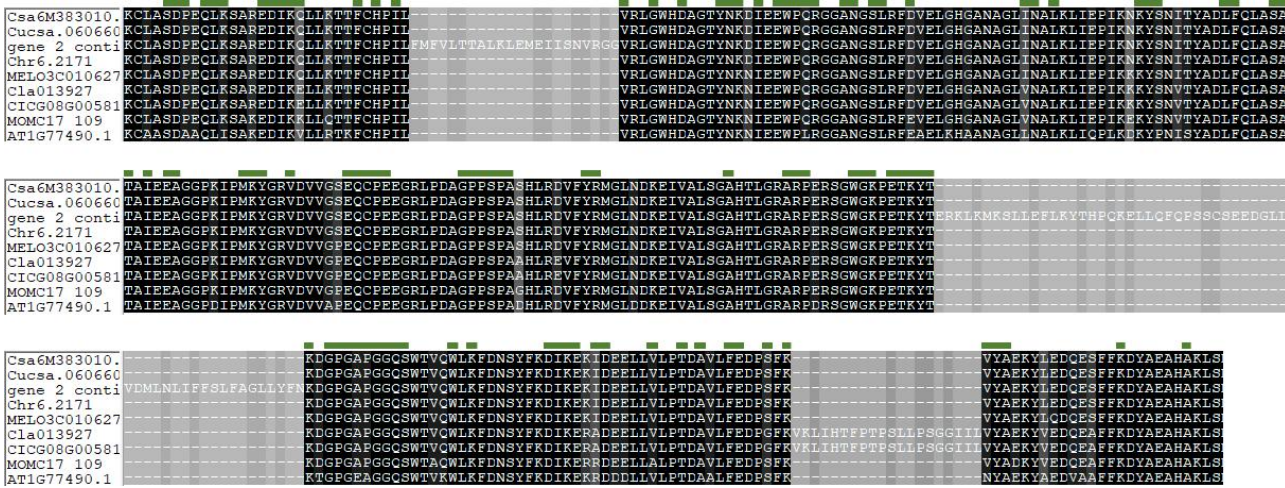


Fig. III-4-5. Multiple alignment of the conserved protein sequences of *TAPX* genes. The green bar means residues conserved in the chloroplastic but not in the cytosolic isoforms. Shaded boxes indicate conserved residues among compared protein sequences. The alignment was made using MUSCLE in MEGA 7 program. Gene IDs of protein sequences used for multiple alignment are Csa6M383010.1 (cv.Chineselong), Cucsa.060660.1 (cv.Gy14), gene_2#contig5303 (cv.Borszczagowski), Chr6.2171 (wild cucumber), MELO3C010627T1 (melon), Cla013927 (cv.97103), CIG08G005810.1 (cv.CharlestonGray), MOMC17_109 (bittergourd), AT1G77490.1 (arabidopsis).

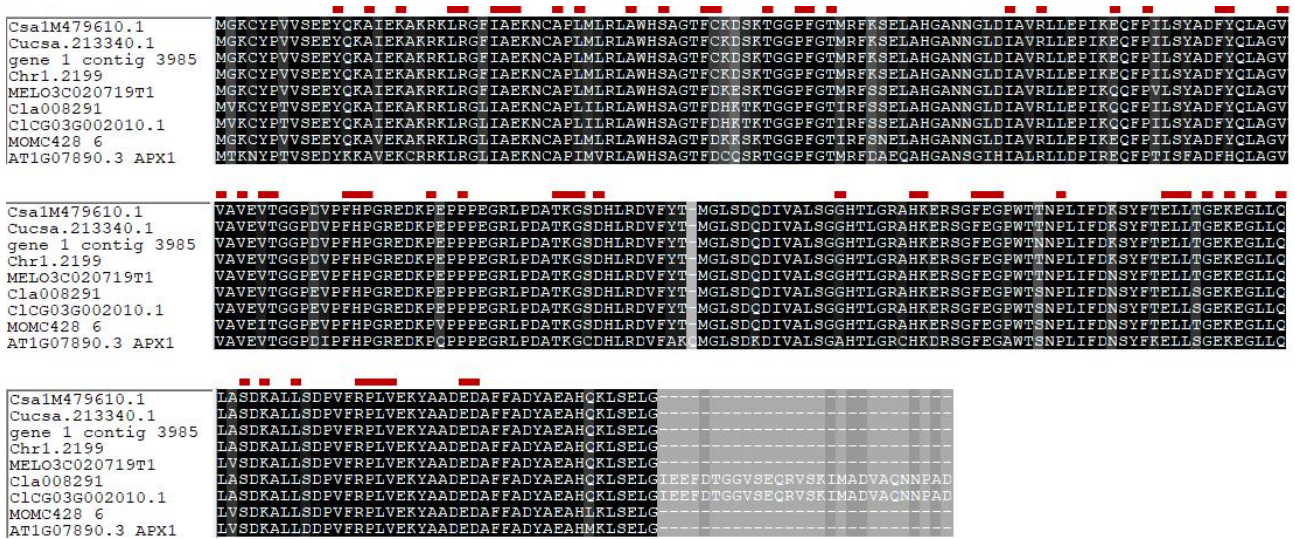


Fig. III-4-6. Multiple alignment of the conserved protein sequences of *APX1* genes. The red bar means residues conserved in the cytosolic but not in the chloroplastic isoforms. Shaded boxes indicate conserved residues among compared protein sequences. The alignment was made using MUSCLE in MEGA 7 program. Gene IDs of protein sequences used for multiple alignment are Csa1M479610.1 (cv.Chineselong), Cucsa.213340.1 (cv.Gy14), gene_1#contig3985 (cv.Borszczagowski), Chr1.2199 (wild cucumber), MELO3C020719T1 (melon), Cla008291 (cv.97103), C1CG03G002010.1 (cv.CharlestonGray), MOMC428_6 (bittergourd), AT1G07890.3 (arabidopsis).

