

710011
-03

보안 과제(), 일반 과제(O) / 공개(O), 비공개()발간등록번호(O)

농식품기술융합창의인재양성사업 2020년도 최종보고서

발간등록번호

11-1543000-003309-01

채소 육종 인력 양성 및 연구

2020

농림축산식품부

농림식품기술기획평가원

채소 육종 인력 양성 및 연구

2020. 12. 7.

주관연구기관/ 서울대학교

협동연구기관/ 전남대학교

부산대학교

경북대학교

충남대학교

(주)팜한농

씨제이제일제당(주)

(주)농우바이오

아시아종묘(주)

(주)더기반

농림축산식품부

(전문기관) 농림식품기술기획평가원

제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

본 보고서를 ‘채소 육종 인력 양성 및 연구’(연구개발 기간 : 2017.09.01~2020.08.31) 과제의 최종보고서로 제출합니다.

2020. 12. 7.

주관연구기관명 : 서울대학교 산학협력단장 (김용진) (인)

협동연구기관명: 전남대학교 산학협력단장 (김재국) (인)

부산대학교 산학협력단장 (최경민) (인)

경북대학교 산학협력단장 (김지현) (인)

충남대학교 산학협력단장 (김승범) (인)

참여기관명 : (주)팜한농 (이유진) (인)

씨제이제일제당(주) (강신호) (인)

(주)농우바이오 (이병각) (인)

농업회사법인 아시아종묘주식회사 (류경오) (인)

농업회사법인 (주)더기반 최규설 (인)

주관연구기관책임자: 강병철

협동연구기관책임자: 김국형, 김성길, 박영훈, 이제민, 임용표

참여기관책임자: 민웅기, 정지원, 김성훈, 임찬주, 엄지용

국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제18조에 따라 보고서 열람에 동의합니다.

보고서 요약서

과제 고유 번호	710011-03	해당 단계 연구 기간	3단계 3차연도	단계구분	(3단계)/ (3단계)
연구사업명	사업명	농식품기술융합창의인재양성사업			
	세부사업명	농식품기술융합창의인재양성사업			
연구과제명	대과제명	채소육종연구센터			
	세부과제명	채소 육종 인력 양성 및 연구			
연구책임자	강 병 철	해당단계 참여연구원 수	총: 268 명 내부: 76 명 외부: 192 명	해당단계 연구개발비	정부: 2,908,000천원 민간: 726,500천원 계: 3,635,500천원
		총 연구기간 참여연구원 수	총: 268 명 내부: 76 명 외부: 192 명	총 연구개발비	정부: 2,908,000천원 민간: 726,500천원 계: 3,635,500천원
연구기관명 및 소속 부서명	서울대학교 산학협력단			참여기업명: (주)팜한농, 씨제이제일제당(주), (주)농우바이오, 아시아종묘(주), (주)더기반	
국제공동연구	상대국명:			상대국 연구기관명:	
위탁연구	연구기관명:			연구책임자:	

※ 국내·외의 기술개발 현황은 연구개발계획서에 기재한 내용으로 같음

연구개발성과의 보안등급 및 사유	보안등급(공개)
----------------------	----------

9대 성과 등록·기탁번호

구분	논문	특허	보고서 원문	연구시설 ·장비	기술요약 정보	소프트 웨어	화합물	생명자원		신품종	
								생명 정보	생물 자원	정보	실물
등록·기탁 번호	41	24									16

국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황

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

요약(연구개발성과를 중심으로 개조식으로 작성하되, 500자 이내로 작성 합니다)	보고서 면수 425
---	---------------

요약문

연구의 목적 및 내용	<p>육종 연한을 단축할 수 있는 첨단 육종기법을 개발하고 종자산업 분야의 전문인력을 교육하고 양성한다. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 품종과 기능성 식품소재를 개발하고 이를 상품화한다. 1-2 단계의 육종 인력양성 프로그램을 고도화하며 산학협력을 통해 종자산업 미래인력을 양성하고 종자산업 분야로 유도한다. 본 사업을 통해 개발된 품종 및 교육용 소재에 대해 상품화를 진행하며 이를 사업화 한다. 차세대유전체분석 기술을 이용하여 품목별 분자마커를 개발하고 이를 활용하여 신품종을 개발한다.</p>					
연구개발 성과	<p>본 센터는 3단계 후속산업화를 진행하며 육종 연한을 단축할 수 있는 첨단 육종 기법을 개발하여 활용 가능한 특허출원 14건, 특허 등록 10건의 실적을 이 중 14건을 기술 이전하여 기술료로 36백만원을 징수하였다. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 고기능성 고추, 수박, 배추 등의 품종 16종을 개발하였다. 또한 차세대유전체분석 기술을 이용한 분자마커 서비스, 육묘업 교육을 통해 총 896백만원 매출, 58백만원을 수출 실적을 달성하였다. 또한 학술성적으로 SCI 논문 39편과 비SCI 논문 2건을 출판하였으며, 국내·외 26건의 학술발표를 하였다.</p>					
성과	인력양성 성과	<p>본 센터는 후속산업화연구 3년 동안 석박사급 종자산업전문인력 양성을 진행하여 박사 12명, 석사 43명을 배출하였으며 졸업 후 종자회사 취업 등을 독려하여 총 46명이 종자산업 분야의 회사 및 국가연구소로 취업하였다. 또한 학생들이 학위과정 중에 글로벌 인턴교육(10명), 국내종자회사 및 연구소 현장 인턴교육(35명) 등 현장 교육에 참여하게 함으로써 전통육종 뿐만 아니라 최신육종기술을 경험할 수 있는 기회를 제공하였다. 대학원생들에게 종자육종산업의 비전을 제시하여 종자산업 분야로의 진출을 유도하기 위해 종자선진국인 네덜란드와 일본은 종자회사 탐방을 실시하였다.</p>				
연구개발성과의 활용계획 (기대효과)	<p>본 사업을 통해 참여기업은 기 개발된 품종의 사업화를 추진하였으며 후속산업화 기간 동안 교육비, 차세대유전체기술을 이용한 분자마커 서비스를 추진하였다. 고기능성 품종개발을 통해 채소 종자산업의 경쟁력을 확보에 기여하였으며, 후속산업화 이후에도 참여 대학에서는 본 사업에서 확립한 시스템을 바탕으로 지속적으로 우수한 육종인력을 확보하게 될 것이다. 본 센터 참여 학생은 양질의 품종 개발 교육을 제공받고 취업 경쟁력을 확보하게 되었다. 산업체는 전문지식과 자질을 갖춘 졸업생을 채용하여 우수한 종자산업 인력을 확보하였다. 이를 바탕으로 현장 교배육종 교육 프로그램을 체계화하였고, 종자산업 분야에 원활한 인력공급을 통해 채소 종자산업이 지속적으로 발전할 수 있게 될 것으로 기대된다. 또한 국가적 측면에서는 채소 종자산업의 경쟁력을 확보를 통해 국가 주도 종자산업 발전의 토대를 마련할 것으로 기대된다.</p>					
국문핵심어 (5개 이내)	육종가 교육	품종 육성	품종 산업화	식물육종 아카데미	산학 협력	
영문핵심어 (5개 이내)	Training field breeders	Cultivar development	Cultivar commercializa tion	Plant breeding academy	Industry-Acad emic collaboration	

〈 목 차 〉

1. 센터의 개요	5
2. 국내외 기술개발 동향	16
3. 연구개발내용 및 인력양성 프로그램 운영	21
4. 센터 운영 성과(1·2·3단계)	32
4-1. 핵심기술개발 성과 및 활용성과	32
4-2. 인력양성 및 활용성과	367
5. 목표달성도 및 관련 분야 기여도	386
6. 연구성과의 활용계획	398
7. 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보	404
8. 연구개발결과의 보안등급	414
9. 연구개발과제의 대표적 연구실적	415
10. 기타사항	420
11. 참고문헌	420

<별첨 1> 연구개발보고서 초록

<별첨 2> 연구성과 활용계획서

<별첨 3> 자체평가의견서

1. 연구개발과제의(센터의) 개요

1-1. 연구개발 목적

- 본 센터는 후속 산업화를 진행하기 위해 연구 사업에서 확보한 **고색소 복합병저항성 고추, 캡시에이트 고품유 고추, 자색 고품유 배추**뿐만 아니라 다양한 우수 조합을 추가적으로 품종보호출원을 실시하여 지식재산권 확보하여 사업화를 진행한다. 또한 연구 사업에서 확보한 육종 소재를 이용하여 **신규 다이어트 소재를 개발**한다.
- 3단계 사업화를 통하여 이전 단계에서 확립된 인턴 교육 체계를 이용하여 현장 중심의 교육을 지속적으로 수행하고 확대해 나간다. 또한 3단계 사업화부터 **해외 인턴 교육 대상**을 기존 글로벌 인턴교육을 진행했던 회사보다 범위를 넓혀 **East West Seed Indonesia, Axia** 등의 여러 다국적 종자기업으로 확대하여 수행한다.
- 대학에서는 1, 2단계의 기존 전문육종인력 양성 교육 프로그램을 유지·보완하여 3단계 사업화를 통해 체계적으로 전문육종인력을 양성한다. 이를 위해 **국내 육종회사와의 협력을 통해 취업연계** 현장 육종에 대한 전문능력을 기르고, 육종 이론 교육을 통해 전통육종과 분자유육을 아우르는 육종 전문 인력을 양성한다.
- 3단계에서는 첨단 분자마커 개발 방법을 구축하고 이를 이용해 특허를 개발하기 위해 **NGS 기반 마커개발 및 서비스**를 실시한다. 종자회사에서 요구하는 맞춤형 분자마커를 개발 및 서비스하며, 국내외 종자회사, 농업기술실용화재단 등에 **기술이전**하여 다양한 기관에 기술을 보급한다.
- 후속산업화 최종목표는 다음과 같다.

- 우수 품종 사업화 - 품종상품화, 교육용 소재 사업화
- 고품질, 고기능성 미래 지향적 품종 개발
- 산학 협력을 통한 종자산업 미래 우수 인력 양성 및 교육
- 육종 연한 단축을 위한 품목별 분자마커 개발 및 효율성 증대



그림 2. 센터 후속산업화(3단계) 최종 연구 목표

1-2. 연구개발의 필요성

가. 사업화 연구지원 필요성

(1) 신제품 개발에 대한 사업화 연구지원 필요성

- 지난 100년 간 세계 인구는 4 배가량 늘어났으며, 이러한 인구 추세를 고려하면 세계 인구는 2025년에는 85억, 2050년에는 93억 명에 이를 것으로 추정되고 있다. 하지만 1990년 이후 농업 기술발전의 둔화 등으로 인해 세계 곡물생산량의 증가 추이가 현저하게 줄어들었고, 1인당 경작면적이 지속적으로 감소하는 추세이기 때문에 이를 극복하기 위한 단위면적당 생산성을 증대할 수 있는 품종의 개발이 필요하다.

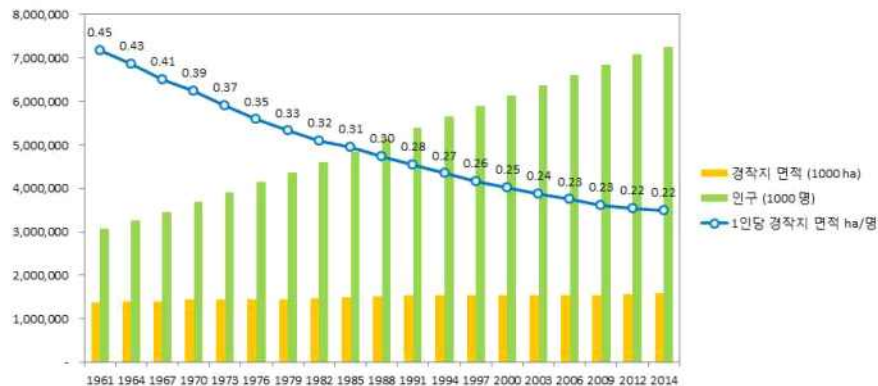


그림 3. 연도 별 경작지 면적과 인구

- 한편, 기후변화의 영향으로 인하여 세계 평균 기온이 약 4°C 상승하였고, 이로 인해 농작물의 재배적지 변동, 이상기상 발생 등의 징후가 관찰되었다. 이러한 징후들은 농작물 생육부진, 병해충 피해 증가 등 농업부문의 생산능력 감소에 상당한 영향을 미쳤다. 뿐만 아니라 지구 온난화 및 이상 기후로 인한 잦은 가뭄과 홍수, 해수면의 증가로 인한 바닷물의 피해로 인해 세계적으로 식량생산 능력이 크게 위축될 것으로 예상된다.
- 최근 우리나라 농촌의 고령화 현상도 생산 능력 감소에 상당한 영향을 미치는 요인으로 여겨진다. 지난 농촌의 인구 고령화 현상 추이를 보았을 때, 65세 이상 고령인구가 차지하는 비율은 앞으로 꾸준히 늘 것으로 예측되며, 2015년 통계청 농림어업 총조사에 의하면 농촌의 60세 이상 인구 비율은 앞으로 50%에 육박하게 될 것이다. 특히 농촌에서의 고령인구 증가율은 이미 상당 수준에 도달하였으며, 고령화 문제로 인한 노동력 부재 및 생산량 감소가 예상된다.
- 또한 최근 건강 문제가 소비자 사이에 화두가 되면서 라이코펜 혹은 안토시아닌 등 기능성 성분 고함량 작물에 대한 수요가 급격하게 증가하였다. 따라서 향후 신제품 개발은 앞서 언급한 인구 증가, 기후 변화, 고령화 문제뿐만 아니라 **기능성 함량, 과색 등 소비자의 입장 또한 고려되어 새로운 품종을 개발해야 할 것으로 판단된다.**

- 이러한 신품종 개발에 대한 생산자·소비자의 다양한 수요에 맞추어 본 과제의 1, 2 단계에서는 복합내병성 고추, 캡시에이트 고함유 고추, Long shelf-life 배추 품종 등 17건에 대한 품종을 출원하였고, 이 중 복합내병성 고추, 고라이코펜 수박, 바이러스 저항성 고추 3 품종을 사업화하여 총 2억 7백만원의 매출 실적을 달성하였다.
- 또한 3 단계 사업 내에 바이러스 저항성 고추 등 품종이 추가적으로 개발될 것으로 예측된다. 따라서 이들의 품종 우수 품종에 대한 사업화가 3 단계에서 필수적으로 진행될 필요가 있다. 또한 본 과제를 통해 개발된 품종을 3 단계 사업화를 통해서 국내 종자 판매에만 국한시키지 않고 사업화 영역을 확대하여 기능성 식품 소재를 개발하기 위한 연구가 필요하다. 이를 위해 1, 2 단계 사업으로 개발된 캡시에이트 고함유 고추 계통을 이용하여 기능성 식품 소재로 개발하여 사업화할 계획이다.

(2) 기술 확보에 대한 사업화 연구지원 필요성

- 차세대 염기서열(Next Generation Sequencing: NGS) 분석 방법의 도입으로 낮은 단가로 더욱 정확한 염기서열 분석이 가능하게 되었으며, 이를 이용해 다수의 주요 작물에 대한 비교적 정확한 염기서열 분석이 완료되었다. 그뿐만 아니라 whole genome re-sequencing, Genotyping-by-sequencing(GBS), RNA sequencing (RNA-seq) 등의 기술을 적용하여 매우 저렴한 비용으로 초고밀도 유전자 지도 작성, 유용형질 관련 유전자 동정 등의 작업이 가능하게 되었다. 최근에는 다양한 종에 대한 pan-genome 이 구축되고 genome wide association study (GWAS) 기술이 발전하면서 주요형질 유전자 동정 및 수량 등의 양적 형질 관련 QTL 분석을 좀 더 효율적이면서도 정밀하게 진행할 수 있게 되었다.

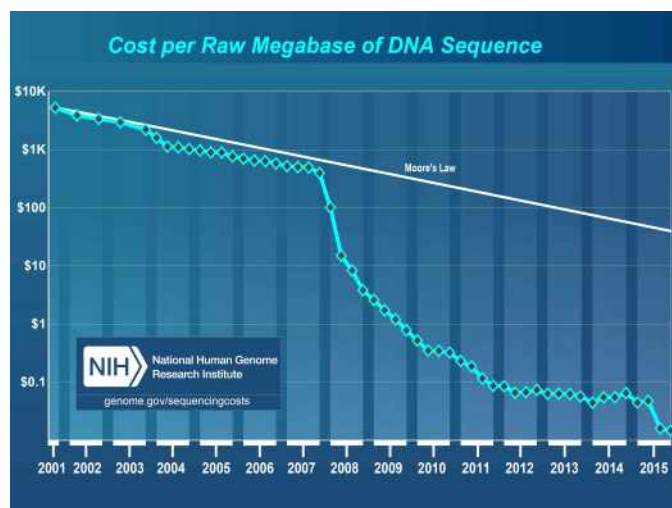


그림 4. Mbp 당 염기서열 비용 변화 추이

- 또한 차세대 염기서열 분석방법의 낮은 단가로 인해 전체 유전체 수준의 고밀도 유전형 데이터와 축적된 계통의 표현형 데이터 혹은 계통 특성을 이용하여 원하는

질적 혹은 양적 형질의 육종가(breeding value)를 추측할 수 있게 하였으며, 이를 training 집단과 육종 집단을 이용하여 육종가(breeding value)만으로 원하는 양적 형질을 단시간 안에 빠르고 정확하게 선발하는 것이 가능하게 되었다. 이러한 기술을 genomic selection(GS)한다. GS 방법을 활용해 해외 연구진에서는 양적형질을 효율적으로 선발하고 있다. 국내 주요 연구진들도 다양한 양적형질 개량에 이 기술의 활용을 시도하는 중이다.

- 이러한 농업생명공학 기술을 선진국과 비교하자면, 최고 선도국인 미국 대비 우리나라의 기술 수준은 54.5%, 기술격차는 8.1년 정도로 생각된다. 이를 식물분자유종 관련 분야별로 세분화하면, 형질전환작물 개발 및 실용화 연구는 54.6% 수준(8.3년 격차), 분자마커를 활용한 작물분자유종연구는 55.6% 수준(8년 격차)로 여겨진다.
- 본 프로젝트의 1, 2 단계 사업을 통해서 유전체 정보 및 차세대 염기서열 분석 기법 등을 이용하여 특허 출원 30건, 등록 24건, 이에 대해 약 10건에 대한 기술이전이 있었고, 이 기술이전을 통해 약 8천만원의 기술료 실적을 달성하였다. 이 중에는 병저항성, 과피색, 신미 등 다양한 형질에 관련된 분자마커의 개발 및 기술이전하였다. 그러나 중소규모의 국내 종자회사에는 분자유종 기술이 아직 널리 보급되지 못한 한계가 있어 본 연구진은 형질 연관 분자마커(혹은 유전자 기반 마커) 이용한 MAS와, GBS를 이용한 MAB (Marker-assisted backcrossing) 기법을 개발하고 중소규모 회사에 서비스를 진행하여 왔다.
- 본 과제의 3 단계에서는 대학과 종자회사의 간 긴밀한 협력을 통해 분자유종을 통한 품종 개발에 기여할 것이다. 아울러 차세대 염기서열 분석 방법을 이용한 분자마커 개발 및 검정 서비스를 본 과제에 참여하지 않는 기업에도 확대 적용하고 사업화할 필요가 있다.

(3) 인력 양성에 대한 사업화 연구지원 필요성

- 세계 최대 종자기업인 몬산토는 2005년 곡물 유통회사인 카길(Cargill)사의 종자판매 부문과 세계 1위 채소종자회사였던 세미니스(Seminis)를 인수하여 현재 전 세계 100여개 지역에 연구소를 운영하며 연간 약 15억 달러 이상의 연구개발비를 투자하고 있다. 다른 글로벌 종자기업도 기업 간의 전략적 인수합병을 통하여 시장점유율을 1996년보다 약 40% 이상 증가 시켰다.
- 글로벌 종자기업의 대형화와 달리 국내 종자산업은 FTA 체결에 의한 농산물 수입의 영향으로 농업생산량이 감소하여 성장이 정체되어 있다. 뿐만 아니라 글로벌 기업에 의한 국내 종자기업의 인수, 합병 이후 국내 종자기업에 대한 지속적인 구조조정이 이루어졌고 종자기업에 종사하던 육종인력이 해고되거나 자발적으로 개인육종가로 독립하면서 개인육종가 수가 지난 10여년 간 급격히 증가하였다. 그 결과 2016년 현재 국내 종자기업에 고용된 육종가 수는 개인육종가의 약 1/6

수준인 104 명에 불과하다. 본 과제에서 과거 6 년간 육종회사의 인력 수요 조사 결과에 따르면 향후 10 년 내 3 개의 중견기업에서 약 50 명 정도의 인력을 필요로 하고 있지만, 기업에서 자체적으로 인력을 양성하고 훈련하고 있지 못한 실정이다.

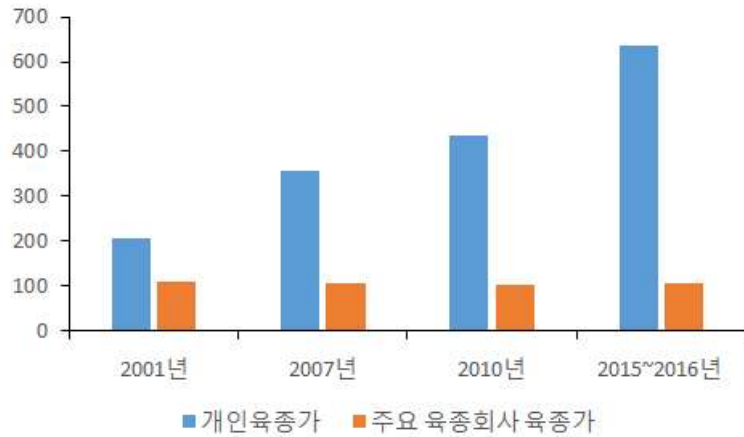
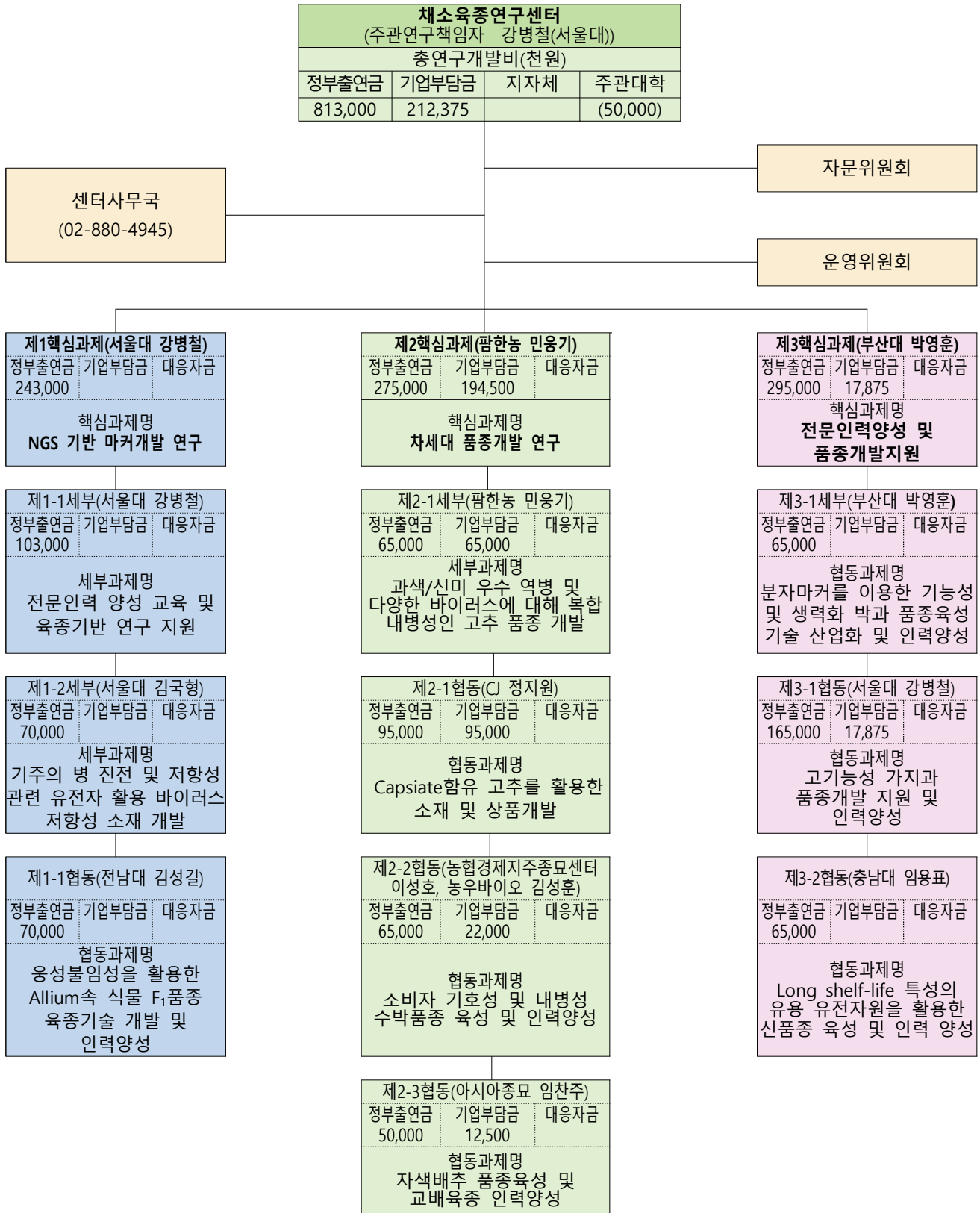


그림 5. 개인육종가 대비 주요 육종회사 육종가 수

- 현재 육종가 교육은 전적으로 대학 교육에 의존하고 있는데 교배육종 현장교육 및 교과목 부실, 육종 현장과 대학교육의 괴리, 비전을 제시해 줄 수 있는 교육 과정의 부재 등과 같은 문제점을 안고 있다. 이에 따라 국내 종자기업에 전문 인력 공급이 충분히 이루어지지 않아 종자 산업의 경쟁력 저하 요인이 되어 왔다.
- 본 과제의 1, 2 단계 사업에서는 이러한 국내 육종 인력 양성의 한계를 극복하고자 다양한 형태의 교육을 수행하였다. 먼저 현장 실무형 육종인력을 양성하기 위하여 인턴교육 체계를 확립하여 국내외 총 124 건의 인턴교육을 실시하였고, 7년동안 사업을 통하여 박사 38 명, 석사 79 명을 배출하였다. 또한 본 사업을 통해 배출된 전문인력은 종자회사 등에 86 명의 취업을 유도하여 육종가 세대 교체에 기여하였다. 이러한 1, 2 단계의 인력성과는 종자산업 현장 전문 인력 양성이 성공적으로 추진되었음을 보여 준다. 아울러 워크숍 개최를 통해 GBS 기술, 분자마커 활용에 관한 지식 등을 기존 육종가들에게 보급하였으며, 종자회사와의 교류를 통해 국내외 회사의 직원들에게도 다양한 형태의 첨단 육종 기술 교육을 실시하였다.
- 따라서 3 단계 사업을 통해 종자 전문인력이 지속적으로 양성된다면 우리나라 종자산업의 경쟁력 확보하고 우수한 확보의 기반을 마련할 수 있을 것으로 판단된다. 3 단계 사업에서는 1,2 단계에서 확립된 현장 실무 교육을 바탕으로 도전 정신과 국제적 감각을 갖춘 인재를 육성하여 국제 경쟁력을 갖춘 글로벌 종자 전문 인력을 양성할 필요가 있다. 이를 위해대학에서는 육종 이론 교육, 국내외 종자회사에서의 현장 교육을 통해 통해 전문 지식을 갖추게 할 것이다. 또한 기존에 시행되었던 육종가 재교육 프로그램과 NGS 기반 마커 개발 등의 첨단 육종기술 교육을 사업화 할 필요가 있다.

