

발간등록번호

11-1541000-000497-01

일반과제 과제번호: 506013-4

중국 수출용 초극조생 및  
월동양배추 품종육성  
(Development of Extra-early Maturing and  
Overwinter Cabbage Varieties for China)

바이엘크롭사이언스(주)  
한국누넴종묘 육종연구소

농림수산식품자료실



0004961

농림수산식품부

# 제 출 문

농림수산식품부 장관 귀하

이 보고서를 “중국 수출용 초극조생 및 월동양배추 품종육성에 관한 연구”  
과제의 보고서로 제출합니다.

2010 년 4 월 24 일

주관연구기관명 : 바이엘크롭사이언스(주)

한국 누넴종묘

주관연구책임자 : 나 종 현

연 구 원 : 노 민 식

연 구 원 : 송 동 윤

연 구 원 : 이 혁 근

위탁연구기관명 : 충남대학교 식물자원학부

위탁연구책임자 : 임 용 표

# 요 약 문

## I. 제목

중국 수출용 초극조생 및 월동양배추 품종육성

## II. 연구개발의 목적 및 필요성

### 1절. 연구개발의 목적

본 연구에서는 전 세계적으로 가장 큰 양배추 재배면적을 가지고 있는 중국 내의 초극조생품종 육성과 아울러 중국내에서 수입종들이 주로 재배되고 있는 중국 양자강 유역의 월동형 원형 만생계 품종과 편형계 품종을 육성하여 중국 예로의 수출을 증대하고자 실시하였으며 또한 육성된 품종들의 국내보급은 물론 유럽 및 전세계로의 수출을 도모하고자 실시하였다. 나아가 현재 전세계적으로 화두가 되고 있는 품종보호를 위한 계통특이적 마커를 개발과 동시에 품종보호권을 신청으로서 육성된 품종들의 지적재산권을 확보하고자 하였다.

### 2절. 연구개발의 필요성

중국의 양배추 재배면적은 전 세계 양배추 재배면적(2,644,488 ha)의 42.8%인 1,130,734 ha로 1위를 차지하고 있으며, 다음으로 인도(241,965 ha), 러시아, 인도네시아, 미국 순으로 되어 있고 그 면적은 한국의 재배면적(5,600 ha)과 비교해 볼 때 약 200배에 달하고 있다. 한편 2004년도 우리나라의 양배추 종자 수출량은 2,260,855 US\$(22,967kg)로서 이중 인도로의 수출량이 제일 많은 1,129,621US\$(50.0%)이며 중국으로의 수출량은 454,789US\$(20.1%)로서 2위를 차지하고 있다. 중국의 양배추 재배면적이 인도의 약 4.7배임을 감안할 때 중국으로의 수출량은 상대적으로 매우 낮은 실정으로 앞으로 중국시장에 적합한 품종을 육성하여 수출하는 것이 시급히 요구되고 있다. 중국 내의 품종 재배현황을 볼 때 중국 자체 내에서 육성된 초극조생 및 극조생원형계가 40%에 이르며 그 밖의 편형계 및 기타품종이 약 40%를 차지하고 있다. 한국, 일본, 유럽 등에서 수입되는 품종으로는 극조생계, 월동 원형 만생계, 고냉지용 원형 내서성계 등을 포함한 원형계가 20%, 월동형 편형계 및 남방계 여름용 편형계 등이 10% 정도의

수입종 품종으로 나눌 수 있다. 따라서 중국내 가장 비중이 큰 초극조생종 및 극조생계 품종육성, 나아가 상대적으로 고가의 수입종 품종들이 재배되는 월동형 원형 및 편형계 육성이 필요하였다.

### Ⅲ. 연구개발 내용 및 범위

전술한 바와 같이 중국내 재배면적이 가장 많은 초극조생 내지 극조생 품종을 육성하기 위하여 아울러 고가에 수입되고 있는 유럽계 및 일본형 월동품종을 대체하고자 중국내에서 현재 주로 재배되고 있는 품종들과 육성목표에 부합되는 53개 품종을 수집하여 육성재료로 사용하였다. 나아가 기존 당 연구소가 보유하고 있는 초극조생 및 극조생 계통 20계통과 월동형 품종육성을 위한 25개 계통을 새로이 육성된 계통들과 교잡하여 그 특성을 당 연구소 포장과 제주, 중국현지의 북경, 무한, 신야 등의 연락시험을 통하여 조사하고 현지 대리인을 통하여 품종적응성을 판단하였다. 또한 양배추의 분자마커를 이용한 품종분류를 수행하여 포장에서 선발전에 선발효율을 높이고자 위하여 분자마커를 개발하였다.

### Ⅳ. 연구개발결과

중국내 초극조생 품종으로 '18 (Nun 0137)', 21(Nun 11001), 극조생계 품종으로 '58(Nun 0138), '24' (Nun 11002) 총 4개 품종을 선발하였다. 특히 '18'은 숙기가 43-45일 정도로 가장 빠른 품종이며 '21'은 45일 정도로 숙기가 약간 늦었으나 '18'보다 포장저장성이 더 강하였다. '58' 및 '24'는 두 품종 녹색이 극히 강하여 상품성이 뛰어났으며 현지 주점종인 '8398'보다는 일주일정도 숙기가 늦었으나 상대적으로 저장성이 강하여 중국현지 거래처의 주문을 받아 현재 시제품을 생산중에 있다. bejo 종묘의 '1038', '1039'등을 대체할 수 있는 월동형 원형 만생계 품종으로 '454', '459'를 선발하였으며 월동형 편형 중생계로는 숙기가 'YR호월'보다 일주일 정도 빠르면서 저장성이 강한 '154(Nun0079)', 편형 중만생계로는 녹색이 진한 '151(Nun 0101)', 내한성이 극히 강하고 녹색발현이 좋은 편형 만생계로는 '167', '166' 조합을 선발하였다. 결론적으로 초극조생종 및 극조생으로 4개 품종, 월동형 원형계 및 편형계 품종으로 4개 품종, 총 8개 품종을 육성하여 현재 시판종자를 생산 중에 있거나 확대시험 중에 있다.

새로 육종한 양배추 품종 및 육종 재료용 계통을 구분할 수 있는 분자 마커를 개발하고자 하였다. SSR markers를 이용하여 품종간 유전적 유연관계분석을 통하여 계통도를 그리고 계통도의 각 그룹과 포장에서 육안으로 관찰한 식물체의 형태적 특성을 비교하여 이들 간의 연관성을 찾을 수 있었다. 계통간에 근연관계 또는 형태적 특징에 따라 계통도에서 다른 소그룹을 형성하는 것을 확인했다. 유

럽용으로 양배추의 구 크기가 작은 소구에 가까운 계통들, 양배추의 형태 및 구 크기가 원형중구인 계통들, 원형중구이면서 유럽형질을 가지고 있는 것들, 동양계 양배추 육성시 이용되는 계통들, 구의 크기가 큰 계통들, 숙기가 극히 빠른 계통들, 형태 및 크기 면에서 원형소구인 계통들, 생육특성 상 월동형이면서 만생계, 월동형이면서 중생계, 구 형태가 편형계 등의 공통된 특징을 가지는 계통들이 계통도에서도 각기 다른 소그룹을 형성하였다. 따라서 이러한 분자 마커로 양배추의 생육상 특징 및 외관상 형태에 따라 분류가 가능한 것으로 판단하였다. 양배추의 유전적 연관지도를 유전집단으로 만들어진 배추좁나방 저항성(DS), 감수성(CT) 양배추 품종 간의 교배에서 얻은 F<sub>2</sub> 집단을 이용하여 확립되었다. 전체 106개의 마커가 연관 지도 작성을 위하여 50개의 F<sub>2</sub> mapping 집단에 사용되었다. 106개의 다형성 마커 중, 오직 85개의 마커만이 11개의 연관 그룹에 mapping 되었다. 남아있는 21개의 마커는 11개의 연관그룹을 분리시키고 뒤틀리게 만들기 때문에 어느 그룹에도 포함될 수 없었다. 총 85개의 SSR과 IP 마커가 두 Loci간에 평균 8.37 cM의 거리, 총 길이 711.3 cM을 포함하는 연관그룹에 분포하고 있다.

## V. 연구성과 및 성과활용 계획

수출용으로 육성된 8개 품종을 생산하여 중국을 위시하여 이러한 유형의 품종들을 요구하는 지역에 판매를 도모한다. 현재 18, 58, 24, 154, 151등 5개 품종은 생산 중에 있으며 나머지 3개 품종의 종자도 금년도 재확인을 거쳐 2011년 부터는 시험판매를 실시할 예정이다. 또한 각 품종에 대한 2010년 10월 품종보호 신청을 실시하여 지적재산권을 확보하도록 한다. 아울러 상기 8품종에 대한 기술이전을 바이엘크롭사이언스에 2011년 4월까지 완료하고 이에 따른 기술료를 정부에 납부토록 한다.

# SUMMARY

## I. Title

Development of Extra-early Maturing and Overwinter Cabbage Varieties for China Export

## II. Objectives and Necessities

### 1. Objectives

This research has been done to breed the extra-early maturing cabbage varieties which govern the majority of cultivation land in China as well as overwinter round or flat typed cabbage varieties that are being grown near the Yangtze(Chang Jiang) riverside by the seeds mainly imported from Japanese or European companies. By breeding two typical types of cabbage, we can not only export to China but also provide the bred varieties to Korea and some other European countries. Moreover, to authenticate the breeder and variety's right, the basic line-specific marker development research has been done

### 2. Necessities

The total cabbage growing acreage of China is 1,130,734 ha which governs around 42.8% of the total world cultivation acreage(2,644,488ha) and approx. 200 times bigger than that of Korea(5,600ha). Followed by China, India (242,965ha), Russia, Indonesia, and USA recorded the major growing acreage in the world. In the meantime, in 2004, Korea recorded 2,260,855US\$ cabbage sales to overseas and India got the first rank with 1,129,621US\$ (50.0%) and China was the second with 454,789 US\$ (20.1%). Considering the huge growing acreage of China, 4.7 times larger than India, the export weight was much small amount and thus necessitates the breeding varieties for Chinese market immediately. While currently China is growing very big amount of a super extra-early and extra-early varieties bred by Chinese government which occupies around 40% of total cabbage F1 hybrids and 40% of total cabbage market are governed by big flat typed cabbage and the others. From the total rest 20%, the round typed importing varieties which are being used

as extra early market segment, overwinter culture, highland summer culture, and the other imported flat typed summer cabbage and winter cabbage are holding 20% and 10%, respectively. Consequently, research activities for breeding super extra-early maturing type which is one of the most popular in China and overwinter round or flat typed cabbage varieties comparatively very high seed price have been significantly required.

### III. Contents and Scope

To breed such varieties mentioned in above, 53 foreign varieties which have been grown now in China and considered as fit for breeding objectives are collected, segregated and fixed. New crosses have been made between the former 20 existing lines for super extra-early maturing and newly bred lines and also 25 overwinter typed existing lines with newly bred materials.

Preliminary trials for the selection have been done in Nunhems R&D station and later several regional test has been executed at Jeju, China Beijing, Wuhan, and Sinye through leased fields for confirmation. When evaluated, the dealers and sales people also joined and finally confirmed.

### IV. Result

Two super extra-early varieties, '18' (Nun 0137)', '21' (Nun 11001), and 2 extra-early varieties, '58' (Nun 0138), '24' (Nun 11002), total 4 varieties have been selected. Especially '18' showed the most earliness with 43-45days maturity and '21' was revealed a little bit later than '18' around 45days but much better bursting tolerance.

Two extra-early varieties, '58' and '24', showed one week later maturity than the leading variety '8398' but very good green colored and bursting tolerance. Three varieties' commercial seeds are now being produced by the customer's order except '21' since that has been confirmed a little bit later. To compete with bejo's overwinter field varieties at Sinye China, two overwinter late round varieties '454' and '459' were selected with its good weight, strong cold tolerance, and good green colored round head. Flat medium variety **for winter culture**, '154(Nun0079)' was selected to introduce for YR Goetz (Resist Lake from Takii seed) market with its one week earlier maturity and good field holding ability, '151(Nun 0101)' also

selected for that market with really good green color.

Two other late flat typed overwinter cabbage varieties, '167' and '166' showed very nice cold tolerance and green color so highly recommended for overwinter cropping.

In conclusion, total 8 hybrids have been developed through this research and some of them are under commercial production or larger trials.

Molecular markers were developed for identification and classification of cultivar and genetic lines of *Brassica oleracea*. Different Cabbage varieties could be grouped by construction of phylogenetic tree using SSR markers in combination with corresponding phenotypes. We found grouping of morphological similar phenotypes into one group. The different groups formed with SSR markers are European cabbage with small head, round medium size head, big head asian types, early types, late cabbage types and winter types. Using this data we can classify cabbage into different groups according to morphology such as heading type, and early and late types. In addition using molecular markers, we constructed a genetic map using 50 F2 population derived from a cross between diamond backmoth resistance inbred line(DS) and susceptible line (CT) of cabbage (*Brassica oleracea*). Out of 106 polymorphic markers, 85 markers were anchored to 11 linkage group. Other 21 markers were unlinked to any linkage group of cabbage genetic map. This map contains 85 loci in the 11 linkage groups covering a total distance of 711.3 cM that enabled the anchoring of 85 SSR and IP markers. Average distance of each loci was 8.37cM.

## V. Practical utilization plan of research outcome

Total 8 selected varieties which are partly under commercial production or under wider trials will be sold to China as well as globally where the market requires these kind of varieties. Currently 5 varieties, '18', '24', '58', '154', and '151' are under production and will be sold from end of this year or early of next year. The other three varieties also should be introduced from 2011 after confirmation once again. Furthermore, during Oct. all varieties will be submitted to Korean government or relevant countries to get the plant varieties protection rights. All the technology right will be transferred to Bayer Cropscience and the fee will be paid to government by next April 2011.



## CONTENTS

<b>Chapter 1. Introduction of the research project</b> .....	<b>11</b>
Section 1. Purpose of the research .....	11
Section 2. Necessities of the research .....	11
Section 2-2. The current status of the research in domestic and overseas .....	14
<b>Chapter 2. The scope of the research project</b> .....	<b>21</b>
Section 1. Methods of the research.....	21
Section 2. Materials of the research.....	27
<b>Chapter 3. Results of the research project</b> .....	<b>32</b>
Section 1. Results of the research in domestic .....	32
Section 2. Results of the research in oversea .....	39
Section 3. Results of the over-winter trials .....	45
<b>Chapter 4. Appraisal of research project and Effect             to relevant fields</b> .....	<b>75</b>
<b>Chapter 5. The utilization plan of the results</b> .....	<b>76</b>
<b>Chapter 6. Reference</b> .....	<b>77</b>

# 목 차

제 1 장 연구개발 과제의 개요 .....	11
제 1 절 연구개발의 목적.....	11
제 2 절 연구개발의 필요성.....	11
1. 연구의 경제적 산업적 중요성 및 연구개발의 필요성.....	11
가. 초극조생 원형계 양배추 .....	11
나. 월동형 원형 만생계 양배추 .....	12
다. 월동용 편형 중생계 및 만생계 양배추 .....	13
라. 품종과 계통 판별을 위한 분자마커개발 .....	13
2. 국내외 기술개발 현황.....	14
가. 연구개발대상 기술의 국내외 현황.....	14
(1) 초극조생종 원형계 양배추.....	14
(2) 월동용 양배추.....	15
(3) 품종과 계통 판별을 위한 마커 연구 현황.....	16
제 2 장 연구개발수행 내용 및 범위 .....	21
제 1 절 연구수행방법 .....	21
1. 봄시험 .....	21
2. 가을 및 월동시험 .....	22
3. 교배조합 작성 .....	25
4. 연락시험용 종자생산 및 시제품생산 .....	25
제 2 절 연구수행을 위한 재료 .....	27
1. 유전자원 수집 및 특성파악 .....	27
2. 육성재료 및 교배작성 .....	28
3. 분자마커 개발 .....	29
제 3 장 연구개발결과 .....	32
제 1 절 초극조생계 및 극조생계 선발 .....	32
1. 초극조생 및 극조생계 국내 시험결과 .....	32
가. '18' .....	32
나. '21' .....	34
다. '24' .....	34

라. '58'	35
마. 기타 예비선발 조합	36
바. 대비품종	37
2. 초극조생 및 극조생계 해외 시험결과	39
가. '18'	40
나. '21'	41
다. '24'	43
라. '58'	44
제 2 절 월동 양배추 시험결과	45
1. 월동형 원형 만생계	46
2. 월동형 편형 만생계	49
3. 월동형 편형 중생계 및 중만생계	52
제 3 절 분자마커 개발	55
1. 1차 품종구분을 위한 SSR마커 개발	55
2. 포장에서 유지중인 96계통이용 재확인	58
3. SSR 마커를 이용한 품종 구분마커 확립	62
4. IBP 마커, SSR 마커를 이용한 다형성 조사 및 이를 이용한 유전자지도 작성	67
제 4 장. 목표달성도 및 관련분야에의 기여도	75
제 5 장. 연구성과 및 성과활용 계획	76
제 6 장. 참고문헌	77

## 제 1 장 연구개발 과제의 개요

### 제 1 절 연구개발의 목적

본 연구에서는 전세계적으로 가장 큰 양배추 재배면적을 가지고 있는 중국내의 초극조생 및 극조생계품종 육성과 아울러 중국내에서 수입종들이 주로 재배되고 있는 중국 양자강 유역의 월동형 원형 만생계 품종과 월동형 편형계 품종을 육성하여 중국에로의 수출을 증대하고자 실시하였으며 또한 육성된 품종들의 국내보급은 물론 유럽 및 전세계로의 수출을 도모하고자 실시하였다. 나아가 현재 전세계적으로 화두가 되고 있는 품종보호를 위한 계통특이적 마커를 개발과 동시에 품종보호권을 신청으로서 육성된 품종들의 지적재산권을 확보하고자 하였다.

### 제 2 절 연구개발의 필요성

#### 1. 연구의 경제적 산업적 중요성 및 연구개발의 필요성

2001년도 미농무성(USDA)자료에 따르면 중국의 양배추 재배면적은 전 세계 양배추 재배면적(2,644,488 ha)의 42.8%인 1,130,734 ha로 1위를 차지하고 있으며, 다음으로 인도(241,965 ha), 러시아, 인도네시아, 미국 순으로 되어 있고 그 면적은 한국의 재배면적(5,600 ha)과 비교해 볼 때 약 200배에 달하고 있다. 생산량 또한 전 세계적으로 볼 때 1위로 총 21,198 MT을 생산 하였는데, 이는 전 세계 총 생산량(54,503MT)의 38.9%에 해당하는 량이다. 한편 2004년도 우리나라의 양배추 종자 수출량은 2,260,855 US\$(22,967kg)로서 이중 인도로의 수출량이 제일 많은 1,129,621US\$(50.0%)이며 중국으로의 수출량은 454,789US\$(20.1%)로서 2위를 차지하고 있다. 중국의 양배추 재배면적이 인도의 약 4.7배임을 감안할 때 중국으로의 수출량은 상대적으로 매우 낮은 비율이며, 앞으로 중국시장에 적합한 품종을 육성한다면 중국으로의 수출 여지는 두말할 것도 없이 매우 크다고 볼 수 있다.

#### 가. 초극조생 원형계 양배추

최근 들어 중국의 개방화에 따라 일본, 한국을 비롯하여 네덜란드, 미국 등지에서 육성된 양배추 품종들이 중국에 일부 수입되어 재배되고 있지만 아직까지도 중국 현지에서 재배되는 양배추 품종들은 중국자체 농업과학원에서 육성된

품종들이 대부분 재배되고 있는 실정이다. 실제로 2005년 10월 북경인근의 양배추 주산단지를 현지 출장하여 재배되고 있는 품종들의 비율을 조사해 보았을 때 중국자체 품종이 약 80%이상 재배되고 있었으며 나머지 20%만이 한국, 일본, 유럽등지에서 수입된 품종들로 조금씩 나뉘어 재배되고 있었다. 이와 같이 대부분의 양배추 재배면적이 중국 자체 품종들에 의해 재배되어지는 이유로는 중국 자체에서 육성된 품종들이 나름대로 숙기가 수입종보다 빠른 장점, 품종에 따라서는(편형계품종) 수입종보다 다수확이라는 장점, 수입종에 비해 종자가 격이 싼 장점 등 여러 가지를 들 수 있을 것이다.

중국에서 현재 가장 많이 재배되고 있는 원형계 품종들로서는 숙기가 정식 후 40일 정도에서 수확할 수 있는 ‘8398’ 또는 45일 정도에 수확할 수 있는 ‘중감11호’ 등을 들 수 있다. ‘8398’이나 ‘중감11호’는 심양 등 북부지방에서 이른 봄 하우스 재배를 시작으로 북경인근, 상해를 비롯한 중부지방, 나아가 남방의 운남성 지방까지 년중 폭넓게 재배되는 품종들로서 숙기가 빠른 것이 가장 큰 장점으로 되어 있는 품종이다. 숙기가 이 보다 늦은 다른 품종을 재배하여 시장에 출하하기 까지는 최소한 10일 이상의 차이가 나기 때문에 상대적으로 일찍 출하하여 소득을 올릴 수 있는 이러한 품종들을 대부분의 농민들이 선호하며 또한 중점적으로 재배하고 있는 것이다. 한편 이러한 품종들이 숙기가 빠른 장점은 있지만 상대적으로 열구가 빠르고 구가 적어 전체 생산량이 적은 단점을 비롯, 내병성이나 내서성, 내충성이 떨어지는 단점, 순도가 다소 떨어지는 단점 등이 지적되고 있다.

이에 최근 들어서는 숙기는 55일 정도로 중국품종보다 늦지만 저장성이 좋으면서 수량성이 뛰어난 일본 사까다 종묘의 ‘Nozomi (중국내 품종명 ‘希望’), 숙기가 60-65일 정도이면서 녹색이 극히 우수한 농우종묘의 녹구(Green Globe, 綠球) 및 유럽계 품종들이 일부 재배되기도 한다. 따라서 본 연구를 통해 숙기가 정식후 약 40일~50일에 수확할 수 있는 초극조생 품종으로서 구가 크고 열구가 늦으면서 순도가 우수한 내서성, 내병성, 내충성품종을 육성한다면 충분히 경쟁력을 확보할 수 있고 나아가 엄청난 양의 수출이 가능하다고 판단된다.

#### 나. 월동형 원형 만생계 양배추

중국 양자강 북쪽에 위치한 하남성 남단의 신야(新野)지방에서는 최근 들어 구색이 녹색이면서 저장성 및 내한성이 강하고 구중이 많이 나가면서 수송성이 좋은 3-4월 수확용 월동형 원형 만생계 양배추 품종인 bejo종묘의 ‘1038’(‘Gideon’ 중국내 품종명 ‘吉得恩’) 및 ‘1039’(‘Ramada’ 중국내 품종명 ‘諾蔓達’) 두 품종이 재배되고 있다. 이들 품종은 기존의 Syngenta 종묘의 ‘Quisto’

및 Seminis의 'Quartz' 등에 비해 내한성이 뛰어나고 수량성이 많으며 또한 구색이 녹색이란 우수한 점을 이용하여 독점적으로 농민에게 종자를 공급하고 있으며 종자가격 또한 일반 편형계 월동양배추의 소매가격이 300US\$ 정도인 데 비해 최근에는 1,000US\$을 호가하고 있어 이러한 시장을 위한 품종육성이 절실한 실정이다. 나아가 이러한 유형의 품종을 개발하게 되면 중국 중부지방을 위시하여 저장성이 강하고 무게가 많이 나가는 만생계를 선호하는 유럽이나 미국, 남미 등지에도 수출할 수 있어 그 육성효과는 실로 지대하다 할 수 있겠다.