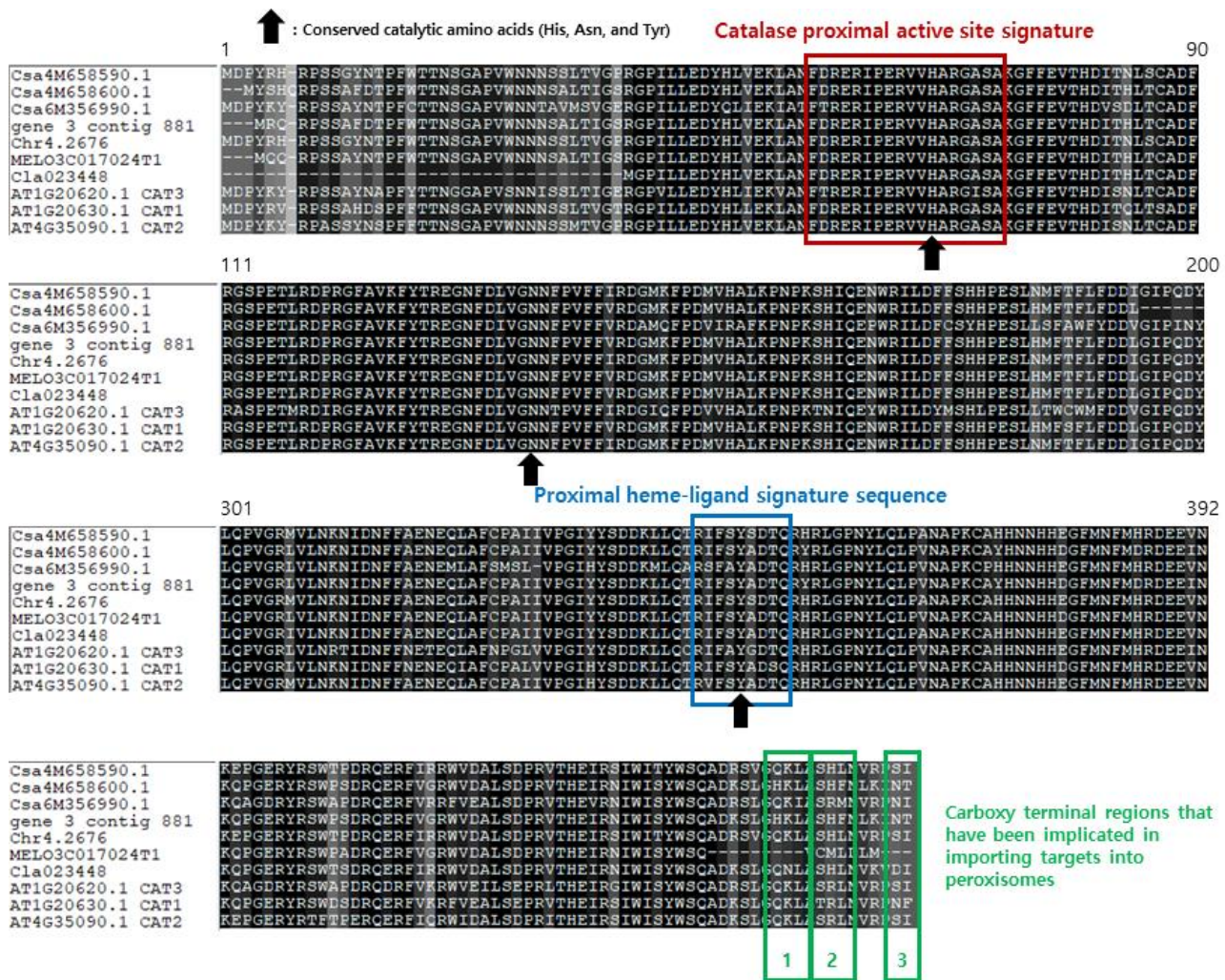


Fig. III-4-7. Multiple alignment of the conserved protein sequences of CAT genes. The black arrow means conserved catalytic amino acids (His, Asn, and Tyr). Red box means catalase proximal active site signature. Blue box means proximal heme-ligand signature sequences. Green boxes mean carboxy terminal regions that have been implicated in importing targets into peroxisomes. Shaded boxes indicate conserved residues among compared protein sequences. The alignment was made using MUSCLE in MEGA 7 program. Gene IDs of protein sequences used for multiple alignment are Csa4M658590.1, Csa4M658600.1, Csa6M356990.1 (cv.Chineselong), gene_3#contig881 (cv.Borszczagowski), Chr4.2676 (wild cucumber), MELO3C017024T1 (melon), Cla023448 (cv.97103), AT1G20620.1, AT1G20630.1, AT4G35090.1 (arabidopsis).

2-11. 내저온성 품종 육종을 위한 대량 분석 마커세트 개발

가. 개발된 마커의 내냉성 및 감수성 개체 적용

- 개발된 마커로 판단한 genotype과 실제 식물 개체의 내냉성 정도를 비교하기 위해, 먼저 60개 식물 개체를 저온 처리 후, 회복되는 정도에 따라 회복력이 높을수록 높은 점수로 1~5점의 내냉성 점수를 부여하였다(Fig. IV-1-1).
- 해당 연구에서 발굴된 내냉성 연관 후보 유전자군에 존재하는 변이지역을 기반으로 생성된 마커 14개 중, CDS에 실질적인 아미노산 서열 변이를 일으키는 non-synonymous 한 변이지역을 분석 할 수 있는 마커 총 10개를 선별하여 60개 개체에 적용하여 genotyping을 진행하였다(Fig. IV-1-2, Fig. IV-1-3, Fig. IV-1-4, Fig. IV-1-5, Fig. IV-1-6, Fig. IV-1-7, Fig. IV-1-8, Fig. IV-1-9, Fig. IV-1-10, Fig. IV-1-11).
- Cs5G-GRX-Mbo I, Cs3G-HSP-Rsa I 두 개의 마커에서는 각각 하나씩 PCR 과정에서 증폭 되지 않은 sample이 존재하는데, 기존 마커 설계와 같은 조건보다 PCR의 cycle 수를 늘려 줄 경우, 정상적으로 마커가 작동 할 것으로 추측된다.
- 마커의 분석 결과에서 대부분의 마커에서 같은 염색체에 존재하는 마커들은 같은 genotype이 나타나는 것을 확인 할 수 있었다. 다만 APX 유전자 변이지역 기반 마커에서는 같은 염색체에 있는 FAD 유전자와 POD 유전자 기반 마커와 전혀 다른 genotype이 나타나는 것을 확인 할 수 있었다.
- 전체적인 마커에서의 genotype의 분포비율은 평균적으로 chilling-susceptible type이 10.4개, hetero type이 38.7개, chilling-tolerant type이 10.7개로 나타났다(Table IV-1-1). 비율로는 1:4:1 비율로 나타나는 것으로 확인 되었으며, 마커에 따라 해당 비율에 약간의 변화는 있지만 그 변화의 폭이 크지 않았다.
- 모든 마커에서 hetero genotype이 나타난 샘플들이 19개 존재했으며, 감수성 샘플부터 내냉성 샘플까지 다양하게 존재하는 것을 확인 할 수 있었다 (Table IV-1-2). 또한 내냉성 점수가 2점인 매우 감수성에 가까운 샘플에서도 10개 마커 중 9개 마커에서 내냉성 genotype이 나타나는 경우를 확인 할 수 있었으며(20번 샘플), 반대로 내냉성 점수가 4점인 매우 내냉성에 가까운 샘플 중에도 전체 10개 마커 중 10개의 마커가 모두 감수성 genotype을 가지는 경우도 확인 할 수 있었다(40번 샘플).
- 이러한 결과를 고려했을 때 내냉성이 강한 sample을 확실하게 구분할 수 있는 critical한 유전자 마커가 선별되지는 않았으며, 이는 내냉성이 여러개의 유전자가 다양하게 관여하는 QTL에 의해 나타나는 양적 형질이기 때문으로 추측된다. 다만 감수성 샘플(1~24번 샘플) 중에서 내냉성 genotype을 가지는 마커가 6개 이상인 경우는 단 하나밖에 없지만 내냉성 샘플(37~60번 샘플) 중에는 6개가 존재하는 등, 마커 결과가 내냉성 점수와 완전히 연관이 없다고는 볼 수 없다.
- 결론적으로, 해당 마커 분석 결과를 전체적으로 분석 해 보았을 때, 감수성 genotype을 보이는 마커가 몇 개나 있는지 보다는 내냉성 genotype을 보이는 마커가 몇 개나 포함 돼 있는지가 해당 샘플의 내냉성 점수와 더 큰 연관이 있는 것으로 추측된다.
- 또한 해당 10개의 분자마커만으로 샘플의 내냉성 점수를 정확히 예측해 내는 것에는 무리가

있지만, 10개 마커의 결과를 종합적으로 분석 할 경우 비교적 내냉성 점수가 높은 확률이 높은 개체를 선별해 낼 수 있을 것으로 추측된다. 따라서 내냉성 오이 품종 육종에는 해당 마커를 전체적으로 적용하여볼 필요가 있을 것으로 보인다.

- 본 연구에서 개발된 10개의 분자표지를 포함하는 마커세트는 모두 내냉성과 관련된 유전자의 CDS지역에 발생한 아미노산 서열에 변이를 주는 SNP를 기반으로 설계됐다. SNP 변이 기반의 마커는 KASP 혹은 chip 등의 대량 분석 기술에 바로 적용할 수 있기 때문에, 해당 마커 세트는 대량 분석 기술 개발을 위한 후보로서 유용하게 사용 될 수 있을 것으로 보인다.



Fig. IV-1-1. Score of chilling-tolerance. White number means sample's chilling-tolerance score. The chilling tolerance score is determined by the degree to which the sample is recovered after chilling treatment.

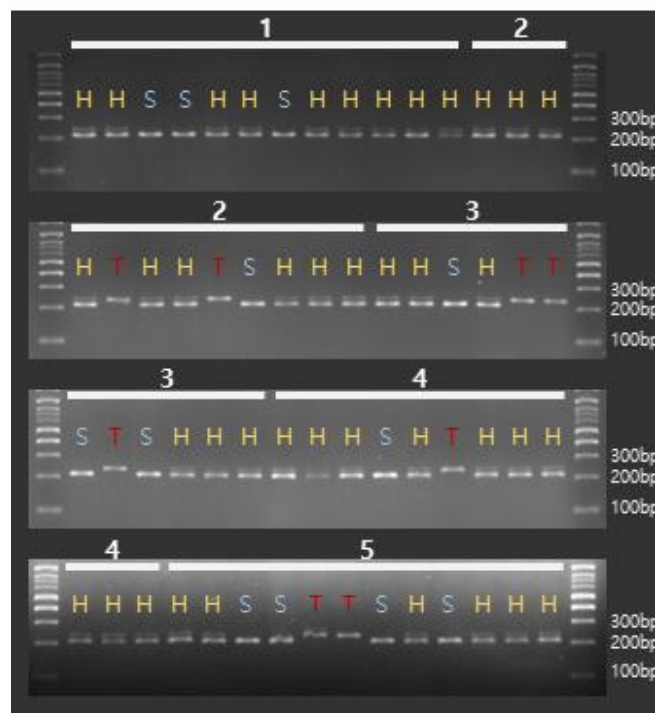


Fig. IV-1-2. Application of Cs7G-POD-Rsa I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