1-3. 연구개발 범위

가. 센터의 구성



나. 센터의 연구개발 범위

연구센터명	채소육종연구센터	
연 차	연구목표	연구내용
1차년도	제 1핵심연구과제	
	1-1 세부 - 글로벌 종자전문가 양성 - 종자산업 전문가 교육 - 분자마커 서비스 사업화	<ul style="list-style-type: none"> • 해외 인턴교육 강화(회사 확대, 품종개발 --> 종자 관련 기술) • 학부생 종자회사 탐방 및 비전 교육 • 중고생 “Plant Breeding Summer School” 운영 • 육묘업등록 관련 진행 • NGS 기반 분자마커 개발 교육 • 분자마커 개발 서비스, 분자마커 분석 서비스
	1-2 세부 - 토마토·감자 바이러스 병원성 및 저항성 검정 - 식물바이러스 병리검정 지원 및 전문인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 토마토 및 감자를 대상으로 수입종자 이용 주요 바이러스 검정 • 토마토 및 감자의 병원성 및 저항성 검정 수행 • Pvr9을 이용한 식물바이러스 병 저항성 검정 • 기확인된 바이러스 대상 바이러스 병리 검정 지원
	1-1 협동 - 양과 정상 세포질 미토콘드리아 유전체 서열 완성 - 양과 대량 분자표지 개발 및 유전자지도 작성 - 다양한 대파 음성불임 계통 수집 - 육종인력 양성프로그램 운영	<ul style="list-style-type: none"> • 이전 연구단계에서 조립된 contig를 PCR 및 Genome walking을 통하여 전체 서열 완성 • 이전 연구단계에서 확보된 SNP를 활용하여 신뢰성 있는 분자표지 개발 및 이를 활용한 유전자지도 작성 • 시판 F1품종 및 유전자원을 탐색하여 다양한 종류의 음성 불임 계통을 수집 • 대학원 진학을 희망하는 학부생을 대상으로 실시하는 실험 교육프로그램 개발
	제 2핵심연구과제	
	2-1 세부 - 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발	<ul style="list-style-type: none"> • 고추 바이러스 저항성 선발의 효율성 극대화를 위한 SNP 마커 전환 • 고추 MABC 기술 셋업 및 이를 이용한 계통 육성 • 우수 조합의 현지 특성 평가 • 육종 현장 인턴 교육
	2-1 협동 - 캡시에이트 고추의 인체 효능 검증 - 소재 표준화	<ul style="list-style-type: none"> • 에너지 대사량 증진에 따른 체지방 감소 인체 효능 검증 • 소재 원료의 재배 및 수확적기 분석, 원료단가(안), 소재시장 분석
	2-2 협동 - 소비자 기호성 및 내병성 수박 품종육성 및 인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 소비자 기호성, 기능성, 내병성 조합 작성, 국내 적용성 시험 신품종 출원 • 시교 종자 생산 및 수박 주산지 시교 사업 • 전통 육종 현장 인턴교육
	2-3 협동 - 자색배추계통 육성, 채소육종인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 신규 유용 유전자원 수집 및 특성조사 • 자색배추계통 및 CMS 계통 육성, 뿌리혹병 내병성 계통 선발

		<ul style="list-style-type: none"> • 소포자 배양을 통한 자색배추 계통 육종 연한 단축 • 신규 F1 조합 작성, 우수선발조합 망실채종, 지역적응성 시험 • 현장 인턴교육 및 소포자배양 실습
제 3핵심연구과제		
3-1 세부	<ul style="list-style-type: none"> - 기능성 라이코펜 고함유 계통 선발 및 계통 특이적 분자표지 개발 - 다양한 과색 형질 유전자원 수집 - 신규 과색 형질 육종기반 확립 	<ul style="list-style-type: none"> • 기능성 라이코펜 육종계통 수집 • HPLC를 통한 기능성 라이코펜 고함유 계통 선발 및 특이적 분자표지 개발 • 신규 과색 계통(살구색, 노랑색 등) 유전자원 수집, 선발, 분리집단 작성
3-1 협동	<ul style="list-style-type: none"> - 캡시에이트 신흥 A line 육성을 위한 집단 작성 및 선발 - 홍고추의 색소 함량 QTL 연구 집단 작성 - 과실 안토시아닌 축적 유전자원의 탐색 및 집단 작성 - 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • 고정된 캡시에이트 신흥 B line과 신흥 A line을 교배하여 집단 작성 및 MS 계통 선발 • 홍고추 고색소 계통 35001과 저색소계통 35009를 교배한 집단 작성 • 고추 미숙과실에서 안토시아닌 축적 유전자를 탐색하기 위한 집단 작성 및 분리비 관측 • 팍한농의 현장육종과정 참여
3-2 협동	<ul style="list-style-type: none"> - 고 기능성 성분 분자마커 개발 - 채소육종 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 고 pro-lycopene, beta-carotene 함량 분석 기술 확립 및 육종소재 탐색 • 육성계통, 분리집단(F2), NIL을 이용한 pro-lycopene, beta-carotene 유전분석 • 후보유전자 발굴 및 유전자 기반 MAS용 분자마커 개발 • 회사 인턴ships을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 • 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육 • 육종회사와 연계한 과특성/기능성 등의 표현형 분석 훈련 • 채소육종연구소 주관의 계절학기, 해외인턴십, 워크숍 등 교육과정 참여
3-3 협동	<ul style="list-style-type: none"> - Long shelf-life 특성의 유용 유전자원 평가 및 유전체 정보를 활용한 분자마커 개발 - 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • Long shelf-life 특성의 유용 유전자원에 대하여 기 개발된 정량화 평가 방법을 통하여 계통별 성적 산출 • 고득점 계통을 원에 특성 평가 계통으로 선정 • RNAseq 및 Genome Resequencing을 통해 얻은 유전체 정보를 활용하여 계통간의 차이를 확인 • Long shelf-life 특성에 연관된 분자마커를 개발 • 교배육종 인력 인턴십 수행
2차년도	제 1핵심연구과제	
1-1 세부	<ul style="list-style-type: none"> - 글로벌 종자전문가 양성 - 종자산업 전문가 교육 - 분자마커 서비스 사업화 	<ul style="list-style-type: none"> • 해외 인턴교육 강화(회사 확대, 품종개발 --> 종자 관련 기술) • 학부생 종자회사 탐방 및 비전 교육 • 중고생 “Plant Breeding Summer School” 운영 • 육묘업등록 관련 진행 • 첨단육종기술 맞춤형 교육 및 종자산업분야 워크숍 진행 • 분자마커 개발 서비스, 분자마커 분석 서비스

<p>1-2 세부</p> <ul style="list-style-type: none"> - 바이러스 병 저항성 관련 유전자 편집 기술 벡터시스템 개발 - 식물바이러스 병리검정 지원 및 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 유전법칙 이해를 위한 학술 kit 개발 및 상품화 • 1, 2단계 연구결과를 바탕으로 Pvr9과 돌연변이체를 이용하여 CRISPR 유전자 편집기술 적용 가능 벡터 개발 • 바이러스 병리 검정 및 저항성 관련 기술 검정 지원과 기술 공급 및 교육 지원
<p>1-1 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 양파 CMS-T 응성불임 세포질 미토콘드리아 유전체 서열 완성 및 응성불임 유기유전자 탐색 - 양파 대량 분자표지 개발 및 유전자지도 작성 - 대파 응성불임 및 정상 세포질 분류용 분자표지 개발 - 육종인력 양성프로그램 운영 	<ul style="list-style-type: none"> • 정상 및 CMS-T 응성불임 세포질 미토콘드리아 유전체 서열을 비교하여 양파 응성불임 유기유전자 탐색 및 기능분석 • 분자표지 추가 개발을 통하여 유전자지도 정밀도 향상 • 양파연구에서 축적된 엽록체 및 미토콘드리아 유전체 정보를 바탕으로 체계적인 분류가 가능한 분자표지 개발 • 양파 육종회사를 대상으로 인턴 프로그램 개발
<p>제 2핵심연구과제</p>	
<p>2-1 세부</p> <ul style="list-style-type: none"> - 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • MABC를 이용한 고추 복합 내병성 계통 육성 • 우수 조합의 현지 특성 평가로 신품종 출시 • 육종 현장 인턴 교육
<p>2-1 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 소재 표준화 - 상품화 	<ul style="list-style-type: none"> • 소재원료 최적화, 소재추출방법, 소재안정성, 1차표준화 • 제품 프로토 개발 및 양산화 연구
<p>2-2 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 소비자 기호성 및 내병성 수박 품종육성 및 인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 소비자 기호성, 기능성, 내병성 조합 작성, 국내 적응성 시험 신품종 출원 • 시교 종자 생산 및 수박 주산지 시교 사업 • 전통 육종 현장 인턴교육
<p>2-3 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 자색배추계통 육성, 채소육종인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 신규 유용 유전자원 수집 및 특성조사 • 자색배추계통 및 CMS 계통 육성, 뿌리혹병 내병성 계통 선발 • 소포자 배양을 통한 자색배추 계통 육종 연한 단축 • 신규 F1 조합 작성, 우수선발조합 망실채종, 지역적응성 시험 • 현장 인턴교육 및 소포자배양 실습
<p>3-1 세부</p> <ul style="list-style-type: none"> - 살구색 과색형질 결정 분리집단 작성 및 유전 분석 - 노란색 과색형질 결정 분리집단 작성 및 유전 분석 	<ul style="list-style-type: none"> • 과색형질 분리 F2 집단 작성 및 관련 형질 유전분석 • 분리집단 모부분의 HPLC를 통한 색소 분석 및 기타 정밀형질 분석
<p>3-1 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 캡시에이트 신흥 F1 조합 시험 - 홍고추의 색소 함량 집단 GBS 분석 및 QTL 탐색 	<ul style="list-style-type: none"> • 캡시에이트 신흥 MS 계통과 C line을 교배하여 F1 조합 작성 및 HPLC 이용 캡시에이트 함량 측정 • 35001 x 35009 집단에서 GBS 분석을 실시하여 ASTA와 HPLC 분석으로 색소 함량 표현형 측정 및 QTL 탐색

	<ul style="list-style-type: none"> - 과실 안토시아닌 함량 유전자 구명 및 분자마커 개발 - 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • GBS 이용 과실 안토시아닌 후보 유전자 선발 및 분자마커 개발 • 팜한농 현장육종과정 참여
	<p>3-2 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 무측지/단간장 분자마커 개발 - 채소육종 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 측지가 없고, 절간이 짧은 왜성형 유전자원 탐색 • F2 집단(측지수/절간장 분리집단) 확보 및 표현형 분석 • GBS 기반의 유전자지도 작성 및 QTL 분석 • 무측지/단간장 MAS용 분자마커 개발 • 회사 인턴십을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 • 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육 • 육종회사와 연계한 과특성/기능성 등의 표현형 분석 훈련 • 채소육종연구소 주관의 계절학기, 해외인턴십, 워크샵 등 교육과정 참여
	<p>3-3 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 고득점 선발 계통의 종자 증식 및 원예 형질 평가 - 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • 정량화 평가 방법을 통해 선정된 고득점 선발 계통의 종자 증식을 수행 • 품종출원을 위해 필요한 종자 생산을 위해 생육 개체를 선정, 재배 • 정량화로 선발된 고득점 선발 계통의 원예 형질을 평가 • 결구포함형 및 잎 자세, 구 중, 구 내부색 등 대비종을 활용한 비교 평가를 수행 • 교배육종 인력 인턴십 수행
3차년도	제 1핵심연구과제	
	<p>1-1 세부</p> <ul style="list-style-type: none"> - 글로벌 종자전문가 양성 - 종자산업 전문가 교육 - 분자마커 서비스 사업화 	<ul style="list-style-type: none"> • 해외 인턴교육 강화(회사 확대, 품종개발 --> 종자 관련 기술) • 학부생 종자회사 탐방 및 비전 교육 • 중고생 “Plant Breeding Summer School” 운영 • 육묘업등록 관련 진행 • 첨단육종기술 맞춤형 교육 및 종자산업분야 워크숍 진행 • 분자마커 개발 서비스, 분자마커 분석 서비스 • 유전법칙 이해를 위한 학술 kit 개발 및 상품화
	<p>1-2 세부</p> <ul style="list-style-type: none"> - 식물바이러스에 저항성을 갖는 유전자 확보 및 이를 이용한 내병성 토마토, 감자 육성 - 식물바이러스 병리검정 지원 및 관련 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 광범위한 작물 바이러스 저항성을 갖는 유전자 확보 및 이를 이용한 토마토, 감자 품종 육성 • 기개발된 매뉴얼을 이용한 식물바이러스 병리 검정 지원 및 관련 전문인력 양성
	<p>1-1 협동</p> <ul style="list-style-type: none"> - 주요 대과 세포질 타입을 대상으로 미토콘드리아 유전체를 분석하여 응성불임 유기 유전자 후보 도출 및 분자표지 개발 - 주요 대과 세포질 타입을 대상으로 엽록체 유전체 서열 확보 - 육종인력 양성프로그램 운영 	<ul style="list-style-type: none"> • 분류된 주요 대과 세포질 타입을 대상으로 양과 응성불임 유기 유전자 정보를 활용하여 대과 응성불임 유기 후보 유전자 도출 및 다형성 탐색 • 분류된 주요 세포질 타입을 대상으로 Next-generation sequencing기술과 양과 유전체를 reference로 엽록체 유전체 서열 완성 및 타입 특이적인 변이 탐색과 이를 활용한 분자표지 개발 • 과제 종료 이후에도 지속 가능한 산업체 연계 인력양성 프로그램 개발
	제 2핵심연구과제	
	<p>2-1 세부</p>	<ul style="list-style-type: none"> • MABC를 이용한 고추 복합 내병성 계통 육성

- 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발	<ul style="list-style-type: none"> • 우수 조합의 현지 특성 평가로 신품종 출시 • 육종 현장 인턴 교육
2-1 협동 - 소재 표준화 - 체지방감소 작용기전 검증	<ul style="list-style-type: none"> • 소재의 표준화 개선, 경제성, 소재원료생산 최적화 • 지방세포 분화, 에너지 소비 및 대사 조절 작용기전 연구 • 고지방 식이 비만동물모델에서 체지방 감소 효과 검증
2-2 협동 - 소비자 기호성 및 내병성 수박 품종육성 및 인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 소비자 기호성, 기능성, 내병성 조합 작성, 국내 적응성 시험 신품종 출원 • 전통 육종 현장 인턴교육
2-3 협동 - 자색배추계통 육성, 채소육종인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 신규 유용 유전자원 수집 및 특성조사 • 자색배추계통 및 CMS 계통 육성, 뿌리혹병 내병성 계통 선발 • 소포자 배양을 통한 자색배추 계통 육종 연한 단축 • 신규 F1 조합 작성, 우수선발조합 망실채종, 지역적응성 시험 • 현장 인턴교육 및 소포자배양 실습
3-1 세부 - 살구색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발 - 노란색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발	<ul style="list-style-type: none"> • 분리집단에서의 BSA-GBS를 통한 형질 연관 후보 SNP 선발 • 후보 SNP를 이용한 연관지도 작성 및 후보유전자 탐색 • 개발된 분자표지 실용화 기술 확립 및 기술이전
3-1 협동 - 캡시에이트 신흥 고추 F1 품종 특성 구명 및 기술 이전 - 다양한 카로티노이드 합성 유전자 분자마커 셋트 개발 - 고추 안토시아닌 생합성 조절 기전 구명 - 교배육종 인력 인턴십 수행	<ul style="list-style-type: none"> • 캡시에이트 신흥 F1의 형질 특성 평가 및 기술이전 • 카로티노이드 합성 기작 관련 유전자 변이 연구 및 색소함량 집단의 QTL 기반 분자마커 셋트 개발 • 과실 안토시아닌 생합성 조절 기전 구명 • 팜한농 현장육종과정 참여
3-2 협동 - MAS를 통한 고기능성, 과특성 계통 및 품종 육성 산업화 - 채소육종 전문인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 개발된 마커 시스템의 특허출원/등록 및 종자회사/생명공학회사로 기술이전 • 종자회사의 기능성(고라이코펜, 고베타카로텐) 및 생력형(무늬지/단간장) 품종육성 지원을 위한 MAS 시스템 구축 • MAS 및 MABC를 활용한 우수 계통/품종 육성 체계 구축 • 회사 인턴십을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 • 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육 • 육종회사와 연계한 과특성/기능성 등의 표현형 분석 훈련 • 채소육종연구소 주관의 계절학기, 해외인턴십, 워크샵 등 교육과정 참여
3-3 협동 - 우수 원예 특성 반복 평가 및 품종 출원 - 교배육종 인력 인턴십 수행	<ul style="list-style-type: none"> • 고득점 선발 계통의 연차 및 지역별 생육 특성을 확인 • 우수 원예 특성의 반복성 확인을 진행하고 품종 출원 • 개발된 분자 마커를 이용하여 관련 업체 및 기관에 필요한 검정 서비스 제공 • 교배육종 인력 인턴십 수행

2. 국내외 기술개발 동향

2-1. 국내 기술개발현황

가. 인력양성 및 교육 프로그램

- 국내 대학에서 전통육종 관련 강좌의 수는 매우 부족하며 육종학의 각론에 해당하는 작물별 육종학 강의는 개설된 학교가 거의 없다. 본 센터에서는 1-3단계 사업을 통해 종자 회사에서 현장 경험을 쌓을 수 있는 인턴십 프로그램을 개발하였으며, 참여기업과 협력을 통해 인턴교육 프로그램을 개발하고 있다. 대학과 회사가 협력하여 첨단 육종 기술, 생명공학을 모두 이해할 수 있는 육종가 교육 프로그램을 개발하고 있으며 본 센터는 기존 종자산업 분야 종사자의 재교육에 힘써 왔다.
- 2019년도에 설립된 국립종자원의 **국제종자생명교육센터**는 종자산업 분야 전문 인력 양성 기관으로 본 센터 사업을 통해 개발된 교육 프로그램을 지원하였으며 국내 종자 및 생명공학 관련 현장 실무 중심의 교육 프로그램을 종자, 육묘업종사자, 농생명 계열 고등학생, 대학생, 종자 관련 공무원 등을 대상으로 교육 프로그램을 제공하고 있다. 또한 농업기술실용화재단의 **종자산업진흥센터**는 전북 김제시 사업운영기관으로 선정되어 「종자생명산업맞춤형 인력양성」과 같은 교육 훈련 프로그램을 운영하고 있다.
- 본 센터 사업을 통해 매년 종자회사의 채용 계획에 대한 설문조사 결과 종자 산업에 대한 투자가 진행됨에 따라 육종인력에 대한 수요가 증가하고 있다. 그러나 개인육종가나 기존 소규모의 종자회사의 육종인력이 안정화됨에 따라 육종분야 외 영업, 마케팅, 종자증식, 종자생산, 마커 분석 등 다양한 분야로의 인력 수요 구분이 세분화되고 인력 수급이 부족한 상황으로 나타났다.
- 본 사업을 통해 젊은 육종가에 대한 종자회사 채용이 증가하였으며, 대학교에서 최첨단 육종 기술을 배운 학생들이 종자회사에 취업 유도 및 취업하게 함으로써 젊은 육종가 세대 교체라는 과업을 달성하였다.
- 산학 협력을 통한 전통육종 **현장 교육 프로그램 구축 및 국내외 종자 관련 산업체에서 인턴교육 프로그램 개발을 통해 현장에 직접 적용 가능한 교육 프로그램이 지속적으로 진행**되어야 한다.

나. 육종 기반 기술 개발

- 현재의 육종기술은 첨단과학 기술이 융합되면서 관행육종부터 유전자가위 기술까지 다양한 기술이 집약된 형태로 발전하고 있다.
- 유전체 정보를 이용한 분자유종기술은 1980년대 이후 각 작물별로 유전체 정보가 밝혀지고 최근 NGS 방식을 이용한 각종 신기술이 개발되어 분석비용이 현저히 낮아짐에 따라 세밀한 육종을 가능하게 하였다. 종자기업에서는 SSR, SNP 마커 등을 활용하여 내병성, 기능성, 대량의 순도검정 등에 활용하고 있다.

- 육종 과정에서 선발을 하고자 하는 목적 형질을 DNA 분석을 통해 확인하는 분자마커는 주요 작물에서 활발히 적용되는 기술이다. 개발한 마커의 분석 과정에서 소요 시간과 정확도를 향상시키고 대량분석을 진행하기 위해 형광 시약을 활용하는 SNP 마커 전환이 요구된다.
- 원예적 형질이 우수한 계통에 1~2가지의 새로운 특성을 추가하기 위해 공여친(donor parent)와의 1회 교배 이후 반복친(recurrent parent)와의 반복적인 교배를 수행하는 여교배 육종법은 가장 기본적인 계통육성법이다. 보통 5회~7회의 과정을 거치기 때문에 다년간의 교배와 선발이 필요하므로 작물별로 5년~10년이 소요되는 과정이다. 이러한 단점을 해결하기 위한 방법이 전체 염색체를 포괄할 수 있는 다수의 마커로 반복친과 유사한 개체를 선발하는 MABC(marker-assisted backcross) 기술이 활발히 개발되고 있다.
- 양파는 주요 채소작물에 비해서 유전체 연구가 미진한 편이다. 하지만 최근 국내에서 농촌진흥청 산하 농업과학원에서 양파 whole genome sequence 해독이 진행되고 있으며 신뢰도가 높은 transcriptome sequence를 제작하였다. 또한 Genotyping-by-sequencing을 활용한 연관 지도도 대학 연구진에 의해서 작성되고 있다.
- 국내 수박의 육종기술은 2배체 수박의 전통육종에 있어서는 현재 세계수준이라 할 수 있으나 형질의 다변화가 요구되는 수출용 수박 품종 육성이나 분자마커 등 생명공학 기술을 활용한 육성기술은 대규모 다국적 육종회사에 비해 매우 뒤쳐져 있는 상황이다.
- 배추는 자가불화합성 이용 기술, 옹성불임성 이용 기술, 순계의 조기 고정, 조합 능력 검정, 변이 창출기술 등에 의한 육종법 등 국내의 배추 육종 기술은 세계 정상급 수준이다. 국내에서 배추의 Long shelf-life 증가를 위한 최근의 기술들은 수확 후 관리 및 저장기술의 확립에 목표를 두고 연구가 이루어지고 있다. 포장재 개선을 통한 저온에 저장하는 방법, 전처리 또는 절임 배추와 같은 방법들이 시도되고 있으나, 식미 또는 조직감 등 소비자의 요구를 만족시키기에 부족한 실정이다.

다. 신제품 개발

- 고추, 배추 등 채소분야의 국내 신제품 육종 및 분자유전, 유전체 연구는 국내연구진이 전 세계연구그룹 중에 선도그룹으로 자리매김한지 오래이다. 하지만 주된 육종 목표가 수량 및 내병성 등 생산자 중심의 형질로 앞으로 이러한 목표가 지속적으로 예상되나 소비자들의 다양한 욕구를 충족시키기 위한 소비자를 만족시키는 육종목표의 재설정이 요구된 지 오래이다. 기후 변화와 국가 간 교역 증대에 따라 기후에 대응하기 위하여 다양한 품종 및 환경 저항성 품종의 개발이 요구되고 있다.
- 고추는 국내 채소종자시장 350억원(한국종자협회, 2019년)으로 무와 함께 대표적인 작물이다. 2010년대 중반까지는 역병 저항성 품종 위주로 보급되었으나, 전반적인 재배 안정성을 결정하는 CMV 저항성과 함께 2016년 이후 TSWV의 전국적인 대발생으로 인해 역병과 TSWV에 대한 복합저항성이 가장 기본적인 저항성으로 대두되고 있다. 따라서 국내 대부분의 채소종자회사는 역병과 TSWV, CMV에 대해 포장 저항성이 우수한 품종 중심으로 출시하는 추세이며, 복합 병 저항성과 함께 시장에서 요구하는 수량성, 숙기, 건과품질이 우수한 품

종이 계속 요구된다.

- 양파 종자 매출액 규모는 2019년 266 억원으로 고추, 무에 이어서 3위를 차지하고 있다. 하지만 양파 종자 순수입도 2019년 기준 약 47억 원 규모로 파프리카에 이어 2위를 차지하고 있어 여전히 수입 의존도가 높다. 그러나 최근 국내 품종 개발 노력에 힘입어 높은 대일 종자수입 의존도가 점차 완화되어 가고 있는 상황이다.
- 수박은 호피 수박, 무지 수박, 황피 수박, 흑피 수박 등 다양한 외피를 갖고 있고, 호피의 줄무늬도 다양한 종류가 존재하고 있는 작물이다. 수박 소비의 감소추세에 따라 소비자와 재배자의 다양한 기호를 만족시킬 수 있도록 품종이 과육색, 과형, 과피 등 과특성을 중심으로 다변화 되고 있으며, 육종과정의 효율성을 높이고 육종기간을 단축하기 위해 분자마커의 활용이 확대되고 있다.
- 국내 수박 품종 육성은 골든씨드 프로젝트의 지원을 통해 전통육종 뿐만 아니라 분자마커의 개발 또한 활발히 이루지고 있으나, 품종 수출 기반이나 분자유종 기반이 상대적으로 타 작물에 비해 뒤떨어져 비약적으로 발전하기에는 한계가 있다. 따라서, 내병성을 비롯하여 과특성, 기능성 등에 대한 다양한 형질선발용 마커와 염색체 선발용 여교잡 마커들에 대한 개발이 꾸준히 이루어져야 한다.
- 소구형 배추시장은 2000년대 초반에 소구형 배추가 중국에 소개된 이후 계속해서 시장이 확대되고 있으며 현재는 중국 전 지역으로 확산되고 있는 블루오션 시장이다. 또한 북미, 유럽, 호주 등 서구권에서도 점차 배추의 샐러드로서의 활용가치가 인정받아 baby leaf 또는 소구형의 배추가 큰 인기를 얻고 있으며 지속적으로 시장이 확대되고 있다. 한편 국내의 경우 인구구조의 변화와 1-2인 가구의 확대 등으로 인해 점차 소구형 배추시장이 김장, 곁절이, 쌈배추 등의 용도로 확대되고 있다.
- 현재 기후변화의 영향으로 우리나라를 비롯하여 전 세계적으로 복합 내병성 및 고품질의 배추 시장은 지속적으로 증가될 것으로 전망되고 있으며, 우수 품종 개발이 이루어진다면 일반 배추 품종보다 10배 이상의 고가로 판매 가능할 것이다.

2-2. 국외 기술개발현황

가. 인력양성 및 교육 프로그램

- 미국 UC Davis Plant Breeding Academy는 식물 육종에 종사하고 있거나 식물 육종가가 되기를 원하는 연구자들을 위해 육종 프로그램을 개발하고 유전학, 통계 및 육종 방법에 대한 충분한 지식을 제공함으로써 전문 육종가를 양성하고 있다. Plant Breeding Academy는 미국 뿐만 아니라 아프리카, 아시아, 유럽 지역에서도 교육 프로그램을 진행하고 있다. 또한 유럽의 European Plant Breeding College (EPBC)의 경우 통합 식물 육종 석사과정을 진행하여 식물 육종 분야에서 지식 허브를 창출하고 커리큘럼, 프로그램 통합을 통해 종자 부분의 노동 시장에 대한 새로운 요구와 맞춰 식물 육종 전공 학생을 교육하고 고용 가능성을 높이고 있다.

- 미국과 유럽의 여러 중자 강국들은 생명공학 위주의 교육으로 인해 부족해진 육종가를 양성하기 위해 Plant Breeding Academy를 대학에 설치하여 현장 중심의 전통육종 교육 뿐만 아니라 첨단 생명공학을 모두 이해할 수 있는 육종가 교육 프로그램을 개발하고 있다.
- 국제적 경쟁력을 갖춘 인재를 양성하기 위해서는 국제적 경험을 쌓을 수 있는 국제기구나 외국 종자회사에서의 위탁교육이나 인턴 교육이 필요하다.