#### 다. 월동용 편형 중생계 및 만생계 양배추

상해를 비롯한 절강성 지역, 양자강 유역의 무한 지역에서는 겨울기온이 따뜻한 장점을 이용하여 최근 월동양배추 작형이 성립되고 있으며 그 면적 또한 급격히 증가하고 있는 실정이다. 월동 작형은 우리나라의 제주도(2월 출하용: 'YR호월', 4월 출하용: '마쓰모')에서 8월 내지 9월에 파종하여 이듬해 3-4월에 출하하는 작형으로서 이 작형에서 요구되는 품종은 내한성이 강하고 포장저장성이 강하면서 추대가 안정된 품종이다. 중국에서 이 작형은 최근 들어 성립된 작형으로서 아직까지 중국 자체에서 육성된 품종들이 거의 없어 대부분 이러한 월동형 양배추의 육종 역사가 긴 일본에서 육성된 품종들이 수입되어 재배되고 있다. 현재 농민들이 선호하는 품종으로는 일본 교와(協和)종묘에서 육성된 '나나쿠사(七草)'를 비롯하여 이시하라(石原)종묘의 'M three', 다끼이 종묘의 'YR호월' '한춘4호' 등으로서 공히 내한성이 강한 장점이 있는 품종들이다. 따라서 본 연구를 통하여 상기와 같이 내한성이 우수하고 추대가 늦은 품종으로서 품질이 뛰어난 품종을 육성하여 보급한다면 현재 이 작형에서는 모든 종자를 수입종에 의존하고 있는 실정이므로 전술한 일반 봄가을 재배의 원형계 양배추에 비해 훨씬 수출 가능성이 높으며 수출 단가 면에서도 더 높은 가격으로 수출할 수 있을 것이다.

#### 라. 품종과 계통 판별을 위한 분자마커개발

육종과정에서 유전자원을 효율적으로 이용함으로써 재배품종을 개선시킨 예는 많으며, 생명공학은 유전자원을 효율적으로 이용하고 품종 육성의 효율을 증가시키는데 유용하게 이용될 수 있을 것이다. 분자유전학 기술을 이용 거의 모든 형질의 분석이 가능한데, 대상 형질에 대한 분자유전학적인 이해로, 그에 관여하는 유전자의 분리 및 유사한 기능을 갖는 유전자들을 다른 유전자원으로부터 분리하는 것이 가능해졌다.

현재의 작물육종연구는 포장 및 온실 등에서 기존의 관행적인 선발방법과 병행하여, 분자생물학적 표지인자를 이용하여 수량, 내병충성, 품질 등 주요 농업형질의 발현에 관

여하는 유전자의 간접적인 선발을 돕고 그의 집적을 위한 육종체계를 갖추는 노력이 진행 중이다.

이러한 분자육종체계의 확립을 위해 양배추의 경우 배추의 전체 게놈서열이 밝혀짐에 따라 양배추의 전체 게놈해석이 촉진되고 있으며 이는 주로 미국, 영국을 중심으로 이루어지고 있다. 또한 유전육종적 연구를 위하여 반드시 갖추어야 하는 유전자지도가 미국 및 영국을 중심으로 작성되어 있고, 국내에서도 본 연구실에서 배추좀나방저항성 마커 개발을 위해 작성되어지고 있다. 특히 유전자지도의 세밀화를 위해서 SSR, RFLP, InDel, SNP 등 다양한 형태의 분자생물학적 표지인자가 개발되고 있다.

DNA marker는 또한 유전자원의 특성 즉 유전자원들의 유연 관계를 분석하는데 널리 이용되고 있는데 이 자료는 작물의 생태, 집단유전학, 그리고 진화 분야에서 중요한 정보를 제공하고 있다. 또한 DNA marker는 다른 어느 종류의 자료보다 품종 등록시 기본 자료로서 적극적으로 이용이 되고 있다.

현재 신품종 육성자의 권리를 법적으로 보호하는 식물품종보호제도(PVPS: Plant Variety Protection System)가 우리나라에서도 시행되고 있다. 이러한 식물품종보호제도의 운영에 있어서 신품종 출원시 이에 관련된 분자특이 마커를 개발하여 이를 제시함으로써 품종보호권이 설정 및 독점적 권리 행사에 직접적인 자료로 활용되기 시작하였다.

앞으로는 DNA marker에 의해 축적되는 방대한 양의 자료를 저장, 분석하는 것이 필요한데, 앞으로 품종의 계보도나 특성 평가자료를 포함한 유전적 다양성 정보를 분석할 수 있는 정보체계 구축도 시급한 과제이다. 이러한 자료들은 특히 어느 특정형질의 개선을 목표로 하고 있는 육종가들이 유전자원간 근연 관계를 평가하고 계보도를 통해 아주 미세한 염색체 단편이라도 추적할 수 있게끔 도와줄 것이다.

## 2. 국내외 기술개발 현황

### 가. 연구개발대상 기술의 국내외 현황

#### (1) 초극조생종 원형계 양배추

전 세계적으로 숙기가 정식 후 40일 정도 되는 초극조생양배추 품종은 다른 양배추 품종군과는 달리 중국이외에는 대량으로 재배되는 곳이 없으며(최근들어 동유럽의 하우스 작형에서 초극조생종 품종이 요구되기도 함), 육성된 품종 또한 현재 중국 정부에서 육성된 '8398' 또는 '중감11호' 와 같이 빠른 품종은 거의 없는 실정이다. 1970년대 말 일본 다끼이 종묘에서 '40甘藍'이라는 품종이 육성된 적은 있었으나 재배는 많이 되지 않았고, 동 년대에 일본 사까다

종묘에서 육성된 'Green Express'는 숙기가 55일 전후의 품종으로 현재 까지도 인도 켈커타 등지에서 재배되고는 있으나 숙기 면에서 40일 종으로는 볼 수 없다. 2000년대 들어 신젠타 종묘에서 'Resistor' 라는 품종이 개발되었으며, 일본 사카다 종묘에서는 'Nozomi(希望)'를 육성하여 최근 중국으로의 진출을 시도하고 있지만 이들 역시 정식 후 55일 전후에 수확할 수 있는 품종들이다. 중국내에서도 최근들어 '8398'이나 '중감11호' 등 보다 숙기는 50일 내지 55일 정도로 다소 늦지만 내열구성 및 녹색, 순도 등이 개량된 '중감 21호' 등이 확대되는 추세이기는 하다. 국내에서 육성된 품종의 경우 흥농종묘에서 숙기가 55일 전후인 '제니스(Zenith)' 양배추가 90년대 중반부터 중국에 수출된 적이 있었으며, 최근에 씨텍스 주식회사에서 고품질계 극조생계 원형계 품종인 '스위트켈리포니아'가 육성되어 국내를 비롯 중국, 인도 등에서 일부 재배되고 있기는 하나 이 역시 숙기는 45일- 50일로 40일 전후의 숙기로는 볼 수 없다. 결론적으로 현재까지 중국에서 발표된 품종 이외에는 숙기가 40일 내지 45일에 속하는 품종은 국내외에서 보고된 적이 거의 없는 실정이다. 2005년도 씨텍스(주)에서 육성하여 국내 최초로 품종보호 출원된 50일 전후 숙기인 '샬러드'양배추 및 '로얄스톤' 양배추(2002-2005에 걸쳐 시행한 농림기술관리센터 연구과제의 결과물임)는 중국 현지에서 숙기는 현지 품종들보다 다소 늦지만 품질이나 균일도 면에서 우수성을 인정받아 수출 중에 있다. 현재 국내의 농우종묘를 비롯 여러 종묘회사에서 전세계적으로 시장규모가 가장 큰 중국을 대상으로 품종육성의 노력을 경주하고 있는 실정이다.

## (2) 월동용 양배추

양배추의 월동재배 작형은 겨울철 기온이 온화한 해안지방에서 주로 성립되어 왔다. 예를 들어 일본 구주지방, 호주, 남아프리카 공화국, 우리나라의 제주도 등을 비롯한 남부해안지방 등지에서 오래 전부터 이 작형이 성립되어 월동양배추가 재배 되어 왔는데, 이 작형에서는 내한성이 강하고 추대가 강하며 열구가 늦은 중만생계 품종으로서 편형 내지 편원형 대구품종들이 재배되어 왔다. 전 세계적으로 가장 이 작형에서 많이 재배되는 품종으로는 일본 다끼이 종묘에서 70년대 육성된 湖月(영명:Green Coronet), YR湖月(Resist Lake) 또는 四季穫(영명:NS Cross) 등이며, 북해도 지역에 위치한 北越종묘의 雪國, 이시하라 종묘에서 육성된 M three, 교와종묘에서 육성된 七草 등 일본에서 이 작형에 부합되는 품종육성이 활발히 되어 왔다. 이러한 품종들 중 일부는 현재까지도 국내 제주도 지방에서 재배되고 있으며, 국내에서는 90년대에 흥농종묘에서 옴파로스, 윈터헌트, 2000년대 들어 씨텍스 주식회사에서 '노랑맛 양



배추' 등이 육성되어 제주도나 남부 해안지방의 월동재배 작형에 이용되고 있다. 최근들어 상기에 열거한 품종들에 비해 구색이 녹색이면서 내한성이 한층 보강된 품종들로서 '한춘4호', '마쓰모' 등이 녹색을 선호하는 중국인들의 취향에 맞아 상기 품종들의 시장을 대체하고 있는 실정이다. 한편 네덜란드를 비롯한 유럽에서도 내한성이 강한 만생계 품종들이 많이 육성되기는 하였으나 구 형태가 동양에서 선호하는 편원형과는 달리 원형이고 일본이나 한국 또는 일본에서 육성된 품종에 비교하여 수분이 적고 고형물질의 양이 많아 적물용(sauerkraut)으로 유럽지역에서 주로 재배되고 있는 실정이며 bejo 종묘의 '1038', '1039', 'Quisto', 'Quartz' 등 일부 품종이 중국 내에서 전술한 바와 같이 중국 자체 소비용뿐 아니라 러시아 수출용으로 최근 재배되기도 한다.

### (3) 품종과 계통 판별을 위한 마커 연구 현황

#### (가) 품종과 계통에 대한 지적재산권 보호 및 분자마커의 이용

현재 한국을 포함하여 세계무역기구/무역관련 지적재산권 협정(WTO; World Trade Organization/TRIPs; Trade-Related Aspects of Intellectual Property Rights)에 가입한 국가의 경우 신품종 육성자의 권리를 법적으로 보호하는 식물품종보호제도(PVPS; Plant Variety Protection System)가 채택 및 시행되고 있다. 이러한 식물품종보호제도는 육성자가 신품종을 육성하였을 때 당해 신품종을 출원하여 품종보호권이 설정되면 독점적 권리를 행사할 수 있도록 육성자의 지적재산권을 최대한 보호해주는 일종의 특허제도이다.

우리나라는 1995년 종자산업법(법률 제5024호, 1995. 12. 6)을 제정하였고 1997년부터 식물품종보호제도를 시행하였으며, 2002년에 국제식물신품종보호동맹(UPOV; International Union for the Protection of New Varieties of Plants)에 가입하여 신품종출원에 대하여 이러한 식물품종보호권을 얻기 위해서는 UPOV 시스템에 의거한 구별성(Distinctness), 균일성(Uniformity), 및 안정성(Stability)에 대한 검정평가(DUS testing)를 통과해야 한다.

각 신품종 후보는 기존품종과 한 개 이상의 형질에서 그 차이가 뚜렷해야하고, 품종 내 개체간에 특성이 균일하게 발현되어야 하며, 이러한 특성발현이 지속적으로 유지되는 것을 입증해야 한다. 그러나, 형태적 특성은 재배환경 및 연차간에 따라 품종특성이 다르게 나타내거나 유전인자의 상호작용에 의해 같은 품종이 다른 유사품종군으로 분류가 가능하다는 점에서 품종의 구별성 판단에 큰 문제점이 되고 있다. 이러한 문제점을 보완하기 위하여 형태적 특성에 의한 DUS 검정방법 외에 생화학 및 분자생물학적 기술의 이용을 고려하고 있는 시점이다. 다양한 생화학 분석기술은 각 대상

품종에 대하여 fingerprinting에 이용할 수 있는 잠재적인 활용가능성이 크지만 형태적 마커와 같이 제한된 정도의 품종 다형성만을 탐지할 수 있고 환경 및 발달변이에 따라 다르게 나타낼 수 있는 한계성을 지니고 있다. 이에 반하여 DNA 분자마커기술은 품종구별을 위한 만족할만한 다형성을 제공하여 주며, 신속하고 저렴하며 환경, 연도, 생육시기에 대해 독립적이며 반복성과 재생산성 등의 큰 장점이 있다.

RAPD(Randomly Amplified Polymorphic DNA)와 RFLP(Restriction Fragment Length Polymorphism) 마커는 지금까지 브라시카 품종의 fingerprinting에 광범위하게 사용되어왔지만(Kresovich 등. 1992; Waugh와 Powell 1992; Hallden 등. 1994; Mailer 등. 1994; Lee 등. 1996), 이러한 마커의 적용은 RFLP의 힘든 기술작업 및 적은 수의 loci 혹은 RAPD의 dominance 특성과 상대적 낮은 재생산성 등의 문제성으로 인해 제한적으로 적용되었다. 최근에, SSR(Simple Sequence Repeat)와 ISSR(Inter-Simple Sequence Repeat) 마커의 적용은 식물품종검정에 있어 중요한 기술로서 대두되고 있다(Cook 1999; Donini 등. 2000; Prasad 등 2000; Nagaraju 등. 2002; Tommasini 등. 2003; Kwon 등 2005). 배추과를 포함한 여러 작물에서 SSR 및 ISSR 기법이 연구되어 왔으며, 많은 다형성과 기술적인 간편성 및 allele 탐지와 sizing을 위한 적합성 등의 장점으로 인해 배추과의 germplasm을 특성화하는 가장 귀중한 도구로서 인정되고 있다.

지금까지 세계적으로 SSR 및 ISSR 연구 및 자료를 이용하여 본 과제에서 육성될 양배추의 품종관별을 위한 계통 및 품종 특이적인 SSR 및 ISSR 마커를 개발은 앞으로의 양배추 신품종보호에 있어 크게 활용될 수 있을 것이라고 판단된다.

#### (나) 분자마커를 이용한 *B. oleracea*의 연관 지도 작성

Slocum 등 (1990)은 *B. oleracea*의 9개 연관그룹 안에 배열된 258 RFLP 마커들을 포함하여, 820cM의 길이로 커버된 세부적인 지도를 만들었다. RFLP 마커들이 탐지한 복제부분들은 다른 연관그룹들에 위치되거나 같은 연관그룹 안에 직렬 복제 지역으로 조직화되어 있다. 연관그룹들 내에 유전자좌 순서는 복제 지역 안에 몇몇 재정렬이 관찰되었음에도 불구하고 비교적 높은 수준의 colinearity를 나타냈다. 이들 결과는 *B. oleracea* 유전체 안에 복제 영역의 존재를 나타내는, 이전의 cytological 결과를 뒷받침했다. 일련의 monosomic 외부 염색체가 추가된 *B. oleracea*의 형태, 동위효소, RFLP 마커의 분석이 되었고, 이 분석으로부터 얻은 초기 분자마커 연구 결과들은 높은 수준의 유전자 복제를 나타내었다(McGrath et al. 1990). 추가적으로 두 개의 parental accessions안에 insertion나 deletion같은 몇몇 재정렬들도 탐지했다("Packman" broccoli와 "Wisconsin Golden Acres" cabbage). 이 결과는 폭넓은 Brassica accessions에서 확인되었다. 선별된 재정렬과 염색체 restructuring은 *B. oleracea*가 진화하는 동안 이루어져왔고, 이는 유전자 진화와 선별적인 유전자 발현을

위한 기초적인 기작으로 여겨진다(Ohno 1970). 동일한 F2 mapping 집단을 사용하여, Kennard 등 (1994)은 *B. oleracea* 유전체에서 leaf dimensions, heading habit, internode distance, flower development location과 22개 형태적 특성의 차이를 분석하였다. 이 집단 안에서 더 초기에 작성된 유전자 지도의 RFLP 마커를 사용하여 Slocum 등 (1990)은 분석된 형태적 특성을 조절하는 대부분의 주요 유전자와 많은 minor 유전자들을 탐지하였다. 그들은 또한 이전의 분석에서 선별된 복제 마커와 그들을 비교하여 형질 유전자좌의 복제 가능성을 관찰했다(Slocum 등 1990). 그러나, 형태적 형질을 조절하는 유전자좌와 그 pairs 복제 유전자좌 사이의 차별적인 associations은 관찰하지 못했다. Kianian과 Quiros(1992a, 1992b)는 4개의 다른 집단들을 기초로한 *B. oleracea* composite 유전자 지도를 만들어냈다. 이들 4개의 component 유전자 지도는 *B. oleracea* 유전체의 유전자좌, 조직, rRNA 서열의 homologous, napin, cruciferin, self-incompatibility, isocitrate lyase, malate synthase 포함하는 다중 유전자 그룹의 변화 등이 분석되었다(Kianian and Quiros 1992b). 같은 유전자좌의 존재는 이들 집단에서 segregating data의 비교 및 chromosomal aberrations를 나타낼 수 있게 했다. 유사한 *B. oleracea*의 또 다른 유전자 지도는 Plasmodiophora brassicae race 2에 저항성을 가진 배추 계통 사이의 cross를 기초로 하였고, rapid cycling line도 개발되었다(Landry 등 1992). 이 유전자 지도는 leaf morphology와 biennial flowering을 조절하는 유전자를 포함하여 201 유전자좌로 구성되었고, 전체 1,112cM의 유전적 길이에 해당되었다. 더욱이, 뿌리혹병 race 2에 대한 저항성인 두개의 우성 QTLs이 탐지되었다. 이 지도는 Cheung 등 (1997)에 의해 경신되었다. 그들은 136 마커 유전자좌를 추가하여, 이전 지도의 유전자좌 310개를 포함하여 총 유전적 길이 1,606cM의 9개 연관그룹 및 4개의 작은그룹들로 정렬하였다. 이전의 *B. oleracea* 유전자 지도들과 비교하였을 때, *B. oleracea* 유전체 organization에서 추가적인 정보를 제공하면서 더 많은 마커들과 함께 가장 긴 길이에 해당한다. 이 지도는 *B. oleracea*와 *B. napus*의 C genome 사이의 homoeology를 나타내고 있는 *B. napus* 유전자 지도와 비교된다.

또한 *B. oleracea* 다른 몇몇의 고밀도 유전자 지도는 다른 mapping 집단과 다른 마커들을 이용하여 개발되었다(Babula 등. 2007). Bohuon 등 (1996)은 highly polymorphic DH 집단을 사용하여 167 informative probes에 상응하는 303 RFLP 유전자좌와 함께 *B. oleracea* 유전자 지도를 만들어냈다. 이들 유전자좌는 염색체들의 9개의 pairs에 상응하는 9개 연관그룹들 안에 나누어지고, 875cM의 유전적 길이에 해당한다. 이들 probes중에서, 자연적 *B. oleracea* 유전체의 복제를 확인하면서 하나의 polymorphic 유전자좌보다 54%만큼 더 탐지되었다. 각각의 연관그룹은 염색체 arms에 관계되어 향하게 되고 *B. napus*의 연관그룹들의 상응에 따라 번호가 매겨졌다(Parkin 등 1995). *B. oleracea* 와 *B. napus*의 연관지도를 구축하는 동안 RFLP

probes의 같은 세트를 사용하게 때문에, C genome의 구조는 이들 종들 사이에서 비교 되어질 수 있다. mapping 집단 각각의 부모본은 Bohuon 등 (1996)에 의해 고안되어, 전체 유전체를 이루고 있는 recombinant backcross lines의 library construct에 사용되어왔다(Ramsay 등 1996). BC<sub>1</sub> 세대에서의 연관분석은 9개의 연관그룹들에서 배열되었고 747cM의 유전적 간격에 해당되는 138 마커들의 탐지가 수행되었다. 이 작업은 마커-연계 선발과 QTLs 위치의 recombinant backcross lines을 사용하여 설명된다. Camargo 등 (1997)는 self-incompatibility (SI)을 조절하는 single 유전자좌들의 위치를 정하기 위해, RFLP와 RAPD 마커들을 기초로 하여 *B. oleracea*의 유전자 지도를 만들었다. 그 유전자 지도는 159 유전자좌를 포함하고 921cM의 유전적 길이를 나타낸다. single SI 유전자좌들은 연관그룹 2에 지도화 되어져왔다. 더 일찍이, 비록 SI에 해당하는 유전자좌들은 없었지만, 같은 SLG6 probe을 사용한 3개의 연관된 유전자좌가 탐지되었다(Kianian과 Quiros 1992a). single 유전자좌들의 존재는 one parent에 의한 pollinating을 연구했던 집단각각의 SI 반응분석에 의해 확인되어져왔다.

개발된 고밀도 유전자 지도에 다른 실험을 통해 추가된 마커로 지도가 확장되었다. 예를 들면 Saal에 의한 마커인데, *B. oleracea*의 현존하는 유전자 지도에 31 SSR 마커들을 더했다. 이전의 이 SSR 마커들은 *B. napus* 유전체 중 C genome에 특이적으로 식별되었다. 두 종에 존재하는 이 SSR 마커들은 그들의 *B. oleracea* 유전자 지도 작성에 있어, 유채 SSR 마커들이 유용한지를 시험할 수 있도록 한다.

전체 *A. thaliana* 유전체 서열의 이용도는 Brassica species 서열정보로의 변환을 좀 더 쉽게 한다. 그 정보는 Brassica species의 자세한 연결 지도의 구조에 사용되었다. Lan 등 (2000)과 Babula 등의 연구와 같이 *A. thaliana* ESTs 또는 cDNAs에서 대응하는 알려진 유전자들로부터 얻어진 RFLP마커들을 기초로 이 지도가 작성되었다. *B. oleracea*과 *A. thaliana*사이의 chromosomal colinearity 패턴의 정의는 두 종에서 제작된 유전자 지도의 비교분석으로 수행되었다.

Babula는 현존하는 *B. oleracea* 유전자 지도에 95 *A. thaliana* EST probes에 상응하는 212 유전자좌를 더했다. 9cM의 평균 유전자좌 밀도를 가지고 1,806cM의 유전체 거리를 작성했다.

최근에 *A. thaliana* EST와 cDNA clones에 상응하는 유전자좌 그룹이 더해져서 유전자 지도가 풍부해졌다. 이 유전자 지도는 160 *A. thaliana* probes에 상응하는 306 유전자좌와 855cM의 유전적 거리를 포함한다. 현재 이 유전자 지도는 *B. oleracea*의 reference map과 함께 40개 이상의 SSR 마커들이 추가되어 있다(Sebastian 등. 2000, D. Babula-Skowronska. 미발표). *B. oleracea*의 가장 높은 밀도의 유전자 지도는 Sebastian와 Gao에 의해 만들어졌다. 그들에 의해 처음 발표된 *B. oleracea*의 consensus 지도는 547 마커들을 포함하고, 전체 유전자 지도에서 893cM를 커버한다.