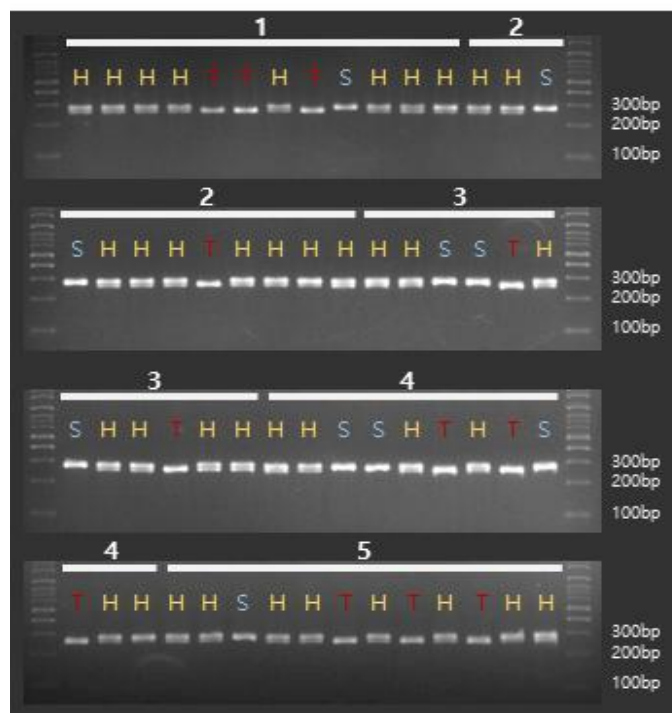


Fig. IV-1-3. Application of Cs3G-AP2-Msp I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

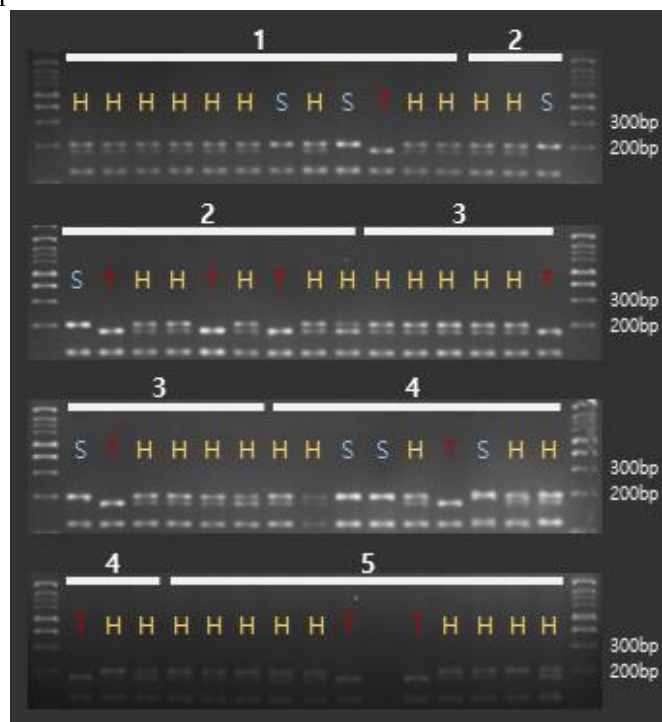


Fig. IV-1-4. Application of Cs5G-GRX-Mbo I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

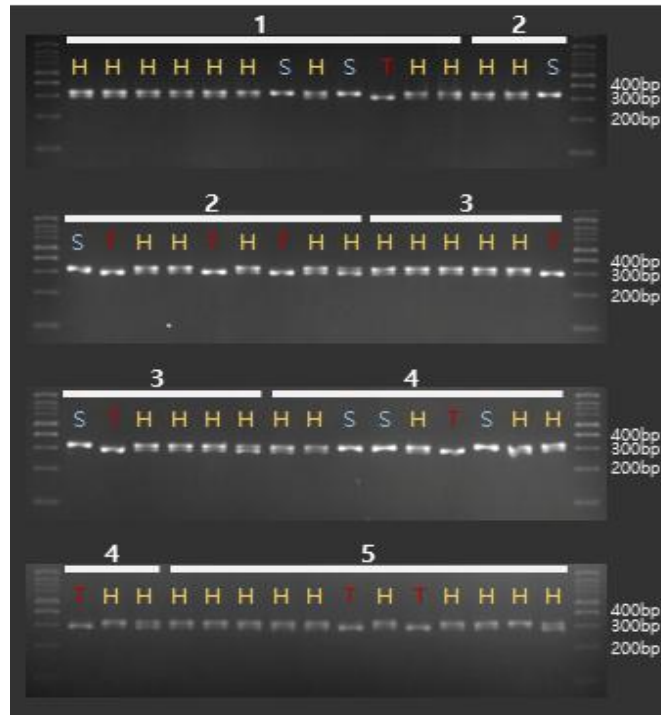


Fig. IV-1-5. Application of Cs5G-GRX-PstI marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

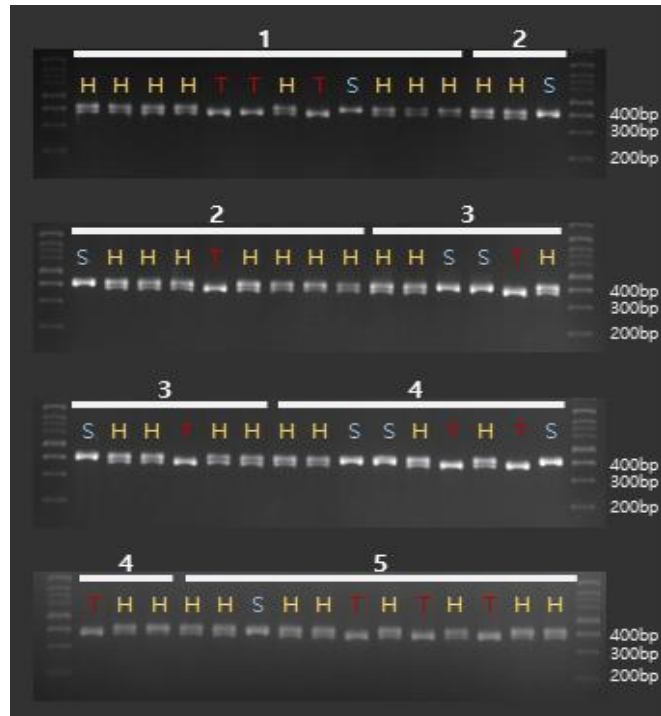


Fig. IV-1-6. Application of Cs3G-HSP-Alu I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

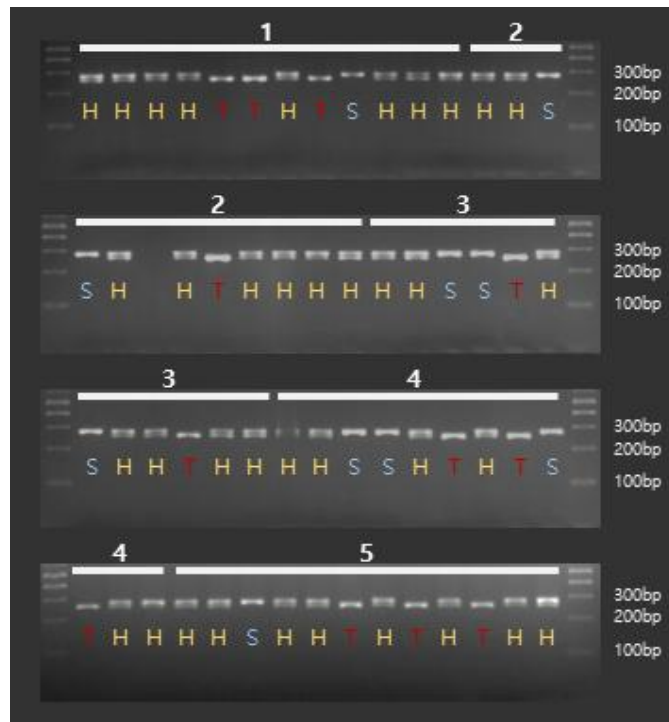


Fig. IV-1-7. Application of Cs3G-HSP-RsaI marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