나. 육종 기반 기술 개발

- 전 세계적으로 2018년 12월 기준 약 181 종류의 주요 원예작물에 대한 전체 게놈서열이 완성되었으며 주요 작물의 경우 유전체 정보의 고도화, 유전체 재분석, 유용형질발굴, 및 유전체정보 기반의 육종기술이 개발되고 있다. 벼, 토마토, 옥수수, 콩 등 주요 작물의 경우, 유전자원, 육종계통을 망라한 대규모 유전체 재분석이 시도되고 있으며 이를 기반으로 한 GWAS (Genome Wide Association Mapping)기술이 개발되어 대량의 농업형질관련 마커가 발굴되고 있으며 유전체기반 육종기술이 실현되고 있다.
- 식물 육종 및 생산성 향상을 위한 유전체학의 도구로 활용하는 single-nucleotide polymorphism (SNP)는 식물 유전형 분석(genotyping)에 있어서 중요하며, 이를 활용한 marker-assisted selection, marker-assisted breeding으로 활용되고 있다. 중요 농업형질의 경우 양적형질(QTL)로 좋은 형질과 유해한 형질의 검출, 대립 유전자의 식별 등을 지원할 수 있다.
- Pacific Bioscience와 같은 long-read sequencing 기술과 Hi-C, optical mapping과 같은 염색체 수준의 scaffolding 기술의 발달로 high-quality genome assembly를 만들 수 있게 되었다. 이를 통해 고밀도 유전체 지도를 통해 농업형질 연관 유전자의 맵핑을 보다 정확하게 수행하여 육종에 활용할 수 있다.
- 양과는 2년생 작물이면서 유전체가 16 Gbp로 매우 크며 타식성 작물로서 자식열세현상이 심하여 계통을 순수하게 유지하기 어려운 단점이 있어 다른 고추, 토마토와 같은 작물에 비해서 육종 기반 기술 개발이 미진한 편이다. 그러나 최근 Next-generation sequencing 기술이 개발됨에 따라서 whole genome sequencing 및 transcriptome sequencing이 활발하게 이루어지고 있고 이를 활용한 다양한 형질 관련 분자마커가 개발되고 있다.
- 수박을 포함한 박과 채소작물의 게놈 컨소시엄(ICuGI)과 게놈분석 연구는 미국, 스페인, 중국의 주도로 이루어지고 있으며 수박의 새로운 분자마커의 대량 발굴과 특허화를 통해 국가간 경쟁력 격차를 심화시키고 있다.
- 국내와 마찬가지로 아시아지역 및 북미, 아프리카 지역에 걸쳐서 새로운 바이러스 보고가 이루어지고 있으며 기존 보고가 이루어진 바이러스의 기주식물에 대한 새로운 연구 결과가 발표됨에 따라서 신종 바이러스 감염 및 이에 대한 저항성 기작에 대한 연구가 필요하다.

다. 신제품 개발

- 식물 육종은 주로 수확량 개선, 내병성, 비생물학적 스트레스에 대한 내성, 저장수명, 수량, 품종의 다양화에 중점을 두고 있다. 그러나 최근 소비자들은 건강을 유지하고 질병을 예방하기 위해 과일과 채소의 풍부한 식이로 건강과 질병 예방에 필요한 생물 활성 화합물의 함량이 향상된 채소에 대한 수요가 증가하고 있다. 기능성 물질을 포함한 채소를 섭취함으로써 활성 산소를 제거하거나 수용성 비타민, 카로티노이드 및 페놀 성분이 다량 함유된 항산화 생물활성 분자를 섭취하여 건강을 유지하고자 한다. 적절한 채소 소비는 당뇨병, 암, 비만, 대사 증후군, 심혈관 질환과 같은 일부 만성 질환을 보호하고 이러한 질환과 관련된 위험 요소를 개선 할 수 있다고 보고되어 소비자들의 채소 섭취량이 증가하고 있다.
- 한국을 포함한 중국, 일본 뿐 만 아니라 미주 및 유럽의 경우 다양한 신선채소의 요구도가 높아지고 있으며 특히 자색 등 항산화작용이 있는 식품에 대한 요구도가 증가하고 있다.
- 그러나 국내의 이상기후로 인한 재배상 어려움이 다발생하고 있으며, 특히 (단)고추 시장에 있어 TSWV 피해가 증가하고 있는데, 새로운 균주의 우점화 양상으로 파악되고 있다. 그러나 세계적으로 활용하고 있는 기존 Tsw 유전자를 극복하는 P1에 저항성을 가지는 유전자원이 보고되어 있지 않아 이에 대한 대응이 시급하다. Nunhems는 P1에 대한 저항성 소재에 대한 미국 특허를 등재한 상태이나 아직 상업품종으로 출시되지는 않고 있다.
- 중국 및 동남아 시장의 시설재배의 고품질 시장으로 변화하는 단계로 우리나라에서 개발된 고품질의 호피수박의 시장성 증가하고, 수요가 꾸준히 증가하고 있는 추세이다. 또한 시설재배 면적이 확대될 전망이며, 시설재배의 필수적인 내 저온성 품종 또한 요구되고 있다.
- 불과 10여년 전만해도 양파는 선진국을 제외하고는 모두 고정종 품종이 재배되었다. 그러나 최근 옹성불임성 선발용 분자마커의 보편화 등 기술적인 진보에 힘입어 선진국 이외의 개발도상국에서도 F1품종 개발에 이루어 지고 있어 전반적인 양파 종자의 고부가가치화가 진행되고 있다.
- 수박 육종의 세계적 트렌드는 흰가루, 탄저병, 바이러스 등 내병성과 기능성 고품질 및 외관의 특성 다양화에 초점을 두고 있으며, 수박의 게놈분석 정보를 활용한 첨단분자유종 기술을 접목하고 있다.
- 소구형 배추시장은 2000년대 초반에 소구형 배추가 중국에 소개된 이후 계속해서 시장이 확대되고 있으며 현재는 중국 전 지역으로 확산되고 있는 블루오션 시장이다. 또한 북미, 유럽, 호주 등 서구권에서도 점차 배추의 샐러드로서의 활용가치가 인정받아 baby leaf 또는 소구형의 배추가 큰 인기를 얻고 있으며 지속적으로 시장이 확대되고 있다.
- 최근 웰빙 열풍에 의한 자색 및 기능성의 배추품종 요구와, 중국수출용 및 국내 소비용(겉절이 및 쌈배추용) 소구형 배추요구가 결합해서 자색의 소구형 기능성 배추의 다양한 요구가 급증하고 있다.

3. 연구개발 내용 및 인력양성 프로그램 운영

3-1. 핵심·세부 연구개발 내용

가. 핵심·세부연구과제 구성 및 연구개발 내용

- 본 센터는 제1핵심 과제로 NGS 기반 마커개발연구, 2핵심과제 미래 품종 육성을 위한 차세대 품종개발연구, 3핵심과제로 전문인력 양성 및 품종개발 지원 연구로 구분한다.

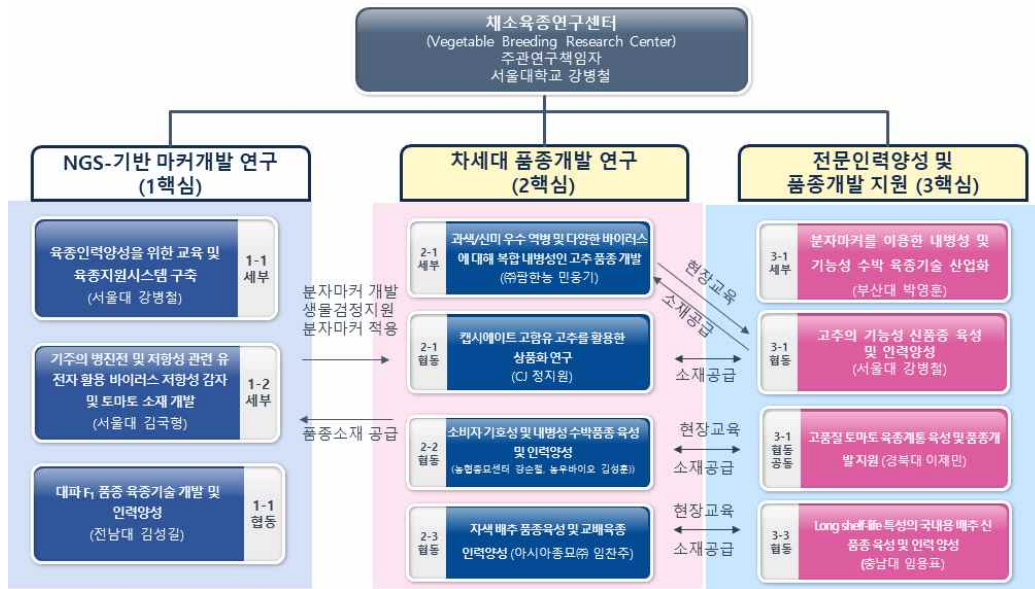


그림 6. 센터 구성도(후속산업화 3차년도 기준)

- 제 1핵심 과제에서는 품종 개발 지원을 위해 분자마커 개발, 생물검정 서비스 등을 지원하며 기 확보된 기술은 사업화를 진행한다. 또한 기존에 구축된 종자 전문 인력 교육 시스템을 활용하여 참여 대학과 기업 간 인력 양성을 고도화하고 인력 양성을 지원한다.

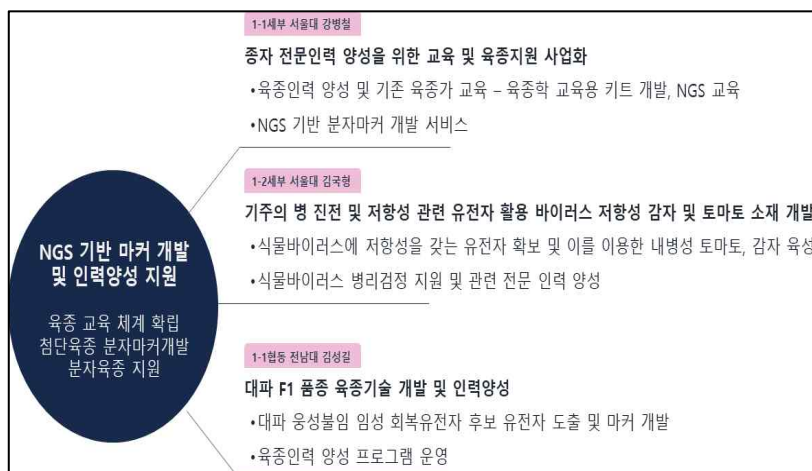


그림 7. 제 1핵심과제 구성 및 연구 내용

- 제2핵심 과제에서는 참여 대학과 국내 종자회사 간에 분자마커 적용과 육종 소재 공급을 활발히 추진하여 신품종 개발을 가속화하며 기존 품종을 사업화 한다. 참여 기업인 CJ는 제3-2세부 과제에서 개발한 capsiate 고함유 계통을 이용하여 기능성 식품을 개발하고 사업화한다.



그림 8. 제 2 핵심과제 구성 및 연구 내용

- 3핵심과제에 참여하는 주요 지역거점 국립대학교(서울대, 부산대, 경북대, 충남대)의 학점 교류 제도를 활용하여 센터를 중심으로 전국 단위의 육종인력을 양성할 수 있는 채소육종 과목을 공동 개설하여 시너지 효과를 극대화한다.



그림 9. 제 3 핵심과제 구성 및 연구 내용

- 채소육종연구센터 1, 2 단계를 통하여 개발된 신품종 및 기초 기술을 이용하여 제2핵심 과제에서 분자마커 적용 및 품종소재 사업화에 직접적으로 활용한다. 제1핵심 과제에서는

생물검정 지원 및 분자마커 개발 및 적용을 통하여 신품종 개발을 지원하며 전문가 양성을 위해 기존 1, 2 단계에서 구축된 전문가 교육 시스템을 활용·발전시키고 글로벌 종자 전문 인력을 양성하고자 한다.

나. 산업체와의 연계방안

- 각 세부과제 별로 육종 목표에 따라 연구 추진 시 참여대학은 보유하고 있는 이론과 기술을 협력종자회사에 제공하고 종자회사는 보유한 육종 소재를 이용하여 품종을 개발하고 개발된 신품종을 사업화한다. 이 때 참여 대학의 대학원생은 일정 기간 종자회사에 인턴 연구원으로 파견되어 종자회사에서의 품종 개발 업무에 참여하고 이 과정을 통하여 육종가로부터 현장교육을 받게 된다.
- 제 3핵심 과제의 참여 대학교수는 제2핵심 과제의 육종가 교육 프로그램에 참여하여 작물별, 육종 목표별 강의를 개설하며 워크숍 등을 통하여 참여 대학원생 및 육종가를 교육한다. 제2핵심 과제의 이론 교육과 제3핵심과제의 현장교육을 마친 대학원생에게는 인증서를 수여하여 민간종자회사에서 우선 채용하도록 유도한다.

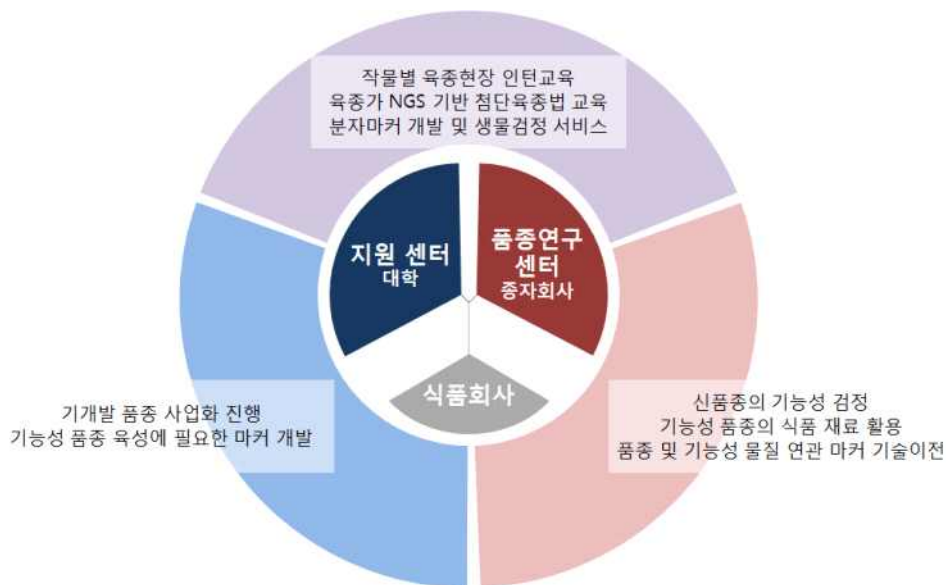


그림 10. 핵심·세부연구과제 및 산업체 협력체계도

다. 참여기업의 현황

(단위: 천원)

구분	참여기업명	참여기업 주요역할	당해연도 참여기업 부담내역		
			현금	현물	합계
제2핵심 제1세부	(주)팍한농	품종개발, 품종보호출원 고용창출, 인턴교육	9,750	55,250	65,000
제2핵심 제1협동	씨제이제일제당(주)	Capsiate 함유 고추를 활용한 소재 및 상품 개발	14,250	80,750	95,000
제2핵심 제2협동	농협경제지주종묘센터	수박 품종 육성 및 육종 전문 인력 양성	2,200	19,800	22,000
제2핵심 제3협동	농업회사법인 아시아종묘(주)	자색배추 품종육성 및 교배육종 인력양성	1,250	11,250	12,500
제3핵심 1-1협동	더 기반(단순참여)	인턴교육 인력양성	1,625	16,250	17,875
계			29,075	183,300	212,375

라. 참여기업의 현황 분석

- 제 2핵심 1 세부과제 참여기업인 (주)팍한농은 채소작물의 종자, 작물보호제, 작물영양제 전반에 걸친 제품을 판매하며, 국내 채소종자 매출액 부문에서 2위의 대표적인 농업 전문 기업이다. 주요 작물로는 고추, 무, 배추, 수박, 오이, 참외, 멜론을 개발하고 있으며, 국내 용 뿐 만 아니라 수출용 품종도 개발하고 있다. 연구 기반시설은 육종연구와 원종 증식, 품질보증 업무가 이루어지는 안성 육종연구센터(39,500평)와 총 21,000평 규모의 시범포 및 남부농장을 보유하고 있다. 전남 곡성군 전남 생물방재시험단지에 박과, 십자화과 및 시설 재배 작물 중심으로 총 8000평 규모의 면적에 3,500평의 최신 시설 온실을 포함해 연구 시설을 설립할 예정이다. 또한 계열사인 동부그린바이오는 새만금간척지의 총 300 ha 부지를 향후 6년간 2,058억원을 투자해 첨단 토마토, 파프리카, 멜론 등을 생산하는 첨단 시설원에 재배단지로 개발할 예정으로 이에 맞는 품종 개발을 계획하고 있다. 국내 고추 재배 작형 중 비가림 작형, 터널 조기 및 노지 작형 등 전반적인 건고추용 품종 개발을 지속적으로 진행하였으며, 다양한 품종군을 보유하고 있다. 그러나 최근 발병이 심화된 TSWV에 대한 내병성 품종 개발 시기의 한계로 신제품 출시가 지연되어 경쟁에 불리한 상황이다. 이를 해결하기 위해 집중 검정 시스템 및 저항성 마커 개발을 완료하여 계통을 육성하고 있다. 따라서 본 과제 수행을 통해 기존 당사 품종 ‘파워스피드’ 로 대표되는 장점인 ‘고신미/고색소’ 특성을 유지하면서 역병과 TSWV를 포함하는 바이러스 복합 내병성 품종을 출시한다면 국내 고추 품종의 내병성 향상에 기여하여 재배단지의 발병 피해 감소 및 농가 소득 증대에 기여할 수 있을 것으로 예상된다.
- 제 2핵심 1 협동과제 참여기업인 CJ제일제당은 10.8조원 매출규모(16년기준)의 국내 식품 업계 1위 기업으로 시장을 선도하는 다양한 식품 카테고리의 제품을 개발 및 출시하고 있

으며, 특히 국민 건강 및 편의 증대를 위하여 다이어트제품을 비롯한 건강기능식품 개발을 진행하고 있다. 특히, 다이어트 대표브랜드인 팻다운을 중심으로 다양한 체지방 감소 소재 및 제품 개발을 진행하고 있으나 현재까지는 가르시니아, 캄보디아 등 대부분 해외에서 개발된 다이어트 소재를 적용한 상품화에 국한된 사업을 진행하고 있으며, 소재 차별성 부족으로 매출 성장의 한계를 보이고 있는 상황이다. 이에 본 과제를 통해 캡시에이트 고추를 활용한 신규소재화 및 다이어트 상품화를 진행시 신규 작용기전으로 경쟁사 대비 차별화된 제품 출시가 가능하며, 자체 소재원료 재배 및 생산을 통한 원가경쟁력 확보가 가능하며, 국내 농가와 연계한 상생협력을 통해 국내 농민들의 수익창출에도 큰 도움이 될 것으로 예상된다.

- 제 2핵심 2 협동과제 참여기업인 농협경제지주종묘센터는 국내 주요 채소작물인 고추, 무, 배추, 수박, 호박, 오이, 멜론, 참외, 양파 등과 기타 채소류 및 화훼류의 우수 품종의 종자를 공급하고 있으며, 이를 위해 14명의 연구인력이 4만여평의 안성 연구소, 1만여 평의 영암연구소 등에서 채소품종개발을 하고 있다. 또한 선진화된 시설을 갖춘 종자품질관리센터에서 무균의 고품질 종자를, 안성과 영암에서 운영 중인 육묘장에서 양질의 채소묘를 공급하는 선진화된 체계를 갖추어 농가의 소득증대와 농업의 발전에 기여하고 있다. 본 과제 참여를 통한 산학협력 연구를 통해 국내용 및 성장 잠재력이 큰 해외 수출 시장을 목표로 하여 고품질이면서 기능성과 내병성을 갖춘 수박 품종개발을 하여 수출에 이바지할 수 있을 것으로 기대된다.
- 제 2핵심 3 협동과제 참여기업인 아시아종묘(주)는 전문 농업회사 법인으로 신품종 종자 개발 및 판매를 주업으로 삼고 있는 회사이다. 주요 작물로는 양배추, 배추, 참외, 고추, 오이, 청경채, 양파, 무이다. 주요 작물로는 고추, 무, 배추, 수박, 오이, 참외, 멜론을 개발하고 있으며, 국내용 뿐만 아니라 수출용 품종도 개발하고 있다. 연구 기반시설은 육종연구와 원종 증식, 품질보증 업무가 이루어지는 생명공학육종연구소와 해남남부연구소, 생산을 담당하고 있는 영암품질관리소, 그리고 인도의 해외법인인 Asia Seed India 를 보유하고 있다. 연구 인력으로는 20년 이상의 전통육종 경험을 갖춘 육종가 7명, 박사연구원 5명, 석사연구원 6명 및 총 36명의 육종/마커/병리 연구인력이 우수한 품종 개발을 진행하고 있다. 최근에는 전북 시드벨리(민간육종연구단지) 입주기업에 선정(수출시장 확대형) 7ha 규모로 최신시설온실을 포함해 연구시설을 설립할 예정이다. 아시아종묘(주)는 주력 수출 품목이 배추과 이며 연구능력과 품질을 인정받아 양배추 인도시장을 선도하고 있으며 팍초이를 유럽에 다량 수출하며 기능성 팍초이 시장을 주도하고 있다. 현재 기능성 분야를 강화하기 위해 연구역량을 집중하고 있으며, 적색결구배추, 기능성 팍초이, 색소체 고함유 소구형배추등의 개발을 통해 웰빙 열풍에 의해 확대되고 있는 기능성 시장에 대응하며 국내내수대체 및 수출을 확대할 예정이다.

3-2. 인력양성 프로그램 운영

가. 인력양성 프로그램

(1) 인력양성 목표

- 채소육종 교육 과정의 양적·질적인 개선, 대학과 종자회사 및 국내외 연구기관 간 연계에 의한 현장교육 강화를 통한 전문 육종 교육 과정을 운영하여 미래 채소종자 산업에 종사할 전문 육종 인력을 양성한다.

(2) 석박사 과정생을 위한 인력 양성 계획

(가) 교과과정

- 본 센터는 서울대, 경북대, 부산대, 전남대, 충남대 5 개 대학 채소육종학 전공분야로 구성되어 있다.
- 채소육종학 전문 교과목을 개설하고 학생들에게 학문의 시야를 넓히기 위하여 필수 교과목(재배학, 식물병리학, 농약학, 토양학, 채종학, 실험설계, 육종학, 육종학 각론 등) 등 품종 육성을 위해 반드시 이수해야할 교과목과 신설 교과목(분자육종학 및 실습, 육종학 최신과제, 생물정보학, 내병성 육종학 기술, 종자 산업 등)을 이수하도록 하여 종합적 사고능력을 유도할 수 있도록 한다.
- 또한 정규 세미나, 워크숍, 교육 프로그램에는 관련분야의 국내외 저명학자를 초청하여 연구 분야의 동향을 파악할 수 있는 기회를 마련한다.

(나) 학위취득 요건

- 채소육종센터의 국립대학연합 채소육종학 특수전공 대학원생은 일정기간 육종학 관련 교과목의 학점으로 이수하도록 하며, 참여기업 또는 해외 종자회사에서 인턴교육의 기회를 제공한다. 논문은 영어로 작성하도록 유도하고, 박사는 SCI 논문 2 편 이상 출간을 의무화하여 연구의 질을 높인다.

(다) 현장교육 진행

■ 학부 프로그램 진행(후속산업화 1차년도)

- 국내종자회사에서의 인턴교육 뿐만 아니라 종자산업분야의 동기부여를 위한 해외종자회사 탐방, 국내종자회사 방문, 멘토링 프로그램 진행, 글로벌 인턴교육의 기회를 제공함으로써 대학원 진학 또는 종자회사 취업을 유도한다. 아울러 **식물육종여름학**

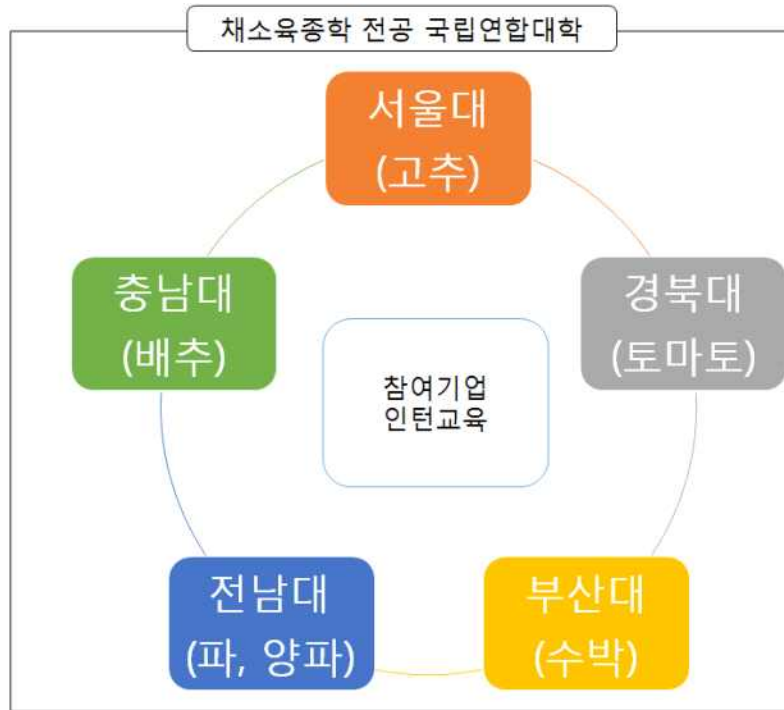


그림 11. 연구 사업에 참여하는 5개 대학과 해당 채소 작물

교를 통하여 종자산업에 관심이 있는 다른 전공의 학부생들을 교육한다.

- 식물육종여름학교는 본 센터 사업 참여자 뿐만 아니라 지방대, 사립대 등에 대해 모집공고를 통해 많은 학생이 참여할 수 있도록 하며, 참여한 학생 중 종자산업 분야로 희망하는 학생의 경우 종자회사와 연결하여 인턴교육을 진행할 수 있도록 한다. 추후 이러한 활동을 통해 종자회사에 취업을 유도한다.

■ 석사 인턴십

- 석사인턴의 경우 대학원 과정 시작 전에 인턴교육을 진행함에 있어 학생들의 졸업 연기 등이 발생하여 선호도가 떨어짐에 따라 대학원 연구 후(3학기) 국내외 회사로 인턴교육을 진행하여 졸업과 동시에 취업을 유도할 수 있도록 한다.
- 또한 아시아지역 또는 유럽지역의 종자회사에 단기간 인턴교육을 실시한다. 이러한 기회는 학생들이 육종 현장에 접목될 수 있는 프로젝트를 직접 수행함으로써 참여도를 높이고 학생의 능력과 창의성이 연구 결과에 반영될 수 있도록 기회를 제공한다.

■ 글로벌인턴십

- 석사 또는 박사과정 학생에게 장단기 해외 종자회사에서의 인턴교육을 확대한다.

- 유럽국가인 네덜란드의 **KeyGene, Enza Zaden** 회사 뿐 만 아니라 신생회사인 **Axia Vegetable seed**사와 MOU를 체결하였으며 태국의 **East West Seed**사의 지역 확대를 통해 태국 및 인도네시아 등지에서 현장 교육을 실시하고자 한다.
- 특히 박사과정 학생들에게는 장기간 인턴교육의 기회를 제공함으로써 project를 실시하여 프로그램 참여도 및 만족도를 높이고자 한다.
- 본 센터에 참여하고 있는 석사과정 학생들 중 지방대 학생들에게도 글로벌 인턴교육을 진행할 계획이며, 사립대나 지방 국립대의 농학계열 학생들에게도 기회를 제공한다.
- 석박사 학생의 경우 졸업 후 종자산업의 취업을 희망할 경우 글로벌 회사에 대한 채용정보를 센터에서 제공하고 국내외 종자회사에 취업할 수 있도록 한다.

■ 최신 정보의 습득 강화

- 석박사 대학원생들의 연구에 기본적이고 필수적인 개념을 확실히 할 수 있는 이론을 갖추고 실험 관련 일반과정과 최근 국제 연구 동향을 파악할 수 있도록 최신 정보 강의를 확대한다. 또한 Journal Club을 조직하여 대학원생들의 최신 연구동향 파악과 토론을 활성화하는 장을 마련한다.