이 지도는 두 개의 다른 DH mapping 집단들 자료의 통합으로 만들어졌다. Chinese kale x calabrese (BoLAGDH map)과 cauliflower x Brussels (BoINGDHmap) BoLAGDH 유전자 지도는 Bohuon에 의해 연구된 것으로부터 적용된다. 그리고 AFLP와 SSR 마커들로 추가되었고, 3cM 유전자좌 간격과 433 마커들로 889cM를 포함한다. BoINGDH map은 G. King's group에 의해 만들어졌다. 이것은 4.7cM의 평균적 유전자좌 간격과 223 마커들로 831cM의 유전적 거리를 포함된다. 또한 각각의 연계 그룹은 FISH기법을 이용하여 각각 염색체의 물리적 지도에 할당되었다. 이 지도는 세부적인 연구를 위한 다른 실험실에도 적용된다. 예를 들면 Ryder는 *A. thaliana* 유전체에서 상응하는 서열과 O3와 O6 연계그룹 내에 *B. oleracea* 유전체 organization 분석을 수행했다. 선발된 지역은 sporophytic self-incompatibility 유전자좌들 S, MADS box transcription factors BoAP1 및 BoCAL과 같이 중요한 유전자들의 마커들을 포함한다. *B. oleracea* 연관그룹 O6 와 *A. thaliana* BAC map 유전자좌의 비교 분석을 통하여 본 유전자좌들 복제는 종간의 colinearity의 증거이다. 대부분 모든 마커 유전자좌는 single orthologous 유전자좌 on the *A. thaliana* 염색체 1은 A 영역 내에 연관그룹 O6 에 상응한다. 그러나 B 영역에서는 A 영역과 역으로 paralog가 나타난다. 반면에 연관그룹 O3에서 발견되었던 영역의 내부의 복제증거가 없었다. 최근에 Gao에 의해 *B. oleracea*를 위한 가장 고밀도 유전자 지도가 완성되었다. 이 지도는 교차된 9개 연관 그룹에 분배된 1,257 마커들이 포함되며 길이는 703cM이다. 각각 연계그룹은 FISH를 이용한 각각의 염색체와 *A. thaliana*의 염색체가 지정된다. 또한 SSR 마커들을 기초로 한 이 지도는 *B. oleracea*의 reference map으로 지정되었다. glucosinolate pathway에서 포함된 유전자들의 presence 때문에 cotyledon stage에 downy mildew와 inflorescence 발달에 저항성을 가지고 있으며, 이것은 마커-연계 선발에 유용하다. 특별히 관심을 가질 수 있는 그룹으로, cotyledon stage에 downy mildew resistance에 연관된BoGSL-ELONG를 포함한 BoLG2와 aliphatic glucosinolates의 side chain modification과 연관된 AOP gene family members를 포함한 BoLG9가 있다.

## 제 2 장 연구개발수행 내용 및 범위

### 제 1 절 연구수행방법

본 연구에서는 중국 수출용 초극조생계 원형양배추 및 월동형 원형 만생계 또는 편형계를 육성하기 위해 매년 그림 1과 같은 주기로 품종육성을 위한 시험을 실시하였다.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
봄 시험		●	♣	---	■■■							
월동 시험	■■■	■■■	■■■	■■■				●	♣	---	---	■■■
가을 시험							●	♣	---	■■■	■■■	
교배 작성	---	XXX	XXX	XXX	X		●	---	---	---	♣	---
채종 시험	---	---	♣	XXX	XXX			●	---	---	---	---

그림 1. 양배추 월별 품종육성 주기도(●: 파종, ♣: 정식, X: 교배, ■: 수확)

#### 1. 봄시험

봄 시험은 2월 중순경 연구소에 파종, 3월 하순에 노지에 정식한 후 5월 초순부터 초극조생계 및 극조생계에 대한 조사를 실시하였으며, 6월 중순부터 7월 초순까지 월동형 중생계 및 만생계 품종들의 봄 재배가능성을 아울러 조사하였다. 조사항목으로는 기본적으로 숙기, 엽색, 구색, 구중, 구고, 구폭, 내심장(core length) 및 내심율 (내심장/구고: 내심율이 낮을수록 우수한 품종임), 구 건조도, 포장저장성(열피 및열구정도), 순도, 내병성, 저온신장성 등을 조사하였다. 선발 시에는 중국 시장현황을 자세히 알고 있으며 많은 수입종을 취급하고 있는 중국 북경 소재의 주얼리 종묘 사장과 북경 현대종묘 최 민 부장 등을 초대하여 선발을 실시하였고 아울러 중국 수출 가능성을 타진하기도 하였다(그림 2 A) 초극조생 품종선발을 위한 중국 시험은 주로 북경인근의 화내 종묘(중국 내에서 원형계 초극조생 및 극조생 품종을 포함한 각종 양배추 품종을 가장 많이 수입하여 취급하고 있는 회사중의 하나임) 육성포장을 3년에 걸쳐 임대하여 실시하였

고 (그림 3 A) 아울러 이른 봄 하우스에서부터 노지에 걸쳐 초극조생종 품종이 나 극조생 품종이 재배되고 있는 폴란드, 헝가리 및 우크라이나(그림 4)를 비롯한 러시아연방에서도 국내에서 선발된 품종들을 위주로 연락시험을 실시하였다.

## 2. 가을 및 월동시험

매년 가을시험을 위해 7월 25일- 7월 28일을 전후하여 당년 새로이 작성된 교배조합들을 하우스에 대비품종들과 함께 파종하였으며, 8월 20일-8월 25일경 당 연구소의 시험포장을 이용하여 정식한 후, 10월 초부터 11월 중하순까지 F1과 모본의 주요특성을 조사하였다. 조사항목은 봄 시험과 동일하게 전체 식물체의 순도, 숙기, 식물체 크기, 구중, 구고, 구폭, 내심장 및 내심율 등을 조사 하였으며 나아가 일주일 간격으로 열구정도를 조사하였다.

월동시험은 연구소의 환경이 월동에 부적절한 관계로 국내 제주도 월동양배추 주산지를 선정 매년 임대하여 실시하였고(그림 2 B) 또한 제주도 내 양배추 시장 현황을 잘 알면서 시장에 종자를 공급하고 있는 흥농종묘 대정농약사 사장인 이 영 수 씨의 자문을 받아 우수 조합을 선발하였다. 중국현지 월동 연락시험은 월동형 편형계를 선호하는 호북성 무한지역과 (그림 3 B) 하남성 남단의 월동형 원형계 및 편형계 재배지역인 신야 포장(그림 3 C)을 임대하여 실시 하였다. 이 시험을 위해서는 연구소에서 11월 중순까지 월동용으로 부합되는 예비조합을 일단 선발하여 새로이 작성한 유망조합과 함께 이듬해 8월 초순에 국내의 제주도 및 중국 무한, 신야 지역의 토지를 임대하여 파종, 12월 중순경 1차 조사를 실시하였고 나아가 월동력 및 구색을 조사하기 위한 최종조사는 3월 하순(중국) 및 4월 중순(제주)에 실시하여 그 월동가능성을 조사하였다.



그림 2. (A)당 연구소 시험전경 및 선발 (좌: 중국 슈얼리 종묘 사장, 우: 북경 현대종묘 최민 부장), (B)제주 월동시험 전경





그림 3. (A)중국 북경 화내종묘 연락시험포장, (B)중국 호북성 무한 월동 연락시험 전경, (C)중국 하남성 신야 월동시험 조사전경



그림 4. (A)우크라이나 연락시험포장, (B)헝가리 연락시험포장 전경

### 3. 교배조합 작성

익년 교배조합을 작성하기 위한 모본 선발은 가을시험과 같이 7월 25일 전후로 파종하여 11월 중순까지 그 특성을 조사한 뒤 육성목적에 부합되는 개체들을 선발하여 포트에 이식한 후 하우스에서 야간 난방을 실시하여 월동 하였다. 이들 개체들은 2월 중순부터 5월 초순까지 추대개화 하는 데 하우스 내에서 초극조생계 및 극조생계, 월동형 중생계~만생계 조합을 인공수정하여 시험에 필요한 종자를 획득하였다. 종자 조제시에는 새로이 만들어진 조합의 임성(수분화당 종자수)을 조사하였고 또한 조합작성에 사용된 계통들에 대해 개화수분 및 너수분, 형매교잡 등을 통하여 자가불화합 정도를 조사하였으며 기 보유한 옹성불임계통에 여교잡하여 옹성불임계통을 육성하였다.

### 4. 연락시험용 종자생산 및 시제품생산

선발된 조합의 해외 연락시험용 종자를 생산하기 위해 양친들을 8월 중순에 하우스에 파종, 3월 중순까지 하우스에서 무가온으로 저온처리 한 후 3월 중순이 후에 소규모 망실 하우스에 정식하였다. 4월중하순부터 망실하우스에 임대한 벌들 주입하여 수분 하였다. 종자가 생산되는 7월 중순까지 양친의 개화시기, 개화기간, 개화기차이, 화지의 길이 및 전개정도, 주당생산량 등을 조사하였다. 아울러 시제품 생산을 위한 원종증식을 인공증식과 함께 망실하우스에서 CO<sub>2</sub> 가스를 매일 오후 6시경부터 2시간 처리하여 별도로 증식하였다.

해외 연락시험 결과 성적이 우수하여 주문을 받은 품종들은 당 회사의 이태리, 칠레, 인도, 중국, 미국 등 채종기지를 통하여 또한 이태리의 전문 채종회사를 통하여 채종중에 있거나 채종을 완료하였다.

표 1. 연구범위 및 연구수행 방법

연구범위	연구수행방법	구체적인 내용
육성목표에 부합되는 유전자원 수집	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 중국 현지 거래처 의뢰</li> <li>• 해외 현지 출장</li> <li>• 유전자 은행 활용</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 중국 현지 거래처인 북경 현대종묘, 쥬얼리종묘, 화내 종묘 등에 의뢰하여 주로 중국 현지에서 재배되는 품종들에 대한 종자를 수집하였으며 아울러 중국을 비롯한 해외 지역을 출장, 현지 대리점이나 거래처 등을 통하여 숙기가 극히 빠른 품종들과 만생계 품종들을 53개 품종을 수집하여 육성재료로 사용하였음.</li> </ul>
수집된 유전자원의 특성 파악	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 구형, 숙기, 품질, 열구 등 제반특성을 파악</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 매년 그림 1과 같이 가을차검 및 봄차검을 실시하여 그 특성을 파악함.</li> <li>• 제주지역 및 중국현지 무한 및 신야 월동시험에는 주로 월동형 품종을 매년 시험에 추가하여 조사함</li> </ul>
우수한 특성을 가진 계통들을 통하여 F1 조합작성	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 육성재료에 대한 불화합성 검정</li> <li>• 육성목표에 부합되는 F1 조합작성</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 매년 순도가 고정되고 육성목적에 부합되는 모본들을 선발, 월동시킨 후 하우스내 인공교잡을 실시함</li> <li>• 초극조생계 조합으로 간주되는 조합으로 연간 70여 조합을 작성</li> <li>• 월동용 조합으로는 연간 60여 조합을 작성</li> <li>• 이들 조합에 대한 종자는 6월중 조제하여 계통들에 대한 불화합 정도와 조합임성을 조사함. 아울러 안정된 생산을 위해 융성불임계 육성을 위해 여교잡함</li> </ul>
우수 조합 선발	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 연구소, 제주시험포, 중국 현지 시험포를 활용하여 우수조합 선발</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 조합능력검정은 연구소 가을시험(10월 17일, 10월 25일, 11월 3일, 11월 12일, 11월 25일에 걸쳐 총 5차의 수량조사) 및 봄시험 실시 조사</li> <li>• 북경인근의 화내종묘 육성포장과 하북성 남쪽의 쥬얼리 현대육성농장 등 중국현지의 2개 지역에서 봄 가을시험을 실시 후 조사 선발</li> <li>• 중국 무한, 신야에서 월동시험 실시(1월 25, 3월 25일 조사)</li> <li>• 제주도 남제주군 상모리에서 월동시험 실시(12월-4월 조사)</li> </ul>
우수 조합생산	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 육성목표에 부합되는 조합의 시판용 종자생산</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 2007년부터 2010년까지 매년 선발결과를 토대로 우수한 조합의 종자를 인도, 중국, 칠레, 이태리 등 당 회사 채종포 및 현지전문 생산회사를 통하여 생산함</li> </ul>
분자마커 개발	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 육성 재료에 대한 기초분자마커 선별</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 양배추 육종시 조합작성에 주로 사용되어진 다양한 계통을 구분할 수 있는 분자 마커 탐색을 위해 SSR 마커, IBP 마커 등을 개발하고, 이를 이용한 품종구분가능성을 탐색하고, 유전자지도를 작성하도록 함</li> </ul>

## 제 2 절 연구수행을 위한 재료

### 1. 유전자원 수집 및 특성파악

수집된 유전자원의 내역과 간략한 특성들을 표 2에 정리하였다. 수집된 유전자원은 본 연구사업의 목표인 초극조생 및 월동계 품종육성을 위한 재료로 사용되었으며 아울러 새로이 육성된 조합들의 경쟁력을 비교 조사하기 위한 대비품종으로 사용되었다.

표 2. 유전자원 수집내역 및 특성

회 사 명(출처)	품 종 명	품 종 특 성
사까다	Conquistador	만생 편원형계, 대엽
Jewelry	8398	초극조생, 포장저장성약
세미니스	005-087	극만생계, 유럽형원형계
세미니스	Armon (RS13029)	극만생계, 유럽형원형계
세미니스	Beltis	극만생계, 유럽형원형계
세미니스	005-086	극만생계, 유럽형원형계
세미니스	005-085	극만생계, 유럽형원형계
세미니스	Rocket	중생계, 포장저장성강, 유럽형
Snow	YR초미 636	축면, 환편형 중만생
황청하	아치	대엽, 만생계, 환편형
Jewelry	철구3호	조생계 저장성, 내서성강
다끼이	호월	중만생계, 환편형, 저장성강
사까다	지몽	만생계, 편원형, 내한성강
도끼다	Purple Brier(자미2호)	중만생계, 저장성, 내한성강
Bejo	Megaton	중만생원형계, 유럽형, 저장성강
Bejo	Almanac	만생원형계, 유럽형, 저장성강
Bejo	1038 (Gideon)	만생원형계, 유럽형, 중국재배용
Bejo	1039 (Ramada)	만생원형계, 유럽형, 중국재배용
May	Moster	중생 원형계, 저장성강
May	Astronos	적색 엽폭단, 만생계
Nikerson Zwaan	Royale	적색, 중만생
피구	녹풍	편원형, 조생계, 내서성
도끼다	New star cross(NS-X)	중만생계, 외엽대, 환편형
채흥리	관군	환편형, 농록, 대구, 열구조
Bejo	1019	중만생, 원형중구, 저장성강
신젠타	Resistor	극조(조)생계, 중대구, 긴도강

회 사 명(출처)	품 종 명	품 종 특 성
Jewelry	M-three	편(편원)형, 내한성강,
중국농과원	중감17호	극조생, 광택, 저장성중약
화내	선봉	중조생, 내서성, 저장성강
중국농과원	중감21호	초극조생, 외엽단, 저장성약
정전	KAG-703	중생, 원형, 저장성강
세미니스	Columbia	중조생, 원형, 광택녹색
Jewelry	보석	중조생,저장성, 내서성강
US AGRIS	Samson102	조생, 내서성, 내심장단
화내	백혜	중조생, 내서성, 원형
Ujitsu	춘풍급조	초극조생, 원형, 저장성중
천화	진보	조생, 원형, 내서성강
노자키	휴우노보리	만생월동형, 편원형, 중구
노자키	나츠노조미	중생, 편원형, 내서성강
노자키	휴우마도카	만생월동형, 편형
형태 대력	금강	극조생, 원형, 외엽단
형태 대력	춘조 40	초극조생, 원형, 저장성약
형태 대력	급조 38	초극조생, 원형, 저장성약
형태시 연구소	금춘조풍	초극조생, 원형, 저장성약
형태시 연구소	거풍	조생, 편형 대구, 내서성강
사까다	Nozomi (희망)	조(극조), 원형고구, 저장성강
청도	QZ2호	초극조생, 소구, 암녹색
Clover	상장	초극조생, 소구, 암녹색
다끼이	천기급조	초극조생, 원형, 저장성중
Jewelry	쌍미	극조생, 원형중구, 저장성중
Jewelry	중감11호	초극조생, 원형중대구, 저장성중
상해시종자공사	춘풍	조생, 원추형, 열구조 중대구
도끼다	우심	조생, 원추형, 중소구,저장성강

## 2. 육성재료 및 교배작성

기존 당 연구기관이 보유하고 있는 초극조생종을 위한 재료로서 20가지 계통을, 월동형 품종육성을 위한 재료로서는 25계통을 목표로 하는 품종육성을 위한 재료로 주로 사용하였다. 기 보유 45계통과 상기 가에서 새로이 수집되어 육성된 재료들과의 교잡을 실시하였는데, 연간 초극조생 조합으로는 평균 70 조합을 작성하였고 월동형 원형 만생계를 위해서는 20개 조합, 월동형 중생계, 중만생계, 만생계 품종을 육성하기 위해 40여 조합, 총 60여 조합을 작성하였다.

### 3. 분자마커 개발

#### 가. 식물재료

뉴넬종묘에서 분양받은 양배추 계통, 품종, 및 배추좁나방 저항성 품종(DS)와 감수성 품종(CT)을 이용하여 만든 F<sub>2</sub> 맵핑 집단을 이용하였으며, F<sub>2</sub> 집단은 총 50계통으로 구성되어있다. 각각의 식물체의 어린잎을 DNA 추출 전까지 동결 건조하여 -76°C에 보관하였다.

#### 나. 양배추 재료로부터 Genomic DNA의 추출

각각의 계통 및 F<sub>1</sub>품종, 그리고 배추좁나방관련 유전집단의 50개의 F<sub>2</sub> 식물체와 부·모본의 식물 조직을 25-50mg 채취하여 동결건조하고 액체 질소 하에서 고운 가루가 되도록 갈아 각각 1.5ml micro centrifuge 튜브에 옮긴다. DNA는 일반적인 Genomic DNA Extraction Kit Protocol (RBC Real Biotech Corp)에 따라 추출되었고, 200 $\mu$ l의 Elution 버퍼를 이용하여 녹였다. DNA의 품질은 0.8%의 agarose gel에서 25ng의 자르지 않은  $\lambda$  DNA와 함께 영동하여 확인하였다. 각각의 시료의 DNA 품질은 UV 광에서 나타나는 형광의 정도를 자르지 않은  $\lambda$  DNA band의 형광의 정도와 비교하여 결정하였다. DNA의 농도는 260nm의 UV 흡광도를 spectrophotometer로 측정하여 결정하였다. DNA 농도는 PCR반응에 사용되도록 크게 차이가 나지 않도록 5 혹은 10ng/ $\mu$ l로 희석하여 등분하였다.

#### 다. SSR 마커 개발

##### (1) 서열 정보

SSR 마커개발을 위한 SSR 반복염기서열은 Multinational Brassica Genome Project(MBGP)를 통하여 염기서열 분석이 진행중인 배추내훈계 'Chiifu 201-42'에서 개발된 KBrH와 KBrB 라이브러리의 BAC 말단 서열 정보로부터 확인되었다. 이 연구에 사용된 Primer의 서열 data 일부는 최 등(2007)에 의해 보고된 바 있다.

##### (2) PCR 증폭 반응

DNA 증폭은 10 $\mu$ l의 반응 조성물로 진행되었다. 그 조성은 0.1unit의 Taq polymerase, 각각 0.5 $\mu$ M의 Primer, 250 $\mu$ M의 dNTP 혼합용액(각 2.5mM), 2.0mM의 MgCl<sub>2</sub>, 1 $\mu$ l의 10X PCR 버퍼, 10-15ng의 genomic DNA(template)로 하였다.

### (3) PCR 반응 조건 및 Gel 전기영동

PCR은 35반복의 다음과 같은 조건으로 수행되었다. DNA 변성 단계 94°C에서 45초간, annealing 단계에서는 각 primer별 적정온도에서 45초간, 신장 단계 72°C에서 45초간, 최종 신장 단계 72°C에서 7분간으로 하였다. PCR은 Perkin Elmer 9700 thermal cycler를 이용하여 진행하였다. PCR 증폭 산물의 농도가 낮을 경우 annealing 온도를 낮추거나 PCR 반응의 반복은 40회로 증가시켰다. PCR 증폭 산물의 농도가 높을 경우 annealing 온도를 Tm보다 높게 증가시켰다. PCR 증폭산물은 다형성을 시각화하기 위하여 6% polyacrylamide gel상에서 1,700 V 로 3시간 30분간 전기영동한 후 시판되는 은염색 키트(제조원, 한국 바이오니아사 제품)를 사용하여 DNA 밴드를 염색하고, 유리판상의 겔을 실온에서 2시간 건조시킨 후 이미지 스캐너로 gel을 스캐닝하여 이미지 파일로 전환하여 분석에 사용한다.

### (4) 데이터 분석

육종된 양배추 품종에 대한 유전적 유사도는 NTSYSpc 프로그램(Rohlf 1993)을 이용하여 simple matching 방법(Sneath 와 Sokal 1973)에 의해 산출하고 이 값을 근거로 하여 비가중산술방식(UPGMA; unweighted pair group method using arithmetic average)을 이용하여 집괴분석(cluster analysis)을 한다.

## 라. IBP 마커 개발

### (1) 서열 정보

물리적으로 대략 100 - 200 kb정도 길이에 위치한 Arabidopsis (At)의 단일 복사본 유전자의 인트론 서열로부터 PCR Primer가 디자인되었다. 경우에 따라 큰 유전지역에서 단일 복사본 유전자가 없다면 다중 복사본 유전자 지역에서 디자인되었다. 이번 연구에 사용된 인트론의 짧은 프라이머의 서열 데이터는 Panjabi 등(2008)의 결과를 이용하였다.

### (2) PCR증폭 반응

DNA 증폭은 10 $\mu$ l의 반응 조성물로 진행되었다. 그 조성은 0.1unit의 Taq polymerase, 각각 0.5 $\mu$ M의 Primer, 250 $\mu$ M의 dNTP 혼합용액(각 2.5mM), 2.0mM의 MgCl<sub>2</sub>, 1 $\mu$ l의 10X PCR 버퍼, 10-15ng의 genomic DNA(template)를 이용하였다.

### (3) PCR 반응 조건 및 Gel 전기영동

PCR은 35반복의 다음과 같은 조건으로 수행되었다. DNA 변성 단계 94°C에서 45초간, annealing단계 55°C에서 45초간, 신장 단계 72°C에서 60초간, 최종 신장 단계 72°C에서 7분간. PCR은 Perkin Elmer 9700 thermal cycler를 이용하여 진행하였다. PCR 증폭 후 산물은 2% agarose gel에서 영동되어 EtBR로 염색되었다. 부,모본 사이에 Scoring을 할 수 있을 정도의 다형성을 나타내지 않은 Primer 쌍은 4% PAGE gel에서 다시 영동되었다.

#### 마. 유전적 연관 지도 분석

배추좁나방 저항성(DS)과 감수성(CT) 부,모본 계통과 그들에게서 분리된 50개의 F<sub>2</sub> 집단이 유전 지도 작성에 사용되었다. 마커는 genotype된 부,모본 계통 사이의 다형성을 나타낸다. 연관 분석과 지도 작성은 JoinMap version 4.0 (Stam 1993; Van Ooijen and Voorrips, 2001)를 사용하여 수행하였다. 연관 그룹은 LOD grouping 경계 범위 3.0~4.0으로 실행하였고, LG01~LG11으로 할당되었다. 재조합 빈도는 Kosambi의 방법인 지도 거리 계산법을 사용하여 centiMorgans (cM)으로 변환되었다.



## 제 3 장 연구개발결과

### 제 1 절 초극조생계 및 극조생계 선발

#### 1. 초극조생 및 극조생계 국내 시험결과

연구소에서 초극조생 또는 극조생 품종을 육성하기 위하여 새로이 육성된 75개 조합과 ‘8398’, ‘중감11호’ 등을 포함한 대비종 15개 품종을 7월 27일 파종, 8월 25일 정식하여 10월 10일 조사한 초극조생계 시험결과는 표 2와 같으며, ‘18’, ‘21’조합이 숙기가 대비품종인 8398(중국농과원육성)과 숙기가 거의 동일하거나 약간 늦은 조합으로 간주되어 선발하였다. 또한 숙기가 상기 두 조합보다는 3-4일 정도 늦은 조합으로는 ‘24’, ‘58’ 등 2개 조합을 선발하였다. 이들 초극조생-극조생 4 조합은 본 연구에서 가장 주안점을 둔 포장저장성, 구 순도 및 구의 녹색발현 등이 공히 대비품종에 비해 우수하여 선발하였다. 선발된 4개 조합과 예비선발조합 ‘13’, ‘56’, ‘89’ 등과 함께 대비종 품종들의 주요특성을 표 3에 정리하였다.