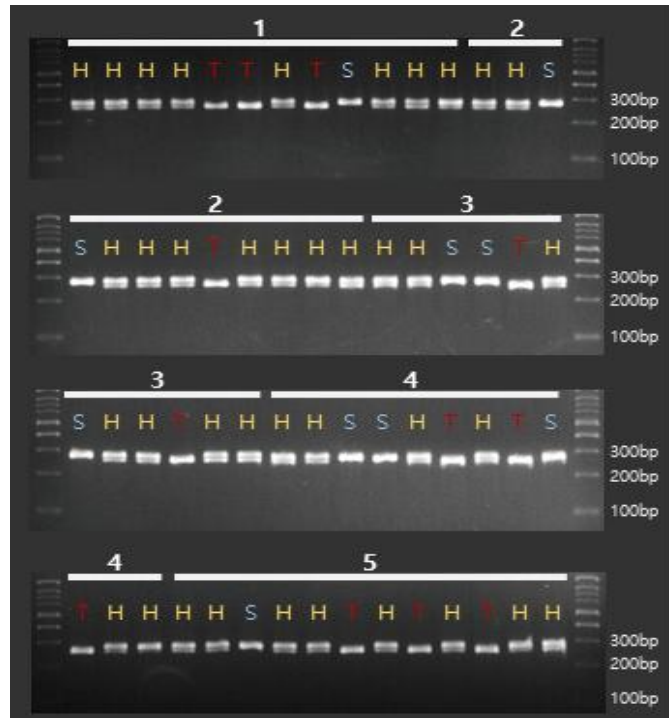


Fig. IV-1-8. Application of Cs7G-APX-EcoR I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

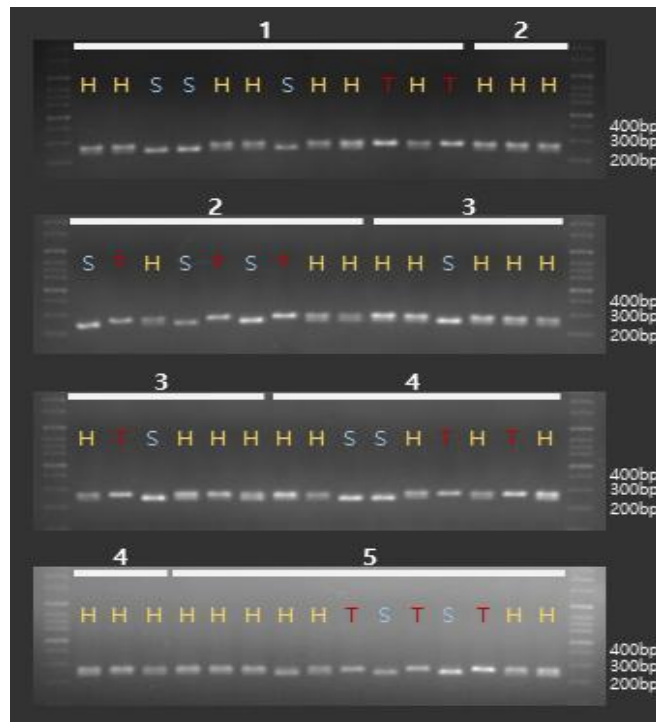


Fig. IV-1-9. Application of Cs4G-CuZnSOD-Dra I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

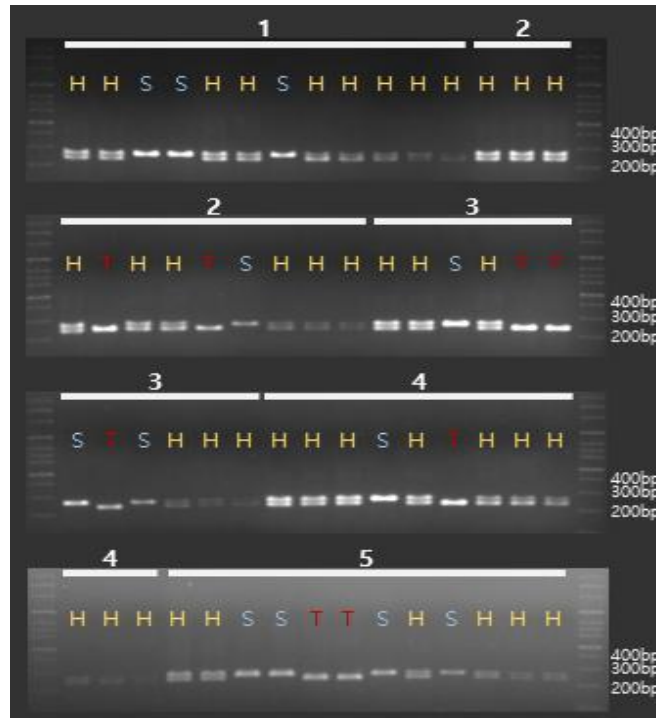


Fig. IV-1-10. Application of Cs7G-FAD-Hha I marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

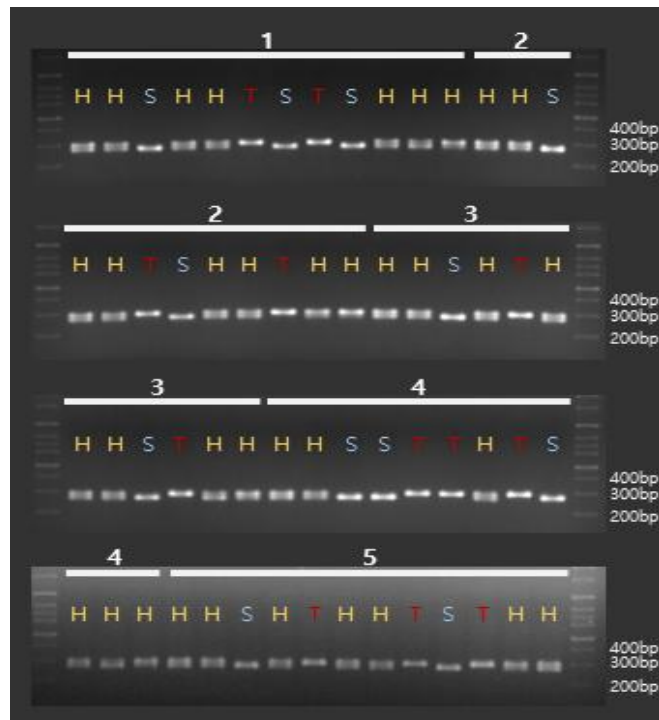


Fig. IV-1-11. Application of Cs6G-GRX-SaI marker to 60 cucumber samples. Numbers on the white bar means their chilling-tolerant level (5- highest, 1-lowest). Their genotype is marked with S, H, T alphabet. S means chilling-susceptible genotype. H means hetero genotype. T means chilling-tolerant genotype.

Table IV-1-1. Distribution of genotype of 10 molecular markers designed in this research.

	Chilling-susceptible genotype	Hetero-genotype	Chilling-tolerant genotype
Cs7G-POD-Rsa I	12	40	8
Cs3G-AP2-Msp I	10	38	12
Cs5G-GRX-Mbo I	8	41	10
Cs5G-GRX-Pst I	8	42	10
Cs3G-HSP-Alu I	10	38	12
Cs3G-HSP-Rsa I	10	37	12
Cs7G-APX-EcoR I	10	38	12
Cs4G-CuZnSOD-Dra I	12	37	11
Cs7G-FAD-Hha I	12	40	8
Cs6G-GRX-Sal I	12	36	12

Table IV-1-2. Genotype and statistic analysis of marker application results.

Sample	Cs7G	Cs3G	Cs5G	Cs5G	Cs3G	Cs3G	Cs7G	Cs4G	Cs7G	Cs6G	Count S	Count H	Count T
	-PO D-Rs a I	-AP2 -Msp I	-GRX -Mbo I	-GRX -Pst I	-HSP -Alu I	-HSP -Rsa I	-APX -Eco R I	-CuZ nSO D-Dr a I	-FAD -Hha I	-GRX -Sal I			
1	1	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	2	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	3	S	H	H	H	H	H	H	S	S	4	6	0
	4	S	H	H	H	H	H	H	S	S	3	7	0
	5	H	T	H	H	T	T	T	H	H	0	6	4
	6	H	T	H	H	T	T	T	H	H	0	5	5
	7	S	H	S	S	H	H	H	S	S	6	4	0
	8	H	T	H	H	T	T	T	H	H	0	5	5
	9	H	S	S	S	S	S	S	H	H	7	3	0
	10	H	H	T	T	H	H	H	T	H	0	7	3
	11	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	12	H	H	H	H	H	H	H	T	H	0	9	1
2	13	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	14	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	15	H	S	S	S	S	S	S	H	H	7	3	0
	16	H	S	S	S	S	S	S	S	H	7	3	0
	17	T	H	T	T	H	H	H	T	T	0	5	5
	18	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	9	1
	19	H	H	H	H	H	H	H	S	H	2	8	0
	20	T	T	T	T	T	T	T	T	T	0	1	9
	21	S	H	H	H	H	H	H	S	S	3	7	0
	22	H	H	T	T	H	H	H	T	H	0	6	4