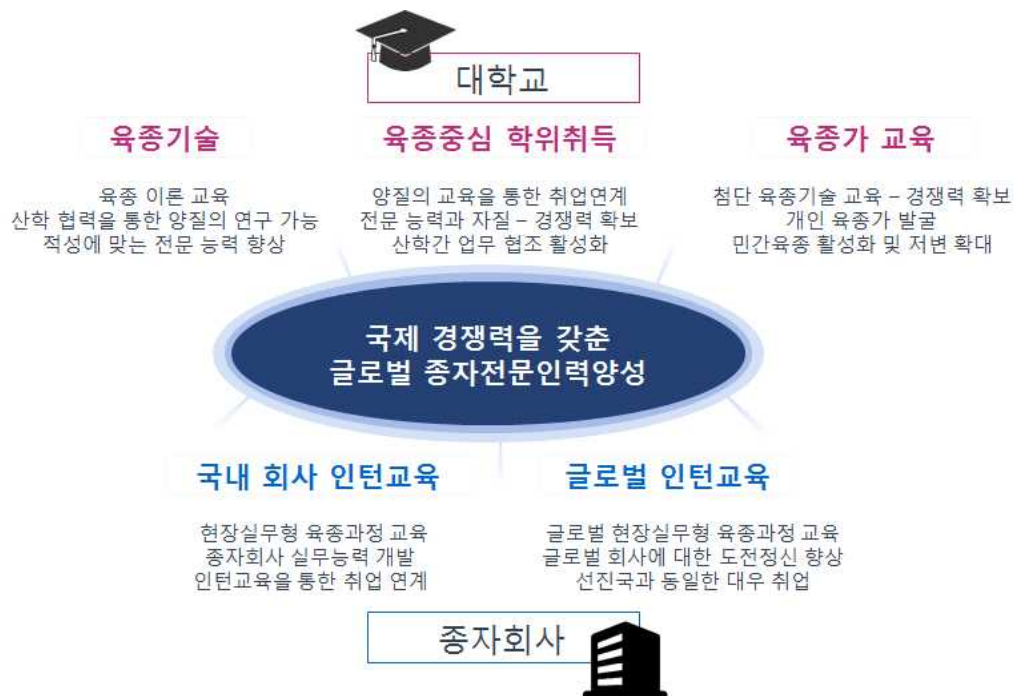


그림 11. 센터 인력양성 목표 및 프로그램

■ 기타 교육지원

- 센터 참여교수들의 대학원생들과의 연구결과 발표회를 통해 연구과제에 대한 기초적 이론, 기술적인 정보 등의 학문적 소통과 협력을 유도할 수 있는 모임을 구성한다.
- 우수한 학생의 경우 해외 인턴교육 또는 장학금으로 지원한다.

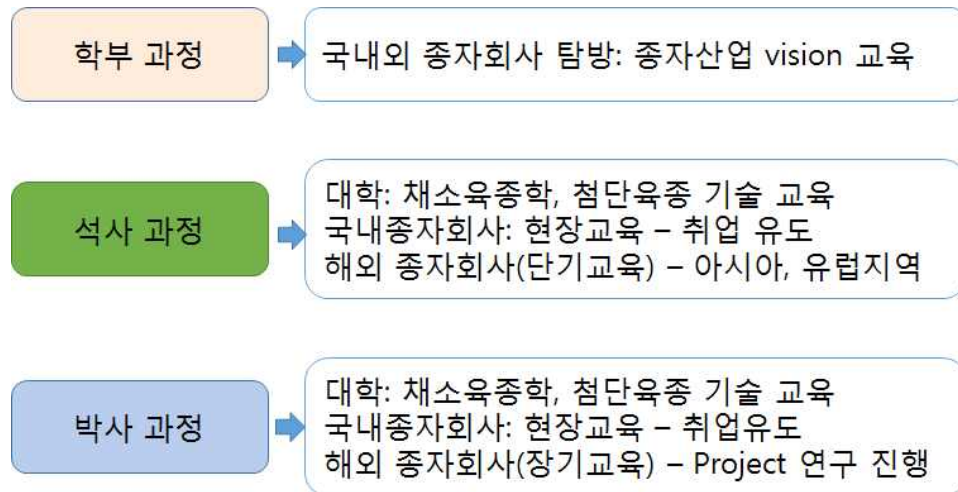


그림 13. 과정별 교육 내용

나. 기타 인력에 대한 양성지원 계획

(1) 전문인력양성기관(농림부 지정, 2013년)

- 본 센터가 2013년 채소육종전문인력 양성 기관으로 지정됨에 따라 채소종자산업 전문가 교육 프로그램 개발을 통한 집중 교육을 실시할 예정이다.
- 대학원 교육 강화를 통한 미래 종자산업 정예인력 양성, 채소 종자산업 종사자 재교육을 통한 종자산업의 경쟁력 확보, 개인육종가 발굴 및 교육을 통한 민간개인육종 활성화 및 저변 확대, 육종보조 인력 양성을 통한 민간 육종 지원 등을 진행할 계획이다.
- 또한 종자산업법의 변경에 따른 농림부의 교육 프로그램 실시 요청시 지정 기관으로 교육을 진행한다. 육묘업 등록에 대한 종자산업법이 변경됨에 따라 육묘업 등록교육을 국립종자원, 농촌진흥청, 농림축산식품부와 협업하여 진행한다.

(2) 교육지원 및 연계 교육 실시

- 본 센터는 1-2단계 동안 육종가 재교육 프로그램으로 다양한 교육 프로그램을 개발하였다. 종자산업 분야의 교육 프로그램은 국립종자원 및 국제종자생명교육센터와의 협업을 통해 프로그램 내용을 지원할 것이다.

- 센터에서 실시한 육종보조원 교육, 종자산업, 종자관리 교육과정 등은 농학계열 고등학생(마이스터고)의 교육과정으로 진행할 수 있도록 교육 내용을 지원할 것이며, 농업기술실용화재단에서 실시하는 고교 학생들의 교육과정 커리큘럼 개발에 협조할 것이다.

다. 산업체와의 연계 방안

(1) 산학강좌, 산업체기술인력 교육프로그램

- 본 과제에서 개발된 산학 연계 교육프로그램은 국내 및 해외 종자 회사 인턴십을 통한 대학 인력 교육, 센터에서 이루어지는 개인 육종가 재교육 및 첨단 기술 전수, 워크숍을 통한 산학 인력 간 정보 교류 등으로 이루어진다.
- 1-2단계에서 체계화된 교육 프로그램을 협동과제 참여기업과 협의하여 인턴교육 프로그램(커리큘럼)을 단일화한다. 재배작물에 따라 작물별 주요 육종 매뉴얼을 완성하여 교재로 활용한다.

(2) 산학협력 인턴교육

- 대학 인력의 인턴십 과정은 현재 MOU를 체결한 **농우바이오, NH종묘, (주)팜한농, 더기반** 등의 국내 종자회사 및 Enza Zaden (네덜란드), Axia (네덜란드), East West Seed (태국, 인도네시아) 등 외국 종묘회사에서 이루어진다.
- 국내 종자 회사에서의 인턴십은 박사과정 6개월, 석사과정 2개월을 원칙으로 하며 1) 대학과 회사 간 공동 연구 수행, 2) 대학 육종 실습 교육과의 차별성, 3) 현장 교육 과정의 다양성을 고려하여 종자회사에서 교육 일정을 제안한다. 대학 측에서는 이를 검토·수정한 뒤 채소육종학 전공에 참여하고 있는 학생을 파견한다. 파견 학생은 대학과 회사 간의 공동 협력 연구를 주도적으로 수행하며 이 연구와 관련된 전통육종과정을 현장에서 체험한다.
- 한편 박사과정 학생에게는 1~6개월의 중·장기 해외 연수 기회가 주어지는데 대학과 해외 종묘 회사 간 협의를 통해 계획된 교육과정을 통해 국내 종묘회사와 차별성을 지닌 선진 기술을 중점적으로 습득하고 육종 목표 및 전략 설정에 있어서의 세계적인 흐름을 이해하도록 한다.

(3) 산학협력 육종가 재교육(워크숍)

- 개인 육종가 재교육의 경우 센터에서 일주일 간 집중 교육을 통해 이루어지며 개인 육종가가 자체적으로 습득하기 힘든 유전체 정보 활용 기술, 분자마커 활용 기술 등 첨단 기술 전수에 중점을 둔다.

- 이 과정 중 센터에서 실습 기기 및 교육 보조 인력을 제공함으로써 개인 육종가 개개인이 실제적인 기술 활용 능력을 체득할 수 있도록 유도한다.
- 또한 주요 작물의 유전체 정보를 생산하여 자체 개발한 프로그램을 통해 정보를 제공하는 제 1 핵심과제에서는 매년 세미나를 개최하여 개인 육종가 및 종자 회사 육종가들에게 프로그램 이용 방법을 교육함으로써 생산 정보가 육종 효율성 향상에 적극 활용될 수 있도록 한다.
- 마지막으로 매년 워크숍을 개최하여 산학 간 원활한 정보 교류를 유도하며 양성된 인력의 보수교육이 이루어지도록 한다. 워크숍에서는 연구 작물 각각의 특성 및 육종 기술에 대해 교육하고 논의함으로써 실제적 육종 연구의 수준을 향상시키고 산학 간 상호 보완적인 협력 방안을 모색할 수 있도록 유도한다.

(4) 산학협력 대학원생 취업 유도

- 본 센터의 1-2단계 사업을 통해 인턴교육한 후 학생들에 대한 참여기업의 만족도를 조사한 결과 업무향상 등의 긍정적 반응을 보였다. 3단계에서는 참여학생들과 기업에 각각 **만족도를 조사**하고 본 센터의 인턴교육을 참여한 학생의 경우 참여기업으로의 취업을 장려한다.
- 특히 글로벌 인턴교육을 진행한 학생에 대한 회사 만족도가 높을 경우 글로벌 종자회사에 취업할 수 있도록 채용정보를 제공한다.
- 개인육종가나 소규모의 종자회사에 설명회, 설문조사 등을 통해 본 센터의 인력양성 사업을 소개하고 인턴교육 프로그램을 개설할 수 있도록 MOU를 체결하고 채용 정보에 대해 공유할 수 있도록 한다.
- 본 센터의 최종 목표인 다양한 종자산업 분야로의 인력을 공급하는 것을 목표로 종자회사에서 요구하는 분야의 교육 프로그램을 발굴하고 이를 교육하여 취업과 연결될 수 있도록 한다.

4. 센터 운영 성과(1·2·3단계)

4-1. 핵심기술개발 성과 및 활용성과

가. 사업수행실적 총괄

(1) 정량적 성과(총괄)

성과지표	사업화지표											연구기반지표								
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과			인력양성			정책활용·홍보		인턴교육*
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용	홍보전시	
												SCI	비SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	명	명				
가중치	5	5	10	5	5	10	10	3	7				5	10	10	10			5	
최종목표	25	12	30	19	16	5	545	50	23			67	20	20	110	48	34	0	158	
1단계	목표	6	1	5	1	0	0	0	0	0	0	18	8	0	34	12	4	0	0	42
	실적	13	9	10	4	2	0	63	0	13	0	45	2	11	28	15	24	0	0	42
2단계	목표	9	6	14	6	0	0	0	13	0	0	29	11	4	45	25	9	0	0	75
	실적	19	18	22	9	87.5 8	0	124 .1	20	33	0	65	3	36	53	23	62	0	4	90
3단계	목표	10	5	11	12	16	5	545	50	10		20	1	16	31	11	21			41
	실적	14	10	16	14	36.3 5	6	896	58	13		39	2	26	43	12	46			45*
최종	목표	25	12	30	19	16	5	545	50	23		67	20	20	110	48	34		0	158
	실적	46	37	48	27	125. 93	6	1,08 3	78	59		149	7	73	124	50	132		4	177*

*: 인턴교육은 대학-회사 협조로 진행하여 각 세부 협동과제별 건수는 중복될 수 있음. 본 총괄에는 인원수로만 계산함.

(가) 논문게재 성과

연번	게재 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
1	2011	Complete genome sequences of three Tomato spotted wilt virus isolates from tomato and pepper plants in Korea and their phylogenetic relationship with other TSWV isolates	Jong-Seung Lee	김국형	W K Cho, M.-K. Kim, H.-R. Kwak, H.-S. Choi	Archives of Virology	156(4)	국외	SCI
2	2011	Genetic reassortment of Rice stripe virus RNA segments detected by RT-PCR restriction analysis-based method	Miranda Gilda Jonson	김국형	S. Lian, H.-S. Choi, G.-S. Lee, C.-S. Kim	The Plant Pathology Journal	27(2)	국내	SCI
3	2011	RT-PCR detection of five quarantine plant RNA viruses belonging to poty- and bunyaviruses	Jong-Seung Lee	김국형	WK Cho, H.-S. Choi	The Plant Pathology Journal	27(3)	국내	SCI
4	2011	Development of simple PCR-based markers linked to the <i>Ms</i> locus, a restorer-of-fertility gene in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	Haejeen Bang	김성길	조동연, 유길선, 윤무경, BS Patil	Euphytica	179(3)	국외	SCI
5	2011	Bulb storability of red and yellow onion (<i>Allium cepa</i> L.) cultivars grown in Korea	Euri Nam	김성길	조동연, 이을태, 김철우, 한태호, 윤무경	Korean Journal of Breeding Science	43(2)	국내	비 SCI
6	2011	A survey of natural and ethyl methane sulfonate-induced variations of <i>eIF4E</i> using high-resolution melting analysis in <i>Capsicum</i>	Hee-Jin Jeong	강병철	Kwon JK, Pandeya D, Hwang JN, Hoang NH, Bae JH	Molecular Breeding	29(2)	국외	SCI
7	2011	Complete sequencing and comparative analyses of the pepper (<i>Capsicum annuum</i> L.) plastome revealed high frequency of tandem repeats and large insertion/deletions on pepper plastome	Yeong Deuk Jo	강병철	Park J, Kim J, Song W, Hur CG, Lee YH	Plant Cell Reports	30(2)	국외	SCI
8	2011	Origin of the <i>Capsicum</i> CMS cytoplasm revealed by cytoplasmic DNA derived marker analysis	Yeong Deuk Jo	강병철	Jeong HJ	Scientia Horticulturae	131	국외	SCI
9	2011	Development of new molecular markers for the identification of male sterile cytoplasm in peppers (<i>Capsicum annuum</i> L.)	Woong-Ki Min	이상협		Korean Journal of Horticultural Science & Technology	29(1)	국내	SCIE
10	2011	Functional characterization of watermelon (<i>Citrullus lanatus</i> L.) EST-SSR by gel electrophoresis and high resolution melting analysis	Ji Hyun Hwang	박영훈	Seonggyu Ahn, Juyoul Oh, Youngwhan Choi, Jumsoon Kang	Scientia Horticulturae	130(4)	국외	SCI

연번	계재 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
11	2011	Genetic diversity in watermelon cultivars and related species based on AFLPs and EST-SSRs	Jihyun Hwang	박영훈	Umsoon Kang, Byeonggu Son, Kwanghwan Kim	Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca	39(2)	국외	SCIE
12	2011	Mapping quantitative trait loci for leaf and heading-related traits in Chinese cabbage (<i>Brassica rapa</i> L. ssp. <i>pekinensis</i>)	Yu Ge, Nirala Ramchiary	임용표, Zhong Yun Piao	Tao Wang, Cui Liang, Na Wang, Zhe Wang, Su Ryun Choi	Horticulture, Environment, and Biotechnology	52(5)	국내	SCI
13	2012	Ectopic expression of Capsicum-specific cell wall protein <i>Capsicum annuum</i> senescence-delaying 1 (CaSD1) delays senescence and induces trichome formation in <i>Nicotiana benthamiana</i>	Eunyoung Seo	최도일	염선인, 조성환, 정희진, 강병철	Molecules and Cells	33(4)	국내	SCI
14	2012	Morphological classification of trichomes associated with possible biotic stress resistance in the genus <i>Capsicum</i>	Hyun-Jung Kim	최도일	서은영, 김지현, 정희진, 강병철	The Plant Pathology Journal	28(1)	국내	SCI
15	2012	Interaction of the host protein NbDnaJ with Potato virus X minus-strand stem-loop 1 RNA and capsid protein affects viral replication and movement	Sang-Yun Cho	김국형	WK Cho, S.-H. Sohn	Biochemical and Biophysical Research Communications	417(1)	국외	SCI
16	2012	Identification of the capsid protein-binding region of the SL1(+) RNA located at the 5' region of the Potato virus X genome	Sang-Yun Cho	김국형		The Plant Pathology Journal	28(1)	국내	SCI
17	2012	Virus-induced silencing of WRKY1 transcription factor that interact with the SL1 structure of the Potato virus X leads to higher viral RNA accumulation and severe necrotic symptom	Sang-Ho Park	김국형		The Plant Pathology Journal	28(1)	국내	SCI
18	2012	The Red clover necrotic mosaic virus capsid protein N-terminal-lysine rich motif is a determinant of symptomatology and virion accumulation	Sang-Ho Park	김국형, Steven A. Lommel	TIM L. SIT	Molecular Plant Pathology	13(7)	국외	SCI
19	2012	Cis-acting element (SL1) of Potato virus X controls viral movement by interacting with the NbMPB2Cb and viral proteins	Sang-Yun Cho	김국형	WK Cho, H.-S. Choi	Virology	427(2)	국외	SCI
20	2012	The p19 protein of Grapevine Algerian latent virus is a determinant of systemic infection of <i>Chenopodium quinoa</i>	Semin Kim	김국형	WK Cho, H.-G. Lee, S.-H. Park, S.-H. Sohn	Virus Research	165(1)	국외	SCI

연번	계재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
21	2012	Identification of tobacco proteins associated with the stem-loop 1 RNAs of Potato virus X	Sang-Yun Cho	김국형	WK Cho	Molecules and Cells	33(4)	국내	SCI
22	2012	Gibb's reagent 를 이용한 캡사이시노이드 간이 분석 방법	Hee-Jin Jeong	강병철	황도연, 안정탁, 천진영, 한고은, 이우문, 권진경, 이용직	원예과학기술지	30(3)	국내	SCI
23	2012	Helicase domain encoded by <i>Cucumber mosaic virus RNA1</i> determines systemic infection of <i>Cmr1</i> in pepper	Won-Hee Kang	강병철	Seo JK, Chung BN, Kim KH	Public Library of Science one	7	국외	SCI
24	2012	Watermelon production and breeding in South Korea	Younghoon Park	조성근		Israel Journal of Plant Sciences	60(4)	국외	SCIE
25	2012	Restorer genotype for male sterile cytoplasm of genetic resources moderately resistant to <i>Phytophthora capsici</i> in <i>Capsicum</i> pepper	Byung-Soo Kim	김병수	Ahn Joon-Hyung, Lee Jae-Moo, Park Dong-Guen, Kim, Hye-Yeon	Korean Journal of Horticultural Science & Technology	30(1)	국내	SCIE
26	2012	Sources of resistance to bacterial wilt found in vietnam collections of pepper (<i>Capsicum annuum</i>) and their nuclear fertility restorer genotypes for cytoplasmic male sterility	Ngoc Hung Tran	김병수		The Plant Pathology Journal	28(4)	국내	SCIE
27	2013	A pepper (<i>Capsicum annuum</i> L.) metacaspase 9 (<i>Camc9</i>) plays a role in pathogen-induced cell death in plants	Su-Min Kim	최도일	배정윤, 오상근	Molecular Plant Pathology	14(6)	국외	SCI
28	2013	A current overview of two viroids infecting chrysanthemums: <i>Chrysanthemum stunt viroid</i> and <i>Chrysanthemum chlorotic mottle viroid</i>	Won Kyong Cho	김국형	Yeonhwa Jo, K.-M. Jo	Viruses	5(4)	국외	SCI
29	2013	A rapid small-scale purification of <i>Soybean mosaic virus</i> by co-immunoprecipitation	Jang-Kyun Seo	김국형	Minji Kang, Mi Sa Vo Phan	Journal of Virological Methods	191	국외	SCI
30	2013	Evolution of and Horizontal Gene Transfer in the <i>Endornavirus</i> Genus	Dami Song	김국형	WK Cho, S.-H. Park, Yeonhwa Jo	Public Library of Science	8(5)	국외	SCI
31	2013	Molecular characterization of the interaction between the N-terminal region of <i>Potato virus X</i> (PVX) coat protein (CP) and <i>Nicotiana benthamiana</i> PVX CP-interacting protein, NbPCIP1	Mi-Ri Park	김국형		Virus Genes	46(3)	국외	SCI
32	2013	Viral and nonviral elements in potexvirus replication and movement and in antiviral responses	Mi-Ri Park	김국형	J.-K.Seo	Advances in Virus Research	87(75)	국외	SCI

연번	계재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
33	2013	Phylogenetic and recombination analysis of <i>Tomato spotted wilt virus</i>	Sen Lian	김국형	J.-S. Lee, WK Cho, Jisuk Yu, M.-K. Kim, H.-S. Choi	Public Library of Science	8(5)	국외	SCI
34	2013	The charged residues in the surface-exposed C-terminus of the <i>Soybean mosaic virus</i> coat protein are critical for cell-to-cell movement and virion assembly	Jang-Kyun Seo	김국형	Jang-Kyun Seo, Mi Sa Vo Phan, Sung-Hwan Kang, Hong-Soo Choi and Kook-Hyung Kim	Virology	446(1)	국외	SCI
35	2013	The <i>red clover necrotic mosaic virus</i> capsid protein N-terminal 50 amino acids possesses both specific and non-specific RNA binding and is required for virion assembly	Sang-Ho Park	김국형	Sang-Ho Park, Tim L. Sit, Kook-Hyung Kim and Steven A. Lommel	Virus Research	176(1)	국외	SCI
36	2013	Current insights into research on <i>Rice stripe virus</i>	Won Kyong Cho	김국형	Won Kyong Cho, Sen Lian, Sang-Min Kim, Sang-Ho Park and Kook-Hyung Kim	The Plant Pathology Journal	29(3)	국내	SCI
37	2013	Development of functional markers for detection of inactive <i>DFR-A</i> alleles responsible for failure of anthocyanin production in onions (<i>Allium cepa</i> L.)	Jaehyuk Park	김성길	조동연, 문진성, 윤무경	Korean Journal of Horticultural Science & Technology	31(1)	국내	SCIE
38	2013	Identification of hypervariable chloroplast intergenic sequences in onion (<i>Allium cepa</i> L.) and their use to analyse the origins of male-sterile onion cytotypes	Sunggil Kim	김성길		Korean Journal of Horticultural Science & Technology	88(2)	국외	SCI
39	2013	Origin of three characteristic onion (<i>Allium cepa</i> L.) mitochondrial genome rearrangements in <i>Allium</i> species	Sunggil Kim	김성길	방혜진, BS Patil	Scientia Horticulturae	157	국외	SCI
40	2013	Construction of high-resolution linkage map of the <i>Ms</i> locus, a restorer-of-fertility gene in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	Jaehyuk Park	김성길	방혜진, 조동연, 윤무경, BS Patil	Euphytica	192(2)	국외	SCI
41	2013	Biosynthesis of capsinoid is controlled by the <i>Pun1</i> locus in pepper	Koeun Han	강병철	Jeong HJ, Sung J, Keum YS, Cho MC, Kim JH, Kwon JK	Molecular Breeding	31(3)	국외	SCI
42	2013	Reduced activity of ATP synthase in mitochondria causes cytoplasmic male sterility in chili pepper	Jinjie Li	강병철	Pandeya D, Jo YD, Liu WY	Planta	237(4)	국외	SCI

연번	계재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
43	2013	Translation elongation factor 1B (eEF1B) is an essential host factor for <i>Tobacco mosaic virus</i> infection in plants	JeeNa Hwang	강병철	Oh CS	Virology	439(2)	국외	SCI
44	2013	Identification and inheritance of a new source of resistance against <i>Tomato spotted wilt virus</i> (TSWV) in <i>Capsicum</i>	Ngoc Huy Hoang	강병철	Yang HB	Scientia Horticulturae	161	국외	SCI
45	2013	Mitochondrial-targeted expression of <i>orf456</i> causes male sterility in Chinese cabbage (<i>Brassica rapa</i> L.)	Liu Li	강병철	Jo YD, Pandeya D, Kang WH, Kim DS	Plant Breeding and Biotechnology	1(2)	국내	비 SCI
46	2013	Identification of a broad-spectrum recessive gene in <i>Brassica rapa</i> and molecular analysis of the <i>eIF4E</i> gene family to develop molecular markers	Jinhee Kim	강병철	WH Kang, HB Yang, SY Park, CS Jang, Hee-Ju Yu	Molecular Breeding	32(2)	국외	SCI
47	2013	Overexpression of a Single-Chain Variable Fragment (scFv) Antibody Confers Unstable Resistance to TuMV in Chinese Cabbage	Mei-Ai Zhao	강병철	Song-Ji An, Suk-Chan Lee, Do-Sun Kim	Plant Molecular Biology Reporter	31(6)	국외	SCI
48	2013	Inheritance of resistance to powdery mildew in the watermelon and development of a molecular marker for selecting resistant plants	Kwang-Hwan Kim	박영훈	Sung-Gyu Ahn, Ji-Hyun Hwang, Young-Mi Choi, Hyun-Shik Moon	Horticulture, Environment, and Biotechnology	54(2)	국내	SCIE
49	2013	Sources of resistance to bacterial wilt and restorer-of-fertility genotype for cytoplasmic male sterility in <i>Capsicum</i> pepper	Khin Pa Pa Wai	김병수	Lee Jaemoo, Mo Hwang-Sung	Horticulture, Environment, and Biotechnology	54(3)	국내	SCIE
50	2013	Quantitative Trait Loci Mapping in <i>Brassica rapa</i> Revealed the Structural and Functional Conservation of Genetic Loci Governing Morphological and Yield Component Traits in the A, B, and C Subgenomes of <i>Brassica</i> Species	Xiaonan Li, Nirala Ramchiary	임용표	Vignesh Dhandapani, Su Ryun Choi, Yoonkang Hur, Ill-Sup Nou, Moo Kyoung Yoon	DNA Research	20(1)	국외	SCI
51	2014	Multiple recognition of RXLR effectors is associated with nonhost resistance of pepper against <i>Phytophthora infestans</i>	Hyun-Ah Lee, Shin-Young Kim	최도일	오상근, 염선인, 김셋별, 김명신, Sophien Kamoun	New Phytologist	203(3)	국외	SCI

연번	게제연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
52	2014	Integrative structural annotation of de novo RNA-Seq provide accurate reference gene set of enormously large genome-containing plant onion (<i>Allium cepa</i> L.)	Seungill Kim, Myung-Shin Kim	최도일		DNA Research	22(1)	국외	SCI
53	2014	Interaction study of <i>rice stripe virus</i> proteins reveals a region of the nucleocapsid protein (NP) required for NP self-interaction and nuclear localization	Sen Lian	김국형		Virus Research	183	국외	SCI
54	2014	Understanding the intracellular trafficking and intercellular transport of potexviruses in their host plants	Mi-Ri Park	김국형	Mi-Ri Park, Rae-Dong Jeong, and Kook-Hyung Kim	Frontiers in Plant Science	5	국외	SCI
55	2014	A simple method for screening of plant <i>NBS-LRR</i> genes that confer a hypersensitive response to plant viruses and its application for screening candidate pepper genes against <i>Pepper mottle virus</i>	Phu-Tri Tran	김국형	Phu-Tri Tran, Hoseong Choi, Saet-Byul Kim, Hyun-Ah Lee, Doil Choi, and Kook-Hyung Kim	Journal of Virological Methods	201	국외	SCI
56	2014	Molecular and biological characterization of an isolate of <i>Cucumber mosaic virus</i> from <i>Glycine soja</i> by generating its infectious full-genome cDNA clones	Mi Sa Phan	김국형	Mi Sa Vo Phan, Jang-Kyun Seo, Hong-Soo Choi, Su-Heon Lee, and Kook-Hyung Kim	The Plant Pathology Journal	30(2)	국외	SCI
57	2014	Type 2C protein phosphatase is a key regulator of antiviral extreme resistance limiting virus spread	Jang-Kyun Seo	김국형		Scientific Reports	4	국외	SCI
58	2014	Pseudorecombination between two distinct strains of <i>Cucumber mosaic virus</i> results in enhancement of symptom severity	Mi Sa Vo Phan	김국형		The Plant Pathology Journal	30(3)	국내	SCI
59	2014	At least nine independent natural mutations of the <i>DFR-A</i> gene are responsible for appearance of yellow onions (<i>Allium cepa</i> L.) from red progenitors	Sookyi Song	김성길	김철우, 문진성	Molecular Breeding	33(1)	국외	SCI
60	2014	A codominant molecular marker in linkage disequilibrium with a restorer-of-fertility gene (<i>Ms</i>) and its application in reevaluation of inheritance of fertility restoration in onions	Sunggil Kim	김성길		Molecular Breeding	34(3)	국외	SCI