#### 가. ‘18’

선발조합 ‘18’은 외엽이 두꺼우면서 외엽의 녹색이 진한 편으로(그림 5) 구 크기는 15cm 정도의 중소구 조합이며 숙기가 43일-45일 정도로 ‘8398’보다 3-5일 늦으나 ‘중감11호’에 비해서는 3-5일 빠른 결과를 보였다. 구중에서는 ‘8398’에 비해 숙기가 다소 늦은 관계로 떨어졌으나 ‘중감11호’에 비해서는 나은 결과를 나타냈다. 최근 중국내 봄작형 및 가을작형에서 정식 후 60일 내외의 숙기를 보이면서 구 색이 녹색인 장점으로 수출되고 있는 농우종묘의 ‘녹구(Green Globe)’에 비해서는 숙기가 약 15일 정도 빠른 성적을 보였다(그림 6). 구 내부 건조도가 강하고 포장저장성이 ‘8398’에 비해 우수하였으며(‘8398’: 수확기 이후 3일 정도에 열피가 발현됨, ‘18’: 수확기 이후 7일 정도에 열피발현 개시) 구 밑둥까지도 녹색이 비교적 진하였고 광택이 있어 중국현지 소비자의 기호에 부합되는 조합으로 간주되었다. 본 조합은 ‘Nun 0137’로 coding하여 수출용 종자를 생산중에 있다.



그림 5. 선발조합 '18'의 구내부, 입모 사진. 초극조생 선발조합으로 구색이 좋고 외엽이 두꺼운 편이며 정원형에 가까운 조합임.



그림 6. 대비품종인 농우농묘의 '녹구'(좌)와 선발조합 '18'의 비교사진. '18'의 수확기가 '녹구'에 비해 월등히 빠름을 알 수 있음

#### 나. '21'

선발조합 '21'(그림 7)은 구 크기가 15.5cm 정도로 선발조합 '18'과 같이 중소 구 원형조합이며 특히 광택이 있는 녹색계 조합으로 구의 납질이 거의 없고 구 형은 거의 구고와 구폭이 동일한 정원형의 구를 보였다. 숙기는 정식 후 45-47 일 정도로 대비종인 '8398'에 비해서는 약 5일 정도 늦은 편이나 '중감11호'에 비해서는 거의 유사하였다. 열피 개시기가 '8398'에 비해 10일 정도, '중감11호'에 비해서는 5일 정도가 늦어 포장저장성이 극히 우수하였다. 본 조합역시 금 후 판매종자를 생산하기 위해 'Nun 11001'로 자체 coding 하였다.



그림 7. 선발조합 21의 구색, 구형 및 내부. 구형이 정원형이며 녹색이 진함을 알 수 있음

#### 다. '24'

선발조합 '24'는 원형 극조생계-초극조생계 입성으로 자라면서 엽이 두꺼운 조합으로 선발조합 들 중에서 가장 녹색이 진하고 광택이 좋은 조합이다. 숙기는 47일 정도로 '8398'에 비해 약 일주일정도 늦은 편이나 '중감11호'와는 거의 유사하였으며 사까다 종묘의 'Nozomi'에 비해서는 약 1주일 정도 빠른 숙기를 보였다. 구 크기는 '18', '24'와 거의 동일하였으나 저장성은 적기 수확 후 15일 내지 20일 이후에도 수확할 수 있어(그림 8 B) 대비종인 '8398'의 3일정도의 저장성이나 선발조합 '18'의 5일 내지 일주일에 비해 월등히 강하였다. 본 조합은 현재 판매종자를 생산중에 있으며 'Nun 11001'로 자체 coding 하였다.



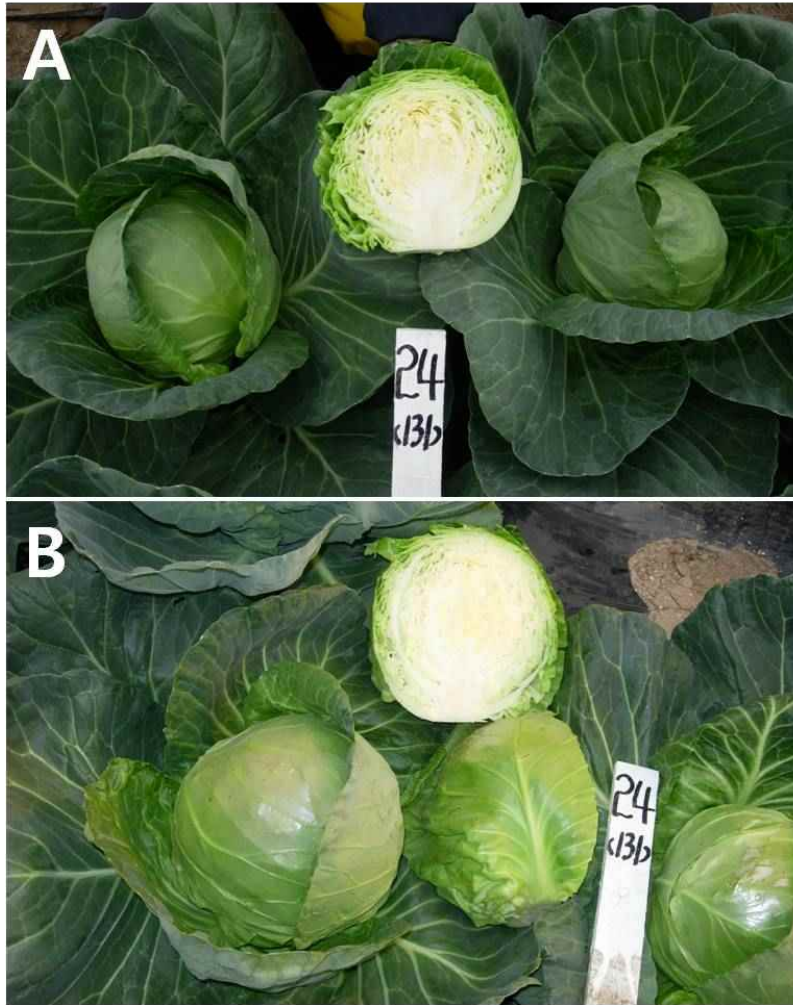


그림 8. 적기 수확일(A)로부터 15-20일 경과된 이후(B)의 선발조합 '24'. 포장저장력이 매우 뛰어나며 녹색이 구 하부까지 잘 착색되고 또한 광택이 뛰어난 것을 알 수 있다.

라. '58'

선발조합 '58'(그림 9)은 선발조합 '24'조합과 같이 숙기가 '8398'에 비해 일주일 정도 늦은 편이나 '중감11호'와는 거의 유사하였으며, 'Nozomi', '녹구(농우종묘)' 등에 비해서는 각각 7-10일, 10-15일 빠른 조합이다. 구색 또한 녹색이 진하면서 광택이 비교적 우수하고 포장저장성 또한 우수 하였다. 특히 선발조합 '58'은 '8398'과 같이 적기수확 시기에 구 크기가 커 초극생종이나 극조생종으로 큰 구를 선호하는 중국시장에 적합한 조합으로 사료되었다. 초자는 입성으로 외엽의 녹색이 진하고 구형은 원형에 가까우며 내심율은 41% 정도로 아주 낮은 편은 아니었으나 '중감11호'의 51.5%에 비해서는 낮았다. 본 조합은 현재 판매종자를 생산중에 있으며 'Nun 11001'로 자체 coding 하였다.



그림 9. 선발조합 '58' 엽색이 녹색으로 진하고 구  
하부까지 녹색이 진 하였음

#### 마. 기타 예비선발 조합

예비 선발조합 '13'은 원형 중구 초극조생종으로 숙기가 40-42일 정도로 '8398'과 거의 동일하며 구중 또한 1300gr 정도로 '8398'과 거의 대동소이하였고, '중감11호'의 920gr 보다는 월등히 구중이 많은 결과를 보였으며 대비 품종들에 비해 포장저장성이 현저히 뛰어났다. 단점으로는 구색이 다소 진하지 않았으며 광택 또한 타 조합보다는 다소 떨어지는 경향을 보여 색을 중시하지 않는 중국 이외의 지역에 더 적합할 것으로 사료되었다.

'56' 조합은 숙기가 45일-48일 정도에 수확할 수 있는 고구형 녹색계 양배추로서 구 크기가 크고 저장성이 우수하였으며, 'Nozomi'에 비해 초기 수확량이 많은 장점이 있어 예비선발 하였다. 단 초자면에서 외엽이 입성이지 못하고 잎의 측면이 많아 다소 중국에서 육성된 품종들과 차별성이 거의 없다는 단점이 있었다.

'89' 조합은 '중감11호'에 다소 늦은 조합이나 중감11호에 비해서 구 형태 및 순도가 우수하고 특히 포장저장성이 우수하였다. 대비종인 'Nozomi'에 비해서는 숙기가 거의 동일하거나 약간 빨랐으며 여름철 시험시 'Nozomi'에 비해 내

서성 및 내병성이 강한 성적을 보였다.

#### 바. 대비품종

대비종인 '8398' (그림 10 A)은 예년과 같이 정식 후 40일 정도부터 수확이 가능하였고 초극조생 품종으로는 구중이 많이 나가는 장점이 있었으나 구 내심장이 낮은 편은 아니었으며, 적기 수확기이후 그림에서와 같이 열피 및 열구가 심한 단점이 있었다. 입성으로 자라며 엽색은 녹색 내지 농록으로 다소 진하였고 구형은 약간 고구형으로 구의 모양이 정원형이 아니면서 요철이 많은 단점이 있었다. 숙기가 45일 내지 48일 정도인 '중감11호'(그림 10 B)는 구색이 외엽이나 구색이 담록색이면서 다소 탁하였고 초자는 개장형이었으며, 구형은 거의 원형에 가까웠고 구 순도가 좋지 않은 단점이 있었다. 'Nozomi'(그림 10 C)는 정식후 50일 내지 55일 정도에 수확할 수 있는 원형내지 고구형 품종으로 포장저장성이 강하고 수량성 및 순도가 우수한 품종이었다. 다만 구 외엽색이 다소 탁하면서 선록색은 아니었고 외엽 요철이 다소 많은 편이었다. '녹구'(그림 10 D)는 외엽과 구의 녹색이 매우 진한 품종이었으나 숙기 면에서는 그림과 같이 기타 대비종 품종과 많은 차이가 있었다.

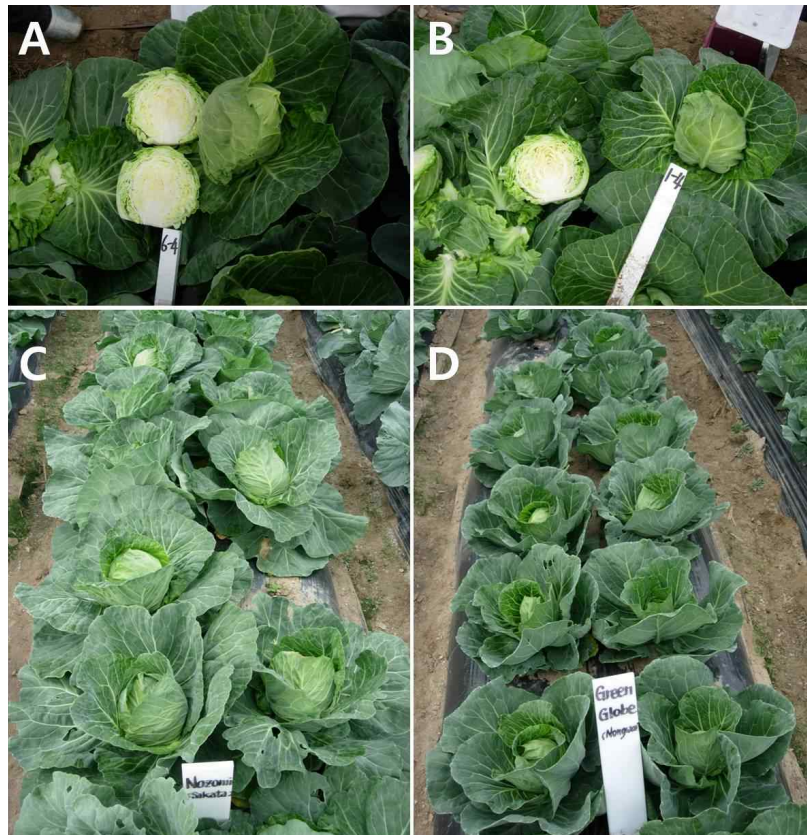


그림 10. 대비품종 (A)'8398', (B)'중감11호', (C)'Nozomi', (D)'녹구(Green Globe)'

표 3. 양배추 초극조생계 및 극조생계 선발조합 특성표

선발 번호	엽색	숙기	구고 (cm)	구폭 (cm)	구중 (gr)	구형	Core (%)	포장 저장성	광택	종합평가
2	녹	45-48	15.5	14.1	830	원	34.6	강중	강중	++++
3	녹	45-48	15.0	14.5	700	원	33.8	강	강	++++
13	담록	40	15.9	16.1	1320	원	35.9	강	중	++++
<b>18</b>	<b>녹</b>	<b>43-45</b>	<b>15.5</b>	<b>15.2</b>	<b>1060</b>	<b>원</b>	<b>35.3</b>	<b>강중</b>	<b>강</b>	<b>+++++</b>
8398(중과원)	녹	40	16.3	15.9	1340	원	43.2	중약	중	+++++
<b>21</b>	<b>녹</b>	<b>45-47</b>	<b>15.6</b>	<b>15.6</b>	<b>1100</b>	<b>원</b>	<b>40.0</b>	<b>강</b>	<b>강</b>	<b>+++++</b>
<b>24</b>	<b>농록</b>	<b>46-48</b>	<b>15.7</b>	<b>15.5</b>	<b>880</b>	<b>원</b>	<b>40.7</b>	<b>강</b>	<b>강</b>	<b>+++++</b>
56	녹	45-48	16.2	15.1	1050	고구	34.8	강중	중	++++
Nozomi(사까다)	담록	50-55	15.7	14.5	950	고구	31.1	강	중	++++
<b>58</b>	<b>농록</b>	<b>46-48</b>	<b>16.2</b>	<b>16.1</b>	<b>1150</b>	<b>원</b>	<b>41.3</b>	<b>강</b>	<b>강중</b>	<b>+++++</b>
89	녹	50-55	15.9	15.0	1130	고구	31.7	강중	중강	+++++
96	녹	45-48	15.9	15.9	1040	원	39.8	강	중	++++
중감11호(중과원)	녹	45-48	15.5	15.8	910	원	51.5	중약	중	++++
녹구(농우)	농록	55-60	13.3	12.2	530	원-고구	37.7	강	강	++++

## 2. 초극조생 및 극조생계 해외 시험결과

상기와 같이 2006, 2007년도 2개년에 걸쳐 연구소에서 선발된 ‘18’, ‘21’, ‘24’, ‘58’ 등 4개 조합을 중심으로 또한 예비 선발된 조합들의 종자를 연구소에서 생산하여 2008년, 2009년에 걸쳐 집중적으로 중국내 연락시험을 실시하였다. 연락시험은 중국내에서 현재 원형계 품종을 가장 많이 수입하여 보급하고 있는 북경인근의 화내종묘의 연구포장을 임차하여 봄, 가을로 실시하였고 선발된 품종들 위주로 주얼리 종묘에서 연락시험을 실시하였다. 또한 초극조생 또는 극조생 품종이 재배되는 우크라이나를 포함한 폴란드, 헝가리 동 동유럽 국가를 중심으로 그 가능성을 조사하였다. 본 시험의 주 목적이 물론 중국시장의 수출을 목표로 하고 있으나 유럽시장의 양배추 종자가격이 중국의 그것에 비해 월등히 높음으로서 고 부가가치를 창출할 수 있기에 동유럽국가의 현지 연락시험을 추가로 실시하였다.

### 가. ‘18’

2008년도 및 2009년도 봄 중국 연락시험 결과 선발조합 ‘18’은 연구소의 시험결과와 동일하게 선발된 4개 조합 중에서 숙기가 가장 빠르면서 구의 광택이 좋고 구색이 녹색이면서 저장성이 초극조생종으로는 우수한 성적을 나타내었다. 구 초자면에서나 숙기면에서 중국내 최고품종인 ‘8398’에 비해 떨어지지 않았으며, 구 외부의 요철이나 외엽의 요철이 적어 상대적으로 상품성이 뛰어난



것으로 나타났다(그림 11). 2008년도 실시한 가을 연락시험에서는 ‘중감11호’, ‘녹구’ 등에 비해 월등히 흑부병 내병성이 강하였고 긴도 또한 우수하여 전체적으로 수확량 및 상품율이 많았다(그림 12). 따라서 금후 봄 재배 이외에 고온다우 상황에서 문제가 될 수 있는 가을철 작형에도 매우 잘 적응될 수 있는 품종으로 사료되었다.

또한 동유럽지역의 헝가리 이른 봄 하우스 연락시험결과(그림 13 A) 극조생종 품종들인 ‘Paladin’, ‘Parel’, ‘Surprize’, ‘Jetma’ 등에 비해 숙기가 빠른점이 인정되었고, 우크라이나 노지 봄 차검에서도 내심율이 매우 낮고 구 긴도가 극히 강하면서(그림 13 B,C) 초극조생종 품종으로는 저장성이 강하여 현지농가와 거래처로부터 호평을 받았다.

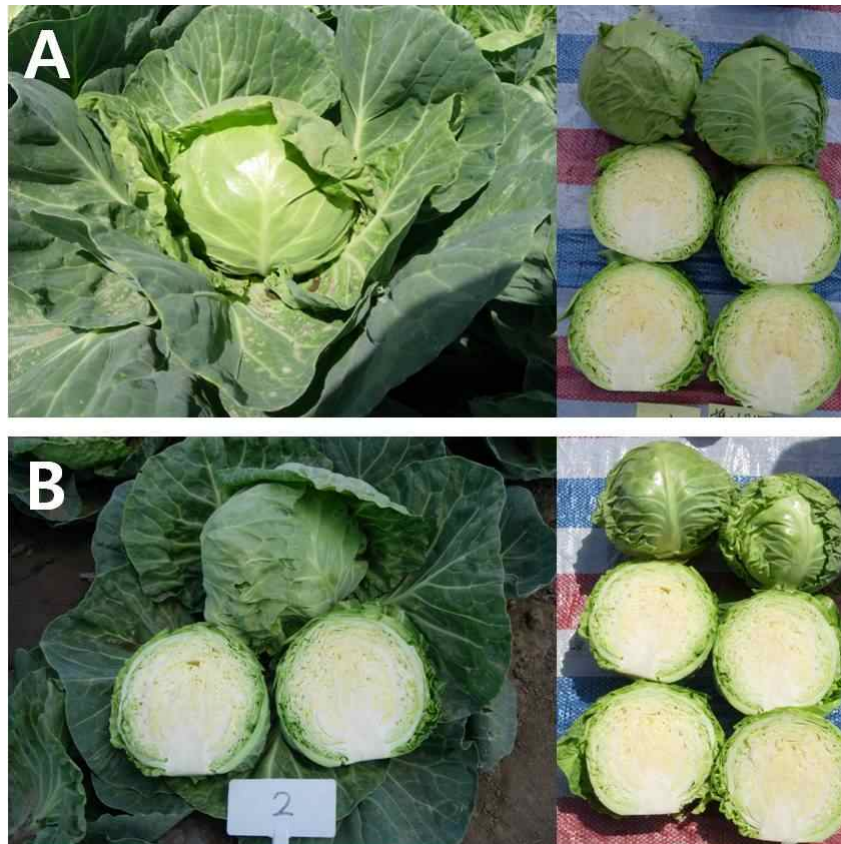


그림 11. 선발조합 '18'(A)과 중국 현지 우점종 '8398'(B) 구내부비교  
(중국 화내종묘 08년5월 21일 조사)





그림 12. 중국 화내종묘 가을연락시험(2008. 10.16)

상단: '중감11호' (봄철에 비해 병이 많이 숙기 또한 다소 늦은 경향을 보임)

'녹구' (가을 재배시 흑부병 발생이 심한 결과를 보임)

중단: 대비종 'Nozomi (희망)'

하단: 선발조합 '18' 구 긴도가 대비품종보다 월등히 우수하고 숙기가 빠름

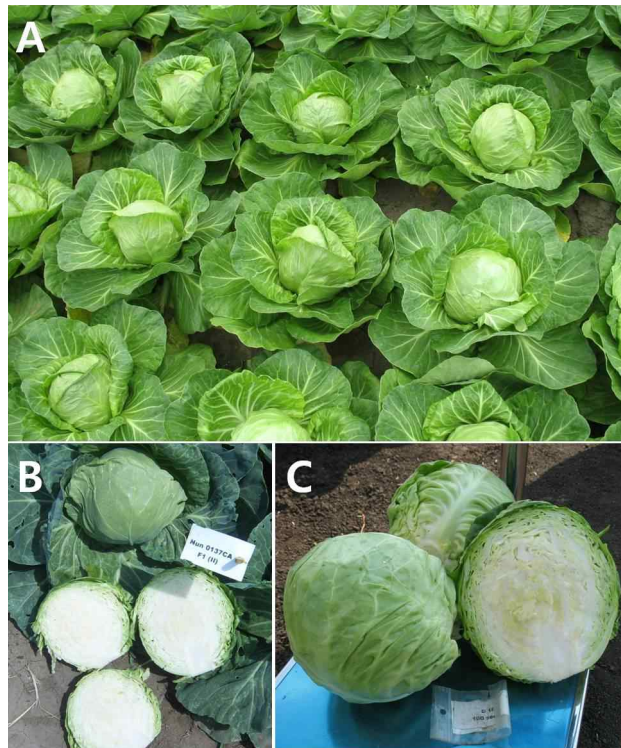


그림 13. (A)선발조합 '18'(Nun 0137) 헝가리 플라스틱 터널 내

밀식재배 전경 (08.4.24)

(B)우크라이나 누넬연구소 (09.6.30)

(C)우크라이나 수보틴 지역 농가포장 (08.6.19)

나. '21'

2008년 5월21일(그림 14), 2009년 5월 26일(그림 15)에 조사된 중국 화내시험 결과 선발조합 '21'은 연구소와 마찬가지로 '18'에 비해 속기가 2-3일 정도 늦은 편이나 구형이 정원형으로 결구건도가 특히 우수하며 내심장 또한 낮은 결과를 보였다. 아울러 초극조생종으로 포장저장성이 극히 우수하여 2개년의 시험결과를 종합하여 2009년도 최종적으로 현지 거래처로부터 선발되었다.

우크라이나 연락시험결과(그림 16)도 대비종인 'Nozomi'(그림 16 B)에 비해 속기가 빠르면서 건도가 강하고 내심장이 낮아 상품성이 뛰어났다.