	23	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	24	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
3	25	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	26	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	27	S	S	H	H	S	S	S	S	S	S	8	2	0
	28	H	S	H	H	S	S	S	H	H	H	4	6	0
	29	T	T	H	H	T	T	T	H	T	T	0	3	7
	30	T	H	T	T	H	H	H	H	T	H	0	6	4
	31	S	S	S	S	S	S	S	H	S	H	8	2	0
	32	T	H	T	T	H	H	H	T	T	H	0	5	5
	33	S	H	H	H	H	H	H	S	S	S	4	6	0
	34	H	T	H	H	T	T	T	H	H	T	0	5	5
	35	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
4	36	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	37	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	38	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	39	H	S	S	S	S	S	S	S	H	S	8	2	0
	40	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	10	0	0
	41	H	H	H	H	H	H	H	H	H	T	0	9	1
	42	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	0	0	10
	43	H	H	S	S	H	H	H	H	H	H	2	8	0
	44	H	T	H	H	T	T	T	T	H	T	0	4	6
	45	H	S	H	H	S	S	S	H	H	S	5	5	0
	46	H	T	T	T	T	T	T	H	H	H	0	4	6
5	47	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	48	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	49	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	50	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0
	51	S	S	H	H	S	S	S	H	S	S	7	3	0
	52	S	H	H	H	H	H	H	H	S	H	2	8	0
	53	T	H	H	H	H	H	H	H	T	T	0	7	3
	54	T	T	T	T	T	T	T	T	T	H	0	1	9
	55	S	H		H	H	H	H	S	S	H	3	6	0
	56	H	T	T	T	T	T	T	T	H	T	0	2	8
	57	S	H	H	H	H	H	H	S	S	S	4	6	0
58	H	T	H	H	T	T	T	T	H	T	0	4	6	
59	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0	
60	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0	10	0	

3. 목표 달성도 및 관련 분야 기여도

3-1. 연구목표 달성도

가. 세부과제별 연구목표 및 달성도

□ 제1세부: 기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화 연구(하나종묘)

1) 내저온성 오이 농가시험 및 시교조합 선발

- 안성지역 월동작형에서 백다다기오이 17조합의 농가시험을 통해 6조합 선발
- 중국 산둥성 Qingzhou시 일광온실 작형에서 가시오이 17조합, 취청외 3조합의 현지적응성 시험을 수행하여 가시오이 5조합 선발

2) 내저온성 오이 후보품종 선발

- 중국 산둥성 일광온실에서 춘계 적응성 시험 수행: 백다다기오이 8, 가시오이 6, 취청오이 2조합을 공시하여 백다다기오이 1조합, 가시오이 2조합을 선발하였음.
- 중국 산둥성 비닐하우스에서 추계 적응성 시험 수행: 백다다기오이 3조합, 가시오이 4조합을 공시하여 백다다기오이 1조합과 가시오이 2조합을 선발하여 목표를 달성하였음.
- 적응성 시험결과 다수성 백다다기오이 1품종과 내저온성 가시오이 2품종을 최종 선발하였으며 확대 농가시험을 추진 중에 있음. 또한, 제1협동에서 육성한 신규 가시오이 조합을 대상으로 현지 협력사와 공동으로 적응성 검정을 수행중임.

3) 내저온성 오이 품종 개발

- 중국 협력사에서 선발한 '청수백다다기' 품종의 중국 사천성 지역 확대시교 사업을 수행하고 있음.
- '수미백다다기'의 국내 시교사업을 수행하였으며 시험결과를 바탕으로 진천, 춘천지역의 조숙작형을 중심으로 개발을 추진하였음.
- 신품종과 후보품종의 원종 증식 및 종자 생산력 검정: '수미백다다기', '고은백다다기', '새론청장', 백다다기오이 16조합, 가시오이 19조합, 취청오이 2조합
- 태국농장을 활용하여 시교종자의 순도검정 수행
- 선행연구개발 품종 "청수백다다기"를 판매중이며 2018년 '수미백다다기', '새론청장' 시판개시 예정임

□ 제1협동: 내저온성 오이 계통육성 및 품종 개발(세종대)

1) 내저온성 복합내병성 오이 계통 선발

- 실내 내저온성 검정기술을 개발하였으며 실내검정기술을 활용하여 내저온성 유전분석을 통해 부계유전양식을 구명하였음.
- 내저온성 오이 계통 육성: 214점의 유전자원과 육종계통통의 실내 내저온성검정을 통해 신규 내저온성 자원 5점을 선발하였음.

- 복합형질 계통 육성: 내저온성검정과 포장 병저항성 검정을 통해 내저온성/흰가루병저항성/노균병저항성 백다다기오이 3계통과 가시오이 3계통을 선발하였음.

2) 내저온성 복합내병성 오이 조합 육성

- 선발된 계통을 이용하여 신규조합 작성 및 선발: 백다다기오이 65조합, 가시오이 23조합, 취청오이 14조합의 성능검정을 통해 백다다기오이 12조합, 가시오이 7조합, 취청오이 7조합을 예비선발 하였음.
- 예비선발된 조합과 신규 작성된 백다다기오이 47조합, 가시오이 19조합, 취청오이 11 조합의 성능검정을 통해 백다다기오이 3조합과 가시오이 5조합을 선발하였음.

3) 내저온성 복합내병성 오이 후보품종 육성

- 2016년 추계작형에서 2018년도 추계작형까지 5회의 장내 조합성능검정을 통해 최종적으로 백다다기오이 2조합과 가시오이 4조합을 후보품종으로 선발하였음.
- 오이 신품종 품종보호 출원: '수미백다다기', '고은백다다기', '새론청장'의 품종보호출원을 완료하였고 하나종묘에 기술이전을 실시하여 목표를 달성하였음.

□ 제2협동: 오이 유전체 분석 및 내저온성 연관 분자 표지 개발 (서울대)

1) 오이 내저온성 유전자원의 전장유전체 비교 분석 및 다형성 마커 선발

- 3개 저온 감수성 육종 계통(CFN, MGL, HHG)과 2개 내저온성 육종 계통(YHB, KWS)에서 NGS 기술을 활용하여 전장유전체(핵, 엽록체, 미토콘드리아) 비교분석 및 유전적 변이 탐색: 총 26,579개 변이지역을 확인.
- 엽록체 유전체에서는 저온 저항성 육종라인에서만 발견되는 변이를 찾을 수 없었으며, 미토콘드리아 유전체 상에서 저온 저항성 라인에서만 발견되는 13개의 SNP를 찾을 수 있었음
- 핵 유전체에서는 총 521개의 아미노산 서열 변이를 일으키는 변이지역을 발견할 수 있었음. 이를 토대로 내저온성에 영향을 줄 것으로 보이는 16개 후보 유전자를 발굴하고, 해당 변이지역을 기반으로 14개의 분자표지를 개발 및 검정하여 목표를 달성하였음.

2) 오이 내저온성 연관 핵 및 세포질 유전체 변이 기반 분자표지 개발 및 검증

- CFN, MGL 육종계통과 그 들의 정역교배 일대잡종(F_1)의 소규모 전장유전체 데이터를 이용하여 총 네 개의 완전한 엽록체 서열을 완성하고 그 들 간의 변이지역을 기반으로 분자표지를 설계하고 검정하였음.
- 미토콘드리아 서열 간에 존재하는 총 292개 변이지역을 발굴하였으며 모든 변이지역을 대상으로 F_1 개체에서의 미토콘드리아 genotype을 분석하였음.
- 엽록체와 미토콘드리아 변이지역을 대상으로 총 8개의 분자표지를 설계하여 검정하였음. 이러한 결과를 토대로 오이가 가지고 있는 독특한 세포질 유전체 유전 양상을 genome 수준에서 검증 하는 목표를 달성 할 수 있었음.