연번	계제 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
61	2014	A high-resolution linkage map of the <i>Rfd1</i> , a restorer-of-fertility locus for cytoplasmic male sterility in radish (<i>Raphanus sativus</i> L.) produced by a combination of bulked segregant analysis and RNA-Seq	Young-Pyo Lee	김성길		Theoretical and Applied Genetics	127(10)	국외	SCI
62	2014	Transgenic <i>Brassica rapa</i> plants over-expressing eIF(iso)4E variants show broad-spectrum <i>Turnip mosaic virus</i> (TuMV) resistance	Jinhee Kim	강병철	강원희, 황지나, 양희범, 김도순, 오창식	Molecular Plant Pathology	15(6)	국외	SCI
63	2014	Extensive structural variations between mitochondrial genomes of CMS and normal peppers (<i>Capsicum annuum</i> L.) revealed by complete nucleotide sequencing	Yeong Deuk Jo	강병철	최유미, 김동환, 김병동	BMC Genomics	15(1)	국외	SCI
64	2014	Tomato Male sterile 10 ³⁵ is essential for pollen development and meiosis in anthers	Hee-Jin Jeong, Jin-Ho Kang	강병철	Zhao M, Kwon JK, Choi HS, Bae JH, Lee HA, Joung YH, Choi D	Journal of Experimental Botany	65(22)	국외	SCI
65	2014	Combined use of bulked segregant analysis and microarrays reveals SNP markers pinpointing a major QTL for resistance to <i>Phytophthora capsici</i> in pepper	Wing-Yee Liu	강병철	Kang JH, Jeong HS, Choi HJ, Yang HB, Kim KT, Choi D, Choi GJ, Jahn M	Theoretical and Applied Genetics	127(11)	국외	SCI
66	2014	Developmental changes of recessive genes-mediated <i>Cucumber mosaic virus</i> (CMV) resistance in peppers (<i>Capsicum annuum</i> L.)	Woong-Ki Min	민웅기		Korean Journal of Horticultural Science & Technology	32(2)	국내	SCIE
67	2014	New sources of resistance to <i>Phytophthora capsici</i> in <i>Capsicum</i> spp.	Hwangsun g Mo	김병수	김소영, 키파파와이, M.I. 시디크, 유희주	Horticulture, Environment, and Biotechnology	55(1)	국내	SCIE
68	2014	Identification of Candidate Genes Involved in the Biosynthesis of Carotenoids in <i>Brassica rapa</i>	Parameswari Paul	임용표	V. Dhandapani, X. Li, S. Choi, Y. Hur	Horticulture, Environment, and Biotechnology	55(4)	국내	SCI
69	2015	RNA-Dependent RNA Polymerase (N1b) of the Potyviruses Is an Avirulence Factor for the Broad-Spectrum Resistance Gene <i>Pvr4</i> in <i>Capsicum annuum</i> cv. CM334	Saet-Byul Kim	최도일	이혜영, 서승연, 이주현	Public Library of Science one	10(3)	국외	SCI
70	2015	Molecular characterization of <i>Pvr9</i> that confers a hypersensitive response to <i>Pepper mottle virus</i> (a potyvirus) in <i>Nicotiana benthamiana</i>	Phu-Tri Tran	김국형	Hoseong Choi, Doil Choi	Virology	481	국외	SCI
71	2015	Time-Course RNA-Seq Analysis Reveals Transcriptional Changes in Rice Plants Triggered by <i>Rice stripe virus</i> Infection	Won Kyong Cho	김국형	Sen Lian, Sang-Min Kim, Bo Yoon Seo, Jin Kyo Jung	Public Library of Science one	10(8)	국외	SCI

연번	계제 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
72	2015	Establishment of an <i>Agrobacterium</i> -mediated Inoculation System for <i>Cucumber Green Mottle Mosaic Virus</i>	Minji Kang	김국형	Jang-Kyun Seo, Dami Song, Hong-Soo Choi	The Plant Pathology Journal	31(4)	국내	SCI
73	2015	Five Questions about Mycoviruses	Moonil Son	김국형	Jisuk Yu	PLOS Pathogens	11(11)	국외	SCI
74	2015	Application of the Molecular Marker in Linkage Disequilibrium with <i>Ms</i> , a Restorer-of-fertility Locus, for Improvement of Onion Breeding Efficiency	Sujeong Kim	김성길		Horticulture, Environment, and Biotechnology	33(4)	국내	SICE
75	2015	Characterization of three active transposable elements recently inserted in three independent <i>DFR-A</i> alleles and one high-copy DNA transposon isolated from the Pink allele of the <i>ANS</i> gene in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	Sunggil Kim	김성길	Jee Young Park	Molecular Genetics and Genomics	290(3)	국외	SCI
76	2015	Comparative analysis of the complete chloroplast genome sequences of a normal male-fertile cytoplasm and two different cytoplasms conferring cytoplasmic male sterility in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	Sunggil Kim	김성길	Jee Young Park	The Journal of Horticultural Science and Biotechnology	90(4)	국외	SCI
77	2015	Identification of candidate genes associated with fertility restoration of cytoplasmic male-sterility in onion (<i>Allium cepa</i> L.) using a combination of bulked segregant analysis and RNA-seq	Sunggil Kim	김성길	Cheol-Woo Kim, Minkyu Park, Doil Choi	Theoretical and Applied Genetics	128(11)	국외	SCI
78	2015	Plant Translation Elongation Factor 1B β Facilitates Potato Virus X (PVX) Infection and Interacts with PVX Triple Gene Block Protein 1	JeeNa Hwang	강병철	Seonhee Lee, Jung-Ho Lee, Won-Hee Kang, Jin-Ho Kang, Min-Young Kang, Chang-Sik Oh	Public Library of Science one	10(5)	국외	SCI
79	2015	Substitution of a dysfunctional <i>pAMT</i> allele results in low-pungency but high levels of capsinoid in <i>Capsicum chinense</i> 'Habanero'	Siyong Jang	강병철	Koeun Han, Yeung Deuk Jo, Hee-Jin Jeong, Muhammad Irfan Siddique	Plant Breeding and Biotechnology	3(2)	국내	비 SCI
80	2015	Marker-assisted backcross breeding for development of pepper varieties (<i>Capsicum annuum</i>) containing capsinoids	Hyeon-Seok Jeong	강병철	Siyong Jang, Koeun Han, Jin-Kyung Kwon	Molecular Breeding	35(12)	국외	SCI
81	2015	Sequence-characterized amplified polymorphism markers for selecting rind stripe pattern in watermelon (<i>Citrullus lanatus</i> L.)	Hyeogium Kim	박영훈	Dongyeop Han, Jumsoon Kang, Youngwhan Choi, Amnon Levi, Gung Pyo Lee	Horticulture, Environment, and Biotechnology	56(3)	국내	SCIE

연번	계제연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
82	2015	The <i>CmACS-7</i> gene provides sequence variation for development of DNA markers associated with monoecious sex expression in melon (<i>Cucumis melo</i> L.)	Nahui Kim	박영훈	Juyeol Oh, Bichseam Kim, Eung Kyu Choi, Un Sun Hwang, Jack E. Staub, Sang-Min Chung	Horticulture, Environment, and Biotechnology	56(4)	국내	SCIE
83	2015	Major Quantitative Trait Loci and Putative Candidate Genes for Powdery Mildew Resistance and Fruit-Related Traits Revealed by an Intraspecific Genetic Map for Watermelon (<i>Citrullus lanatus</i> var. <i>lanatus</i>)	Kwang-Hwan Kim	박영훈	Ji-Hyun Hwang, Dong-Yeup Han, Minkyu Park, Seungill Kim, Doil Choi, Yongjae Kim, Gung Pyo Lee, Sun-Tae Kim	Public Library of Science one	10(12)	국외	SCIE
84	2015	Linkage analysis of the three loci determining rind color and stripe pattern in watermelon	HeeBum Yang	김용권	Park SungWoo, Park YoungHoon, Lee GungPyo, Kang SunCheol	Korean Journal of Horticultural Science and Technology	33(4)	국내	SCI
85	2015	Horticultural and chemical quality characterization of accessions selected from four species of <i>Capsicum</i>	Hwang-sung Mo	김병수	Kil-su Jang, Ji-eun Hwang, Su-gyeong Jeon	Horticulture, Environment, and Biotechnology	56(1)	국내	SCIE
86	2015	Pathotypes of bacterial spot pathogen infecting <i>Capsicum</i> peppers in Korea	Khin Pa Pa Wai	김병수	Muhammad Irfan Siddique, Hwang-Sung Mo, Hee Ju Yoo, Si-Eun Byeon, Yoonhyuk Jegal, Alebel A. Mekuriaw	The Plant Pathology Journal	31(4)	국내	SCIE
87	2016	Genome-wide comparative analyses reveal the dynamic evolution of nucleotide-binding leucine-rich repeat gene family among solanaceae plants	Eunyoung Seo	최도일		Frontiers in Plant Science	7	국외	SCI
88	2016	Establishment of a simple and rapid gene delivery system for cucurbits by using engineered <i>Zucchini yellow mosaic virus</i>	Minji Kang	김국형	Jang-Kyun Seo, Hoseong Choi, Hong-Soo Choi	The Plant Pathology Journal	32(1)	국내	SCI
89	2016	Specific binding of <i>Fusarium graminearum Hex1</i> protein to untranslated regions of the genomic RNA of <i>Fusarium graminearum</i> virus 1 correlates with increased accumulation of both strands of viral RNA	Moonil Son	김국형	Hoseong Choi	Virology	489	국외	SCI
90	2016	Virus-induced gene silencing reveals signal transduction components required for the <i>Pvr9</i> -mediated hypersensitive response in <i>Nicotiana benthamiana</i>	Phu-Tri Tran	김국형	Choi H, Choi D	Virology	495	국외	SCI

연번	계제 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
91	2016	Two homologous host proteins interact with potato virus X RNAs and CPs and affect viral replication and movement	Hoseong Choi	김국형	Won Kyong Cho	Scientific Reports	6	국외	SCI
92	2016	The transcription cofactor Swi6 of the <i>Fusarium graminearum</i> is involved in <i>Fusarium graminearum</i> virus 1 induced phenotype alteration	Moonil Son	김국형	Yoonseung Lee	The Plant Pathology Journal	32(4)	국내	SCI
93	2016	Development of virus-induced gene expression and silencing vector derived from grapevine Algerian latent virus	Sang-Ho Park	김국형	Hoseong Choi, Semin Kim, Won Kyong Cho	The Plant Pathology Journal	32(4)	국내	SCI
94	2016	Time-course small RNA profiling reveals rice miRNAs and their target genes in response to <i>Rice stripe virus</i> infection	Sen Lian	김국형	Won Kyong Cho, Sang-Min Kim	Public Library of Science	11(9)	국외	SCI
95	2016	Development of a simple PCR marker tagging the <i>Allium roylei</i> fragment harboring resistance to downy mildew (<i>Peronospora destructor</i>) in onion (<i>Allium cepa</i> L.).	Seongjun Kim	김성길		Euphytica	208(3)	국외	SCI
96	2016	Development of a system for <i>S</i> locus haplotyping based on the polymorphic <i>SLL2</i> gene tightly linked to the locus determining self-incompatibility in radish (<i>Raphanus sativus</i> L.)	Daehyeon Kim	김성길	Cheol-Woo Kim, Min-Seon Choi	Euphytica	209(2)	국외	SCI
97	2016	Completion of the mitochondrial genome sequence of onion (<i>Allium cepa</i> L.) containing the <i>CMS-S</i> male-sterile cytoplasm and identification of an independent event of the <i>ccmFN</i> gene split	Bongju Kim	김성길	김경희, 양태진	Current Genetics	62(4)	국외	SCI
98	2016	Identification of two novel mutant <i>ANS</i> alleles responsible for inactivation of anthocyanidin synthase and failure of anthocyanin production in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	Eun-Young Kim	김성길	김철우	Euphytica	212(3)	국외	SCI
99	2016	Isolation and characterization of pepper genes interacting with the CMV-P1 helicase domain	Yoomi Choi, Min-Young Kang	강병철	Joung-Ho Lee, Won-Hee Kang, JeeNa Hwang, Jin-Kyung Kwon	Public Library of Science one	11(1)	국외	SCI
100	2016	Development of gene-based markers derived from the <i>Tomato Yellow Leaf Curl Virus</i> resistance gene <i>Ty-1/Ty-3</i> in tomato (<i>Solanum lycopersicum</i>)	Dong Panpan	강병철	Koeun Han, Muhammad Irfan Siddique, Jin-Kyung Kwon, Meiai Zhao, Fu Wang	Plant Breeding and Biotechnology	4(1)	국내	비 SCI

연번	계재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
101	2016	Fine mapping and identification of candidate genes for the <i>sy-2</i> locus in a temperature-sensitive chili pepper (<i>Capsicum chinense</i>)	Liu Li	강병철	Venkatesh J, Jo YD, Koeda S, Hosokawa M, Kang JH, Goritschnig S	Theoretical and Applied Genetics	129(8)	국외	SCI
102	2016	Fine mapping of Restorer-of-fertility in pepper (<i>Capsicum annuum</i> L.) identified a candidate gene encoding a pentatricopeptide repeat (PPR)-containing protein	Yeong Deuk Jo	강병철	Ha Y, Lee JH, Park M, Bergsma AC, Choi HI, Goritschnig S, Kloosterman B, van Dijk PJ, Choi D	Theoretical and Applied Genetics	129	국외	SCI
103	2016	Genome-wide analysis and evolution of the Pto-Like protein kinase (PLPK) gene family in pepper	Venkatesh Jelli	강병철	Molly Jahn	Public Library of Science one	11(8)	국외	SCI
104	2016	Divergent evolution of multiple virus-resistance genes from a progenitor in <i>Capsicum</i> spp.	Saet-Byul Kim, Won-Hee Kang	강병철	Huy HN, Yeom SI, An JT, Kim S, Kang MY, Kim HJ, Jo YD, Ha Y	New Phytologist	213(2)	국외	SCI
105	2016	Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from a large <i>Capsicum</i> germplasm	Hea-Young Lee	강병철	Na-Young Ro, Jinkwan Jo, Yeaseong Ha, Ayoung Jung, Ji-Woong Han, Jelli Venkatesh	BMC Genetics	17(1)	국외	SCI
106	2016	Evaluation of <i>Phytophthora</i> root rot- and bacterial wilt-resistant inbred lines and their crosses for use as rootstocks in pepper (<i>Capsicum annuum</i> L.)	Alebel Mekuriaw Abebe	김병수	Khin Pa Pa Wai, Muhammad Irfan Siddique, Hwang-Sung Mo, Hee Ju Yoo, Yoonyuk Jegal, Si-Eun Byeon, Kil-Su Jang, Su-Gyeong Jeon, Ji-Eun Hwang	Horticulture, Environment, and Biotechnology	57(6)	국내	SCIE
107	2016	고추 세균성점무늬병 저항성 유전자원과 그 주요특성	변시은	김병수	Alebel Mekuriaw Abebe, 재갈윤혁, Khin Pa Pa Wai, Muhammad Irfan Siddique, 모황성, 유희주, 장길수, 황지은, 전수경, 이수현	Korean Journal of Horticultural Science and Technology	34(5)	국내	SCIE
108	2016	Factors affecting <i>Agrobacterium</i> -mediated transformation in <i>Hybanthus enneaspermus</i> (L.) F. Muell.	Ganeshan Sivanandhan	임용표	Chinnathambi Arunachalam, Venkatachalam Vasudevan, Gnanajothi Kapildev, Ali Alharbi Sulaiman, Natesan Selvaraj, Andy Ganapathi	Plant Biotechnology Reports	10(2)	국내	SCI
109	2016	<i>Arabis erecta</i> (Brassicaceae), a new species from Republic of Korea	Yoon-Young Kim	임용표		Phytotaxa	268(4)	국외	SCI
110	2017	Harnessing anthocyanin-rich fruit: a visible reporter for tracing virus-induced gene silencing in pepper fruit	Jihyun Kim	최도일, 이재민	박민규, 정은수	Plant Methods	13(1)	국외	SCI

연번	계재 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
111	2017	Identification of a novel <i>DFR-A</i> mutant allele determining the bulb color difference between red and yellow onions (<i>Allium cepa</i> L.)	Bongju Kim	김성길	Jin-Kyung Kwon	Plant Breeding and Biotechnology	5(1)	국내	비 SCI
112	2017	Development of a molecular marker tightly linked to the <i>C</i> locus conferring a white bulb color in onion (<i>Allium cepa</i> L.) using bulked segregant analysis and RNA-seq.	Gayeon Baek	김성길	김철우	Molecular Breeding	37(8)	국외	SCI
113	2017	Evaluation of DNA markers for fruit-related traits and genetic relationships based on single sequence repeats in watermelon accessions	Bingkui Jin	박영훈	Hee-Jin Jeong	Horticultural Science & Technology	35(1)	국내	SCIE
114	2017	Characterization of the <i>Lsi1</i> Homologs in <i>Cucurbita moschata</i> and <i>C.ficifolia</i> for Breeding of Stock Cultivars Used for Bloomless Cucumber Production	Jaemin Jung	박영훈	J. Kim, B. Jin, Y. Choi, C.O. Hong, H.H. Lee, Y. Choi, J. Kang, Y. Park	Horticultural Science & Technology	35(3)	국내	SCIE
115	2017	Inferring the Genetic Determinants of Fruit Colors in Tomato by Carotenoid Profiling	Hee Ju Yoo, Woo Jung Park	이제민	Gyu-Myung Lee, Chang-Sik Oh, Inhwa Yeam, Dong-Chan Won, Chang Kil Kim	Molecules	22(5)	국외	SCIE
116	2017	Development of a Genetic Map for Onion (<i>Allium cepa</i> L.) Using Reference-Free Genotyping-by-Sequencing and SNP Assays	Jinkwan Jo	강병철	Preethi M. Purushotham, Koeun Han, Heung-Ryul Lee, Gyoungju Nah	Frontiers in Plant Science	8: 2090-	국외	SCI
117	2017	Identification and molecular genetic mapping of Chili veinal mottle virus (ChiVMV) resistance genes in pepper (<i>Capsicum annuum</i>).	Joung-Ho Lee	강병철	Jeong-Tak An, Muhammad Irfan Siddique, Koeun Han, Seula Choi, Jin-Kyung Kwon,	Mol. Breeding	37: 121-	국외	SCI
118	2017	Engineering an auto-activated R protein that is in vivo activated by a viral protease	Phu-Tri Tran	김국형	Kristin Widiasari, Jee-Yoon Park	Virology	510	국외	SCI
119	2017	De novo genome assembly and single nucleotide variations for soybean mosaic virus using soybean seed transcriptome data	Yeonhwa Jo	김국형	Hoseong Choi, Miah Bae, Sang-Min Kim, Sun-Lim Kim, Bong Choon Lee, Won Kyong Cho	Plant Pathol J	33	국내	SCI
120	2017	Resistance to <i>Phytophthora capsici</i> , Restorer-of-fertility Genotype for Cytoplasmic Male Sterility and Chemical Quality Components of Breeding Lines Developed for Improvement of Subicho, a Land Race of Pepper in Yeongyang	Muhammad Irfan Siddique	김병수	Khin Pa Pa Wai, Hwang-Sung Mo, Hee-Ju Yoo, Kil-Su Jang, Su-Gyeong Jeon, JiEun Hwang	Horticultural Science & Technology	35(6)	국내	SCI

연번	계재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
121	2017	Molecular Mapping of PMR1, a Novel Locus Conferring Resistance to Powdery Mildew in Pepper (<i>Capsicum annuum</i>).	Jinkwan Jo	강병철	Jelli Venkatesh, Koeun Han, Hea-Young Lee, Gyung Ja Choi, Hee Jae Lee, Doil Choi	Frontiers in Plant Science	8	국외	SCI
122	2018	Isolation and validation of a candidate Rsv3 gene from a soybean genotype that confers strain-specific resistance to soybean mosaic virus	Phu-Tri Tran	김국형	Kristin Widyasari, Jang-Kyun Seo	Virology	513	국외	SCI
123	2018	Identification of the S locus core sequences determining self-incompatibility and S multigene family from draft genome sequences of radish (<i>Raphanus sativus</i> L.).	김동선	김성길		Euphytica	214:16	국외	SCI
124	2018	Characterization of the IQ Domain Gene Homologs as Common Candidate Genes for Elongated Fruit Shape in <i>Cucurbits</i> .	Bingkui Jin,	박영훈	Joonyup Kim, Jaemin Jung, Daeun Kim	Horticultural Science & Technology	36(1): 85-97	국내	SCI
125	2018	QTL mapping and GWAS reveal candidate genes controlling capsaicinoid content in <i>Capsicum</i>	Koeun Han	강병철	Hea-Young Lee, Na-Young Ro, On-Sook Hur, Joung-Ho Lee, Jin-Kyung Kwon	Plant Biotechnol J.	16(9):1546-1558	국외	SCI
126	2018	Development of Bi gene-based SNP markers for genotyping for bitter-free cucumber lines	Jelli Venkatesh	강병철	송기환, 이종호, 권진경	Horticulture, Environment, and Biotechnology	59:231-238	국내	SCI
127	2018	In silico identification of viruses and viroids infecting grapevine cultivar <i>Cabernet Sauvignon</i> using a grapevine transcriptome	Yeonhwa Jo	김국형	Myung-Kyu Song, Hoseong Choi, Kristin Widyasari, Jae-Seong Park, Jae-Wung Lee, Won Kyong Cho	J Plant Pathol	100	국외	SCI
128	2018	Genome-Wide Sequence Variation in Watermelon Inbred Lines and Its Implication for Marker-Assisted Breeding	Girim Park	박영훈	Joonyup Kim, Bingkui Jin, Hee-Bum Yang, Sung-Woo Park, Sun-Cheol Kang, Sang Min Chung	Horticultural Science & Technology	36(2)	국내	SCI
129	2018	Differential Contribution of RNA Interference Components in Response to Distinct <i>Fusarium graminearum</i> Virus Infections	Jisuk Yu	김국형	Kyung-mi Lee, Won Kyoung Cho	J Virol	92	국외	SCI

연번	게제연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
130	2018	Comprehensive analysis of CCCH zinc-finger-type transcription factors in the genome of <i>Brassica rapa</i>	Jana Jeevan	임용표	Vignesh Dhandapani, Parameswari Paul, Sangeeth Prasath Devaraj, Su Ryun Choi, So Young Yi, Man-Sun Kim, Seongmin Hong, Sang Heon Oh, Man-Ho Oh	Horticulture, Environment, and Biotechnology	59:729-747	국내	SCI
131	2018	Identification of Cucumber mosaic resistance 2 (cmr2) That Confers Resistance to a New Cucumber mosaic virus Isolate P1 (CMV-P1) in Pepper (<i>Capsicum</i> spp.)	Seula Choi	강병철	Joung-Ho Lee, Won-Hee Kang, Joonyup Kim, Hoang N. Huy, Sung-Woo Park, Eun-Ho Son, Jin-Kyung Kwon	Frontiers in plant science	9	국외	SCI
132	2018	A major QTL and candidate genes for capsaicinoid biosynthesis in the pericarp of <i>Capsicum chinense</i> revealed using QTL-seq and RNA-seq	Minjeong Park	강병철	Joung-Ho Lee, Koeun Han, Siyoung Jang, Jiwoong Han, Jung-Hyun Lim, Ji-Won Jung	Theoretical and Applied Genetics	132, 515-529	국외	SCI
133	2018	Single-molecule real-time sequencing reveals diverse allelic variations in carotenoid biosynthetic genes in pepper (<i>Capsicum</i> spp.)	Hyo-Bong Jeong	강병철	Min-Young Kang, Ayoung Jung, Koeun Han, Joung-Ho Lee, Jinkwan Jo, Hea-Young Lee, Jong-Wook An, Suna Kim	Plant Biotechnology Journal	17(6):1081-1093	국외	SCI
134	2018	Identification of chromosomal translocation causing inactivation of the gene encoding anthocyanidin synthase in white pomegranate (<i>Punica granatum</i> L.) and development of a molecular marker for genotypic selection of fruit colors	Hyeon-ju Jeong	김성길	Moon-Young Park	Horticulture, Environment and Biotechnology	59:857-864	국내	SCI
135	2019	Development of a new Socus haplotyping system based on three tightly linked genes in the Socus controlling self-incompatibility in radish (<i>Raphanus sativus</i> L.).	Dong-Seon Kim	김성길		Scientia Horticulturae	243:70-77	국외	SCI
136	2019	A plant intron enhances the performance of an infectious clone in planta	Phu-Tri Tran	김국형	Miao Fanga KristinWidyasaria, Kook-HyungKim	Journal of Virological Methods	265:26-34	국외	SCI

연번	게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
137	2019	Identification of a gene responsible for cytoplasmic male-sterility in onions (<i>Allium cepa</i> L.) using comparative analysis of mitochondrial genome sequences of two recently diverged cytoplasms	Bongju Kim	김성길	Tae-Jin Yang	Theoretical and Applied Genetics	132:313-322	국외	SCI
138	2019	A MYB transcription factor is a candidate to control pungency in <i>Capsicum annuum</i>	Koeun Han	강병철	Siyong Jang1, Joung-Ho Lee1, · Do-Gyeong Lee1, · Jin-Kyung Kwon1	Theoretical and Applied Genetics	132:1235-1246	국외	SCI
139	2019	Effects of Abscisic Acid and Salicylic Acid on Gene Expression in the Antiviral RNA Silencing Pathway in <i>Arabidopsis</i>	Mazen Alazem	김국형	Kook-Hyung Kim, Na-Sheng Lin	International Journal of Molecular Sciences	20: 2538-2554	국외	SCI
140	2019	Inheritance of Fertility Restoration of Male-sterility conferred by Cytotype Y and Identification of Instability of Male Fertility Phenotypes in Onion (<i>Allium cepa</i> L.)	김봉주	김성길		Journal of Horticultural Science & Biotechnology	94:341-348	국외	SCI
141	2019	Genetic diversity and population structure of Ethiopian <i>Capsicum</i> germplasm	Abate Mekonnen Solomon,	강병철	Koeun Han, Joung-Ho Lee, Hea-Young Lee, Siyong Jang, Byoung-Cheorl Kang	PLoS One	14(5): e0216886	국외	SCI
142	2019	Analysis of flesh color-related carotenoids and development of a CRTISO gene-based DNA marker for prolycopene accumulation in watermelon	Bingkui Jin	박영훈	Junewoo Lee, Seungan Kweon, Youngwoo Cho, Youngmi Choi, Sung Joong Lee	Horticulture, Environment, and Biotechnology	60: 399-410	국내	SCI
143	2019	Development of molecular markers for distinguishing onion (<i>Allium cepa</i> L.) and Welsh onion (<i>A. fistulosum</i> L.) based on polymorphic mitochondrial genome sequences.	Bongju Kim	김성길		Plant Breeding and Biotechnology	7(2):151-160	국내	비SCI
144	2019	A non-LTR retrotransposon activates anthocyanin biosynthesis by regulating a MYB transcription factor in <i>Capsicum annuum</i>	정소영	강병철	Byoung-Cheorl Kang	Plant Science	287:1-11	국외	SCI
145	2019	Physical Localization of the Root-Knot Nematode (<i>Meloidogyne incognita</i>) Resistance Locus <i>Me7</i> in Pepper (<i>Capsicum annuum</i>)	Amornrat Changkwian	강병철	Jelli Venkatesh, Joung-Ho Lee, Ji-Woong Han, Jin-Kyung Kwon, Muhammad Irfan Siddique, Abate Mekonnen Solomon, Gyung-Ja Choi, Eunji Kim, Yunhee Seo, Young-Ho Kim	Frontiers in Plant Science	10:886	국외	SCI

연번	계재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
146	2019	Current views on temperature-modulated R gene-mediated plant defense responses and tradeoffs between plant growth and immunity	Jelli Venkatesh	강병철	Byoung-Cheorl Kang	Current Opinion in Plant Science	50:9-17	국외	SCI
147	2019	Genetic variations underlying anthocyanin accumulation in tomato fruits	Anh Thang Vu	이제민		EUPHYTICA	215:196	국외	SCI
148	2019	Identification of a variant of CMS-T cytoplasm and development of high resolution melting markers for distinguishing cytoplasm types and genotyping a restorer-of-fertility locus in onion (<i>Allium cepa</i> L.).	Bongju Kim	김성길		Euphytica	215:164	국외	SCI
149	2019	The ORF2 protein of Fusarium graminearum virus 1 suppresses the transcription of FgDICER2 and FgAGO1 to limit host antiviral defences	Jisuk Yu	김국형	Park JY, Heo JI	Mol Plant Pathol	21(2):230-243	국외	SCI
150	2019	Transposition of a non-autonomous DNA transposon in the gene coding for a bHLH transcription factor results in a white bulb color of onions (<i>Allium cepa</i> L.)	조창영	김성길		Theoretical and Applied Genetics	133(1)	국외	SCI
151	2020	Development and Characterization of an Ethyl Methane Sulfonate (EMS) Induced Mutant Population in <i>Capsicum annuum</i> L	Siddique, MI,	강병철	Seungki Back, Joungho Lee, Jinkwan Jo, Siyoung Jang, Koeun Han, Jelli Venkatesh, Jin-Kyung Kwon, Yeong Deuk Jo,	Plants	9(3):396	국외	SCI
152	2020	Phytoene synthase 2 can compensate for the absence of PSY1 in the control of color in Capsicum fruit	So-Jeong Jang	강병철	Hyo-Bong Jeong, Ayoung Jung, Min-Young Kang, Suna Kim, Sun-Hwa Ha, Jin-Kyung Kwon	J Exp Bot.	22;71(12):3417-3427	국외	SCI
153	2020	Candidate Gene Analysis Reveals That the Fruit Color Locus C1 Corresponds to PRR2 in Pepper (<i>Capsicum frutescens</i>)	Jeong, HB	강병철	SJ Jang, MY Kang, S Kim, JK Kwon,	Frontiers in Plant Science	11:399	국외	SCI
154	2020	Exploration of the interactions between mycoviruses and Fusarium graminearum	Jisuk Yu	김국형		Adv Virus Res	106	국외	SCI
155	2020	Construction of a linkage map flanking the locus controlling dominant white bulb color and analysis of differentially expressed genes between dominant white and red bulbs in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	서인호	김성길	김주경, 문제학	Euphytica	216	국외	SCI