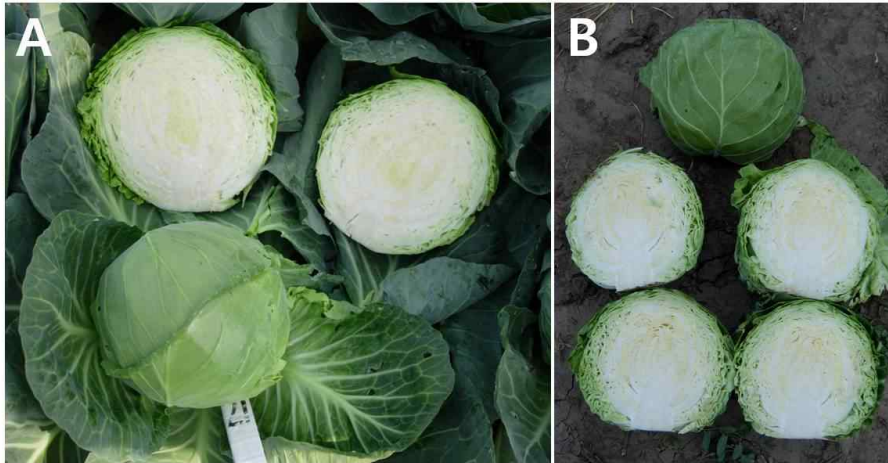


그림 16. 2009년 우크라이나 현지연락시험 결과  
(A)초극조생계 선발조합 '21' (B)대비종 'Nozomi' (2009.6.29)



그림 14. 중국화내종묘 봄 연락시험에서의 선발조합 '21'(현지시험번호5)  
정원형으로 긴도가 우수하고 내심장 또한 안정됨 (08.5.21 조사)

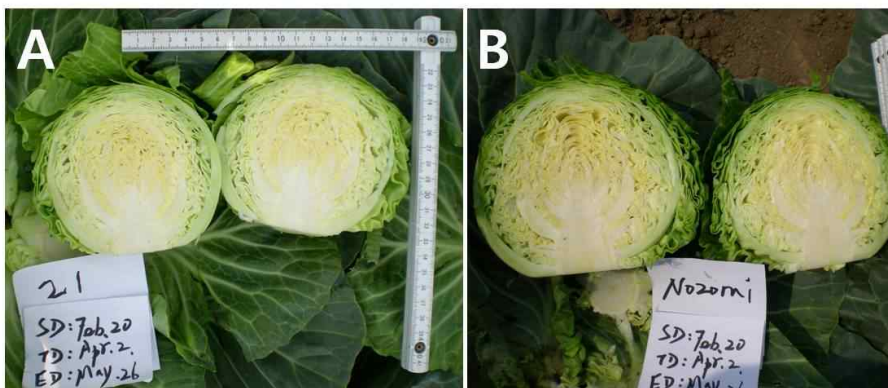


그림 15. 선발조합'21' 대비종인 'Nozomi'(B)에 비해 긴도가 우수하고  
내심장이 낮음을 알 수 있음(중국 화내종묘 2009,5.26)



다. '24'

중국 현지시험 결과 선발조합 '24' (그림 17)는 연구소와 마찬가지로 숙기가 47일 정도로 극조생에 속하면서 외엽이 두껍고 구의 녹색이 진하면서 또한 광택 또한 우수한 조합으로 최종 선발되었다. 2009년도 봄 차검에서는 숙기가 다소 2008년에 비해 늦어지는 면도 있었으나 중국 농과원에서 최근 육성된 50일 품종인 '중감21호'에 비해서는 긴도가 강하고 내심장이 짧았으며(그림 18), 구의 색이 녹색으로 극히 진하고 저장력이 강한 장점이 있어 재선발 되었다. 현재 중국 거래처의 주문을 받아 시판종자를 생산중에 있으며 2010년 후반부터 판매를 시작할 예정이다.



그림 17. 선발조합 '24'의 입모와 구내부, 광택이 좋고 구 하부까지 녹색이 선명하며 외엽이 두꺼움을 알 수 있음 (08.5.21 중국 화내종묘)



그림 18. 선발조합 '24'(A) 와 중국내 최근 농과원 육성품종 '중감21호'(B)의 구내부비교

라. '58'

선발조합 '58'은 2009년도 봄 차검결과 구가 크고 구색이 진한 것으로 나타났으나 연구소 선발당시와 비슷하게 구 내심장은 낮은 편은 아니었다(그림 19). 초극조생계 선발조합 '18' 또는 '21'에 비해서 숙기가 다소 떨어지면서 긴도도 다소 떨어지는 경향이 있었으나, 구색이 농록으로 극히 우수한 상품성을 보이면서 구가 큼으로서 수량성이 높은 장점이 있었다. 또한 우크라이나 봄 시험에서도 구가 극조생 품종으로서 큰 경향을 보였다(그림 20).



그림 19. 선발조합 '58' (Nun 0138)의 중국화내종묘 봄 시험결과 (2009. 5.26)

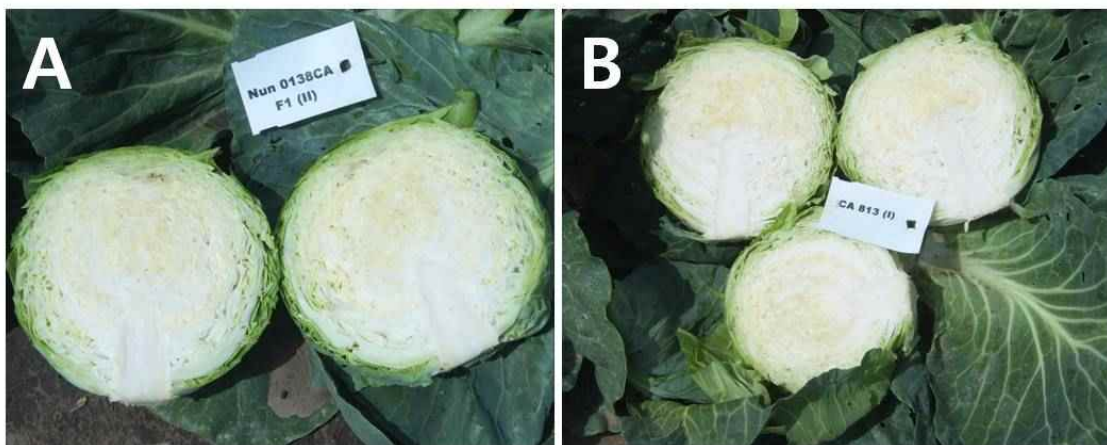


그림 20. 우크라이나 2009년 6월 봄 시험결과비교.  
선발조합 '58' (A. Nun0138), Parel(B. CA813: Bejo)

## 제 2 절 월동 양배추 시험결과

2009년도 8월 8일 제주도에 기존에 선발된 조합들과 유럽용 조합을 포함한 총 42개 품종(표 4)을 파종하여 9월 3일 정식한 후 11월 13일, 12월 13일 예비조사를 실시하였고 4월 14일에 최종조사를 실시하였다. 그 결과 표 5의 조사 성적과 같이 중국 중부지방 및 유럽지역 수출용으로 월동형 원형 만생계 선발조합으로 '454', '459'를 최종 선발하였으며, 월동형 편형 만생계 조합으로 '166', '167'을 최종 선발하였다. 또한 월동형 편형 중생계 품종으로는 '154'를, 월동형 편형 중만생계 품종으로는 '151'을 선발하였다. 전반적으로 2009년도 후기부터 2010년도 4월까지의 제주지역의 이상저온에 의해 대부분의 조합이나 대비종 품종들이 많은 저온 피해를 받아 예년에 비해 구 부패가 많았고 구 상면의 적색화도 더 심한 경향을 보였으며 추대 양상 또한 다소 빠르게 진행되는 경향이 있었다(그림 21, 24).

표 4. 2009년도 제주 월동시험대상

발송번호	Trial No.	발송종자수	정식주수
1	68-2	120	30주 x 2반복
2	그랜드11	120	30주 x 2반복
3	110	120	30주 x 2반복
4	132	120	30주 x 2반복
5	149	120	30주 x 2반복
6	151	120	30주 x 2반복
7	154	120	30주 x 2반복
8	157	120립+ 5ml	30주 x 2반복 + 변외
9	YR호월	120	30주 x 2반복
10	159	120	30주 x 2반복
11	166	120립+ 5ml	30주 x 2반복 + 변외
12	167	120	30주 x 2반복
13	168	120	30주 x 2반복
14	172	120	30주 x 2반복
15		120	30주 x 2반복
16	180-2	120	30주 x 2반복
17	186	60	30주 x 2반복
18	Quartz	120	30주 x 2반복
19	188	120	30주 x 2반복
20	189	120	30주 x 2반복
21	231	120	30주 x 2반복
22	236-2	120	30주 x 2반복
23	238	120	30주 x 2반복
24	281-2	120립+ 5gr	30주 x 2반복
25	377	120	30주 x 2반복
26	442	60	20주 x 2반복

27	443	60	20주 x 2반복
28	444	60	20주 x 2반복
29	445	60	20주 x 2반복
30	446	60	20주 x 2반복
31	450	60	20주 x 2반복
32	451	60	20주 x 2반복
33	453	60	20주 x 2반복
34	454	60	20주 x 2반복
35	455	60	20주 x 2반복
36	456	60	20주 x 2반복
37	457	60	20주 x 2반복
38	458	60	20주 x 2반복
39	459	60	20주 x 2반복
40	460	60	20주 x 2반복
41	461	60	20주 x 2반복
42	마쓰모	240	30주 x 3반복 + 번외

표 5 월동양배추 최종 선발 성적표

품종명	구 고 (cm)	구 폭 (cm)	구 중 (kg)	구형 지수	내심율 (%)	내한성	녹색 정도	적색 정도	추대	최종평가
167	17.5	23.9	3.58	0.73	45	상	상	소	소	*****
166	17.7	23.3	3.45	0.76	38	상중	상중	중	다	****
157	15.2	20.5	2.73	0.74	32	중상	상중	소	다	***
186	17.0	20.5	3.15	0.82	28	상중	중	다	다	***
마쓰모	18.8	22.9	3.40	0.82	45	상중	중상	소	다	****
454	18.2	20.4	3.89	0.89	38	상	상	소	무	*****
459	20.5	21.8	3.93	0.94	39	상중	상	중	무	****
쿼츠	18.0	16.8	2.45	1.07	30	중상	중	소중	소	***

### 1. 월동형 원형 만생계

중국 양자강 유역의 이북지역인 하남성 신야(新野) 지방 혹은 유럽지역에 적용될 수 있는 월동 원형 만생계 조합으로 '454'와 '459'를 선발하였다. 선발조합 '454'는 구 상면 부패가 전무하여 100%의 상품성을 보였으며 (그림 21), 구 형태는 정원형에 가깝고 구 긴도가 극히 강하면서 내심장 또한 낮았고(그림 22 A) 추대발생이 거의 없었다. 또한 녹색발현이 대비종인 세미니스의 '쿼츠(Quartz)'에 비하여 월등히 우수하였으며, 구가 상대적으로 크고(중대구, 평균 4.0kg, 구 18-20cm) 부패율 면에서도 세미니스의 20% 부패, 일본 수입종인 '마쓰모'에 비해 뛰어난 조합이었다(그림 22).

한편 선발조합 '459'는 구 크기는 다소 '454'보다 큰 편이었으나 긴도가 '454'에



비해 다소 떨어지고 구 부패율(6%)도 다소 떨어지는 결과를 보였다.

결론적으로 중국 중부지역에 적용될 수 있는 월동형 원형 만생계 조합으로 bejo 종묘의 '1038' 혹은 '1039'를 대체할 수 있는 '454'를 내한성, 구 긴도, 내추대성, 저장성, 상품성 등이 뛰어나 금후 중국 또는 유럽에 수출용 및 국내의 겨울철 내지 이른 봄 수확용으로 확정하였으며, '459'를 차선 품종으로 확정하였다. 금후 '454'와 '459'는 국내외에 품종보호를 실시할 예정이다.



그림 21. 월동 원형 만생계 선발조합 '454'의 포장상태. 구외염색이 녹색이고 긴도가 극히 강하면서 추대가 없고 내한성 또한 극히 우수 하였음 (좌우 측으로 구 측면 추대되면서 저온피해를 받은 품종들)



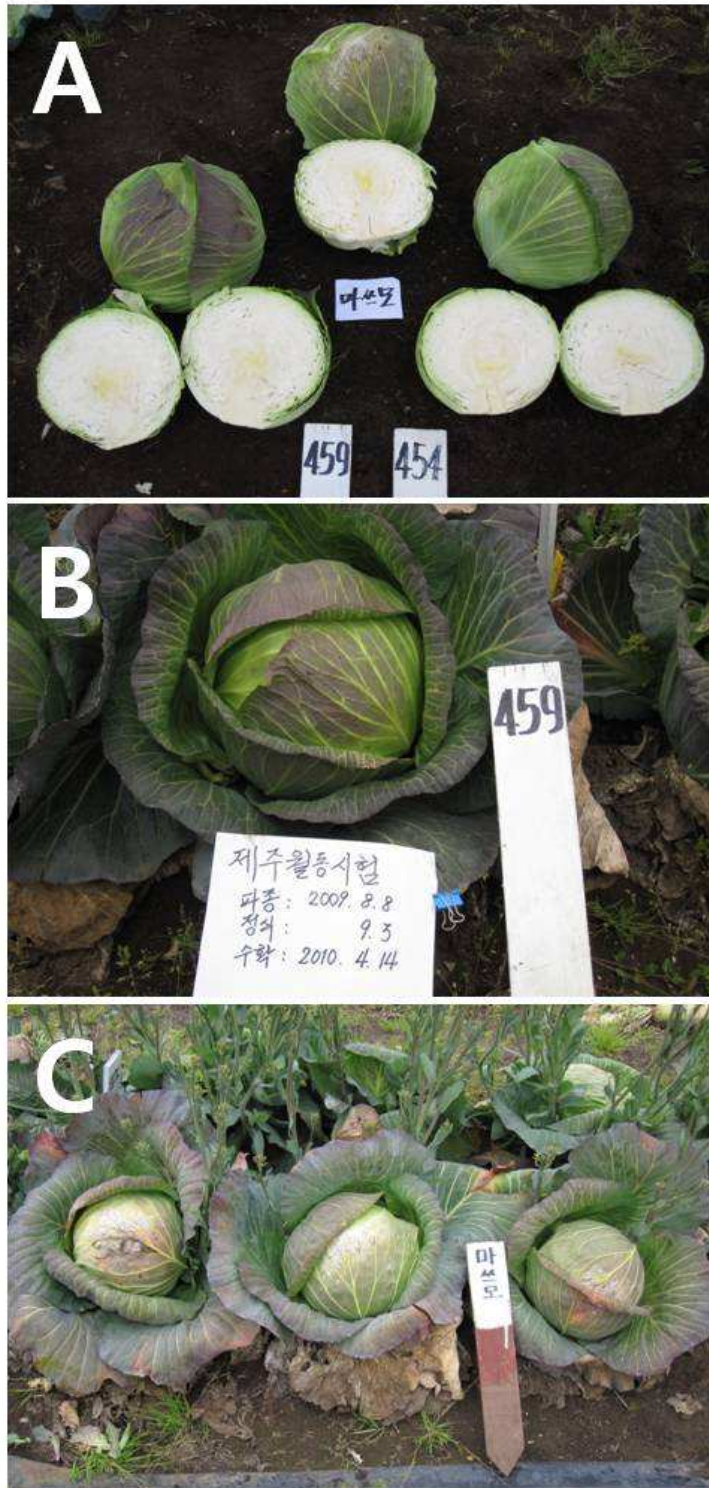


그림 22. (A) 월동형 원형만생계 선발조합 '454', '459'의 구 절단모습, (B) 원형계 선발조합 '459' 구색이 다소 저온으로 적색을 띠나 녹색발현을 볼 수 있음, (C) 대비종 '마쓰모'(일본수입종) 구상면이 저온으로 백화 되고 구 측면 추대가 전 개체에서 발생함

## 2. 월동형 편형 만생계

월동형 편형 만생계로는 2008-2009년도에도 선발된 선발조합 '167'이 극심한 저온의 영향으로 금년도에는 약간의 적색기미는 있었으나(작년도에는 적색발현이 거의 없었음) 구 크기가 크고 구색이 녹색이며 구 부패가 거의 없어 가장 뛰어난 내한성 및 상품성을 보였다..(그림 23, 24).

기존 선발되었던 '166' 또한 예년에 비해 금년도 적색 발현정도가 다소 심하였으나 구 부패율은 6%내외로 우수한 내한성을 보였다(그림 25). 아울러 중국 신야 지방의 3월 24일 조사에서도 안정적인 성적을 보였다.

최근 제주도 지역에서 4월이나 5월 초순까지 수확이 가능한 품종으로 자리잡은 대비종 품종 '마쓰모(태우종묘 일본수입종)'도 예년에는 구 상면이 녹색이면서 적색발현이 없고 구 부패가 거의 없었지만 금년도의 이상저온에 의해 구 상면의 적색발현이 다소 나타났으며 구 상면의 부패 또는 백화현상(추위에 구 상면이 하얗게 뜨는 현상)도 전 개체에 있어 조금씩 발현하였다(그림 23). 또한 국내에서 수년간 제주도 및 남부해안 지방에서 12월 내지 2월 수확용으로 오랜기간 재배 되어왔던 다끼이 종묘의 'YR호월'은 거의 저온으로 부패하여 수확을 전혀 할 수 없었다(그림 25 B). 한편 2009년도 월동 시험에서 선발되었던 '186'은 예년과 같이 구 부패가 비교적 적고 구가 비교적 크며 내심장도 가장 안정적이었으나 구상면의 적색발현이 많은 관계로 녹색을 선호하지 않은 지역에 적용이 가능할 것으로 사료되어 예비선발 하였다.



그림 23. 월동 편형 만생계 선발조합 '167'과 수입종 마쓰모 구 내부, 구 녹색정도, 구 부패 정도 비교결과.





그림 24. 월동형 편형 만생계 선발조합 '167'의 전체전경 : 구색이 녹색이며 구상면의 부패가 전혀 없어 내한성이 강함을 알 수 있고, 전후좌우로 다른 품종들의 저온피해, 적색착색정도, 추대됨을 볼 수 있음.

2007년 선발되었던 월동 편형 만생계 선발조합 '157'(그림 27B)은 예년과 같이 적색정도는 적은 편이었으나 기존에 비해 구가 다소 적고(그림 26A) 구 부패율이 30% 정도로 대비종에 비해 떨어짐으로 선발을 유보하였고 내년도 재차검이



요구되었다.

결론적으로 월동 편형 만생계로는 대구조합이면서 대비종인 ‘마쓰모’보다 녹색 착색이 좋으며 부패율이 거의 없는 선발조합 ‘167’을 가장 우수한 조합으로 최종 선발하였고, 예년 결과가 우수하며 금년도 중국 무한지방에서도 우수한 성적을 보인 선발조합 ‘166’을 차선 품종으로 확정하였다.

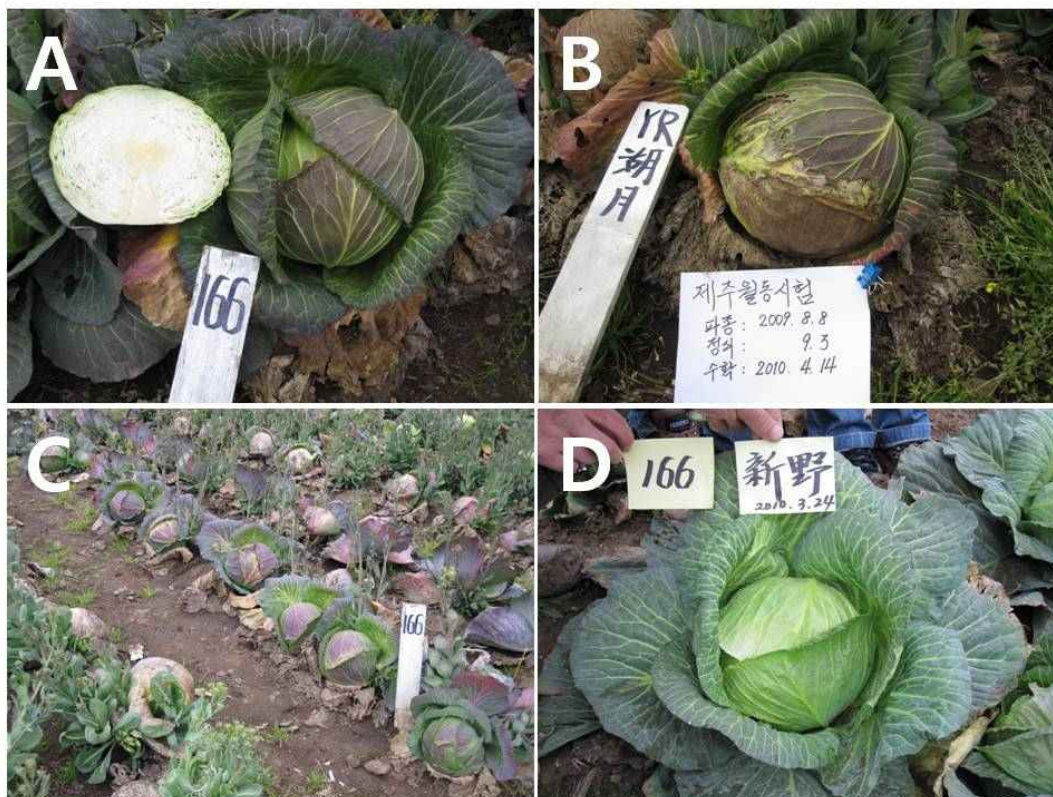


그림 25. 2010년 제주지역 시험결과(2010.4.14) 및 중국시험 결과  
(A)월동 편형 만생계 선발조합 ‘166’, (B)YR호월, (C)166’포장전체전경,  
(D)중국하남성 신야 (2010.3.24)



그림 26. 월동 편형 만생계 선발조합 '157'

(A) 2010.4.14일 조사 (B) 2007.4.6일 조사

### 3. 월동형 편형 중생계 및 중만생계

제주 지역에서 12월 초에 수확할 수 있는 월동 편형 중생계 및 중만생계의 조사성적을 표 6에 정리하였다.

표 6. 월동양배추 편형 중생계 및 중만생계 시험결과 (2008. 12. 6일 조사)

선발번호	엽색	숙기	구중(g)	구형 지수	Core (%)	포장 저장성	광택	종합평가
154	회녹	70-75	2600	0.636	46.4	강중	중	+++++
151	녹-청녹	75-80	2720	0.773	40.0	강	강	+++++
YR호월	농록	72-77	2600	0.698	54.7	강중	중	++++
157	담녹	85-90	1600	0.667	46.7	강	중강	++++
177	녹	80-85	1880	0.969	43.2	강	중	++++
184	녹-청록	75-80	2600	0.682	51.3	강	강	+++++

월동형 편형 중생계 선발조합 '154'(그림 27)는 편형대구로 엽색은 회색이며 숙기는 중생종에 가까우면서 중생종 품종으로는 포장 저장력이 강한 조합이다. 구색이 회색으로 특징이 있으며 숙기는 중생으로 정식 후 70일부터 수확이 가능하며 중국 양자강 유역을 포함한 전세계적으로 월동작형에 많이 재배되고 있는 대비종인 다끼이종묘의 '호월(Green Coronet)'나 'YR호월(Resist Lake)'등을 대체할 수 있는 조합으로 사료되었다. 또한 국내의 여름철 재배시 가장 폭넓게 재배되는 일본 수입종 '오끼나'를 대체할 수 있어 폭넓게 적용이 가능할 것으로 판단되었다. 중국현지 시험에서는 외엽이 다소 짧은 경향이 있었으나 대비종들에 비해 숙기가 빠르고 구가 커 중국현지 거래처에 의해 선발 되었으며, 2010년 제주 지역의 4월 중순 수확에서는 숙기가 빠른 관계로 월동력이 떨어져 12월부터 2월까지 수확되는 품종으로 보급이 가능하였다. 이 조합은 'Nun 0079'로 자체 coding되어 현재 시판용 종자를 이태리에서 생산중에 있고 중국, 서남아시아, 국내에 공급할 예정이다.

월동형 편형 중만생계 선발조합 '151'(그림 28)은 편형-편원형 대구로서 숙기는 정식후 80일 정도에 수확할 수 있는 중만생계 조합으로 특히 외엽색 및 구색이 녹색이며 구에 광택이 있고 포장저장성이 비교적 우수하여 연구소 가을 시험 및 제주도 월동시험에서 선발 되었다. 제주에서의 4월 수확은 다소 내한성이 떨어져 문제가 있는 것으로 나타났으며 중국 무한에서 실시한 월동 시험 에서도 노균병이 약간 발생하는 단점이 있었으나 기타 다른 형질은 국내 시험과 동일한 결과를 보였고 편원형 대구가 재배되는 지역에서 좋은 성적을 보여 이미 수입을 요청받은 바 있으며 'Nun 0101'로 자체 coding되어 2009년말 시판종자가 생산되었다.