나. 연차별 연구목표 및 달성도

구분	세부과제명	세부연구목표	달성도 (%)	연구개발 수행내용
1차년도 (2016)	기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화 연구 (제1세부: 하나종묘)	내저온성 오이 시교조합 선발	100	- 안성지역 월동작형에서 백다다기오이 17 조합의 농가시험 착수 - 중국 산둥성 Qingzhou시 일광온실 작형에서 가시오이 17조합, 취청의 3 조합의 현지적응성 시험 착수 - 제1세부와 연계하여 태국 농장에서 육종 계통의 세대진전 착수
	내저온성 오이 계통육성 및 품종 개발 (제1협동: 세종대)	내저온성 복합내병성 오이 계통 선발	100	- 육종계통의 포장 내저온성 및 내병성 검정: 복합형질(내저온성, 노균병저항성, 흰가루병 저항성) 계통 선발 - 제1세부와 연계하여 가시오이 27조합 장내성능검정, 후보품종 3조합 선발하였고
	오이 유전체 분석 및 내저온성 연관 분자 표지 개발 (제2협동: 서울대)	오이 내저온성 유전자원의 전장유전체 비교 분석 및 다형성 마커 (SSR, SNP, InDel) 선발	100	- 오이 내저온성 유전자원의 전장유전체 비교 분석 및 다형성 마커 (SSR, SNP, InDel) 선발 - NGS 분석으로 내저온성 유전자원 전장 유전체 분석, 변이지역 확인 및 분자마커 선발
2차년도 (2017)	기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화 연구 (제1세부: 하나종묘)	내저온성 오이 후보품종 선발 (3 품종)	100	- 국내 및 중국 산둥성 오이 주산단지 확대 농가시험을 통해 후보품종 선발: 백다다기오이 6조합, 가시오이 5조합 - 농가 보급용 종자 생산 - 육종계통의 세대진전: 백다다기오이 3개 분리집단, 가시오이 2개 분리집단의 노균병저항성 검정 및 선발 - 농가시험 조합 양친 계통의 원종 증식, 생산성 검정: '수미백다다기', '고은백다다기', '새론청장', 백다다기오이 11조합, 가시오이 16조합, 취청오이 2조합의 종자생산력 검정
	내저온성 오이 계통육성 및 품종 개발 (제1협동: 세종대)	신규 내저온성 복합내병성 오이 조합 육성	100	- 유묘를 이용한 내저온성 실내검정기술 확립 - 유전집단(F ₁ , BC ₁ , F ₂)을 대상으로 내저온성 유전연구를 통해 부계유전 양식 구명 (1차) - 오이 214 계통의 실내 내저온성검정을 통해 내저온성 5계통 선발 - 오이 유전자원 및 육종계통의 내저온성 검정 및 선발: 가시오이 1, 취청오이 2, 기타 2 계통 선발

				<ul style="list-style-type: none"> - 내저온성검정과 포장 병저항성 검정을 통해 복합형질 계통 11점 선발 - 신규조합 작성, 조합 성능검정 및 선발: 백다다기오이 65조합, 가시오이 23조합, 취청오이 14조합의 성능검정을 통해 백다다기오이 12조합, 가시오이 7조합, 취청오이 7조합 예비선발 - 오이 신품종 품종보호 출원: '수미백다다기'
	<p>오이 유전체 분석 및 내저온성 연관 분자 표지 개발 (제2협동: 서울대)</p>	<p>오이 내저온성 연관 핵 및 세포질 유전체 변이 기반 분자표지 개발 및 검증</p>	100	<ul style="list-style-type: none"> - 미토콘드리아 전장유전체 완성 및 유전체 비교 분석: 내저온성 오이 계통 특이적 미토콘드리아 SNP 13개 발굴 - 내저온성 계통 미토콘드리아의 SNP기반 InDel dominant marker 설계 및 적용 - 내저온성 오이 계통에서 엽록체 <i>ycf1</i> 유전자의 24bp deletion 발견 - 오이 내저온성 관련 후보 유전자 발굴: 내저온성 연관 유전자 16개(핵 14개, 미토콘드리아 2개) - 내저온성 연관 유전자 기반 14종의 dCAPS 마커 개발: Cu/ZnSOD, APX, FAD, HSP, AP2/EREBP, GRX Peroxidase -
3차년도 (2018)	<p>기후변화 대응 내저온성 오이 품종 상용화 연구 (제1세부: 하나종묘)</p>	<p>내저온성 오이 품종 개발 (3 품종)</p>	100	<ul style="list-style-type: none"> - 중국 산둥성 일광온실에서 춘계 적응성 시험 수행: 백다다기오이 8, 가시오이 6, 취청오이 2조합을 공시하여 백다다기오이 1조합, 가시오이 2조합 선발 - 중국 산둥성 비닐하우스에서 추계 적응성 시험 수행: 백다다기오이 3조합, 가시오이 4조합을 공시하여 백다다기오이 1조합, 가시오이 2조합 선발 - 시험결과를 바탕으로 중국 현지 마케팅 팀과 2019년도 춘계작형 시험설계 - 농가시험 조합 양친 계통의 원종 증식 및 종자생산력 검정: 백다다기오이 5조합, 가시오이 3조합 - 태국농장을 활용하여 시교종자의 순도검정
	<p>내저온성 오이 계통육성 및 품종 개발 (제1협동: 세종대)</p>	<p>신규 내저온성 복합내병성 후보품종 선발</p>	100	<ul style="list-style-type: none"> - 내저온성 계통(KW)과 감수성 계통(CF)을 이용한 유전집단(F_1, F_2, BC_1F_1)을 대상으로 실내 내저온성 검정을 수행하여 부계유전 양식 구명 - 복합형질 계통 육성: 흰가루병/노균병

				<p>복합저항성 계통 2점, 노균병 저항성 계통 29점, 흰가루병 저항성 계통 11점 선발</p> <ul style="list-style-type: none"> - 춘계작형에서 백다다기오이 35, 가시오이 12, 취청오이 11 조합의 성능검정을 통해 백다다기 3, 가시오이 1 조합 선발 - 추계작형에서 백다다기오이 61, 가시오이 27, 취청오이 9 조합의 성능검정을 통해 백다다기 2, 가시오이 4 조합 선발 - 신규 선발조합 원원종 순도검정 및 원종 증식 - 내저온성 분자마커 적용: 분리집단의 내저온성 검정 및 제2협동과 연계하여 분자마커 적용연구 - 오이 신품종 품종보호 출원: '고은백다다기' '새론청장'
	<p>오이 유전체 분석 및 내저온성 연관 분자 표지 개발 (제2협동: 서울대)</p>	<p>내저온성 연관 분자표지 검증 및 실용화</p>	<p>90</p>	<ul style="list-style-type: none"> - SNP 기반 10개의 분자표지를 포함하는 대량 분자마커 세트 개발 및 적용: 내저온성 genotype을 보이는 마커의 수만큼 분리집단에서 내저온성 개체 선발 가능 - 오이 내저온성 관련 후보 유전자 기능 분석: Ap2/EREBP, dehydrin, 항산화효소 유전자군

3-2 관련분야 기여도

가. 실내 내저온성 선발기술을 활용한 체계적인 내저온성 오이 품종 개발

- 본 연구에서 이용한 내저온성 계통은 포장 내저온성 검정을 통해 선발된 계통으로 유묘를 이용한 실내검정에서도 감수성 계통과 비교하여 내저온 반응을 나타내었음. 따라서 본 연구에서 적용한 검정방법을 계통육성 과정에 효과적으로 적용시킬 수 있을 것으로 판단됨.
- 유묘를 이용한 실내검정을 통해 선발의 정확성 향상, 분리집단 규모의 확대를 통해 육종목표의 조기 달성이 가능할 것으로 판단됨.
- 본 과제를 통해 확립될 유묘검정 시스템을 활용할 경우 계절적인 한계점을 극복할 수 있으며 대규모 집단을 대상으로 스크리닝이 가능함. 특히, 내병성검정과 연계가 가능함으로 복합형질계통 육성에 활용할 수 있음.

나. 내저온성 계통을 이용한 복합형질 품종 개발

- 본 연구에서는 내저온성 유전분석에 이용한 계통(KWS) 이외에 214계통의 내저온성을 평가하여 5계통을 선발하였음. 또한 내저온성/흰가루병 저항성/노균병 저항성 복합형질 백다다기오이 3계통과 가시오이 3계통을 육성하였으며 이들 계통은 고품질 복합형질 계통 육성과 품종개발에 기여할 수 있을 것으로 판단됨.
- 최근의 기후변화에 따른 저온기 저온약광 현상은 오이 재배에서 가장 큰 장애요인 중

하나로 작용하고 있어 내저온성 품종 개발이 시급함. 특히, 인접한 중국 산둥성 지역의 일광온실(solar green house) 재배 작형에서는 무가온 재배방식을 채택하고 있어 내저온성 품종에 대한 수요가 매우 높음. 본 과제를 통해 개발된 가시오이 품종의 적응성 시험에서 현지의 대비품종들에 비해 내저온성이 높은 것으로 나타났으며 지속적인 개발을 통해 수출품종 개발에 기여할 수 있을 것으로 판단됨.