연번	게제 연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
			주저자	교신저자	공동저자				
156	2020	First Report of Phytophthora Leaf Blight and Vine Rot of Kudzu (Puerarialobata) in Korea	Byung-Soo Kim	김병수	Khin Pa Pa Wai , Muhammad IrfanSiddique , Hwang-SungMo 1 ,HeeJuYool ,HeeSukKim1 ,andSeung-Beo mHong	식물병연구 Res. Plant Dis.	26(2): 109-115	국내	비SCI

(나-1) 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허			
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국
2011	고추 유래의 CaSD1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2011-0113279	2010	TMV 저항성 고추 품종을 선별하기 위한 프라이머 세트	서울대학교 산학협력단	대한민국
2011	역병 저항성 고추 품종을 선별하기 위한 특이 프라이머 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0074825	2010	고추 응성 불임 회복 예측용 프라이머 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	감자바이러스 X의 RNA, 외피 단백질과 상호작용하는 기주 단백질 NbDnaJ의 기능 분석	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0082311	2011	고추에서 CMV 저항성을 진단하기 위한 프라이머 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	감자바이러스 X의 RNA, 단백질과 상호작용하는 기주 단백질 NbMPBC2의 기능 분석	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0082312	2012	콩 모자이크 바이러스의 감염성 클론을 이용한 식물체내에서의 외래 유전자 과발현 방법	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	오이 모자이크 바이러스의 감염활성을 식물체에서 재현시킬 수 있는 기탁번호 KACC95082P의 아그로박테리움 투메파시언스	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0082891	2012	오이 모자이크 바이러스의 감염활성을 식물체에서 재현시킬 수 있는 아그로박테리움 투메파시언스 혼합물	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	오이 모자이크 바이러스의 감염활성을 식물체에서 재현시킬 수 있는 기탁번호 KACC95083P의 아그로박테리움 투메파시언스	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0082892	2012	순무 모자이크 바이러스에 저항성인 배추 품종의 육종 방법 및 상기 방법에 의해 제조된 배추 품종	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	양파의 구피색 선발용 분자마커	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0043603	2013	고추 유래의 CaSD1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	양파의 임성회복 관련 분자마커 및 응성-가임 또는 응성-불임의 선별방법	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0138123	2013	오이 모자이크 바이러스의 감염활성을 식물체에서 재현시킬 수 있는 아그로박테리움 투메파시언스	서울대학교 산학협력단	대한민국

출원된 특허					등록된 특허			
출원 연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록 연도	특허명	등록인	등록 국
2012	김스 시약을 이용한 고추의 캡사이시노이드 분석 방법	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0116856	2013	오이 모자이크 바이러스의 감염활성을 식물체에서 재현시킬 수 있는 기탁번호 KACC95082P 의 아그로박테리움 투메파시언스	서울대학교 산학협력단	대한민국
2012	TSWV 저항성 고추 품종을 선별하기 위한 프라이머 세트, 방법 및 키트	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0106892	2013	오이 모자이크 바이러스의 감염활성을 식물체에서 재현시킬 수 있는 기탁번호 KACC95083P 의 아그로박테리움 투메파시언스	서울대학교 산학협력단	대한민국
2013	양파 응성불임 선별용 핵산분자 jnurfl3	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2013-0134666	2013	양파의 응성불임 다형성 마커	전남대학교 산학협력단	대한민국
2013	식물 바이러스 예방 또는 억제용 조성물 및 식물 바이러스예방 또는 억제용 물질의 스크리닝 방법	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2013-0120872	2013	토마토 응성불임에 대한 DNA 마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2013	글루코나스튜틴 함량이 증가된 배추 품종 및 이의 육종 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국	10-2013-0067416	2013	PMMoV 저항성 고추 품종을 선별하기 위한 프라이머 세트, 방법 및 키트	서울대학교 산학협력단	대한민국
2013	글루코브라씨신 함량이 증가된 배추 품종 및 이의 육종 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국	10-2013-0067417	2014	양파의 구피색 선발용 분자마커	전남대학교 산학협력단	대한민국
2013	글루코라파닌 함량이 증가된 배추 품종 및 이의 육종 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국	10-2013-0067418	2014	역병 저항성 고추 품종을 선별하기 위한 특이 프라이머 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2014	캡시노이드 고함유 고추품종의 구별을 위한 프라이머 세트 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2014-0061103	2014	TSWV 저항성 고추 품종을 선별하기 위한 프라이머 세트, 방법 및 키트	서울대학교 산학협력단	대한민국
2014	고추의 응성불임 회복과 관련된 핵산 분자, 프라이머 세트, 및 그의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2014-0095013	2014	감자바이러스 X 의 RNA, 외피 단백질과 상호작용하는 기주 단백질 NbDnaJ 의 기능 분석	서울대학교 산학협력단	대한민국
2014	고추의 여교배 육종을 위한 단일염기다형성 마커 세트 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2014-0130722	2014	감자바이러스 X 의 RNA, 단백질과 상호작용하는 기주 단백질 NbMPBC2 의 기능 분석	서울대학교 산학협력단	대한민국

출원된 특허					등록된 특허			
출원 연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록 연도	특허명	등록인	등록 국
2015	포티바이러스 저항성을 가지는 Pvr4 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	미국	PCT_KR2015_005133	2015	양파 응성불임 선별용 핵산 분자 jnurfl3	전남대학교 산학협력단	대한민국
2015	Pvr9 을 포함하는 바이러스 저항성 식물 및 이의 제조 방법	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2012-0082892	2015	식물 바이러스의 증식 예방 또는 억제용 조성물 및 식물 바이러스의 증식 예방 또는 억제용 물질의 스크리닝 방법	서울대학교 산학협력단	대한민국
2015	양파의 임성회복 관련 분자 마커 및 응성-가임 또는 응성-불임의 선별방법	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0099074	2015	캡시노이드 고품종 고추품종의 구별을 위한 프라이머 세트 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2015	토마토반점위조바이러스 저항성 관련 유전자 및 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0159685	2016	글루코나스튜틴 함량이 증가된 배추 품종 및 이의 육종 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국
2015	수박의 흰가루병 저항성선발용 분자마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0101013	2016	글루코브라씨신 함량이 증가된 배추 품종 및 이의 육종 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국
2015	쥬빌리게 수박 호피 무늬 형질 선발용 DNA 마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0015716	2016	글루코라파닌 함량이 증가된 배추 품종 및 이의 육종 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국
2015	수박의 과형 구별용 DNA 마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0015717	2017	토마토반점위조바이러스 저항성 관련 유전자 및 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2015	연녹과 고추 선별용 프라이머 세트, 연녹과 고추 선별방법, 및 연녹과 고추 선별키트	경북대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0164670	2017	해조류 추출물을 이용한 위타니아 스페라 유래의 스테로이드계 락톤의 생산 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국
2015	해조류 추출물을 이용한 위타니아 스페라 유래의 스테로이드계 락톤의 생산 방법	충남대학교 산학협력단	대한민국	10-2015-0142520	2017	무의 자가불화합성 결정 유전자형 선별용 프라이머	전남대학교 산학협력단	대한민국
2016	노균병 저항성 양파 선별용 마커	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2016-0040331	2017	노균병 저항성 양파 선별용 마커	전남대학교 산학협력단	대한민국
2016	무의 자가불화합성 결정 유전자형 선별용 프라이머	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2016-0039321	2017	수박 흰가루병 저항성 유전자 선발용 분자마커	부산대학교 산학협력단	대한민국
2016	쥬빌리티입 또는 크림슨 타입 수박 품종 판별용 SNP 마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2016-0182676	2018	쥬빌리게 수박 호피무늬 형질 선발용 DNA 마커	부산대학교 산학협력단	대한민국

출원된 특허					등록된 특허			
출원 연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록 연도	특허명	등록인	등록 국
2016	수박 분자마커이용여교 잡 선발용 SNP 마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2016-0182679	2019	콩 모자이크 바이러스에 대한 병 저항성을 조절하는 콩 유래의 GmPAP2.1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2016	루테인 및 베타카로틴 함량이 높은 고추 판별용 마커	경북대학교 산학협력단	대한민국	10-2016-0167051	2019	고추의 옹성불임 회복과 관련된 핵산 분자, 프라이머 세트, 및 그의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2017	콩 유래의 SMV에 대한 병 저항성을 조절하는 RSV3 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2017-0133731	2019	갈색 고추 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대학교 산학협력단	대한민국
2017	갈색 고추 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대학교 산학협력단	대한민국	10-2017-0161313	2019	프로라이코펜 고함유 토마토 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대학교 산학협력단	대한민국
2018	프로라이코펜 고함유 토마토 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대학교 산학협력단	대한민국	10-2018-0010538	2020	고추 품종의 보라색 또는 녹색 표현형을 예측하기 위한 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2018	프로라이코펜 고함량 수박 개체 선발용 분자마커 및 이의 용도	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2018-0040497	2020	고추 ChiVMV 저항성 유전자 Cvr1 완전 연관 마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국
2018	고추 ChiVMV 저항성 유전자 Cvr1 완전 연관 마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2018-0039502				
2018	콩모자이크바이러스에 대한 병 저항성을 조절하는 콩 유래의 GmPAP2.1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2018-0127200				
2018	콩모자이크바이러스에 대한 병 저항성을 조절하는 콩 유래의 GmPAP2.1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	미국	PCT/KR2018/013313				
2019	CMV-P1 저항성 고추 품종의 판별을 위한 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0064674				
2019	캡시큘 속 유전자원의 완속과색 예측용 조성물 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0103645				
2019	고추 품종의 보라색 또는 녹색 표현형을 예측하기 위한 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0076891				

출원된 특허					등록된 특허			
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국
2019	매운맛 고추 품종 판별을 위한 CAPS 마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0116739				
2019	양과와 대과 구별용 조성물	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0075209				
2019	양과의 음성불입 판별용 조성물	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0075208				
2020	노화지연 배추 판별용 마커 조성물 및 이의 용도	충남대학교 산학협력단	대한민국	10-2020-0109962				

(나-2) 품종 출원·등록 성과

출원된 품종					등록된 품종			
출원연도	품종명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	품종명	등록인	등록국
2011	킹라이코	농업협동조합 중앙회	대한민국	2011-467	2015	양강4호	경북대 산학협력단	대한민국
2011	골드맛	농업협동조합 중앙회	대한민국	2011-466	2015	양강5호	농우바이오	대한민국
2011	흑보	농업협동조합 중앙회	대한민국	2011-465	2015	마드리드	농우바이오	이집트
2012	양강4호	경북대 산학협력단	대한민국	2012-461	2015	12PE9016	농우바이오	이집트
2012	양강5호	경북대 산학협력단	대한민국	2012-462	2015	12PE9017	농우바이오	이집트
2012	설화월동	한국종묘	대한민국	2012-361	2015	불초롱	동부팜한농	대한민국
2013	불초롱	동부팜한농	대한민국	2013-34	2015	PEDF0902	동부팜한농	대한민국
2013	선진1호	한국종묘	대한민국	2013-130	2015	새로나팔	농협종묘센터	대한민국
2013	에스엔유-씨피-쓰리	서울대 산학협력단	대한민국	2013-326	2015	선진1호	한국종묘	대한민국
2013	에스엔유-씨피-포	서울대 산학협력단	대한민국	2013-327	2016	에스엔유-씨피-쓰리	서울대 산학협력단	대한민국
2015	PEDF5063	동부팜한농	대한민국	2015-421	2016	에스엔유-씨피-포	서울대 산학협력단	대한민국
2016	흑강	농협종묘센터	대한민국	2016-155	2018	휘모리골드	아시아종묘	대한민국
2016	PEDF6510	팜한농	대한민국	2016-224	2018	팔도장군	아시아종묘	대한민국
2016	나비홍	경북대 산학협력단	대한민국	2016-365	2018	고추품종 '피이디에프5063(PEDF5063)'	팜한농	대한민국

출원된 품종					등록된 품종			
출원연도	품종명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	품종명	등록인	등록국
2016	양강6호	경북대 산학협력단	대한민국	2016-364	2018	흑강 수박	농협종묘센터	대한민국
2016	레드스타일	아시아종묘	대한민국	2016-298	2019	핑크웨이브	아시아종묘	대한민국
2016	퍼플스타일	아시아종묘	대한민국	2016-299	2020	고추품종 '피이디에프 5511 (PEDF5511)	팜한농	대한민국
2017	핑크웨이브	아시아종묘	대한민국	2017-214	2020	흑수	농협종묘센터	대한민국
2017	13PE9124	농우바이오	인도	SEED-CSL-170638				
2017	PEDF5511	동부팜한농	대한민국	2017-115				
2017	흑수	농협종묘센터	대한민국	2017-365				
2018	핑크1호 (Pink No.1) 배추	아시아종묘	대한민국	2018-74				
2018	올레드	아시아종묘	대한민국	2018-480				
2018	골든박스	아시아종묘	대한민국	2018-481				
2018	원교20049	원예원	대한민국	2018-681				
2018	스윗하바네로 1호	서울대 산학협력단	대한민국	2018-702				
2019	까마쿤	농협종묘센터	대한민국	2019-572				
2019	씨업수	농협종묘센터	대한민국	2019-571				
2020	피이디에프8245	팜한농	대한민국	2020-118				
2020	스윗하바네로 2호	서울대 산학협력단	대한민국	2020-251				

(다) 기술료징수 현황

	기 징수액	당해연도 징수액(원)	향후 징수액	합계(원)
1단계(3년)		2,000,000		2,000,000
2단계(4년)		87,580,000		87,580,000
3단계(3년)		36,350,000		36,350,000
합계		125,930,000		125,930,000

■ 기술이전 및 기술지도 내용

년도	연구 책임자	기술이전 내용	대상	기술료(원)
2012	김용권	흑피계 “흑보” 수박 개발(출원2011-465)	농협종묘센터	0
2012	강순철	과육색이 노란색인 “골드맛” 수박 개발 (출원2011-466)	농협종묘센터	0
2012	강순철	라이코핀 함량이 높은 “킹 라이코” 수박 개발(출원2011-467)	농협종묘센터	0
2013	박영훈	수박 흰가루병관련 마커	농협종묘센터	2,000,000
2014	강병철	CMV,RF마커 특허관련기술이전(라이선스)	KeyGene	49,580,000
2014	김병수	박과채소병해저항성육종기술	장춘종묘	4,000,000
2014	김병수	대목용 고추품종의 대목적합성 평가와 종자소독 기술(노하우기술이전)	푸른육묘	4,000,000
2015	강병철	특허관련기술이전(라이선스) 고추의 여교배 육종을 위한 단일염기다형성 마커세트 및 이의 용도	농업기술실용화재단	10,000,000
2015	강병철	특허관련기술이전(라이선스) 토마토반점위조바이러스 저항성 관련 유전자 및 분자마커 및 이의 용도	농업기술실용화재단	6,000,000
2016	강병철	고추 신미 등 분자마커 기술이전	하나종묘	11,000,000
2017	김성길	양과의 응성불임 세포질 및 회복유전자형 판별용 분자표지	농업기술실용화재단	3,000,000
2018	강순철	흑강 품종	농협종묘센터	0
2018	강순철	흑수 품종	농협종묘센터	0
2018	강순철	새로나끝 품종	농협종묘센터	0
2019	임찬주	자색배추 '올레드' 출원번호 2018-480 기술이전	아시아종묘	0
2018	강병철	ChiVMV 관련 특허 및 종자 - 네덜란드 Rijk Zwaan	Rijk Zwaan	16,600,000
2018	강병철	고추 응성불임회복유전자형 판별용 분자표지	농업기술실용화재단	3,000,000
2019	강병철	고추의 여교배 육종을 위한 단일염기다형성 마커 세트 및 이의 용도	국립종자원	1,500,000
2020	임찬주	골든박스 배추 기술실시	아시아종묘(주)	0
2020	강병철	특허출원 제10-2019-0076891호 및 관련 노하우	바이오큐브	1,650,000
2020	김성길	양과의 임성회복 관련 분자 마커 및 응성- 가임 또는 응성-불임의 선별방법 외 2건	주식회사 제농	5,000,000
2020	임용표	우수 원예형질을 가진 내흔계 계통의 배추류 종자	아시아종묘	3,000,000
2020	임용표	우수 원예형질을 가진 내흔계 계통의 배추류 종자	한국종묘	3,000,000
2020	박영훈	수박의 프로라이코펜 고함량 개체 선발용 분자마커	농우바이오	1,300,000
2020	박영훈	생력형 수박의 반왜성 유전자 선발용 분자 마커	농우바이오	1,300,000
합계				125,930,000

(라) 사업화 성과 및 매출 실적

순번	연차	내용	내역	국내 매출액 (천원)	수출액 (천원)	참여기업	연구책임자
1	1단계	종자판매 국내매출	흑보' 수박 종자판매	63,000		농협종묘센터	김용권
2	2단계	국외	이집트 종자 판매		20,000	농우바이오	양동철
3	2단계	종자판매 국내매출	'불초롱' 및 '비가림스피드' 고추 종자판매	51,049		팜한농	민응기
4	2단계	종자판매 국내매출	햇빛꿀' 수박 종자판매	15,900		농협종묘센터	강순철
5	2단계	자기실시	대권선언 '고추 종자판매	10,633		팜한농	민응기
6	2단계	종자판매 국내매출	햇빛꿀' 수박 종자판매	12,600		농협종묘센터	강순철
7	2단계	종자판매 국내매출	'비가림스피드' 및 '강탄보석(PEDF400 5)' 고추 종자판매	33,934		팜한농	민응기
8	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2017년도 12월	140,000		서울대	강병철
9	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018년도 1-2차	100,000		서울대	강병철
10	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018년도 3차	25,000		서울대	강병철
11	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2017년도	16,982		서울대	강병철
12	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2018년도	11,140		서울대	강병철
13	3단계	고추 매출액	비가림스피드, 강탄보석 고추 매출액	31,482		팜한농	민응기
14	3단계	수박 매출액	골드맛, 맛노랑, 햇빛꿀 매출액	29,745		농협종묘센터	강순철
15	3단계	배추 매출액	휘모리골드 배추 국내매출	20,911		아시아종묘	임찬주
16	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2018년도(7월-12월)	40,220		서울대	강병철
17	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018년도 4차 8월	22,000		서울대	강병철
18	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018 5-6차 12월	30,000		서울대	강병철

19	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2019년도(1월4월)	4,318		서울대	강병철
20	3단계	수박 매출액	골드맛, 맛노랑, 햇빛꿀 매출액	20,400		농협종묘센터	이성호
21	3단계	배추 매출액	휘모리골드/팔도장군 배추 국내매출	82,285		아시아종묘	임찬주
22	3단계	고추매출액	비가림스피드, 강탄보석 고추 매출액	16,992		팜한농	민웅기
23	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2019 1차 3월	30,000		서울대	강병철
24	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2019년도(5월-12월)	52,750		서울대	강병철
25	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2020년도(1월-7월)	31,604		서울대	강병철
26	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2020 4월	14,600		서울대	강병철
27	3단계	배추 매출액	휘모리골드	83,378		아시아종묘	임찬주
28	3단계	배추 매출액	골든박스	3,816		아시아종묘	임찬주
29	3단계	배추 매출액	올레드	1,508		아시아종묘	임찬주
30	3단계	고추 매출액	비가림스피드, 강탄보석 고추 매출액	50,070		팜한농	민웅기
31	3단계	수박 매출액	골드맛, 맛노랑, 햇빛꿀 매출액	19,429		농협종묘센터	이성호
32	3단계	수박 매출액	골드맛, 맛노랑, 햇빛꿀 매출액	17,576		농협종묘센터	이성호
33	3단계	배추 수출액(2017)	휘모리골드		1,244	아시아종묘	임찬주
34	3단계	배추 수출액(2018)	팔도장군		280	아시아종묘	임찬주
35	3단계	배추 수출액(2019)	휘모리골드/올레드		4,273	아시아종묘	임찬주
36	3단계	배추 수출액(2019)	골든박스		52,640	아시아종묘	임찬주
합계				1,083,322	78,437		

■ 서울대학교 (1-1 세부과제, 강병철)

항 목	세부 항목	성 과			
사업화 계획	사업화 소요기간(년)	2017.09.01.~2020.08.31			
	소요예산(백만원)	200			
	예상 매출규모 (억원)	현재까지	3년후	5년후	
		4.95	0.5	0.5	
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내			
국외					
	향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획	분자마커 서비스, 육종학 교재용 소재			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)	현재	3년후	5년후	
	수입대체(내수)				
	수 출				

항목	세부항목			성 과
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	억원
			향후 3년간 매출	0.5억원
		관련제품	개발후 현재까지	0.03억원
			향후 3년간 매출	0.03억원
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위		위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위		위

■ 참여기업 팜한농(2-1 세부과제, 민응기)

항 목	세부 항목		성 과		
사업화 계획	사업화 소요기간(년)		7년 이상		
	소요예산(백만원)		460		
	예상 매출규모 (억원)		현재까지	3년후	5년후
			1.94	2.94	3.94
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내	0.1	0.15	0.2
국외		-	-	-	
향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획		국내 건고추, 홍고추 복합 내병성 품종 출시			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)		현재	3년후	5년후
	수입대체(내수)		-	-	-
	수 출		-	-	-

항목	세부항목			성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	0.1 억원	
			향후 3년간 매출	0.1 억원	
		관련제품	개발후 현재까지	1.84 억원	
			향후 3년간 매출	2.84 억원	
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : 0.1 %	
			향후 3년간 매출	국내 : 0.1 %	
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : 0.18 %	
			향후 3년간 매출	국내 : 0.28 %	
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위			해당사항 없음
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위			해당사항 없음

■ 참여기업 농협종묘센터(강순철, 이성호), 농우바이오(김성훈)

항 목	세 부 항 목		성 과		
사업화 계획	사업화 소요기간(년)		5년		
	소요예산(백만원)		50 백만원 / 년		
	예상 매출규모 (억원)		현재까지	3년후	5년후
			0.91 억원	1.2 억원	1.5 억원
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내	0.09	0.27	0.3
국외					
향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획		개발한 품종의 시장 반응을 피드백하여 개선된 품종 육성			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)		현재	3년후	5년후
	수입대체(내수)		0.91	1.2	1.5
	수 출		-	-	-

항목	세부항목			성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	0.91 억원	
			향후 3년간 매출	1.2 억원	
		관련제품	개발후 현재까지	억원	
			향후 3년간 매출	억원	
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : 0.09 % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : 0.27 % 국외 : %	
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
			현재 제품 세계시장 경쟁력 순위		- 위
			3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위		- 위

■ 참여기업 아시아종묘(임찬주)

항 목	세부 항목	성 과			
사업화 계획	사업화 소요기간(년)	3년			
	소요예산(백만원)	212.5			
	예상 매출규모 (억원)	현재까지	3년후	5년후	
		1.97	6	10	
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내	1	2	3
국외		0.1	0.2	0.3	
	향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획	만추대성, 월동형, 내병성 자색배추개발			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)	현재	3년후	5년후	
	수입대체(내수)	1.91	4	5	
	수 출	0.58	2	5	

항목	세부항목			성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	1.97억원	
			향후 3년간 매출	6억원	
		관련제품	개발후 현재까지	0억원	
			향후 3년간 매출	0억원	
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : 1 % 국외 : 0.1 %	
			향후 3년간 매출	국내 : 2 % 국외 : 0.2 %	
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : 0 % 국외 : 0 %	
			향후 3년간 매출	국내 : 0 % 국외 : 0 %	
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위			2 위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위			2 위

■ 참여기업 농우바이오(2단계/13~17년도, 양동철)

항 목	세부 항목		성 과		
사업화 계획	사업화 소요기간(년)		8년(2008~2015)		
	소요예산(백만원)		10백만원		
	예상 매출규모 (억원)		현재까지	3년후	5년후
			0.2억원		
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
국내					
국외		0.1%			
향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획		이집트용 품종 수출실적이나 현지 시장확대마케팅 단계에서 내한성과 stuffing용 과실특성에 대한 보완요구가 발생하여 이에 대한 개선품종 개발 예정			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)		현재	3년후	5년후
	수입대체(내수)				
	수 출		0.2억원		

항목	세부항목			성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	0.2억원	
			향후 3년간 매출	억원	
		관련제품	개발후 현재까지	억원	
			향후 3년간 매출	억원	
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : 0.1%	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위			위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위			위

(마) 학술 및 국제협력 성과

① 국내외 학술회의 개최

㉠ 필요성

- 최근 식물 육종 분야에 있어서 포스트 게놈믹스 시대에 걸맞은 혁명적 변화로 차세대 염기서열 분석 방법이 상용화 된 이후부터 현재에 이르기까지 기존과는 비교할 수 없을 정도로 막대한 양의 유전체 정보가 주요 작물을 비롯한 다수의 식물 종에서 생성되었다.
- 이를 활용한 세계적 수준의 최신 분자 육종 기술을 이해하고 이를 한국 육종에 접목시키기 위한 해외 기업 및 대학과의 교육 협력을 증진시키기 위한 기회의 장이 필요하다.
- 따라서 센터는 국제적 경쟁력을 갖춘 국외 연사와 국내 육종 전문가를 초청하여 국제심포지엄 및 공동 심포지엄을 개최한다.

㉡ 성과

- 센터의 육종인력 양성을 위한 연구주제인 육종기반연구, 전통교배육종 기술을 통해 품종 개발 연구와 관련된 연구동향을 국내외 적으로 파악하고, 앞으로의 연구 방향에 관한 폭넓은 이해를 갖기 위해 매년 국제학술대회를 개최하였다.
- 매년 ‘상업육종에서 분자마커의 활용과 전망’, ‘고추의 병 연구와 저항성 육종’, ‘기능성 및 품질 육종에서 분자마커의 활용’, ‘유전체 정보를 활용한 분자육종’ 등 시대적인 요구와 현재 연구 동향에 따라 주제를 선정하고 국내외 전문가를 초청하여 학술대회를 개최하였다.

㉢ 실적

표 1. 1-3단계 심포지엄 리스트

순서	심포지엄 주제	일시	참석자 수	장소	비고
1	상업육종에서 분자마커의 활용과 전망	2010년 11월 05일	197	서울대 201동 101호	1단계
2	고추의 병 연구와 저항성 육종	2011년 9월 22일~23일	200여명	충북대 개신문화관	1단계
3	기능성 및 품질 육종에서 분자마커의 활용	2011년 11월 22일	147	서울대 상산수리과학관	1단계
4	유전체 정보를 활용한 분자육종	2012년 10월 29일	103	충북대학교 농생대 1호관 1101호 강당	1단계
5	분자표지와 식물잡종강세 육종	2013년 12월 11일	132	호암교수회관	2단계

6	분자표지의 품종보호 활용사례와 발전방향	2014년 11월 14일(금)	132	서울 프레지던트호텔 (19층 브람스홀)	2단계
7	융복합육종기술과 종자 산업의 세계화	2015년 7월 1일 ~ 7월 3일	300여명	부산 벅스코	2단계
8	분자표지를 이용한 신품종 개발 현황과 과제	2015. 12. 11(금)	170	대전 리베라 호텔	2단계
9	식물유전체 육종 국제심포지엄	2016. 3. 25.(금)	86	서울대학교 SPC 203동 101호	2단계
10	Gene, Genome & New Technology for Plant Breeding	2016. 6. 29~ 7. 1	300여명	청주라마다호텔	2단계
11	High-Throughput genotyping 기술을 이용한 분자유종 현황과 전망	2016년 12월 16일(금)	149	종자산업진흥센터	2단계
12	유전체육종 기술과 소재의 산업현장화 현황과 전망	2017년 10월 27일 (금)	133	종자산업진흥센터	3단계
13	품종보호와 분자표지기술	2018년 12월 13일(목)	98	대전 인터시티 호텔	3단계
14	분자표지연구 심포지엄	2019년 12월 6일(금)	83	대전 인터시티 호텔	3단계

② 국제 공동 세미나

㉠ 필요성

- 전통교배육종 기술을 이용한 품종 개발에 대해 해외 전문육종가로부터 품종 육성 및 노하우에 대한 교육의 장이 필요하며, 또한 품종 육종에 활용되는 첨단 교육 또한 필요하다. 최신 세계의 종자산업의 현황 및 전망, 주요 작물에 대한 품종 육종 방법 및 노하우, 국외 종자산업 발전에 공헌하였던 전문 육종가의 강연 등을 통해 국내 종자산업 분야의 발전을 위해 세미나를 개최하였다.