그림 27. 월동형 편형 중생계 조합 '154'의 구형태 및 구내부



그림 28. 월동형 편형 중만생계 선발조합 '151'의 구 내부  
구색이 녹색으로 진하면서 광택이 아주 좋음을 알 수 있음

## 제 3 절. 분자마커 개발

### 1. 1차 품종구분을 위한 SSR마커 개발

분자마커를 이용한 품종구분의 가능성을 검토하기 위하여 일단계로 누넬 포장에서 유지 및 실험 중인 임의의 34계통을 구분할 수 있는 분자 마커 탐색을 위해, 본 연구실에서 배추 염기서열을 근간으로 하여 개발 및 보유하고 있는 SSR 마커들을 이용하였다. 반복염기서열의 길이가 길고 반복되는 염기서열이 한 개(CNU\_02)에서 7개(CNU\_01), 두 가지 이상(CNU\_05, CNU\_09, CNU\_14, CNU\_15, CNU\_16)의 염기서열이 반복되는 프라이머를 사용하였다.

연쇄증합반응(PCR) 조건은 각 프라이머 set별 최적의 프라이머 농도, 25 mM dNTPs, 15 mM MgCl<sub>2</sub>를 포함하는 10X PCR buffer, Taq DNA 중합효소 1 unit 및 주형 DNA 절편 10-100ng를 포함하는 25 $\mu$ l의 용액에 대해, 94 °C에서 45초, 각 T<sub>m</sub>에서 45초, 72 °C에서 10 분간 incubation 으로 하였다. 증폭한 생성물(DNA 단편)은 2% 아가로스 겔과 PAGE 전기영동으로 분리하였다. PAGE 전기영동 및 은염색(silver staining)방법은 PCR 증폭 산물을 6% denaturing polyacrylamide gel 상에서 1,700V 로 3시간 30분간 전기영동한 후 시판되는 은염색 키트(제조원, 한국 바이오니아사 제품)를 사용하여 DNA 밴드를 염색하고, 유리판상의 겔을 상온에서 2시간 건조시킨 후 이미지 스캐너로 gel을 스캐닝하여 이미지 파일로 전환하여 분석에 사용하였다.

총 30개의 마커를 이용한 분석에서 20개의 마커가 PCR 반응에서 재현성을 가지고 뚜렷하게 증폭되었고, 그 중에서 16개의 마커가 계통간에서 차이를 보였다. 각 SSR 마커들의 정보는 표 7과 같다. 16개의 마커는 1개에서 5개 loci가 증폭 및 분리하여 34개 loci에서 분리양상을 나타내었고 프라이머당 평균 loci 수는 2.1개 였다(그림 29). 육종된 양배추 계통간에 대한 유전적 유사도는 NTSYSpc 프로그램(Rohlf 1993)을 이용하여 simple matching 방법 (Sneath와 Sokal 1973)에 의해 산출하고 이 값을 근거로 하여 비가중산술방식(UPGMA; unweightes pair group method using arithmetic average)을 이용하여 집괴분석(cluster analysis)을 하였다(그림 30).

마커 CNU\_05\_1은 계통번호 83, CNU\_03\_1은 계통번호 43, 53, 56에서, CNU\_08\_1은 계통번호 8, 17, 18, 27, 72에서 특이적으로 밴드가 증폭되었다. CNU\_02는 계통번호 2, 8, 17, 23, 27, 43에서 CNU\_08\_2 는 계통번호 8, 18, 27, 72에서, CNU\_15\_3은 계통번호 2, 23, 41, 72, 83에서 밴드가 증폭되지 않았다.

34개의 계통은 포장에서 육안으로 관찰시 구의 형태적특를 보면 납작한 원형, 원형, 긴 원통형 등으로 다양하였고 이들의 형태적 유사도는 계통번호 2. 56번이 23, 76, 80번이 6, 8, 14, 18, 111, 116, 142, 123, 63, 65, 67, 121, 126, 128, 129이

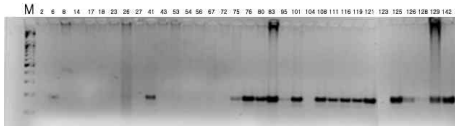


4, 121, 108이 43, 27, 72, 41이 서로 연관성이 있어 보였으나 본 계통도(그림 30)에서는 각 그룹별로 묶이는 연관성을 찾기가 어려웠다. 계통수를 이용한 분석에서 계통번호 6, 56은 그 유사도가 매우 높은 것으로 나타났으나 포장에서의 연관성을 찾기 어려웠다. 이러한 결과는 분석에 사용한 SSR 마커의 수가 제한적이었고 각 계통간의 비교를 위하여 가능한 형태적 특성이 제한되었기 때문으로 사료된다. 따라서 2차 실험에서는 SSR 마커의 숫자를 늘리고 계통의 종류도 늘려서 심층적으로 검토할 필요가 있다고 판단하였으며, 이러한 과정이 각 계통의 가계도 분석이나 계통육성시의 근원 결과와 비교 분석을 하게 된다면 더 정확한 분석이 가능하리라 사료된다.

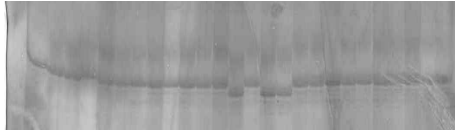
표 7. 다형성을 나타낸 마커들 요약

Marker ID	No. of loci	PCR product size	Microsatellite unit	Tm(°C)
CNU_01	1	203	(GAAAAAA) <sub>4</sub>	60
CNU_02	1	191	(T) <sub>17</sub>	59
CNU_03	3	250	(TCAAA) <sub>3</sub>	60
CNU_04	2	207	(TTGT) <sub>7</sub>	57
CNU_05	2	250	(ATA) <sub>14</sub> /(ATA) <sub>11</sub>	57
CNU_06	1	294	(GA) <sub>29</sub>	57
CNU_07	2	300	(AG) <sub>16</sub>	57
CNU_08	2	273	(AG) <sub>23</sub>	57
CNU_09	2	195	(TA) <sub>7</sub> /(TG) <sub>12</sub>	57
CNU_10	5	279	(GA) <sub>40</sub>	57
CNU_11	2	128	(ATTGG) <sub>7</sub>	57
CNU_12	1	162	(GGA) <sub>12</sub>	57
CNU_13	2	180	(AG) <sub>47</sub>	57
CNU_14	2	256	(TA) <sub>19</sub> /(AT) <sub>12</sub>	57
CNU_15	4	400	(TA) <sub>45</sub> /(AT) <sub>13</sub>	57
CNU_16	2	257	(AG) <sub>10</sub> /(GA) <sub>13</sub>	57
총 합계	34			

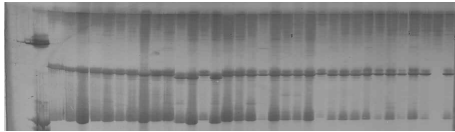
(1) CNU\_01



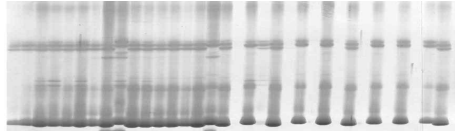
(2) CNU\_02 (PAGE)



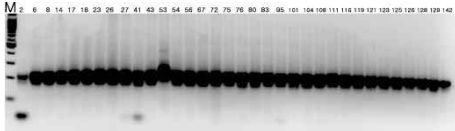
(3) CNU\_03 (PAGE)



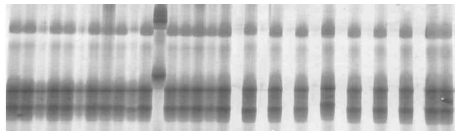
(4) CNU\_04 (PAGE)



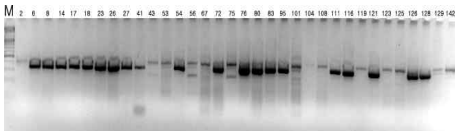
(5) CNU\_05



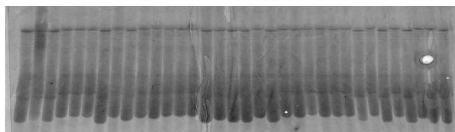
CNU\_05 (PAGE)



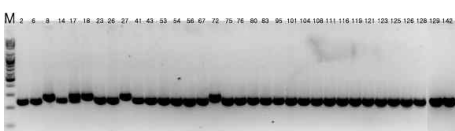
(6) CNU\_06



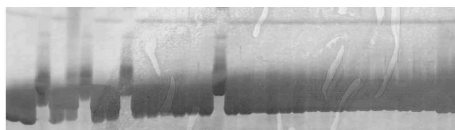
(7) CNU\_07 (PAGE)



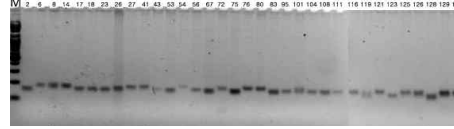
(8) CNU\_08



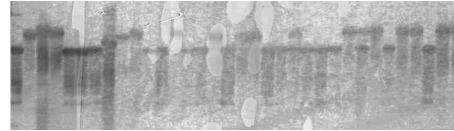
CNU\_08 (PAGE)



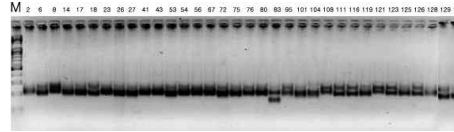
(9) CNU\_09



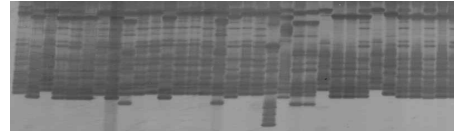
CNU\_09 (PAGE)



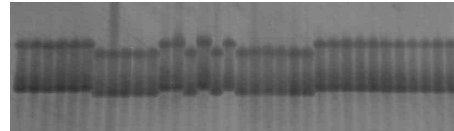
(10) CNU\_10



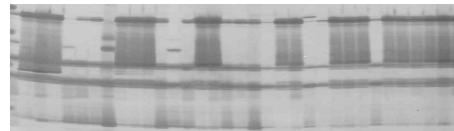
CNU\_10 (PAGE)



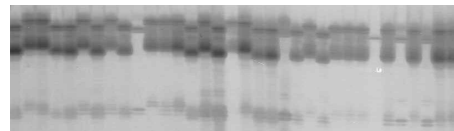
(11) CNU\_11 (PAGE)



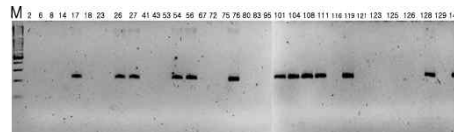
(12) CNU\_12 (PAGE)



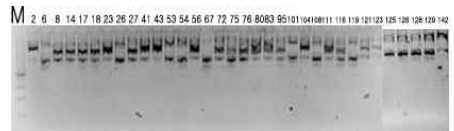
(13) CNU\_13 (PAGE)



(14) CNU\_14



(15) CNU\_15



(16) CNU\_16

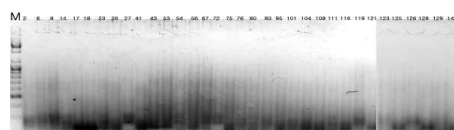


그림 29. 16개 프라이머에서 나타나는 밴드 양상.

(1)~(16)은 각 프라이머의 번호를 나타내며 괄호안의 PAGE는 PAGE 전기영동을 의미한다.

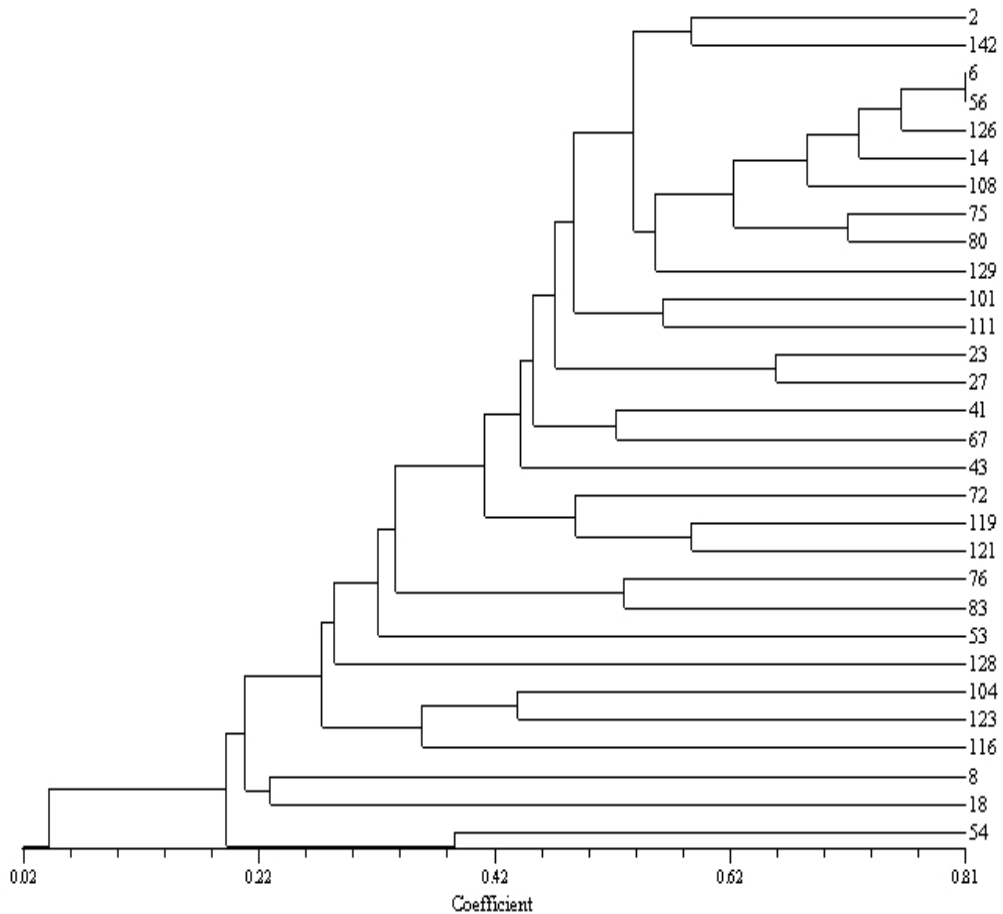


그림 30. 34계통간의 유전적 유사도를 나타내는 계통도.

NTSYSpc 프로그램(Rohlf 1993)을 이용하여 simple matching 방법 (Sneath와 Sokal 1973)에 의해 산출하고 이 값을 근거로 하여 비가중산술방식(UPGMA; unweightes pair group method using arithmetic average)을 이용하여 집괴분석(cluster analysis)을 하였으며, 오른쪽에 수직으로 나열된 숫자는 각 계통의 번호를 의미한다.

## 2. 포장에서 유지중인 96계통이용 재확인

위의 실험을 통하여 34계통에 대하여 검토한 결과 SSR마커로 어느 정도 품종 및 계통구분이 가능하나 추가적인 실험이 필요하다고 판단되어, 2차로 누네포장에서 유지 및 실험 중인 96 계통을 구분할 수 있는 분자 마커 개발을 실시하였다.

본 연구에서는 본 연구실에서 이미 배추 염기서열을 근간으로 하여 개발한 바 있는 SSR 마커와 public domain에서 이미 보고된 SSR 마커 (C genome)들을 이용하였다. 양배추에서의 PCR 조건 확립하고 계통간의 차이를 구분할 수 있는 마커 조합을 선발하고자 하였다.

SSR markers를 이용하여 품종간 유전적 유연관계분석과 품종식별 방법에 대

한 연구를 수행하여 얻어진 결과를 요약하면 다음과 같다.

양배추 내흔계 96 계통간의 근연관계를 조사하기 위하여 SSR primer 34종으로 실험하였다. 34종의 SSR primer 중 24종은 배추의 genomic DNA 염기서열을 기반으로 본 실험실에서 개발한 것이며, 10종은 양배추에서 개발되어 저널에 공개되어 있는 자료를 이용하였다 (표 8).

표 8. 양배추 내흔계 96 계통간의 유전적 유사도를 조사하기 위하여 사용한 SSR primers

No. of primer	Primer ID	Marker resource	No. of loci	No. of primer	Marker ID	Marker resource	No. of loci
1	CNU_35	CNU, <i>B. rapa</i>	3	18	CNU_51	CNU, <i>B. rapa</i>	3
2	CNU_36	CNU, <i>B. rapa</i>	1	19	CNU_52	CNU, <i>B. rapa</i>	1
3	CNU_37	CNU, <i>B. rapa</i>	1	20	CNU_53	CNU, <i>B. rapa</i>	3
4	CNU_38	CNU, <i>B. rapa</i>	1	21	CNU_54	CNU, <i>B. rapa</i>	1
5	CNU_39	CNU, <i>B. rapa</i>	3	22	CNU_55	CNU, <i>B. rapa</i>	1
6	CNU_40	CNU, <i>B. rapa</i>	2	23	CNU_56	CNU, <i>B. rapa</i>	1
7	CNU_41	CNU, <i>B. rapa</i>	1	24	CNU_57	CNU, <i>B. rapa</i>	1
8	CNU_42	CNU, <i>B. rapa</i>	3	25	Na12_A03a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	2
9	CNU_43	CNU, <i>B. rapa</i>	2	26	Na12_E02	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	1
10	CNU_44	CNU, <i>B. rapa</i>	4	27	O110_B01a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	6
11	CNU_45	CNU, <i>B. rapa</i>	2	28	O110_F11	BBSRC, <i>B. rapa</i>	1
12	CNU_46	CNU, <i>B. rapa</i>	2	29	O110_H02a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	5
13	CNU_47	CNU, <i>B. rapa</i>	4	30	O112_D09	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	1
14	CNU_48	CNU, <i>B. rapa</i>	1	31	O112_E03a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	2
15	CNU_49	CNU, <i>B. rapa</i>	5	32	O112_F02a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	8
16	CNU_50	CNU, <i>B. rapa</i>	1	33	O112_F03a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	2
17	CNU_51	CNU, <i>B. rapa</i>	5	34	O113_E08a	BBSRC, <i>B. oleracea</i>	3
Total			34				83

양배추 내흔계 96 계통을 이용하여 다중연쇄중합반응 (PCR, Polymerase Chane Reaction) 결과 24종의 primer에서 계통간에 뚜렷하게 차이를 나타냈다.

각 primer에 의해 발생된 대립유전자의 수는 1-8까지 다양했으며, 평균값은 3.8개로 나타났다. 다형성을 나타내는 총 74개 loci를 이용하여 양배추 계통간에서 genotyping하여 품종간 유전적 유연관계를 분석하기 위한 기본 자료로 사용하였다. PCR 분석의 결과는 SSR 밴드가 있거나(1) 없거나(0)로 기록하였다. 육종된 양배추 계통간에 대한 유전적 유사도는 NTSYSpc 프로그램(Rohlf 1993)을 이용하여 simple matching 방법(Sneath와 Sokal 1973)에 의해 산출하고 이 값을 근거로 하여 비가중산술방식(UPGMA; unweightes pair group method using arithmetic average)을 이용하여 집괴분석(cluster analysis)을 하였다. SSR marker를 이용하여 분석된 품종에 대한 전체 유전적 유사도는 0.618~0.922의 범위에 속하였고 계통간의 유사도 지수에 따라 구분되었으며 요약하면 표 9와 같다.

유사도 지수 0.63을 기준으로 할 때 5개의 그룹으로 구분되었다. 첫 번째 그룹은 78계통, 두 번째 그룹은 5계통, 세 번째 그룹은 8계통, 네 번째 그룹은 4계통, 다섯 번째 그룹은 1계통으로 구성되었다. 유사도 지수 0.678을 기준으로 볼 때 앞의 5그룹은 세분화 되어 총 12 개의 소그룹으로 나뉘었다. 소그룹 1은 13계통, 소그룹 2는 20 계통, 소그룹 3은 12 계통, 소그룹 4는 13 계통, 소그룹 5는 14 계통, 소그룹 6은 6 계통, 소그룹 7은 5 계통, 소그룹 8은 4 계통, 소그룹 9는 4 계통, 소그룹 10은 3 계통, 소그룹 11은 1 계통, 소그룹 12는 1 계통으로 구성되었다. 이 결과로 볼 때 그룹 2, 3, 4, 5 는 그룹 1과 확연히 유전적으로 차이가 있는 것으로 보이며 그중 그룹 5는 유사도 지수 0.57에서 그룹 1, 2, 3, 4, 와는 별도로 분리되는 것으로 보아, 사용한 전체 내혼계 중 유전적으로 가장 먼 것으로 보인다(그림 31).

계통도의 각 그룹과 포장에서 육안으로 관찰한 식물체의 형태간의 연관성을 찾아보았다.

그룹 1은 6개의 소그룹으로 나뉘었는데, 이 중에서 소그룹1은 계통번호 1, 104, 105, 35, 27, 128, 130, 19, 103, 22, 71, 31, 115번의 13개 계통들은 대부분 유럽용으로 구 크기가 작은 소구에 가까운 계통이었다. 소그룹2로 분류된 계통번호 2, 8, 129, 13, 14, 15, 86, 30, 20, 23, 38, 75, 28, 43, 133, 36, 36-1, 37, 73, 68번의 20개 계통들은 양배추의 형태 및 구 크기가 원형중구인 계통들을 포함하고 있었다. 소그룹3은 계통번호 9, 112, 66, 48, 69, 131, 24, 152, 74, 26, 40, 153번을 포함하고 있는데 이들은 대부분 동양계 육성시 이용되는 계통을 포함하고 있었다. 소그룹4는 계통번호 17, 80, 25, 29, 64, 65, 32, 33, 34, 41, 42, 72, 67번으로 구성되어 있는데, 이들은 대부분 큰 구를 가진 계통들로 구성되어 있었다. 소그룹5는 계통번호 7, 118, 117, 113, 107, 127, 149, 150, 109, 116, 122, 125, 123, 124번으로 구성되어 있는데, 대부분 숙기가 극히 빠른 계통집단을 포함하고 있었으며 양배추구의 크기가 비교적 큰 공통점을 가지고 있었다. 소그룹6으로 분류된 계통번호 110, 111, 121, 76, 120, 126번은 구의 형태 및 크기면에서 원형소구였으며, 특히

76, 120, 126은 각각 다른 소재에서 분리된 계통이었으나 표현형 면에서 계통간에 유사성이 극히 높게 나타났다.

그룹2 중에서 소그룹7은 계통번호 59, 81, 82, 83, 84번을 포함하고 있는데 이들의 포장에서 월동형 만생계라는 공통된 특징을 나타냈다.

그룹3 중에서 소그룹8은 계통번호 3, 4, 5, 99로 구성되었는데 이들은 원형계중 구이면서 유럽형질을 약간 가지고 있었다. 소그룹9는 계통번호 12, 20, 16, 21번으로 구성되었고, 이들은 포장에서 생육상 월동형 중생계 계통군으로 볼수 있는 계통들이었다.

그룹4 중에서 소그룹10은 계통번호 10, 11, 151번을 포함하는데, 이들 중에서 계통번호 10번과 11번은 상당히 유사한 특징이 있었으나 계통번호 151번은 앞의 번호들과 유사점을 찾기 어려웠다. 소그룹11은 계통번호 39번 하나로 구성되었는데, 이는 포장에서 외관상 편형계라는 점에서 소그룹 10번과 다소 유사한 점을 나타냈다.

그룹5는 한 개의 계통(계통번호 114번)으로 독립된 소그룹 12를 나타냈다.

이는 계통도상에서 독립적으로 분리되어 96개의 계통간에서 유전적거리가 가장 먼 것으로 나타났으나 포장에서 외관상 특징은 구의 크기가 작은 소구형이었다.