다. 오이 미토콘드리아 유전체의 부계 유전 및 내저온성의 부계유전 현상 구명

- 오이를 포함한 *Cucumis* 속 식물에서는 미토콘드리아가 부계유전하는 것으로 보고되고 있으나 전장유전체분석을 통한 증명은 본 연구에서 최초로 이루어졌음. 특히, 내저온성 계통과 감수성 계통의 유전체 비교분석을 통해 내저온성에 연관된 13개의 SNP를 발굴하였음.
- 오이 내저온성의 부계유전 현상은 오이 내저온성 육종 전략 수립에 활용될 수 있을 것으로 판단됨.

라. 내저온성 연관 유전자 연구의 활성화 및 분자마커를 이용한 육종효율 증진

- 본 연구에서는 NGS 분석을 통해 오이의 내저온성 연관 핵내 유전자 14개와 미토콘드리아 유전자 2개를 발굴하였음. 이 들 유전자에는 항산화효소 유전자 Cu/ZnSOD, 항산화 효소 유전자 APX, 지방산 불포화 효소 유전자 FAD, 열충격 단백질 유전자 HSP, AP2/EREBP 유전자, GRX 유전자, Peroxidase 유전자 등이 있었음. 이들 유전자의 변이에 대한 연구를 통해 작물작물의 연관 유전자 연구에 기여할 수 있을 것으로 기대됨.
- 또한 이들 유전자 변이에 기반한 분자마커를 적용한 결과 내저온성과 감수성 계통의 구별이 가능했으므로 내저온성 분자육종에 기여할 수 있을 것으로 보임.

3-3 후속연구의 필요성

가. 핵내 및 세포질 내저온성 유전자의 상호작용 연구

- 내저온성 유전분석 결과 정역교배 F_1 , BC_1 , F_2 세대에서 부계의 영향이 있는 것으로 나타났으나 정확한 분리양상에 대한 추가 연구가 필요함. 특히, BC_1 감수성 \times (감수성 \times 저항성) 조합과 감수성 \times (저항성 \times 감수성) 조합 간에는 내저온성이 유의하게 차이가 없었던 반면 BC_1 저항성 \times (감수성 \times 저항성) 조합과 저항성 \times (저항성 \times 감수성) 간에는 유한 차이가 있어 핵과 세포질의 유전자 상호작용이 중요하게 작용하는 것으로 판단되었음.
- 유전분석과 내저온성 유전자에 대한 연구를 병행한 내저온성 유전자와 유전양식에 대한 추가적인 연구가 필요함.

나. 고품질 복합내병성 품종 개발

- 일부 흰가루병 저항성 계통은 저온 조건에서 엽괴사(necrosis)와 황백화 현상이 발생하여 문제가 되고 있어 이에 대한 개선이 필요함. 병저항성과 엽괴사에 연관된 유전자가 매우 가깝게 연관되어 있는 것으로 판단되어 분리집단을 대상으로 한 강선발이 필요한 것으로 보임.

다. 내저온성 품종 개발을 위한 대량 분자마커 세트의 개발

- 본 연구에서는 CDS에 실질적인 아미노산 서열변이를 일으키는 non-synonymous 한 변이지역을 분석할 수 있는 10개의 마커세트를 내저온성 분리집단에 적용하였으나 감수성 개체를 판별할 수 없었고 내저온성 개체 선발에는 적용할 수 있는 것으로 나타났다. 이는 개별적인 마커들이 효과적으로 적용되었던 것과 대조적인 결과로 대량 분자마커 세트 개발을 위한 추가연구가 필요한 것으로 보임.
- 또한 이들 SNP 기반의 마커들을 이용한 KASP나 chip등의 대량분석 기술 개발이 필요함.

4. 연구결과의 활용 계획

가. 실용화·산업화 계획

- 본 연구과제를 통하여 개발된 오이 품종(수미백다다기, 고은백다다기, 새론청장)을 대상으로 국내 저온기 작형 및 중국 산둥성 지역에서 시교사업과 보급을 확대하여 시장에 정착할 수 있도록 함.
- 중국 농가에 확대시험에 진입한 가시오이 후보품종(812, 813)의 시험결과를 바탕으로 품종의 장단점을 파악하고 현지 마케팅팀과 협의하여 목표시장을 설정하고 진입할 수 있도록 함.
- 육성된 신품종에 대한 국내 및 해외 채종기반을 확보하고 마케팅 및 판매망을 보유한 회사와 협력하여 품종을 개발함.

나. 교육·지도·홍보 등 기술확산 계획

- 작목반 및 육묘장과 연계하여 품종을 개발하고, 재배농가를 대상으로 품종특성에 따른 재배기술을 지도하여 품종이 확산될 수 있도록 함.
- 신품종(수미백다다기, 고은백다다기, 새론청장)은 흰가루병에 중도저항성으로 내저온성이 비교적 우수한 품종으로 이를 차별화 형질로 부각하여 품종보급에 활용함.
- 향후 지속적인 다수확 내병성 신품종을 개발하고 그 실적을 언론기관(신문사 등)에 배포하여 성과를 홍보하고자 함.

다. 특허, 품종, 논문 등 지식재산권 확보계획 등

- 본 과제를 통하여 품종보호출원 3건이 이루어져 품종개발 목표를 달성하였으며, 연구과제를 통해 육성된 후보품종을 대상으로 농가시험을 실시하여 품종을 선발하고 품종보호출원을 수행할 예정임.

라. 추가연구, 타연구에 활용 계획 등

- 노균병/흰가루병 복합저항성 오이 계통을 활용하여 성능이 개선된 국내 및 수출용 품종개발에 지속적으로 활용하고자 함.
- 세포질 유전체 기반 분자표지의 활용
 - 세포질 기반 분자표지를 정확한 부모 개체의 확인에 활용함으로써, 육종 과정에서 발생할 수 있는 계통 분석의 혼란을 해결 할 수 있을 것으로 판단됨.
 - 특히, 본 연구에서 세포질 유전체 분석에 사용한 오이 품종은 국내에서 주로 재배되고 있는 품종이 포함 돼 있으므로, 더욱 국내 및 중국 오이 육종 연구에 활용하기 용이할 것으로 판단됨.
- 분자마커를 활용한 내저온성 오이 품종 개발
 - 오이 육종에 있어서 내저온성은 매우 중요한 목표형질로 본 연구에서는 내저온성 계통과 감수성계통간의 변이분석을 통해 내저온성에 관여할 것으로 예상되는 후보 유전자를 선별하고, 유전자의 CDS에 발생하는 non-synonymous 변이를 기반으로 하는 10 개

의 분자표지로 이루어진 마커 세트를 개발하였음.

- 내저온성은 양적형질로서 본 연구에서 개발한 마커세트로 완벽하게 저온 내성 개체를 선별할 수는 없지만, 60개체에 본 마커 세트를 적용 해 본 결과, 내저온성 개체에서 감수성 개체보다 내저온성 genotype이 많이 나타나는 경향성을 확인 할 수 있었음.
- 따라서, 추후 오이 육종 연구를 진행하는 기업으로의 기술 이전 등을 통해 저온 내성 오이 품종 개발에 본 마커 세트를 활용할 수 있을 것으로 판단됨. 또한, 본 마커 세트는 모두 SNP 변이를 기반으로 설계됐기 때문에 추후 KASP 등의 대량 분석 기술로의 전환이 용이한 후보라는 점에서도 활용 가능성이 클 것으로 판단됨.

○ 오이 MAB 연구에 활용

- 오이의 MAB를 위한 연구는 다양하게 진행되고 있지만 아직까지 오이의 유전체에 대한 기반 연구는 충분히 이뤄지지 않았기 때문에, 다양한 품종을 육종하는데 있어 분자 표지 기술 응용에 어려움이 있음
- 특히 오이의 저온 내성과 관련된 다양한 효소들의 작용 기작과 효과에 대한 연구는 많이 이뤄지고 있지만 유전체 기반의 연구는 충분치 않음. 따라서 본 연구에서는 추후 오이의 저온 내성 육종에 활용 될 수 있는 저온 내성과 관련된 주요한 후보 유전자인 AP2/EREBP, dehydrin, SOD, APX, CAT 유전자군에 대해 기초 연구로서 유전분석을 진행하였음. 본 연구에서 밝혀진 오이 및 박과 식물의 스트레스 저항성 관련 유전자군은 추후 저온 내성을 포함하는 다양한 저항성 오이 품종을 개발하기 위한 육종 연구에 폭넓게 활용 될 수 있을 것으로 기대됨.