㉡ 성과

■ 채소육종 전문가 및 CEO 특강시리즈

- 해외 주요 종자회사인 신젠타, 몬산토, Enza Zaden, East West Seed 사의 연구소장 또는 전문가를 초청하여 세미나를 개최하였다. 또한 미국, 영국 등 주요 육종기술을 활용하기 위한 유전체 분석 연구 또는 병저항성 연구를 활발히 진행하고 있는 전문가를 초청하여 세미나를 진행하였다.
- 특히 이스라엘의 D. Z. 교수는 센터의 서울대 겸임교수 및 센터의 자문위원으로 위촉하였으며 센터를 방문하여 토마토 육종에 대한 세미나를 진행하였고, 서울대 학생을 이스라엘 히브리 대학에 인턴교육을 진행하였다.
- 2017년도에는 전세계적으로 연구가 활발히 진행 genome Editing 기술을 보유하고 있는 전문가를 초청하여 세미나를 진행하였다.

- 1, 2단계에 총 13명의 외국인(1명 한국인, 소속 미국 Monsanto)전문가를 초청하여 세미나를 진행하였으며 이중 일부 세미나 자료에 대한 동영상 자료는 학습자료로 활용하기 위해 DVD로 제작하였다.
- 3단계에는 총 9명의 외국인(1명 한국인, 소속 미국 Duke University)전문가를 초청하여 세미나를 진행하였으며 특히 Genome editing, GWAS, genomic selection 등 최신 유전체 육종 관련 tool에 대한 활용 및 응용에 대해 세미나를 진행하였다.

표 2. 1- 3단계 외국 연사 초청 세미나 리스트

순서	일시	연사	소속	세미나 제목	비고
1	2013.10.	S. H	신젠타, APAC R&D Head	Role of technology in accelerating hybrid and variety development	
2	2014.10.	A. G. O.	The Volcani Center, Israel	The role of <i>Cucumis</i> spp. RDR genes in antiviral defense	
3	2015.6.	J. R. van der V.	Enza Zaden, 연구소장	Next generation breeding at Enza Zaden	DVD 제작
4	2015.7.	성**	몬산토(미국)	High-throughput phenotype analysis of transgenic plants for product development	DVD 제작
5	2015.7.	D. Z.	The Hebrew University of Jerusalem, 교수	Tomato Breeding	DVD 제작
6	2015.8.	D. S.	East West Seed	Breeding vegetable at East West Seed	DVD 제작
7	2016.1.	W.L.	Enza Zaden(네덜란드)	Morphological and environmental factors related with Fusarium internal fruit rot and identification of infection route inside of fruit in pepper	
8	2016.7.	J. J.	The Stainsbury Lab (영국)	How plants resist disease, and in how resistance is overcome by pathogens.	
9	2016.10.	N. D.	Purdue University, (미국)	Aromatic Amino Acid Network: Biosynthesis, Regulation and Transport	
10	2017.3.	Y. T.	Okayama University	The variation of putative amino transferase alleles and their contribution to low pungency and capsinoid biosynthesis	
11	2017.5.	E. H.	University of Tsukuba	Random Mutagenesis to Targeted Mutagenesis: Genome Editing of Breeding Traits in Tomato	
12	2017.5.	H. V.	Danziger Innovations	Genome Editing: Fantasies and Bottom Lines	
13	2017.6.	T. B.	University of Missouri, 겸임교수	*A novel method to test for selection on quantitative traits :applications in maize and chicken *Utilizing evolutionary classification for genomic prediction	

순서	일시	연사	소속	세미나 제목	비고
14	2018. 5. 31	E. Y.	Kazusa DNA Research Institute	Genome-Wide Association Study, Genomic Selection and Other Technologies for Efficient Tomato Breeding	3단계
15	2018. 5. 31	L. F.	Huazhong Agricultural University	PacBio Sequencing of Full Length cDNA Reveals Broad Role for NAT Gene Pairs in Pepper Development and Stress Responses	3단계
16	2018.06. 05	유**	Duke University	Global translational regulation during plant innate immunity	3단계
17	2018.10. 26	J. L.	(Enza Zaden)	Making Speed is Key in Plant Breeding	3단계
18	2019.04. 08	권**	Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor	Customizing tomato for urban agriculture by genome editing	3단계
19	2019.07. 01	C. G.	Chinese Academy of Sciences	Genome Editing with Programmable Nucleases in Crop Plants	3단계
20	2019.07. 01~05	D. S.	East West Seed	East West Seed 소개 및 인턴교육, 2019년도 인력채용 현황/세미나 등	3단계
21	2019.07. 08	M. A. G.	Cornell University	Integration of Nutritional Genomics and High-Throughput Phenotyping in a Post-Genome Era	3단계
22	2019.07. 09	D. B.	World Vegetable Center	Pepper Breeding at the World Vegetable Center	3단계

③ 방문연구

- 네덜란드 Keygene 사와의 기술이전, 공동연구의 일환으로 M. de V.(1단계) S. G. 박사(2단계)가 각각 1개월 또는 6개월 동안 센터의 객원연구원으로 초청하여 고추의 RF 관련 유전자 동정, CMV 저항성 유전자 관련 공동연구 진행하였다.
- East West Seed사의 N. C. 연구원은 서울대와 East West Seed 상에서 개발한 역병 마커를 활용하여 마커 검정을 실시하고 주요 병 저항성 마커를 활용하여 screening 등 공동연구를 1개월간 진행하였다. 2016년 4월에는 T. J., J. L. 연구원은 서울대와 East West Seed 상에서 개발한 역병 마커를 활용하여 마커 검정을 실시하고 주요 병 저항성 마커를 활용하여 screening 등 공동연구를 1개월간 진행하였다. 2016년 10월에는 T. C. 연구원이 방문하여 뿌리혹병에 대한 분자마커 개발 연구에 참여하였다.
- Enza Zaden 사의 J. R.van der V. 소장, W. L.이 방문하여 진행되고 있는 인턴교육에 대해 평가하고 공동연구의 일환으로 형질전환 기술에 대해 공유 계약 체결 등을 진행하였다. 또한 히브리 대학의 D. Z. 교수를 본 센터의 자문위원으로 위촉하고 6차년도 의 글로벌 인턴교육 진행하여 Phenome Networks 활용 및 association mapping 등에 대한 공동연구에 대해 협의하였다.
- 3단계에서는 Huazhong Agricultural University의 F. L. 교수의 소개로 Cash Crops

Research Institute 와 MOU를 체결하고 객원연구원으로 N. L. 교수를 초빙하여 5개월 간 본 센터에서 연구 및 교육을 진행하였다. 또한 2단계에서 인턴교육을 진행하였던 World Vegetable Center의 D. 박사가 본 센터를 방문하여 고추와 관련 병저항성 품종 개발에 대해 협의하였으며, 채용정보 등을 공유하였다.

표 3. 1-3단계 센터 방문자 리스트

상대기관	국가명	방문자	방문기간	협력내용
KeyGene	네덜란드	A. S.	2010년 11월 05일 ~ 11월 06일	국제심포지엄 연사: 식물다양성연구를 위한 작물별 genomic tool 소개 인턴교육 진행 협의
Wisconsin Univ.	미국	M. M. J.	2011년 07월 06일 ~ 09일	International Advisory Committee 및 겸임교수 발령 인턴교육 지원 협의
INRA	프랑스	V. L.	2011년 9월 20일 ~ 24일	국제심포지엄 연사 고추 관련 연구 협의
AVRDC	대만	J.-F. W.	2011년 9월 20일 ~ 24일	AVRDC 공동 협력 연구 협의 및 인턴교육 협의. 2012년 인턴교육 진행함.
Melbourne Univ.	호주	P. T.	2011년 9월 20일 ~ 24일	국제심포지엄 초청: 탄저병방제에 대한 연구 소개
Kasesart Univ.	태국	O. M.	2011년 9월 20일 ~ 24일	국제심포지엄 초청: 탄저병과 과실 성숙도에 대한 관계 구명연구 연구 소개
Wageningen Univ.	네덜란드	A. B.	2011년 11월 20일 ~ 23일	국제심포지엄 초청: 토마토 맛과 관련된 육종에 대해 소개
Clover Seed Cot. Ltd.	홍콩	L. W. Y.	2011년 12월 01일 ~ 02일	인턴교육 지원 및 공동 연구 협의
UC Davis	미국	R. M.	2012년 10월 28일 ~ 29일	-국제심포지엄 초청 -상추에서 병과 관련된 유전, 육종에 대해 소개
KeyGene	네덜란드	A. van T.	2012년 10월 27일 ~ 28일	-국제심포지엄 초청 -KeyGene 및 연구동향 소개 인턴교육 협의
KeyGene	네덜란드	M. de V.	2013년 6월 11일 ~ 7월 6일	-Leadership Program 수행 -식물내병성 육종론 강의 및 세미나 진행
Wageningen Univ.	네덜란드	R. N.	2013년 7월 7일 ~ 16일	-식물 병해충 저항성 육종의 이해 원본 제공, 서울대 번역 -식물내병성 육종론 강의 및 세미나 진행
KeyGene	네덜란드	S. G.	2014년 10월 ~ 3월 (6개월) 2015년 9월 ~ 2016년 3월 (6개월)	-Rf, CMV 저항성 관련 유전자 공동 연구 - 2회 방문
East West Seed	태국	N. C. T. J. J. L. T. C.	2015년 4월 27일 ~ 5월 22일 2015년 4월 ~ 2016년 10월	- 공동연구(주제 변경) - 총 4명, 1개월간 서울대 인턴교육 진행, 공동연구 및 개별 연구 진행함.

상대기관	국가명	방문자	방문기간	협력내용
Enza Zaden	네덜란드	J. R. van der V.	2015년 6월 25일 ~ 6월 27일	- 연구소 협업, MTA 등 진행함.
The Hebrew University of Jerusalem	이스라엘	D. Z.	2015년 7월 1일 ~ 7일	- 센터 자문위원 위촉 - Phenome Networks 활용 및 Association mapping 등 공동연구 진행
Okayama Univ.	일본	Y. T.	2017년 3월 (3주)	- GBS Library 구축 관련 교육 진행
Kazusa DNA Research Institute	일본	E. Y.	2018. 5. 31	- Genome selection tool 교육 - 인턴교육 협의
Huazhong Agricultural University	중국	L. F.	2018. 5. 31	- 유전체 분석 관련 세미나 - 인적 교류 협의
Enza Zaden	네덜란드	J. L.	2018.10.26	- 인턴교육 협의 - 유럽 품종 개발 현황 세미나
Chinese Academy of Sciences	중국	C. G.	2019.07.01	- Genome editing 세미나
East West Seed	태국	D. S.	2019.07.01-05	- 인턴교육 협의 - 인력 채용 관련 회사 소개
Cornell University	미국	M. A.G.	2019.07.08	- 유전체 분석 관련 교육 진행 - 인적 교류 협의
World Vegetable Center	대만	D. B.	2019.07.09	- 고추 유전자원 관련 협의 - 채용정보 소개

④ 해외 협력 연구 및 MOU 체결

- 본 센터는 미래 지향적 인력 양성을 목표로 본 과제에 참여하고 있는 주요 대학원생을 중심으로 개발된 산학 연계 교육프로그램을 통해 인턴십을 실시하였음. 본 센터가 설립 당시 대학 인력의 인턴십 과정으로 MOU를 체결한 농우바이오, 농협종묘센터, (주)동부한농, 현대종묘(주) 등의 국내 종자회사 및 Clover Seed CO. Ltd.(홍콩), KeyGene (네덜란드), Enza Zaden (네덜란드) 등의 외국 종묘회사와의 MOU를 체결한 바 있다.
- 국내 및 해외 종자회사 인턴십을 통한 대학 인력 교육, 센터에서 이루어지는 개인 육종가 재교육 및 첨단 기술 전수, 워크숍을 통한 산학 인력 간 정보 교류 등으로 이루어진다.
- 선발된 대학원생에게 해외 인턴십 프로그램을 진행하기 위해 Enza Zaden, KeyGene, UC Davis Seed Biotechnology Center, Clover Seed Cot. Ltd, AVRDC (대만), East West Seed, Axia Vegetable Seed 등의 대학 및 종자회사와 인턴교육 지원 및 공동 연구, MOU 체결 및 학생들의 인턴교육이 진행될 수 있도록 협의하였다.
- 또한 (사)한국종자협회와의 채소육종 전문 인력 교육, 인증 및 채용에 대한 양해각서

체결함으로써 채소육종 관련 교육 및 현장교육을 마친 대학원생에게 인증서를 수여하여 민간종자회사에서 우선 채용하도록 유도할 수 있는 발판을 마련하였다.

- 3단계에서는 중국의 Cash Crops Research Institute (Hubei Academy of Agriculture Sciences), East West Seed Indonesia (EWINDO)와 MOU를 체결하고 연구원 교류와 공동연구 진행에 대해 협의하였다.

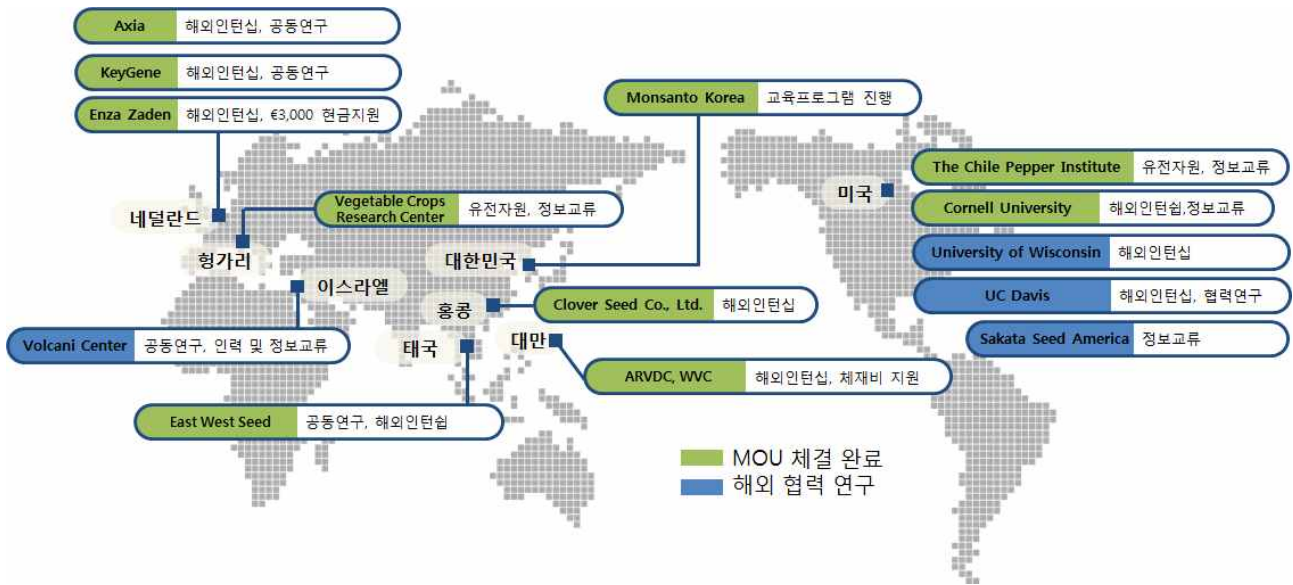


그림 14. MOU 체결 종자 회사 및 대학, 해외 협력연구

표 4. 해외 협력 기관 및 국내 연구 기관 MOU 체결

순서	해외 협력 회사	방문 내용	비고
1	네덜란드 Enza Zaden	인턴 교육 지원 및 공동연구협의	
2	네덜란드 Wageningen University	R. V. 교수 연구실 방문 (교재번역 협의)	
3	네덜란드 KeyGene 방문	인턴 교육 지원 및 공동연구협의	
4	미국 UC Davis Seed Biotechnology Center 방문	Director: K. J. B. International Advisory Committee 학생 인턴교육 프로그램 지원	
5	Clover Seed Cot. Ltd.	L. W. Y. 팀장 인턴교육 지원 및 공동 연구 협의	초청 국내 자문
6	University of Wisconsin Madison	M. M. J. 교수 International Advisory Committee 인턴교육 지원 협의	초청 국내 자문

순서	해외 협력 회사	방문 내용	비고
7	AVRDC, WVC	World Vegetable Center와의 인턴교육 진행 및 연구협약	
8	(사)한국종자협회	채소육종 전문인력 교육, 인증 및 채용에 대한 양해각서 체결	
9	East West Seed	인턴교육(석사과정) 진행 공동연구	
10	The Hebrew University of Jerusalem	D. Z. 교수: 서울대 겸임교수발령(2년): Phenome Networks 활용 및 Association mapping 등 공동연구 진행	자문위원 위촉
11	Axia Vegetable Seeds	네덜란드 종자회사, MOU 체결	3단계
12	OKAYAMA UNIVERSITY	Y. T. 공동연구 및 연구 진행	3단계
13	East West Seed Indonesia	A. H./인턴교육&공동연구 진행	3단계
14	Cash Crops Research Institute, Hubei Academy of Agriculture Sciences	N. L. 객원연구원/ 인턴교육 진행	3단계

⑤ 기타 주요 연구 성과

■ 장학금 유치 및 장학금 지급

㉞ 유치 배경 및 필요성

- 본 센터에서는 채소 종자 산업의 지속적인 경쟁력을 위해 현장 교육 프로그램과 분자마커와 같은 첨단 기술의 지식을 갖춘 전문 인력 양성을 진행하고 있으나 현 연구비 집행 시스템에서는 인건비 및 인턴지원 비용 이외에 종자회사로 취업을 희망하는 대학원생에게 장학금 등 학비 지원 항목을 집행할 수 없게 되어 있다.
- 또한 종자회사의 경우 대부분 중소기업으로 지방에 위치하여 있거나, 업무상 상대적으로 3D 업종으로 부각되어 인력 고용에 많은 어려움을 갖고 있다.
- 따라서 본 센터에서는 신진 육종 전문가를 집중 양성하기 위해 종자회사와의 인턴교육 등의 긴밀한 관계를 유지해야 하고 종자회사로의 취업을 독려하기 위해 종자회사 취업을 희망하는 대학원생에게 장학금 등 학비를 지원하고자 장학금 유치 활동에 힘써 왔다.

㉔ 장학금 유치 현황 및 협약식 체결

장학금 지급 회사	일시	총액(원)	대상	비고
아시아종묘	2012.3.23	100,000,000	서울대 원예과학전공 및 채소육종연구센터 과제 참여대학 학부 및 대학원생	10년 1천만원/1년
농우바이오	2012.7.25	125,000,000	서울대 원예작물육종학연구실	5년 2천5백만원/년
몬산토 코리아	2013.6.27	150,000,000	서울대 식물생산과학부	-
총계		375,000,000		

㉕ 장학금 수여식

○ 서울대 대학원생 및 과제참여 대학 학생들에게도 장학금을 지급하였다. 1단계에서는 3명, 2단계에서는 총 42명, 3단계에서는 3년동안 총 32명 학생들에게 장학금을 지급하였다.

참여기업	수혜자			비고
	1단계(명)	2단계(명)	3단계(명)	
아시아종묘	2	20	16	서울대 및 과제참여 대학 대학원생
농우바이오	1	22	16	서울대생
계	3	42	32	



아시아종묘 발전기금 협의식(2012.3.23)



채소육종연구센터 장학금 수여식(2013.3.25.)



2015년도 장학금 수여식(2015. 2.25)



2016년도 장학금 수여식(2016. 2.12)

■ 전문인력 양성기관 피지정

㉔ 유치 배경

- 생명공학 기술 개발에 대한 집중 투자로 전통교배 육종 교육 및 인력 양성이 상대적으로 빈약한 실정이므로 차세대 교배육종 전문 인력을 양성하기 위한 전문기관 설립이 필요하다. 이에 따라 농림축산식품부는 종자산업법 제정하여 육종 전문인력에 대한 전문 인증 기관을 지정하여 종자산업 전문인력 양성 사업을 확대하고자 하였다. 본 센터는 종자산업 관련 기술의 교육 및 전문인력을 양성하기 위한 전문기관에 대해 기존 전문인력양성 위탁교육기관과는 차별화하기 위하여 **농림축산식품부 전문인력 양성기관 지정으로 2013년 3월 14일 지정받았다.**
- 본 센터가 채소육종 전문인력 양성 기관으로 지정됨에 따라 채소종자산업 전문가 교육 프로그램 개발을 통한 집중 교육을 실시할 예정이며, 대학원 교육 강화를 통한 미래 종자산업 정예인력 양성, 채소 종자산업 종사자 재교육을 통한 종자산업의 경쟁력 확보, 개인육종가 발굴 및 교육을 통한 민간개인육종 활성화 및 저변 확대, 육종보조인력 양성을 통한 민간 육종 지원 등을 진행할 계획이다.
- 종자산업 전문인력 양성 교육 사업 실시: 본 센터는 “2013년 농정현안 해결을 위한 기획공모 (종자산업 전문인력 양성 교육)”에 대해 (사)한국종자협회와 공동으로 신청하여 교육 과정을 실시하였다.

㉕ 목표

- 종자산업 종사자 재교육을 통한 종자산업 경쟁력 확보, 개인 육종가 발굴 및 교육을 통해 민간육종 활성화 및 저변 확대하고자 한다.
- 농업계열 대학원생 및 연구사업 참여 대학원생의 육종 교육 강화를 통해 미래 종자산업 정예인력 양성한다.
- 종자회사 육종현장에서 교배 및 채종 등 육종가의 보조업무를 수행하는 전문 보조인력을 양성하며 취업 기회를 제공한다.
- 생명공학의 이론과 분자마커 개발 단기코스 및 분자마커의 활용 실험, 실습교육 워크

습을 통해 첨단육종기술 인력을 양성한다.

㉔ 교육 과정

과정명	교육대상	모집 방법	교육 기간	기수 (차수)	교육형태
종자산업 전문가 교육과정	- 민간기업 육종연구원 - 개인육종가	공개	1개월 이내 (100시간)	1기	(1단계) 45시간 (이론 80%, 실습 20%)
					(2단계) 35시간 (이론 75%, 실습 25%)
					(3단계) 20시간 (이론 30%, 실습 70%)
미래 인력 양성 교육 과정	- 농업계열 대학원생 (연구사업 참여 대학원생)	공개	1개월 이내 (100시간)	1기	(1단계) 50시간 (이론 80%, 실습 20%)
					(2단계) 30시간 (이론 75%, 실습 25%)
					(3단계) 20시간 (이론 30%, 실습 70%)
육종보조원 인력양성 과정	- 농업계 고등학교 졸업자 및 예정자 - 농업계열 전문대 졸업자 및 예정자	공개	1개월 이내 (100시간)	1기	이론 50%, 실습 50%

㉕ 육묘업 등록교육(2017년도~ 2020년도)

- 2017년도에는 육묘업 등록관련 법이 제정됨에 따라 육묘업 등록 관련 교육을 진행할 계획이다. 농림축산식품부의 교육 과정 개설 및 교육 진행에 대한 수요가 있을시 교육을 진행할 계획이다.
- 교육추진 배경: 종자산업법 시행령·시행규칙 개정 시행('17.12.28.)에 따른 육묘업 등록 시 필요로 하는 육묘 교육과정을 운영하기 위함이다.
- 교육목표: 종자산업법 시행령 제15조의4에 따른 육묘업 등록 과정(16시간) 교육 이수
- 교육 프로그램

날짜	시간(16h)	시간	구분	교육 내용
1일차 10월 25일 (수)	09:00 ~18:00	2h	육묘업 등록 및 관리	종자산업법의 개요 및 주요 제도
		2h		육묘 분쟁 관리 및 행정절차 이해
		2h	묘 생산기술 및 경영관리	육묘업 경영 관리의 이해
		2h		육묘의 이해
2일차 10월 26일 (목)	09:00 ~18:00	2h	묘 생산기술 및 경영관리	모종 생육 조절 및 생리경감 기술
		2h		육묘장 시설 및 생산 자동화 시스템
		2h	종자생리 및 저장	종자 발아 및 저장 생리 이해
		2h	실습 및 현장학습	선도 육묘장 견학 포승원에 영농조합 (서울대에서 1시간 거리)-
계		16h		

■ 2016년 국가연구개발 우선성과(백선) 선정

- 생명과학과 ICT 기술을 이용한 종자산업의 핵심기반 기술 개발 및 종자산업을 견인할 창의성을 갖춘 현장실무형 인재 양성에 대한 성과(2015년도)
- 분야: 인프라
- 대상년도: 2015년도 우수성과
- 성과명: 종자강국을 선도할 현장육종인력 양성
 - 대학 및 종자업체 연합 채소분야 육종전문인력양성 과정 운영으로 현장교육이 강화된 산학연 연계 육종인력 양성(석박사 19명 배출)
 - 글로벌 인턴교육(8명)을 통한 국제적 인적교류(2명)와 국제 공동연구 진행
 - 현장교육 체계 확보 및 국내 종자산업계 인턴교육 실시(17명 실시)
 - 종자산업 및 농산업 분야로의 전문인력 취업 유도(18명 취업)
 - 산학 협력을 통한 육종가 재교육 프로그램 개발 및 운영(29명 교육)
 - 농생명공학의 이해 워크숍(고등학생 및 교사, 24명) 첨단유전체 분석 기술 교육(14명)
 - 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 육종 소재 및 품종 개발(품종 등록 8건, 출원 1건)
 - 첨단 육종 기반 핵심 기술 개발(기술이전 4건 실시)



종자강국을 선도할 현장 육종인력 양성

“현장실무형 미래 육종교배인력 키운다”

연구역량 및 필요성 - 종자산업 경쟁력 확보 위한 현장 육종인력 필요

종자산업은 생명공학 기술과 ICT 기술이 품종 개발에 집약적으로 활용되는 미래 성장동력산업이며 농생명 산업의 패러다임 변화를 견인한다. 현장 육종인력은 품종 개발과 종자산업의 중추적 역할을 담당하고 있으나 기존 육종인력이 고령화되고, IMF 이후 신규 육종인력이 양성되지 않아 향후 종자산업 발전의 장애요인이 될 것으로 예측되고 있다. 따라서 종자산업이 국제적인 경쟁력을 확보하기 위해서는 현장 중심의 육종기술 교육과 함께 생명공학을 이용한 첨단 기술 교육을 통한 우수한 고급 인력의 양성이 필요하다. 이를 위해 대학에서의 탄탄한 이론 교육과 종자산업 현장에서의 실무 교육 통해 현장실무형 인재를 양성하고 취업이 선순환적으로 연계되도록 함으로써 종자산업 분야의 인력난을 해소하고 청년 실업문제를 해결할 필요가 있다.