표 9. 계통간의 유사도 지수에 따른 그룹화

유사도 지수 0.63	유사도 지수 0.678	계통번호	계통수
그룹 1	소그룹 1	1, 104, 105, 35, 27, 128, 130, 19, 103, 22, 71, 31, 115	13
	소그룹 2	2, 8, 129, 13, 14, 15, 86, 30, 70, 23, 38, 75, 28, 43, 133, 36, 36_1, 37, 73, 68	20
	소그룹 3	9, 112, 66, 48, 69, 131, 24, 152, 74, 26, 40, 153	12
	소그룹 4	17, 80, 25, 29, 64, 65, 32, 33, 34, 41, 42, 72, 67	13
	소그룹 5	7, 118, 117, 113, 107, 127, 149, 150, 109, 116, 122, 125, 123, 124,	14
	소그룹 6	110, 111, 121, 76, 120, 126	6
그룹 2	소그룹 7	59, 81, 82, 83, 84	5
그룹 3	소그룹 8	3, 4, 5, 99	4
	소그룹 9	12, 20, 16, 21	4
그룹 4	소그룹 10	10, 11, 151	3
	소그룹 11	39	1
그룹 5	소그룹 12	114	1
총계			96

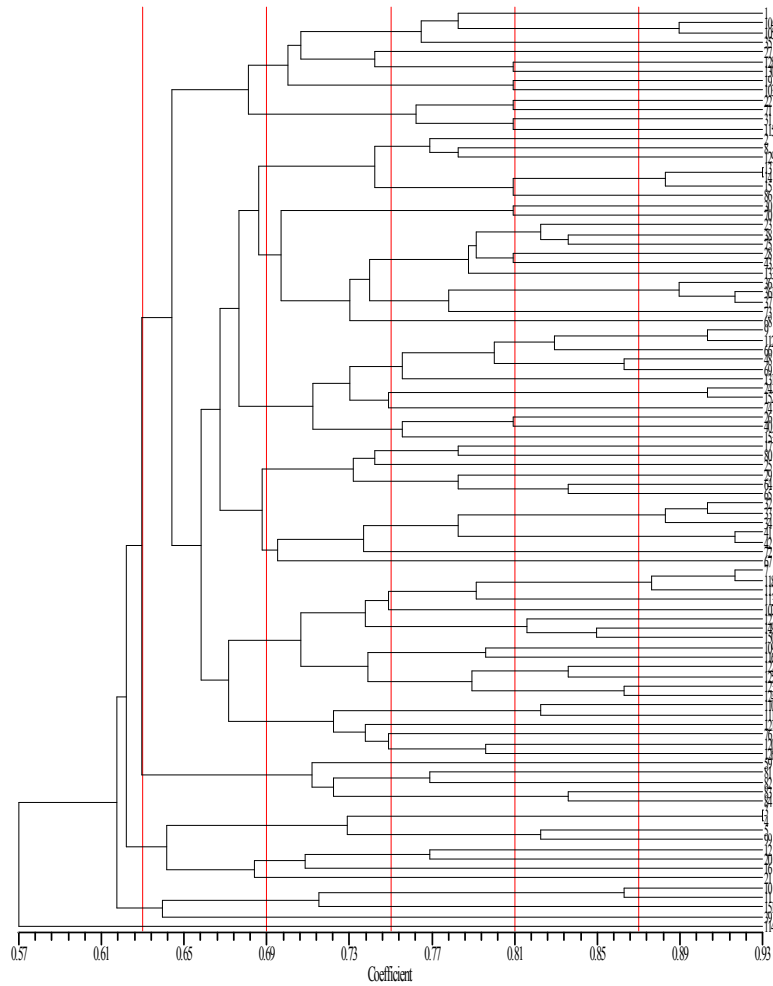


그림 31. SSR 마커를 이용한 96 양배추 계통간 유연관계 분석.  
 각 그룹에서 공통적으로 나타나는 고유한 SSR marker는 찾을 수 없었으나 추 후 분석용 마커 개수가 많아진다면 그룹 되는 계통군을 대변할 수 있는 고유 마커를 찾을 수 있으리라 기대하고, 지금의 결과는 96 양배추 품종간의 유전적 유사도를 추정할 수 있는 기본 자료로써 이용 가능하였다.

### 3. SSR 마커를 이용한 품종 구분마커 확립

본 연구에서는 본 연구실에서 이미 배추 염기서열을 근간으로 하여 개발한 바 있는 20 SSR 마커를 사용하여 양배추 78계통에 대하여 유전분석을 실시하였다 (표 10). 양배추 품종 및 계통간 유전적 유연관계분석과 품종식별 방법에 대한 연구를 수행하여 얻어진 결과는 다음과 같다(그림 32).

양배추 내흔계 78 계통을 이용하여 다중연쇄중합반응 (PCR, Polymerase Chane Reaction) 결과 17종의 primer에서 계통간에 뚜렷하게 차이를 나타냈다. 각 primer에 의해 발생된 대립유전자의 수는 1~6까지 다양했으며, 평균값은 3.6 개로 나타났다. 다형성을 나타내는 총 61개 loci를 이용하여 양배추 계통간에서 genotyping 하여 품종간 유전적 유연관계를 분석하기 위한 기본 자료로 사용하

였다. PCR 분석의 결과는 SSR 밴드가 있거나(1) 없거나 (0) 로 기록하였다. 육종된 양배추 계통간에 대한 유전적 유사도는 NTSYSpc 프로그램(Rohlf 1993)을 이용하여 simple matching 방법(Sneath와 Sokal 1973)에 의해 산출하고 이 값을 근거로 하여 비가중산술방식(UPGMA; unweightes pair group method using arithmetic average)을 이용하여 집괴분석(cluster analysis)을 하였다. SSR marker를 이용하여 분석된 품종에 대한 전체 유전적 유사도는 0.668~1의 범위에 속하였고 계통간의 유사도 지수에 따라 구분되었으며 요약하면 표 11과 같다.

유사도 지수 0.73을 기준으로 할 때 10개의 그룹으로 구분되었다.

그룹 1은 22계통, 그룹 2는 3계통, 그룹 3은 4계통, 그룹 4는 2계통, 그룹 5는 1계통, 그룹 6은 2계통, 그룹 7은 15계통, 그룹 8은 6계통, 그룹 9는 20계통, 그룹 10은 3계통으로 구성되었다.

계통도의 각 그룹과 포장에서 육안으로 관찰한 식물체의 형태간의 연관성을 찾아보았다. 그룹1로 분류된 계통들은 원형 중구형의 형태로 전년도 결과에서 소그룹 8에 분류되었던 것과 유사하였다. 그룹2, 3으로 분류된 계통들은 유럽형 소구형의 형태로 전년도 결과에서 소그룹 1에 분류되었던 것과 유사하였다. 그룹5로 분류된 계통들은 월동형 중생계의 형태로 전년도 결과에서 소그룹 9에 분류되었던 것과 유사하였다. 그룹7로 분류된 계통들은 큰구의 형태로 전년도 결과에서 소그룹 4에 분류되었던 것, 또는 소그룹 10으로 분류되었던 편형계로 소그룹이 나뉘어졌다. 소그룹2로 분류된 계통들은 유럽형 소구형의 형태로 전년도 결과에서 소그룹 1에 분류되었던 것과 일치하였다. 그룹8, 9로 분류된 계통들은 조숙종이면서 큰구의 형태로 공통특성을 지니고 있었고, 이중에서 적색계통들은 그룹내에서 소그룹으로 달리 구분할 수 있었다. 그룹10은 전년도에서 소그룹12로 분류되었던 계통을 포함하였다.



표 10. 양배추 내흔계 78계통간의 유전적 유사도를 조사하기위하여 추가로 사용한 SSR primers

No. of primer	Primer ID	Marker resource	No. of loci	PCR product size	Microsatellite unit	Tm(°C)
1	CNU_101	CNU, <i>Brassicarapa</i>	5	198	(GA) <sub>11</sub>	59
2	CNU_102	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	299	(AAAAC) <sub>5</sub>	55
3	CNU_103	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	286	(TG) <sub>16</sub>	59
4	CNU_104	CNU, <i>Brassicarapa</i>	3	176	(CT) <sub>17</sub>	59
5	CNU_105	CNU, <i>Brassicarapa</i>	3	243	(AG) <sub>12</sub>	55
6	CNU_106	CNU, <i>Brassicarapa</i>	2	296	(CT) <sub>28</sub>	58
7	CNU_107	CNU, <i>Brassicarapa</i>	6	193	(AT) <sub>16</sub>	58
8	CNU_108	CNU, <i>Brassicarapa</i>	1	188	(TC) <sub>26</sub>	58
9	CNU_109	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	282	(CA) <sub>16</sub>	58
10	CNU_110	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	299	(AT) <sub>22</sub>	59
11	CNU_111	CNU, <i>Brassicarapa</i>	3	237	(TC) <sub>24</sub>	59
12	CNU_112	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	324	(CT) <sub>13</sub>	58
13	CNU_113	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	195	(AT) <sub>17</sub>	58
14	CNU_114	CNU, <i>Brassicarapa</i>	2	297	(TA) <sub>26</sub>	58
15	CNU_115	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	292	(AG) <sub>35</sub>	57
16	CNU_116	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	200	(AT) <sub>24</sub>	55
17	CNU_117	CNU, <i>Brassicarapa</i>	4	182	(TA) <sub>13</sub>	55
Total	17		61			

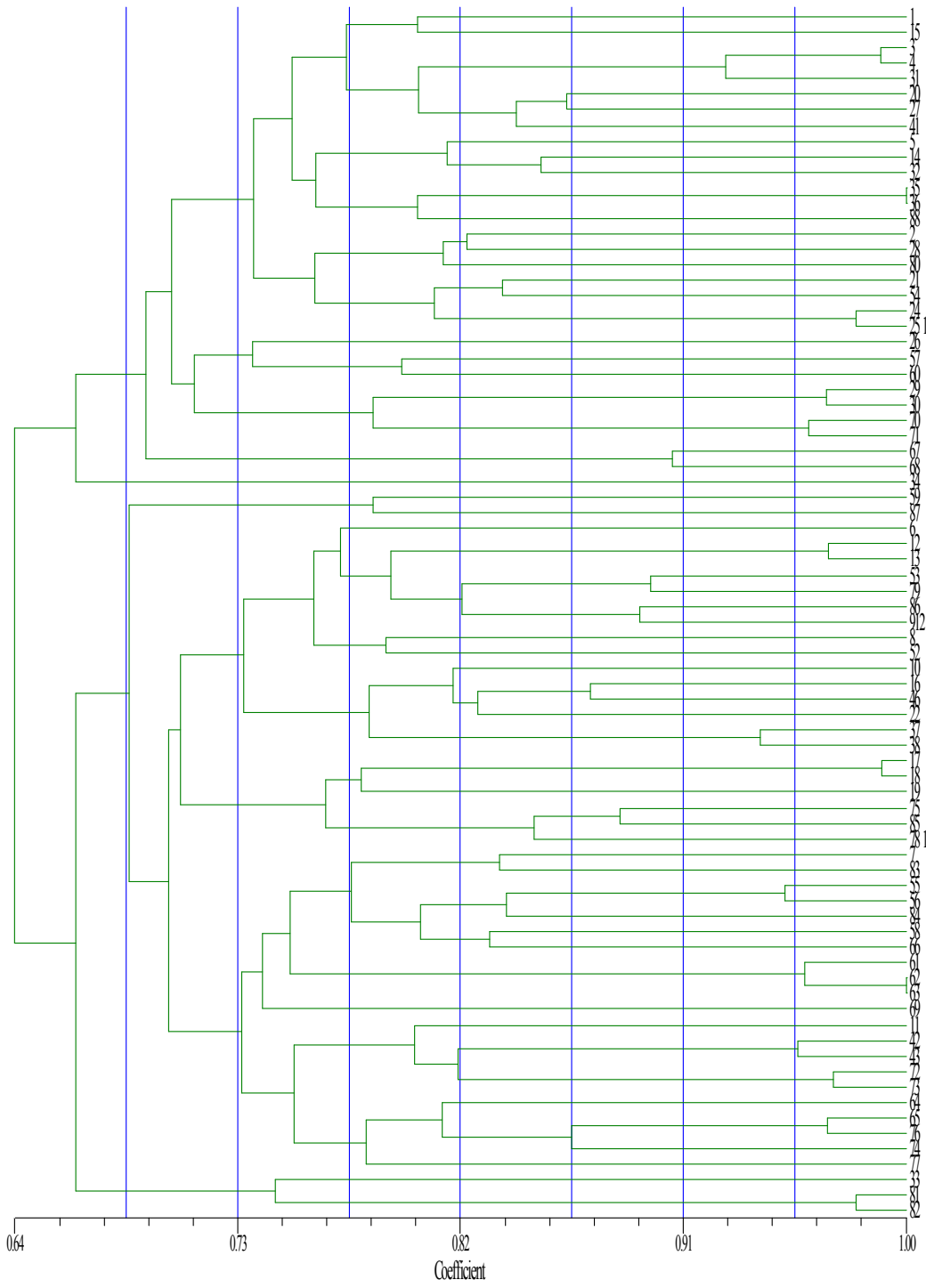


그림 32. SSR 마커를 이용한 78 양배추 계통간 유연관계 분석.

표 11. 계통간의 유사도 지수에 따른 그룹화

유사도 지수 0.73	계통번호	계통수
그룹 1	1, 15, 3, 4, 31, 20, 27, 41, 5, 14, 32, 35, 36, 88, 2, 28, 80, 21, 54, 24, 25_1	21
그룹 2	26, 57, 60	3
그룹 3	29, 30, 70, 71	4
그룹 4	67, 68	2
그룹 5	34	1
그룹 6	59, 87	2
그룹 7	6, 12, 13, 53, 79, 86, 912, 8, 52, 10, 16, 46, 22, 37, 38	15
그룹 8	17, 18, 19, 75, 85, 78_1	6
그룹 9	7, 83, 55, 56, 84, 58, 66, 61, 62, 63, 69, 11, 42, 43, 72, 73, 64, 65, 74, 76, 77	21
그룹 10	33, 81, 82	3
총계		78

#### 4. IBP 마커, SSR 마커를 이용한 다형성 조사 및 이를 이용한 유전자지도 작성

##### 가. SSR 마커, IP 마커 및 다형성 조사의 작성

앞에서 이용된 다양한 SSR마커들의 이용도를 극대화하기 위하여 기 개발되어 본 실험실에 확보되어 있는 333개의 SSR 마커가 부,모본 계통 사이의 다형성 분석을 위하여 사용되었고, 총 216개의 마커가 증폭되어 PAGE gel에서 분석되었다. 216개 중 40개의 SSR 마커(12.01%)가 부,모본 사이에서 다형성을 보였다(그림 33). 총 272개의 IBP Primer들 중, 233개가 증폭되어 2% agarose gel과 4% PAGE gel에서 분석되었고, 72개(26.10%)가 부,모본 사이에서 다형성을 보였다(그림 33). 마커들의 대부분은 F<sub>2</sub> 집단에서 1:2:1의 Mendelian의 비율로 분리됨을 보였다(표 12). 이러한 결과는 A 계놈인 배추 염기서열로부터 유래된 분자마커가 C계놈인 양배추에서도 이용이 가능함을 보여주고 있었다. 또한 마커들이 F<sub>2</sub> 집단에서 1:2:1로 분리되고 있음은 비록 유전분석집단이 50계통으로 작기는 하지만 유전분석용으로 충분함을 보여주고 있다.

표 12. F<sub>2</sub> 집단에서의 몇몇 SSR과 IP 마커들의 분리 패턴

Maker	Number of F <sub>2</sub> population with the markers			Expected ration
	RR (Homozygous resistant)	Rr (Heterozygous)	rr (Homozygous susceptible)	
cnu_m177a	13	26	11	1:2:1
cnu_m246a	15	25	10	1:2:1
cnu_m503a	13	25	12	1:2:1
At4g28025	13	27	10	1:2:1
At2g44520	15	25	10	1:2:1
At4g21105	13	26	11	1:2:1

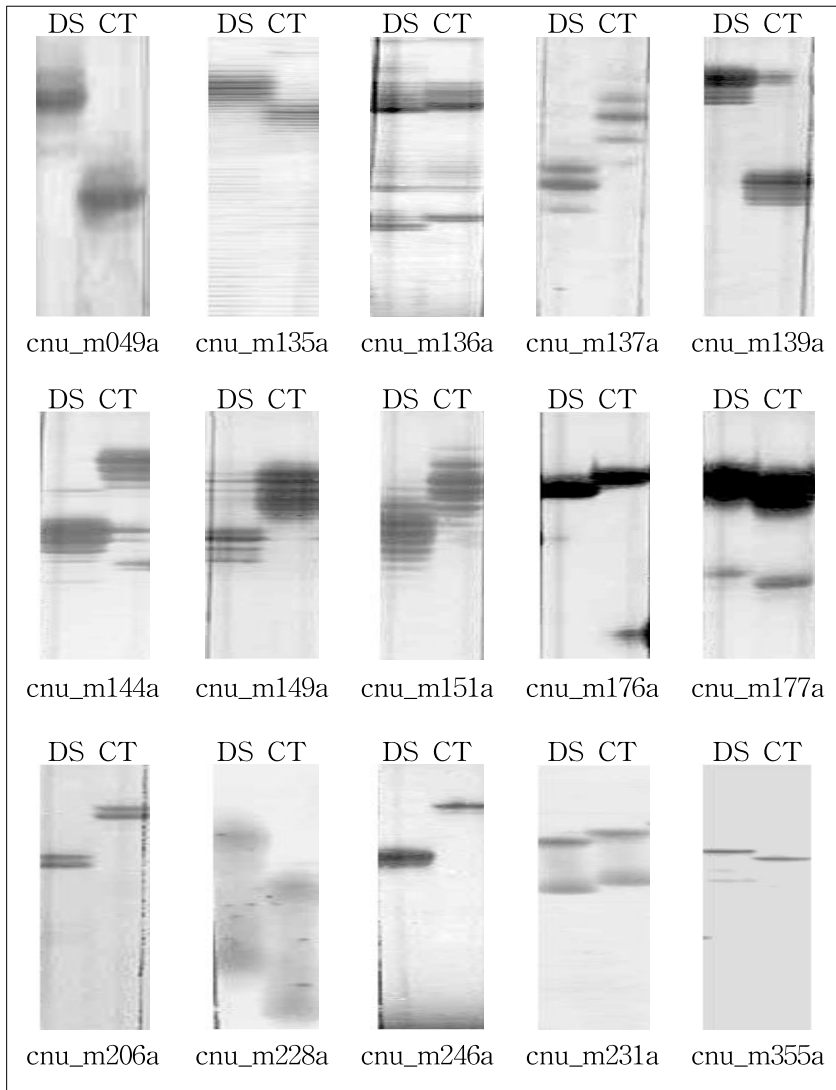


그림 33. 저항성(DS)과 감수성(CT) 계통 사이에 다형성을 보이는 SSR 마커의 PAGE gel 패턴.

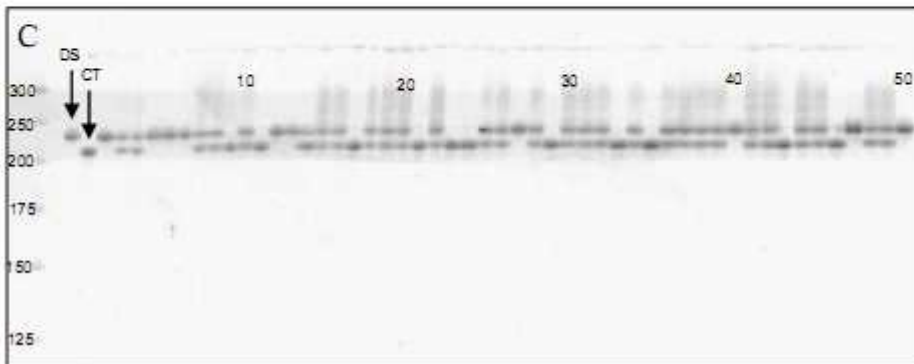
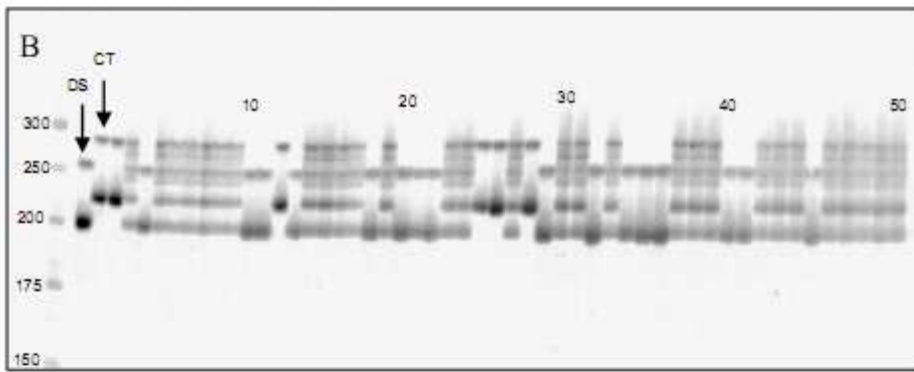
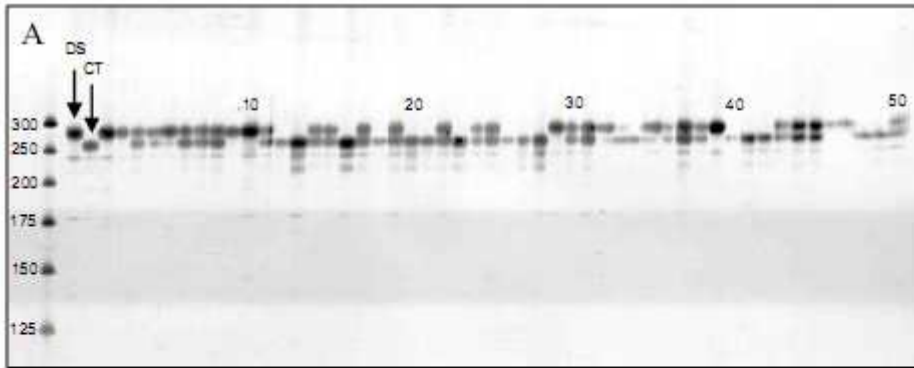


그림 34. SSR 마커를 이용한 각 F<sub>2</sub> 개체들의 젤 전기영동 패턴 A: cnu\_m556a, B: cnu\_m206a, C: cnu\_m415a



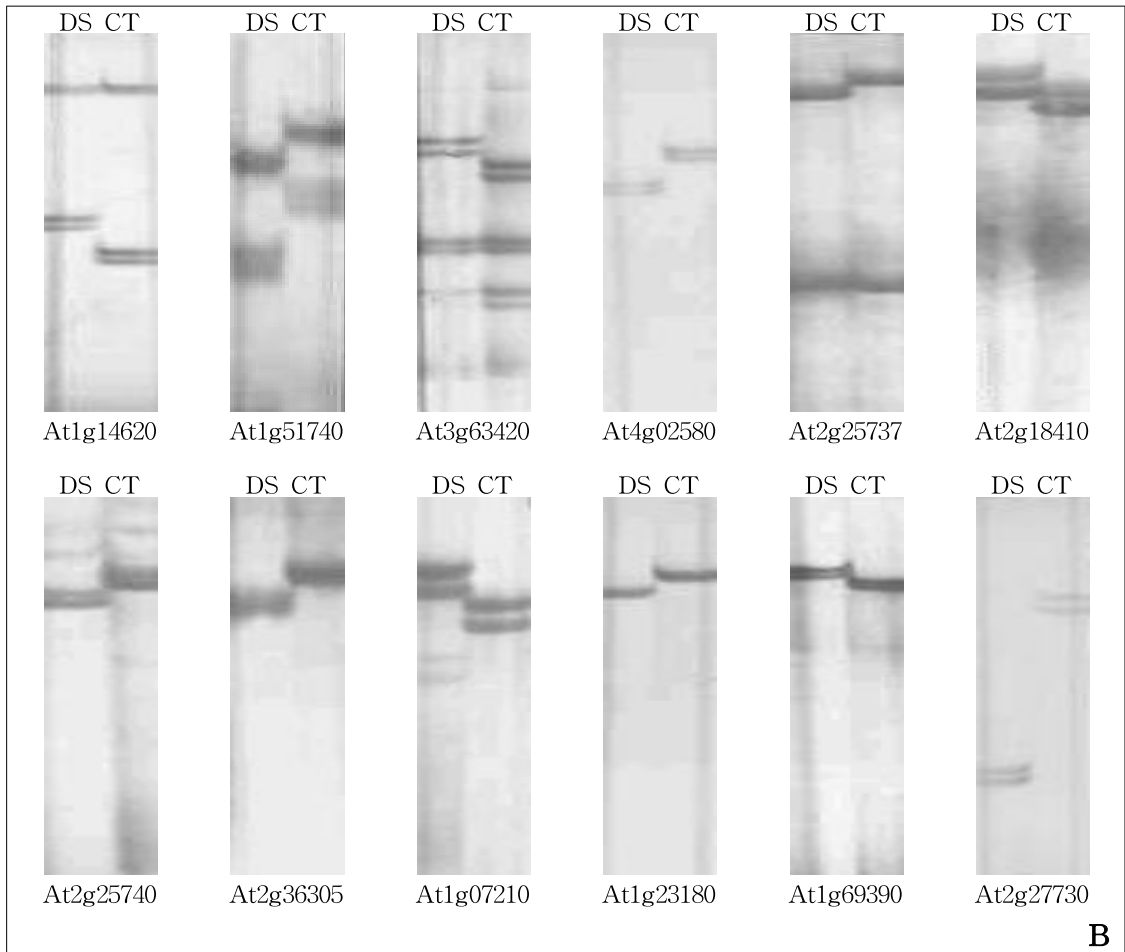
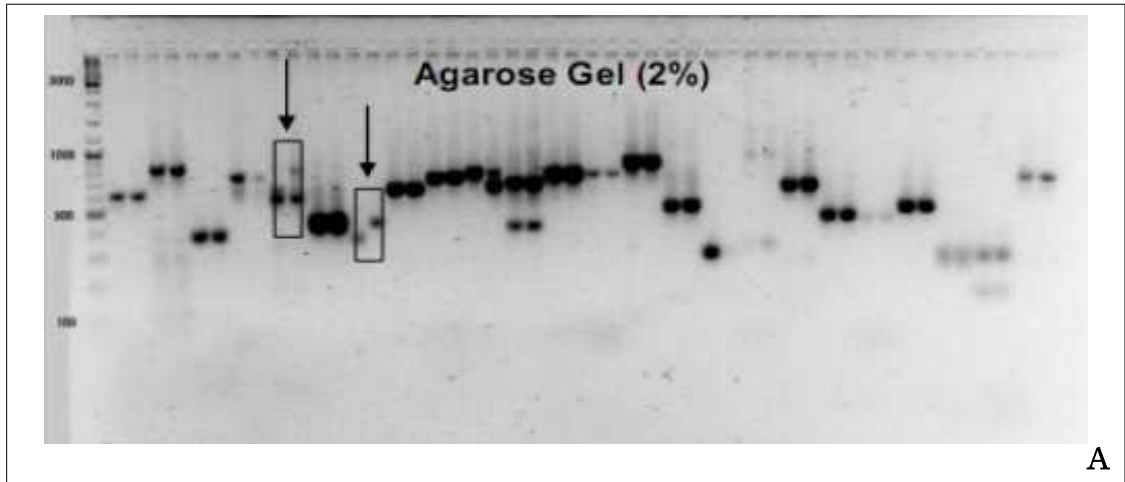


그림 35. IP 마커를 이용한 부모 계통의 screen. (A) 2% Agarose를 이용한 것, (B) 4% Polyacrylamide Gel을 이용한 것.