<참고문헌>

- Tanurdzic M, Banks JA. 2004. Sex-determining mechanisms in land plants. *Plant Cell* 16: 561-571.
- Pitrat M, Chauvet M, Foury C. (1999). Diversity, history, and production of cultivated cucurbits. *Acta Hort* 492:21-28.
- Acquaah G (2012). Principles of plant genetics and breeding: Breeding cucumber. John Wiley & Sons, Ltd. pp 679-681.
- Rural Development administration (RDA). 2013. Cucumber cultivation-Agricultural technique guide 107. RDA. Korea
- Staehelin LA (2015). Chapter 1. Membrane structure and membranous organelles. In Buchanan BB, Gruissem W, Jones RL, eds. *Biochemistry & Molecular biology of plants*, 2nd edition. The American Society of Plant Biologists. John Wiley & Sons, pp. 2-44.
- Greiner S, Sobanski J, Bock R. (2015). Why are most organelle genomes transmitted maternally? *Bioessays* 37: 80 -94.
- Kuo, L. Y., Tang, T. Y., Li, F. W., Su, H. J., Chiou, W. L., Huang, Y. M., & Wang, C. N. (2018). Organelle Genome Inheritance in *Deparia* Ferns (Athryiaceae, Aspleniineae, Polypodiales). *Frontiers in plant science*, 9, 486.
- Kim JS, Jung JD, Lee JA, Park HW, Oh KH, Jeong WJ, Choi DW, et al. (2006). Complete sequence and organization of the cucumber (*C. sativus* L. cv. Baekmibaekdadagi) chloroplast genome. *Plant Cell Rep* 25:334 - 40.
- Plader W, Yukawa Y, Sugiura M, Malepszy S. (2007). The complete structure of the cucumber (*Cucumis sativus* L.) chloroplast genome: Its composition and comparative analysis. *Cellular & Molecular Biology Letters* 12:584-594.
- Chung SM, Gordon VS, Staub JE. (2007). Sequencing cucumber (*Cucumis sativus* L.) chloroplast genomes identifies differences between chilling-tolerant and -susceptible cucumber lines. *Genome* 50: 215 -225.
- Liu B, Zhang D, Gao LZ. (2016) The complete chloroplast genome sequence of *Cucumis sativus* var. *Hardwickii*, the wild progenitor of cultivated cucumber, *Mitochondrial DNA Part A*, 27:6, 4627-4628, DOI: 10.3109/19401736.2015.1101588.
- Gao, J., Liu, B., & Jiang, H. (2016). The complete chloroplast genome sequence of wild cucumber (*Cucumis sativus* var. *Hardwickii*). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6), 4524-4525.
- Wu Z, Jia L, Shen J, Jiang B, Qian C, Lou Q, Li J, Chen J. The complete chloroplast genome sequence of the wild cucumber *Cucumis hystrix* Chakr. (*Cucumis*, cucurbitaceae). *Mitochondrial DNA*. 2016;27(1):142-4. doi: 10.3109/19401736.2013.878915. Epub 2014 Jan 22. PubMed PMID: 24450715.
- Alverson, A. J., Rice, D. W., Dickinson, S., Barry, K., & Palmer, J. D. (2011). Origins and recombination of the bacterial-sized multichromosomal mitochondrial genome of cucumber. *The Plant Cell*, tpc-111.
- Huang, S., Li, R., Zhang, Z., Li, L., Gu, X., Fan, W., ... & Ren, Y. (2009). The genome of

- the cucumber, *Cucumis sativus* L. *Nature genetics*, 41(12), 1275.
- Cavagnaro, P. F., Senalik, D. A., Yang, L., Simon, P. W., Harkins, T. T., Kodira, C. D., ... & Weng, Y. (2010). Genome-wide characterization of simple sequence repeats in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *BMC genomics*, 11(1), 569.
- Wóycicki, R., Witkowicz, J., Gawroński, P., Dąbrowska, J., Lomsadze, A., Pawełkowicz, M., ... & Śmiech, M. (2011). The genome sequence of the North-European cucumber (*Cucumis sativus* L.) unravels evolutionary adaptation mechanisms in plants. *PLoS one*, 6(7), e22728.
- Havey MJ (1997) Predominant paternal transmission of the mitochondrial genome in cucumber. *J Hered* 88:232 -235
- Havey MJ, McCreight JD, Rhodes B, Taurick G (1998) Differential transmission of the *Cucumis* organellar genomes. *Theor Appl Genet* 97:122 -128
- Bartoszewski G, Gawronski P, Szklarczyk M, Verbakel H, Havey MJ. 2009. A one-megabase physical map provides insights on gene organization in the enormous mitochondrial genome of cucumber. *Genome* 52:299-307.
- Shen J, Kere MG, Chen JF. 2013. Mitochondrial genome is paternally inherited in *Cucumis* allotetraploid (*C. × hytivus*) derived by interspecific hybridization. *Scientia Horticulturae* 155: 39 - 42.
- Kim K, Lee SC, Lee J, Lee HO, Joh HJ, Kim NH, Park HS, Yang TJ. (2015a). Comprehensive survey of genetic diversity in chloroplast genomes and 45S nrDNAs within *Panax ginseng* species. *PLOS ONE* 10: e0117159.
- Kim K, Lee SC, Lee J, Yu Y, Yang K, Choi BS, Koh HJ, Waminal NE, Choi HI, Kim NH, Jang W, Park HS, Lee J, Lee HO, Joh HJ, Lee HJ, Park JY, Perumal S, Jayakodi M, Lee YS, Kim B, Copetti D, Kim S, Kim S, Lim KB, Kim YD, Lee J, Cho KS, Park BS, Wing RA, Yang TJ. (2015b). Complete chloroplast and ribosomal sequences for 30 accessions elucidate evolution of *Oryza AA* genome species. *Sci Rep* 5: 15655
- Joh HJ, Kim NH, Jayakodi M, Jang W, Park JY, Kim YC, In JG, Yang TJ. (2017). Authentication of golden-berry *P. ginseng* cultivar 'Gumpoong' from a landrace 'Hwangsook' based on pooling method using chloroplast-derived markers. *Plant Breeding and Biotechnology* 5:16-24
- Allen GC, Flores-Vergara MA, Krasynanski S, Kumar S, Thompson WF (2006) A modified protocol for rapid DNA isolation from plant tissues using cetyltrimethylammonium bromide. *Nat Protoc* 1: 2320-2325.
- Seol, Y. J., Lee, T. H., Park, D. S., & Kim, C. K. (2016). NABIC: a new access portal to search, visualize, and share agricultural genomics data. *Evolutionary Bioinformatics*, 12, EBO-S34493.
- Katoh, K., Rozewicki, J., & Yamada, K. D. (2017). MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in bioinformatics*.
- Tillich, M., Lehwark, P., Pellizzer, T., Ulbricht-Jones, E. S., Fischer, A., Bock, R., & Greiner, S. (2017). GeSeq - versatile and accurate annotation of organelle genomes. *Nucleic acids*

research, 45(W1), W6-W11.

- Lohse, M., Drechsel, O., & Bock, R. (2007). OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW): a tool for the easy generation of high-quality custom graphical maps of plastid and mitochondrial genomes. *Current genetics*, 52(5-6), 267-274.
- Kurtz, S., Choudhuri, J. V., Ohlebusch, E., Schleiermacher, C., Stoye, J., & Giegerich, R. (2001). REPuter: the manifold applications of repeat analysis on a genomic scale. *Nucleic acids research*, 29(22), 4633-4642.
- Hanson, M. R. (1991). Plant mitochondrial mutations and male sterility. *Annual review of genetics*, 25(1), 461-486.
- Sugiura M, Takeda Y (2000). Chapter 6. Nucleic acids. In Buchanan BB, Gruissem W, Jones RL, eds. *Biochemistry & Molecular biology of plants*. The American Society of Plant Physiologists. USA. pp. 260-310.
- Lu A, Jeffrey C. (2011). Cucurbitaceae. In: Wu ZY, Raven PH, Hong DY eds. *Flora of China*. Vol. 19. Beijing, China and St. Louis, Missouri, (MO), USA: Science Press and Missouri Botanical Garden Press; [cited 2016 June 16]. Available from http://efloras.org/florataxon.aspx?flora_id=2&taxon_id=10233.
- Qi J, Liu X, Shen D, Miao H, Xie B, Li X, Zeng P, et al. (2013). A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *Nat Genet* 45:1510 -15.
- Rodríguez-Moreno L, González VM, Benjak A, Martí MC, Puigdomènech P, Aranda MA, Garcia-Mas J. (2011). Determination of the melon chloroplast and mitochondrial genome sequences reveals that the largest reported mitochondrial genome in plants contains a significant amount of DNA having a nuclear origin. *BMC Genomics*. 12:424.

주 의

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