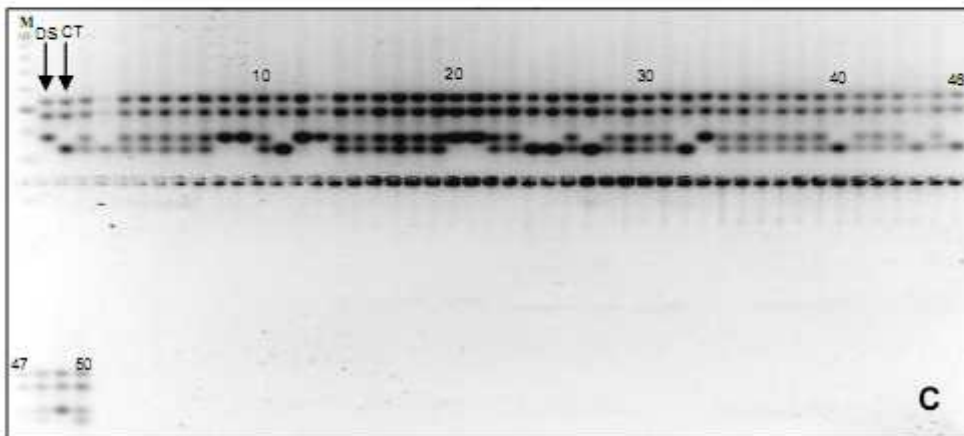
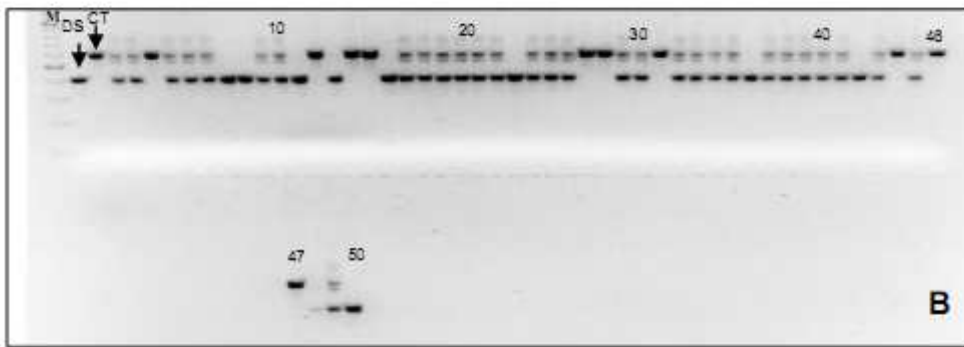
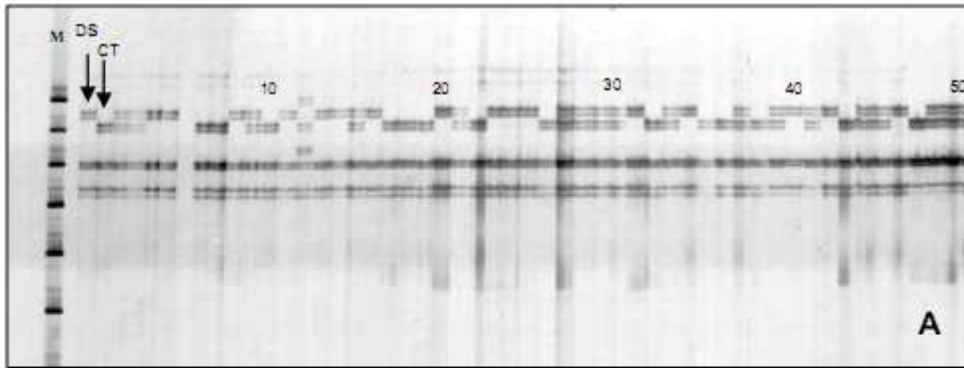


그림 36. IP 마커를 사용한 PCR 증폭 산물 A: At3g63420, B: At4g15730, C: At1g23440

#### 나. 연관지도의 작성

양배추의 유전적 연관지도가 배추좁나방 저항성(DS), 감수성(CT) 양배추 품종 간의 교배에서 얻은 F<sub>2</sub> 집단을 이용하여 작성되었다. 연관지도 작성결과 전체 106의 마커가 연관 지도 작성을 위하여 50개의 F<sub>2</sub> mapping 집단에 사용되었다. 106개의 다형성 마커 중, 오직 85개의 마커만이 11개의 연관 그룹에 mapping

되었다. 남아있는 21개의 마커는 11개의 연관그룹을 분리시키고 뒤틀리게 만들기 때문에 어느 그룹에도 포함될 수 없었다. 최종적으로 두 유전자좌간에 평균 8.37 cM의 거리, 총 길이 711.3 cM을 커버하는 11개의 연관군으로 작성되었다. 연관군의 길이는 각각 LG6와 LG3에서 39.3~97.0 cM의 범위이다. 11개의 연관군들의 마커의 갯수 범위는 4~14이다. 전체 85개의 SSR과 IP 마커들은 연관군상에 분포하고 있다. 현재의 연관군은 양배추의 염색체수(n=9)와 일치하지 않는 11개의 연관군으로 이루어져 있다. 이것은 아직 충분한 수의 SSR 및 IBP 마커들을 이용하지 못한 결과로 생각되며 지속적으로 마커를 추가한다면 9개의 연관군으로 나타날 것으로 판단된다. 현재 지속적으로 마커를 추가중이므로 더욱 완벽한 연관지도 작성이 가능할 것이다.

표 13. *Brassica oleracea* 유전적 연관 지도의 특성

Linkage group	No. of Makers	Average distance between loci (Markes/cM)	Length (cM)
LG 1	11	6.3	69.3
LG 2	6	9.4	56.4
LG 3	14	6.93	97.0
LG 4	12	5.59	67.1
LG 5	7	8.83	61.8
LG 6	4	9.83	39.3
LG 7	13	6.57	85.4
LG 8	5	13.7	68.5
LG 9	5	11.78	58.9
LG 10	4	15.83	63.3
LG 11	4	11.08	44.3
Total/Average	85	8.37	711.3

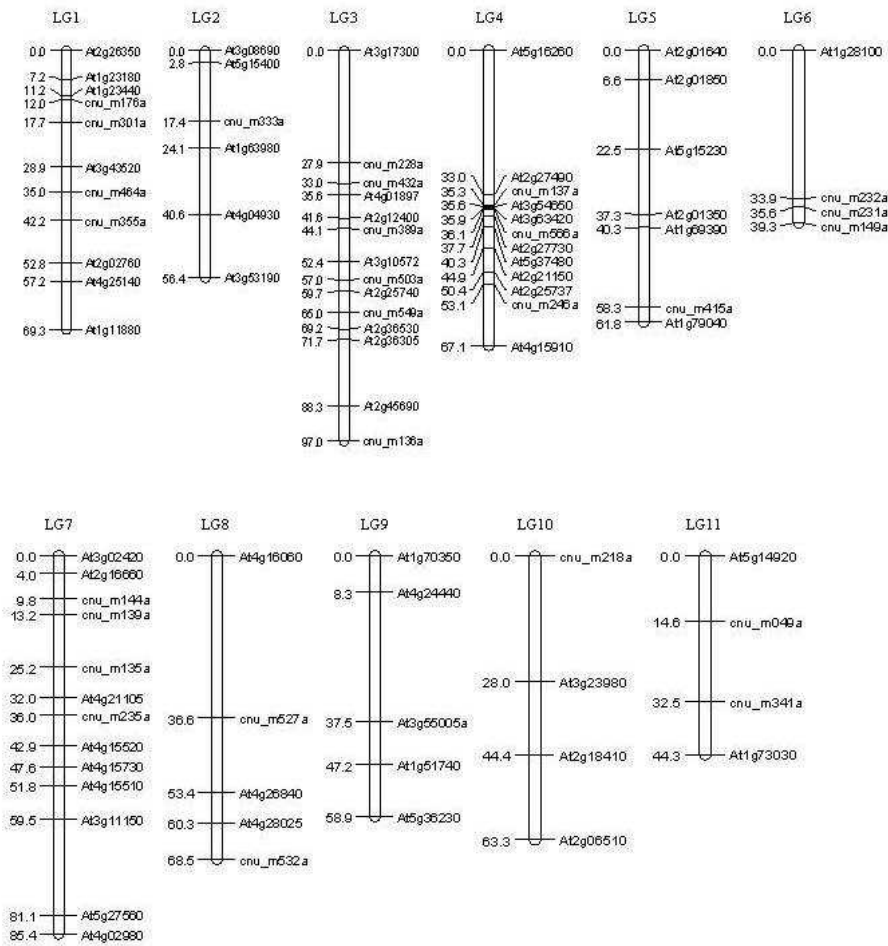


그림 37. Brassica oleracea의 DS와 CT계통의 교배를 통해 얻은 F<sub>2</sub> 집단에 SSR 및 IP 마커를 이용하여 작성된 연관지도. 연관그룹(LG)의 수는 위쪽에 표시되었고, Loci는 연관그룹의 오른쪽에, Kosambi centimorgan 거리는 왼쪽에 적혀있다.

## 다. 결과

새로 육종한 양배추 품종 및 육종 재료용 계통을 구분할 수 있는 분자 마커를 개발하고자 하였다. SSR markers를 이용하여 품종간 유전적 유연관계분석을 통하여 계통도를 그리고 계통도의 각 그룹과 포장에서 육안으로 관찰한 식물체의 형태적 특성을 비교하여 이들 간의 연관성을 찾을 수 있었다. 계통간에 근연관계 또는 형태적 특징에 따라 계통도에서 다른 소그룹을 형성하는 것을 확인했다. 유럽용으로 양배추의 구 크기가 작은 소구에 가까운 계통들, 양배추의 형태 및 구 크기가 원형중구인 계통들, 원형중구이면서 유럽형질을 가지고 있는 것들, 동양계 양배추 육성시 이용되는 계통들, 구의 크기가 큰 계통들, 숙기가 극히 빠

른 계통들, 형태 및 크기 면에서 원형소구인 계통들, 생육특성 상 월동형이면서 만생계, 월동형이면서 중생계, 구 형태가 편형계 등의 공통된 특징을 가지는 계통들이 계통도에서도 각기 다른 소그룹을 형성하였다. 따라서 이러한 분자 마커로 양배추의 생육상 특징 및 외관상 형태에 따라 분류가 가능한 것으로 생각한다. 양배추의 유전적 연관지도가 배추좁나방 저항성(DS), 감수성(CT) 양배추 품종 간의 교배에서 얻은 F<sub>2</sub> 집단을 이용하여 확립되었다. 전체 106의 마커가 연관 지도 작성을 위하여 50개의 F<sub>2</sub> mapping 집단에 사용되었다. 106개의 다형성 마커 중, 오직 85개의 마커만이 11개의 연관 그룹에 mapping 되었다. 남아있는 21개의 마커는 11개의 연관그룹을 분리시키고 뒤틀리게 만들기 때문에 어느 그룹에도 포함될 수 없었다. 총 85개의 SSR과 IP 마커가 두 Loci간에 평균 8.37 cM의 거리, 총 길이 711.3 cM을 커버하는 연관그룹에 분포하고 있다.

## 제 4 장. 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

본 연구과제의 목표는 표 14와 같이 설정 하였는 데 최종 연구시험결과 그 달성도를 표 14에 정리하였다. 결론적으로 품종육성의 결과는 목표치 대비 초극조생계 에서는 33%, 월동형 품종육성 에서는 200%를 추가 달성하였다.

현재 육성된 품종들의 중국 및 동유럽, 국내의 제주도 현지 연락시험결과 좋은 성적을 얻음으로서 종자수출에 많은 기여를 할 것으로 예상되며, 아울러 국내시장으로의 공급을 통하여 농가소득증대는 물론 우수한 품종의 신선한 생산물을 소비하게 됨으로 국민 건강에도 크게 공헌할 것으로 기대된다.

또한 본 연구를 통하여 확립된 계통특이적 마커개발 방법은 금후 배추 등 다른 배추과 채소들에도 폭넓게 적용할 수 있을 것으로 사료되었다.

표 14. 연구 목표달성도

목표	달성도	달성도
중국 전 지역내 사계절 재배될 수 있는 숙기가 정식 후 40일 전후의 초극조생 수출용 양배추 3개 품종 육성	초극조생계 품종으로 선발조합 '18', '21' 극조생계 품종으로 '24', '58' 등 4개 품종을 최종 육성	133%
중국 상해나 상해 인근에서 재배될 수 있는 내한성이 강하고 추대가 늦은 월동용 수출용 양배추 2개 품종 육성	<p>내한성이 강하고 추대가 늦으면서 구색이 녹색으로 상품성이 우수한 월동형 원형 만생계 2개 품종육성 ('454', '459')</p> <p>내한성이 강하고 추대가 늦으면서 구색이 녹색으로 상품성이 우수한 월동형 편형 만생계 2개 품종육성 ('167', '166')</p> <p>내한성이 비교적 강하고 저장성 및 수량성이 우수한 월동형 편형 중생계 1개 품종('154), 편형 중만생계 1개 품종('151') 총 2개 품종육성</p>	300%
육성된 양배추의 품종관별을 위한 계통과 품종 특이적인 SSR 및 IP 마커를 개발하여 품종보호에 활용하며 추후 중국내 품종보호를 실시함	계통 및 품종 특이적 SSR 및 IP마커를 개발하고, 동시에 위 마커를 이용 유전자지도를 작성하였음	100%



## 제 5 장. 연구성과 및 성과활용 계획

수출용으로 육성된 8개 품종을 생산하여 중국을 위시하여 이러한 유형의 품종들을 요구하는 지역에 판매를 도모한다. 현재 '18', '58', '24', '154', '151'등 5개 품종은 생산 중에 있으며 나머지 3개 품종, '21', '166', '167'의 종자도 금년도 재확인을 거쳐 2011년 부터는 시험판매를 실시할 예정이다. 초극조생 또는 극조생 원형계 품종인 '18', '21', '24', '58', 품종들은 중국시장을 중점적으로 공략하는 동시에 극조생 원형 품종을 선호하는 동유럽 및 스페인 등지에 공급할 예정이다. 아울러 국내에서도 단 맛이 좋고 색이 우수한 품종을 선호하는 추세에 있기 때문에 적당한 농민을 선정 계약재배후 이마트 또는 대형 슈퍼마켓으로 공급하도록 한다. 또한 각 품종에 대한 2010년 품종보호를 실시하여 지적재산권을 확보하도록 한다. 품종보호시 본 연구를 통하여 개발된 분자마커를 이용하여 태그를 하여 품종감별이 가능토록한다.

## 제 6 장. 참고문헌

- Babula D, Kaczmarek M, Barakat A, Delseny M, Quiros CF, Sadowski J. 2003. Chromosomal mapping of *Brassica oleracea* based on ESTs from *Arabidopsis thaliana*: complexity of the comparative map. *Mol Genet Genom* 268: 656-665.
- Babula D, Kaczmarek M, Ziolkowski PA, Sadowski J. 2007. *Brassica oleracea*. In: Kole C (ed) *Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants*. Vol 5: vegetables. Springer, Berlin, Heidelberg, New York, pp 227-285.
- Bohuon EJ, Keith DJ, Parkin IAP, Sharpe AG, Lagercrantz U, Lydiate DJ. 1996. Alignment of the conserved C genome of *Brassica oleracea* and *Brassica napus*. *Theor Appl Genet* 93: 833-839.
- Bohuon EJ, Ramsay LD, Craft JA, Arthur AE, Marshall DF, Lydiate DJ, Kearsey MJ. 1998. The association of flowering time quantitative trait loci with duplicated regions and candidate loci in *Brassica oleracea*. *Genetics* 150: 393-401.
- Camargo LEA. 1994. Mapping RFLP and quantitative trait loci in *Brassica oleracea*. PhD Thesis, Univ of Wisconsin, Madison, WI, USA.
- Camargo LEA, Savides L, Jung G, Nienhuis J, Osborn TC. 1997. Location of the self-incompatibility locus in an RFLP and RAPD map of *Brassica oleracea*. *J Hered* 88: 57-60.
- Cheung WY, Champagne G, Hubert N, Landry BS. 1997. Comparison of the genetic maps of *Brassica napus* and *Brassica oleracea*. *Theor Appl Genet* 94: 596-582.
- Gao M, Li G, Yang B, McCombie WR, Quiros CF. 2004. Comparative analysis of a Brassica BAC clone containing several major aliphatic glucosinolate genes with its corresponding Arabidopsis sequence. *Genome* 47:666-679.
- Gao M, Li G, Yang B, Qiu D, Farnham M, Quiros CF. 2007. High-density *Brassica oleracea* linkage map: identification of useful new linkages. *Theor Appl Genet* 115: 277-287.
- Howell EC, Barker GC, Jones GH, Kearsey MJ, King GJ, Kop EP, Ryder CD,

Teakle GR, Vicente JG, Armstrong SJ. 2002. Integration of the cytogenetic and genetic linkage maps of *Brassica oleracea*. *Genetics* 161: 1225–1234.

Hu J, Sadowski J, Osborn TC, Landry BS, Quiros CF. 1998. Linkage group alignment from four independent *Brassica oleracea* RFLP maps. *Genome* 41: 226–235.

Kaczmarek M, Koczyk G, Ziolkowski PA, Sadowski J. 2009. Comparative analysis of the *Brassica oleracea* genetic map and the *A. thaliana* genome. *Genome*(in update).

Kennard WC, Slocum MK, Figdore SS, Osborn TC. 1994. Genetic analysis of morphological variation in *Brassica oleracea* using molecular markers. *Theor Appl Genet* 87: 721–732.

Kianian SF, Quiros CF. 1992a. Generation of a *Brassica oleracea* composite RFLP map: linkage arrangements among various populations and evolutionary implications. *Theor Appl Genet* 84: 544–554.

Kianian SF, Quiros CF. 1992b. Genetic analysis of major multigene families in *Brassica oleracea* and related species. *Genome* 35: 516–527.

Lan T-H, DelMonte TA, Rieschmann KP, Hyman J, Kowalski SP, McFerson J, Kresovich S, Paterson AH. 2000. An EST-enriched comparative map of *Brassica oleracea* and *Arabidopsis thaliana*. *Genome Res* 10: 776–788.

Landry BS, Hubert N, Crete R, Chang MS, Lincoln SE, Etoh T. 1992. A genetic map for *Brassica oleracea* based on RFLP markers detected with expressed DNA sequences and mapping of resistance genes to races 2 of *Plasmodiophora brassicae* (Woronin). *Genome* 35: 409–420.

McGrath JM, Quiros CF, Harada JJ, Landry BS. 1990. Generation of alien chromosome addition lines from synthetic *Brassica oleracea* monosomic alien chromosome addition lines with molecular markers reveals extensive gene duplication. *Mol Gen Genet* 223: 198–204.

Ohno S. 1970. *Evolution by gene duplication*. Springer, Berlin, Heidelberg, New York.

Parkin IA, Sharpe AG, Keith DJ, Lydiate DJ. 1995. Identification of the A and C genomes of amphiploid *Brassica napus* (oilseed rape). *Genome* 38: 1122–1133.

Ramsay LD, Jennings DE, Bohuon EJR, Arthur AE, Lydiate DJ, Kearsey MJ, Marshall DF. 1996. The construction of a substitution library of recombinant backcross lines in *Brassica oleracea* for the precision mapping of quantitative trait loci. *Genome* 39: 558–567.

Ryder CD, Smith LB, Teakle GR, King GJ. 2001. Contrasting genome organisation: two regions of the *Brassica oleracea* genome compared with collinear regions of the *Arabidopsis thaliana* genome. *Genome* 44: 808–817.

Saal B, Plieske J, Hu J, Quiros CF, Struss D. 2001. Microsatellite markers for genome analysis in Brassica II Assignment of rapeseed microsatellites to the A and C genomes and genetic mapping in *Brassica oleracea* L. *Theor Appl Genet* 102: 695–699.

Sebastian RL, Howell EC, King GK, Marshall DF, Kearsey MJ. 2000. An integrated AFLP and RFLP *Brassica oleracea* linkage map from two morphologically distinct double haploid mapping populations. *Theor Appl Genet* 100: 75–81.

Slocum MK, Figdore SS, Kennard WC, Suzuki JY, Osborn TC. 1990. Linkage arrangement of restriction fragment length polymorphism loci in *Brassica oleracea*. *Theor Appl Genet* 80: 57–64.

Ziolkowski PA, Karczmarek M, Babula D, Sadowski J. 2006. Genome evolution in *Arabidopsis/Brassica*: conservation and divergence of ancient rearranged segments and their breakpoints. *Plant J* 47: 67–74.

(뒷면)

(앞면)

발간등록번호

11-1541000-000497-01

일반과제 과제번호: 506013-4

과제번호  
506013-4

중국  
수출용  
초극조생종  
및  
월동양배추  
품종육성  
농림수산식품부

중국 수출용 초극조생 및  
월동양배추 품종육성

(Development of Extra-early Maturing and  
Overwinter Cabbage Varieties for China)

바이엘크롭사이언스(주)  
한국누넴종묘 육종연구소

농림수산식품부

주 의

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