기술의 내용 및 성과의 특장성 - 우수성 - 종자산업 핵심기반기술 개발 및 현장실무형 인재 양성

종자산업은 부가가치가 높은 미래 성장동력산업임에도 불구하고, 국내 종자산업의 열악한 현실로 인해 국내에서는 사명산업으로 인식되어 대학원 이상의 교육을 받은 우수한 전문 인력의 확보가 어렵다. 특히 지방대학일수록 학부생의 대학원 진학률이 낮아 전문 인력의 양성이 원활히 이뤄지지 않고 있다. 본 센터에서는 대학원의 육종학 관련 교과과정을 개선하고 국내외 종자회사에서 인턴교육을 의무적으로 수강하게 함으로써 종자산업 분야로 진출을 희망하는 졸업생들이 학위 취득과 동시에 종자산업으로 진출할 수 있도록 하였다. 대학과 종자회사가 공동으로 추진하는 과제를 개발하여 참여 대학원생들이 대학의 최신 육종기술을 습득하고 현장에서 즉시 품종 개발에 활용할 수 있도록 하였다. 아울러 대학원 진학률을 높이고 종자산업 분야로 진출을 유도하기 위해 본 센터의 예산과 별도로 종자회사로부터 장학금 지원을 받아 대학원생에게 지급하고 있다. 그 결과 2015년에는 종자회사 및 관련 산업분야에 16명이 취업하는 성과를 달성하였다. 본 센터 사업에 참여한 졸업생은 취업 후 회사에서의 입사 후 인턴교육 기간이 24개월에서 12개월로 단축될 만큼 채용 회사의 만족도가 매우 높으며 본 센터를 통해 배출된 학생들을 우선 채용하기를 희망하고 있다. 본 센터는 전문 인력 양성뿐 만 아니라 생명공학과 분자유종 기술을 활용할 수 있는 핵심기반 기술을 개발하였다. 고추, 임파, 수박의 유전체 정보를 이용하여 분자마커를 발굴하고 SNP 정보를 이용할 수 있도록 Web 기반 서비스 플랫폼을 개발하였다. 특히 임파의 경우 분자마커를 이용하여 15년 이상 소요되는 임파 F1 품종 개발 기간을 절반 이하로 단축시키는 기술을 개발하였으며 고추의 캡사이신과 동일한 가능성을 가지고 있으나 매운 맛이 없는 캡사이틴 고품량 유전자원을 선별하고 육종할 수 있는 기술을 개발하였다.

정부지원 내용

사업명 :
농림축산식품연구센터지원사업

부처명 :
농림축산식품부

나. 세부과제별 주요연구 성과 (자유 기술)

(나-1) 제 1 핵심연구과제 개요

(1) 연구과제 개요

과제구분	제 (1)핵심과제					
핵심 연구과제명	국문	NGS 기반 마커개발 및 인력양성				
	영문	Marker development Center Based on NGS and Breeder Education				
핵심 연구책임자	한글성명	강병철	영문성명	Byoung-Cheorl Kang	과학기술인 등록번호	
	소속기관	서울대학교	부서명 (학과명)	식물생산과학부	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	243,000	243,000	433,000	919,000	
	기업부담금					
	기타					
	합계	243,000	243,000	433,000	919,000	
참여연구인력 (단위:명)	세부과제책임자	책임급	선임급	원급이하	합계	
	3	1	10	3	17	
세부 연구책임자	구분	성명	소속	전공		
	제1-1세부과제	강병철	서울대	식물유전육종		
	제1-2세부과제	김국형	서울대	식물병리		
	제1-3세부과제	김성길	전남대	유전육종		

(2) 연구내용

(가) 연구의 필요성

- 기후변화의 영향으로 인하여 농작물의 재배적지 변동, 이상기상 발생 등의 징후가 관찰되고 있으며, 이러한 징후들은 농작물 생육부진, 병해충 피해 증가 등 농업부문의 생산능력 감소에 상당한 영향을 미친다. 최근 우리나라 농촌의 고령인구 증가율은 이미 상당 수준에 도달하였으며, 고령화 문제로 인한 노동력 부재 및 생산량 감소가 예상된다. 최근 건강 문제가 소비자 사이에 화두가 되면서 라이코핀 혹은 안토시아닌 등 기능성 성분 고함량 작물에 대한 수요가 급격하게 증가하였다. 따라서 향후 신제품 개발은 앞서 언급한 인구 증가, 기후 변화, 고령화 문제뿐만 아니라 기능성 함량, 과색 등 소비자의 입장 또한 고려되어 새로운 품종을 개발해야 한다.

- 세계 종자시장 규모가 지속적으로 증가하고 있으며 글로벌 종자기업의 시장점유율은 지속적으로 확대되고 있다. 반면, 한국의 종자시장은 농산물 수입개방 이후 정체되어 있으며 종자 무역에 있어 심각한 적자를 보이므로 이러한 어려움을 극복하기 위한 기술의 개발과 전문인력 양성이 필요하다.
- 차세대염기서열(Next Generation Sequencing: NGS) 분석 방법의 도입으로 낮은 단가로 염기서열 분석이 가능하게 되었으며, 이를 이용해 다수의 주요 작물에 대한 염기서열 분석이 완료되었다. NGS 방법을 활용해 해외 연구진에서는 양적형질을 효율적으로 선별하고 있다. 국내 주요 연구진들도 다양한 양적형질 개량에 이 기술의 활용을 시도하고 있으나 아직은 개발 단계에 불과하여 이 기술을 시급히 품종 개발에 활용할 필요가 있다.
- 1990년대 말 글로벌 기업에 의한 국내 종자기업의 인수, 합병된 이후 국내 종자기업에 대한 지속적인 구조조정이 이루어졌고 종자기업에 종사하던 육종인력이 해고되거나 자발적으로 개인육종가로 독립하면서 개인육종가 수가 지난 10여년 간 급격히 증가하였으나 국내 종자기업에 고용된 육종가 수는 전체 육종가의 약 1/6 수준인 104명에 불과하다. 본 과제에서 과거 6년간 육종회사의 인력 수요 조사 결과에 따르면 향후 10년 내 3개의 중견기업에서 약 50명 정도의 인력을 필요로 하고 있지만, 기업에서 자체적으로 인력을 양성하고 훈련하고 있지 못한 실정이다.
- 기존 육종 교육 관련 대학 교과목의 경우 교과목별로 내용이 중복되거나 산발적으로 진행되는 경우가 많았다. 또한 품종 등록, 종자 증식 및 보급 등 전통 육종 과정에서 중요한 부분들이 소홀히 다루어지는 경향이 있었다. 따라서 본 과제에서는 실제 육종 과정에 대한 집약적이고 전문적인 교육을 현장교육과 함께 실시함과 동시에 종자생산, QA, 마커분석 등 교육 내용을 확대하여 육종에서 중요한 전 분야를 다룰 필요가 있다.

(나) 연구 목표

■ 최종 목표

- 종자 전문인력 양성을 위한 교육 및 육종지원시스템 구축
- 기주의 병 진전 및 저항성 관련 유전자 활용 바이러스 저항성 감자 및 토마토 소재 개발
- 대과 F1 품종 육종기술 개발 및 인력양성

■ 연차별 목표

- 1차년도
 - 해외인턴교육 등 종자 산업 관련 교육 수행을 통한 육종 전문인력 교육
 - 토마토·감자 바이러스 병원성 및 저항성 검정
 - 식물 바이러스 병리검정 지원 서비스 수행

○ 2차년도

- 맞춤형 교육 등을 통한 전문인력·기존 육종가 교육 및 육종학 교육용 kit 개발 등을 통한 육종 교육 체계 확립
- NGS 기반 분자마커 개발 교육
- 분자마커 개발 서비스, 분자마커 분석 서비스
- 유전자 편집 기술 벡터시스템 구축
- 식물 바이러스 병리검정 지원 서비스 수행

○ 3차년도

- 맞춤형 교육 등을 통한 전문인력·기존 육종가 교육 및 육종학 교육용 kit 개발 등을 통한 육종 교육 체계 확립
- NGS 기반 분자마커 개발 교육
- 분자마커 개발 서비스, 분자마커 분석 서비스
- 광범위한 작물 바이러스 저항성을 갖는 유전자 확보 및 이를 이용한 품종 육성
- 식물 바이러스 병리검정 지원 서비스 수행

(다) 연구내용 및 방법

■ 종자 전문인력 양성 및 육종지원시스템 구축(서울대 강병철 주관, 제 1-1 세부)

- 종자 전문인력 양성을 위해 해외인턴교육, 학부생 해외종자회사 탐방을 확대하고 기존에 구축된 종자 전문인력 교육 시스템을 활용하여 참여 대학과 기업 간 인력 양성을 고도화한다. 종자산업법에 포함된 육묘업 등록을 위한 교육을 육묘업자를 대상으로 수행한다. 기존 육종가 맞춤 교육, 종자산업 워크숍, 첨단육종기술 맞춤형 교육 등을 수행함으로써 육종가 재교육 및 종자 전문인력 양성 체계를 확립한다. 육종과 유전에 대한 이해를 도울 수 있는 tool kit를 개발하여 실습 재료를 제공함으로써 육종학 교육을 체계화한다. 품종 개발 지원을 위해 분자마커 개발, 생물검정 서비스 등을 지원하며 기 확보된 기술은 사업화를 진행한다.

■ 기주의 병 진전 및 저항성 관련 유전자 활용 바이러스 저항성 소재 개발(서울대 김국형 주관, 제 1-2 세부)

- 토마토·감자의 바이러스 병원성 및 저항성을 검정하기 위하여 수입종자를 중심으로 병원성, 저항성 및 주요 바이러스에 대한 검정을 수행한다. 연구 사업의 1, 2단계에서 개발했던 *Pvr9* 유전자와 검정을 통해 발견한 광범위한 작물 바이러스에 대해 저항성을 갖는 유전자를 이용하여 CRISPR 유전자 편집기술 적용 가능한 벡터를 개발하고, 이를 이용해 최종적으로는 광범위한 작물 바이러스에 대해 저항성을 갖는 토마토, 감자 품종을 육성한다.

■ **응성불임성을 활용한 Allium 속 식물 F₁ 품종 육종기술 개발 및 인력양성(전남대 김성길 주관, 제 1-1 협동)**

- 대파 F₁ 품종 육성을 위한 응성불임 후보유전자 선별을 위해 먼저 양파의 정상 세포질 미토콘드리아 염기서열을 완성한다. 이후 다양한 대파 응성불임 계통을 수집하고, 완성된 양파의 엽록체 및 미토콘드리아 유전체 서열을 기반으로 NGS 기술을 이용하여 엽록체 및 미토콘드리아 유전체 서열을 확보한다. 확보된 엽록체 및 미토콘드리아 유전체 서열을 이용하여 응성불임 후보유전자를 도출하고 응성불임 후보유전자 기반 분자마커를 개발한다. 응성불임 임성 회복유전자의 선별을 위해서는 BSA 기술과 RNA-seq 기술을 결합하여 응성불임 임성 회복유전자와 연관된 분자표지를 개발하고 후보유전자를 도출한다.

(라) 세부과제간의 연관성

- 본 핵심과제는 총 2개의 세부과제와 1개의 협동과제로 구성되어 있다. 각 과제는 육종인력양성, 육종지원시스템 구축, 첨단육종 기술을 이용한 육종 소재 개발 및 병리검정 서비스, NGS 기술을 이용한 분자마커 개발 등을 통해서 다방면에서 육종 관련 기술에 전방위적 지원을 수행하며, 특히 제 2 핵심과제의 품종개발 및 육종 지원을 공동 목표로 하여 진행된다. 제 1 세부과제는 육종인력양성 교육 시스템 구축을 통해 제 2 핵심과제에 육종 현장에 적합한 전문 인력 양성 및 배출을 담당하며, 또한 제 2 핵심과제의 육종가 재교육을 통해 제 2 핵심과제의 연구 수행능력을 향상시킨다. 제 2 세부와 제 1협동과제에서는 병리검정·분자마커 시스템을 이용하여 제 2 핵심과제의 내병성 등 다양한 분자육종 체계를 확립하고 지원함으로써 작물의 육성 연한을 단축하고 품종 개발 연구를 지원한다.

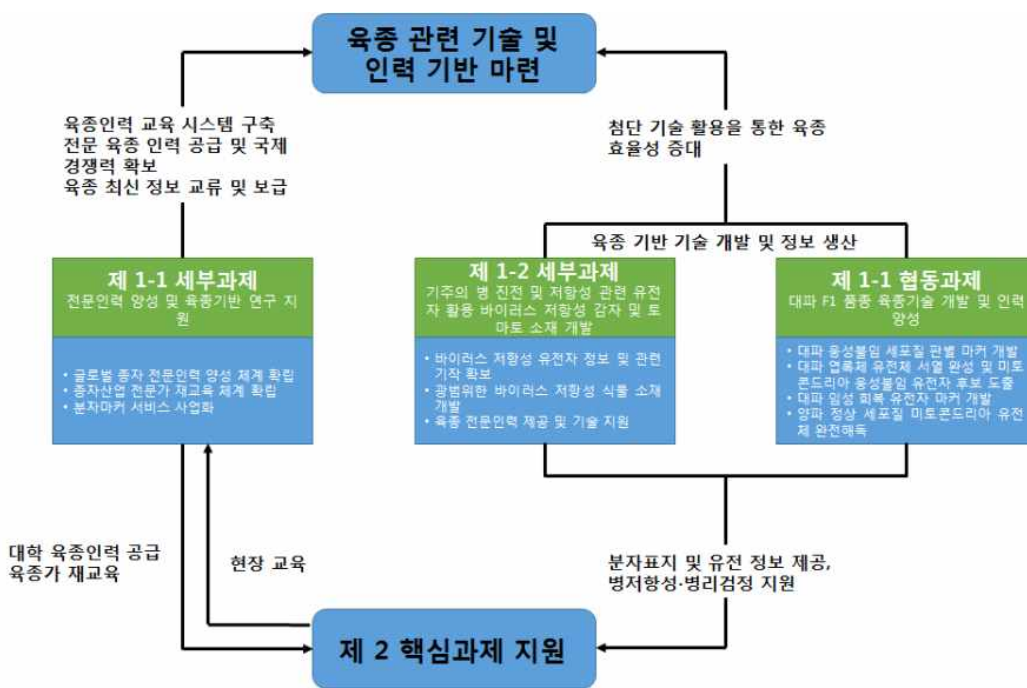


그림 1. 1핵심과제 추진체계도

(마) 기대효과

- 육종 이해도가 높은 전문인력을 양성하여 육종 관련 기초 연구 성과 증진
- 수준 높은 전문인력 양성으로 인한 민간 육종 업체 선진화 및 투자 증대
- 육종 교육 프로그램의 기반 및 모델이 됨으로써 교배육종 인력 양성 시스템 체계화
- 주요 병해에 대한 안정적 방제의 토대를 제공함으로써 국민보건 및 식품 안전성 향상
- 바이러스 병 저항성 품종 보급 등을 통한 종자 상용화 및 종자 시장 선도
- 중국 대과 종자시장 개척 등을 통한 고부가가치의 대과 F1 품종 개발 기반 구축

(나-2) 제 1 핵심연구과제별 주요 성과

(1) 제 1-1 세부과제: 전문인력 양성 교육 및 육종기반 연구 지원

과제번호	제 (1 - 1)세부과제					
세부 연구과제명	국문	전문인력 양성 교육 및 육종기반 연구 지원				
	영문	Training field vegetable breeders and supporting breeding research				
세부 연구책임자	한글성명	강병철	영문성명	Byoung-Cheorl Kang	과학기술인 등록번호	
	소속기관	서울대학교	부서명 (학과명)	식물생산과학부	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	103,000	103,000	213,000	419,000	
	기업부담금					
	기타					
	합계	103,000	103,000	213,000	419,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표								
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴 교육
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문	학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용	홍보전시	
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건		명	명	명			
가중치						20	30												50
최종목표				0	0	2	75							0			0		23
1단계	목표													0					3
	실적													2					6
2단계	목표													0			0		8
	실적													1			3		19
3단계	목표	0	0		0	0	2	75						0					12
	실적	1	1		1	1.65	2	518						0					15
최종	목표	0	0		0	0	2	75						0					23
	실적	1	1		1	1.65	2	518						3					40

※ 1-2단계: 1-1세부 과제 특성상 성과목표가 다름

구 분		1단계 목표	1단계 실적	2단계 목표	2단계 실적	목표	실적
국립연합대학 채소육종학 특수 전공 대학원 기반 마련	세미나 개최	15	15	20	25	35	40
	대학원 교과 과정 교과목 신설 준비	1	1		7	1	8
	맞춤형 교육	6	9	12	17	18	26
교배육종가 양성	워크숍 개최	3	4	5	10	8	14
	심포지엄 개최	3	4	4	7	7	11
	박사(명)		2		1	0	3
	석사(명)					0	0
우수연구인력	인턴교육(회수)	3	6	8	19	11	25
	학부생해외탐방*			4	4	4	4

*학부생 지원 프로그램은 2년차부터 중단하고 대학원생 프로그램으로 운영

① 논문게재 성과 - 해당사항 없음

② 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2019	고추 품종의 보라색 또는 녹색 표현형을 예측하기 위한 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0076891	2020	고추 품종의 보라색 또는 녹색 표현형을 예측하기 위한 분자마커 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2083161

③ 기술료징수 현황

기 징수액	당해연도 징수액	향후 징수액	합계
	1,650,000		1,650,000

- 기술이전 및 기술지도 내용

※ 기술이전 통상실시:

특허출원 제10-2019-0076891호 및 관련 노하우

관련업체명: (주)바이오큐브

지도내용: (기술의 명칭 : 고추 품종의 보라색 또는 녹색 표현형을 예측하기 위한 분자마커 및 이의 용도)명칭, 등

④ 사업화 성과 및 매출 실적

항 목	세부 항목		성 과		
사업화 계획	사업화 소요기간(년)		2017.09.01.~2020.08.31		
	소요예산(백만원)				
	예상 매출규모 (억원)		현재까지	3년후	5년후
			0.75		
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내			
국외					
향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획		분자마커 서비스, NGS 기술을 이용한 서비스, 육묘업 등록 교육 교육비			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)		현재	3년후	5년후
	수입대체(내수)				
	수 출				

항목	세부항목			성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	4.95억원	
			향후 3년간 매출	억원	
		관련제품	개발후 현재까지	억원	
			향후 3년간 매출	억원	
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위			위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위			위

순번	연차	내용	내역	국내 매출액 (천원)	참여기업
1	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2017년도 12월	140,000	서울대
2	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018년도 1-2차	100,000	서울대
3	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018년도 3차	25,000	서울대
4	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2017년도	16,982	서울대
5	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2018년도	11,140	서울대
6	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2018년도(7월-12월)	40,220	서울대
7	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018년도 4차 8월	22,000	서울대
8	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2018 5-6차 12월	30,000	서울대
9	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2019년도(1월4월)	4,318	서울대
10	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2019 1차 3월~	30,000	서울대
11	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2019년도(5월-12월)	52,750	서울대
12	3단계	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2020년도(1월-7월)	31,604	서울대
13	3단계	교육비	육묘업 등록 교육 2020 4월	14,600	서울대
합계				518,614	

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과	
3단계	1차년도	- 글로벌 종자 전문인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 네덜란드 Axia, Enza Zaden 인턴교육 진행(석사 1명, 박사 1명)/ 국내인턴교육진행(태국 East West Seed사 1명 서울대에서 교육) • 인도네시아 East West Seed 인턴교육 진행(박사 1명) • 네덜란드 종자회사 학생 탐방 선진 종자회사 탐방 및 비전 프로그램 진행 • 전국대학 15명 종자산업 및 육종학 강의 진행
		- 종자산업 전문가 재교육	<ul style="list-style-type: none"> • 종자산업전문인력양성 기관 지정으로 육묘업 등록 교육 실시 • 2017년 1-4차: 1517명 이수 • 2018년 1-3차: 1154명 이수 • 교육비 250백만원 수입
		- 분자마커 서비스 사업화 • NGS 기반 분자마커 개발 교육 • 분자마커 개발 및 분석	<ul style="list-style-type: none"> • 종자회사 및 관련 종자산업분야 분자마커 서비스 실시함. (총 5개사 19백만원)
	2차년도	- 글로벌 종자 전문인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 태국 East West Seed, 인도네시아 East West Seed INDo, 일본 Kazusa, 미국 Cornell Univ. 이스라엘 Danziger Inno. 사에서 글로벌인턴교육 진행(석사 3명, 박사 2명)/ • 선진 종자회사 탐방 및 비전 프로그램 진행: 일본 종자회사 및 연구소 대학원생 탐방
		- 종자산업 전문가 재교육	<ul style="list-style-type: none"> • 종자산업전문인력양성 기관 지정으로 육묘업 등록 교육 실시 2018년 4-6차: 495명 2019년 1차: 270명 이수 교육비 250백만원 성과 달성 • 첨단 육종기술에 대한 컨설팅·교육 및 종자산업 워크숍 진행 (7건)
		- 분자마커 서비스 사업화 • NGS 기반 분자마커 개발 교육 • 분자마커 개발 및 분석	<ul style="list-style-type: none"> • 종자회사 및 관련 종자산업분야 분자마커 서비스 실시함. 2차년도 7개사 42.9백만원 실적 달성 • 완두콩, 고추 등 유전육종 교육 재료 상품화를 위한 종자 증식
	3차년도	- 글로벌 종자 전문인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> • 태국 East West Seed, 네덜란드 Enza Zaden에서 글로벌인턴교육 진행(박사 1명, 석사 1명) • 20년도 코로나19 영향으로 국내 인턴교육 진행: (주)팜한농 (석사 3명), 농우바이오(석사 2명).
		- 종자산업 전문가 재교육	<ul style="list-style-type: none"> • 종자산업전문인력양성 기관 지정으로 육묘업 등록 교육 실시 2020년 1차: 138명 이수 교육비 14.6백만원 성과 달성
		- 분자마커 서비스 사업화 • NGS 기반 분자마커 개발 교육 • 분자마커 개발 및 분석	<ul style="list-style-type: none"> • 종자회사 및 관련 종자산업분야 분자마커 서비스 실시함. 3차년도 7개사 84.3백만원 실적 달성 • 고추 자색관련 유전육종 교육 소재 제품화 진행(기술이전 및 제품화)

(다) 기타 주요 연구 성과

① 글로벌 인턴교육 프로그램 진행

㉞ 필요성

- 인턴십을 통한 현장교육은 1 & 2단계 사업의 가장 중점 사항이었다. 대학별로 짧게는 1-2주에서 길게는 2개월 정도의 인턴십 교육이 이루어졌으며, 본 센터사업으로 연구과제와 연계하여 장기적인 인턴십 교육을 실시하였고 이를 채용과 연계시켜 많은 우수 전문인력이 종자산업 분야에 취업할 수 있도록 하였다. 2단계에서는 1단계의 경험을 바탕으로 현장교육을 학부 인턴십, 석사 인턴십, 글로벌 인턴십 등의 과정으로 세분화하여 인턴교육을 진행하였다.
- 글로벌 인턴십 프로그램의 경우에는 대학-회사 간 사전 계획한 프로그램에 철저히 맞추어 연구를 진행하며 특정 연구 주제에 대한 프로젝트를 수행함으로써 세부 분야에 대한 의미 있는 결과를 도출할 수 있으며 학생이 흥미를 이끌어 내고 비전을 갖게 하였다.
- 최근 종자업체에서 필요로 하는 육종인력에 대한 분야에 대한 인력 공급이 감소하고 있는 반면, 영업, 마케팅, 종자증식, 종자생산, 마커분석팀 등과 같은 채용분야가 세분화되고 있다. 따라서 실제적 육종 과정에 대한 집약적이고 전문적인 교육을 실시하고, 종자생산, QA, 마커분석 등의 교육 내용을 확대하여 멀티형, 맞춤형 교육으로 확대할 필요가 있다. 또한 농업계열 대학원생 및 연구 참여 대학원생으로 대학원 석사 이상 재학생을 대상으로 특히 현장 교육 및 실습 과정 중에서는 교배 방법, 채종, 종자 관리, 품종 재배 등 technical한 교육도 포함시켜 추후 인력이 양성될 경우 종자회사의 필요한 인력으로 양성할 필요가 있다.

㉟ 연구목표

- 1, 2단계의 종자 전문인력 교육 프로그램을 유지·보완하여 3단계 사업화를 통해 체계적으로 전문인력을 양성하고자 한다. 글로벌 인턴교육이 가능한 종자회사를 확대하고 종자회사와의 협력을 통해 취업연계 현장 육종에 대한 전문능력을 기르고, 육종 이론 교육을 통해 전통육종과 분자육종을 접목하는 육종 전문 인력을 양성을 목표로 한다.

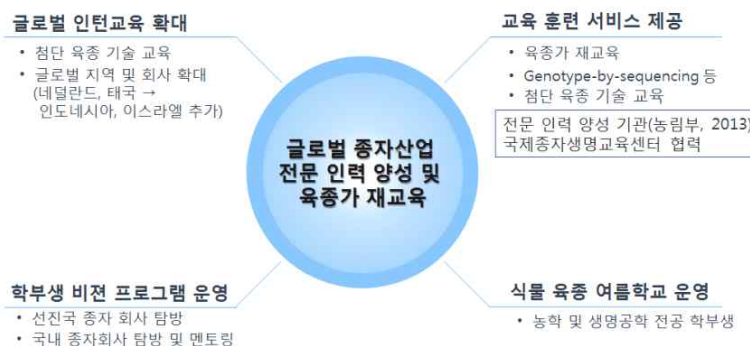


그림 1. 채소육종연구센터 1-1세부과제 교육 프로그램

㉔ **글로벌 인턴교육 프로그램 개선(인턴교육 회사 및 지역 다양화)**

- 1-2단계에서 Enza Zaden(네덜란드), KeyGene(네덜란드), AVRDC(대만), East West Seed 사 등 해외 선진 종자 회사 및 기관에서의 글로벌 인턴 교육을 추진한 결과 교육을 받은 학생들이 의미 있는 육종 연구를 진행하고 육종 산업에 대해 더 넓은 시야를 갖게 되는 좋은 효과가 있었음을 확인하였다.
- 3단계 후속으로 매년 4명의 학생을 상·하반기 각 2명씩 인턴교육을 진행하고자 하였다. 또한 네덜란드의 Axia Vegetable Seed, 인도네시아의 East West Indonesia 및 이스라엘의 Danziger Innovation사와의 협력을 통해 3단계에 새롭게 인턴교육 과정을 진행하였다.
- 3단계에서는 후속으로 1차년도에는 석사 및 박사과정 학생을 선발하여 네덜란드의 Axia Vegetable Seed사, Enza Zaden과 진행하였으며 2차년도에는 태국의 East West Seed, 인도네시아의 East West Seed INDO, 미국의 Cornell Univ., 일본의 Kazusa DNA Research Institute, 이스라엘의 Danziger Innovations Inc. 에서 글로벌 인턴교육 과정을 진행하였다. 3차년도에는 태국의 East West Seed사와 네덜란드의 Enza Zaden에서 지속적인 교육을 실시하였다. 단, 2020년 코로나19 팬데믹으로 인하여 태국 등에서 비자 발급이 되지 않는 상황으로 글로벌 인턴교육을 실시할 수 없었으며 이에 국내 인턴교육으로 전환하여 진행하였다.

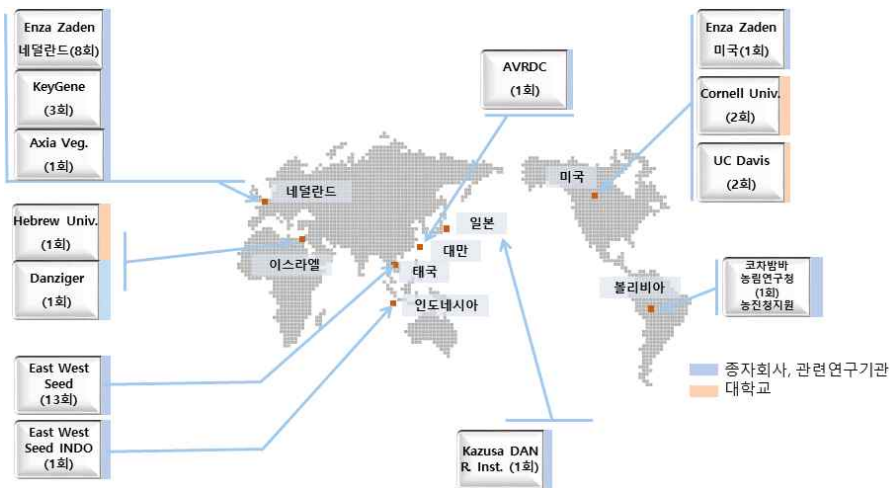


그림 2. 1~3단계 국가별 글로벌 인턴교육

- 글로벌 인턴교육생에게 **글로벌 종자회사의 채용정보를 공유**하고 국내외 종자회사에 취업을 유도하였다. 2016년 정** 석사졸업생이 East West Seed사에 글로벌 인턴교육을 다녀 온 후 취업하였으며 19년도 김**도 취업하였다. 또한 19년도 최** 석사졸업생도 인턴교육을 한 Axia Vegetable Seed사에 취업하였다.

○ 3단계 글로벌 인턴 교육 실적



○ 글로벌 공동연구 진행

- A. Y. (East West Seed, 연구원): 서울대에서 진행
- 교육기간: 2017. 10. 12 ~ 11. 12(1개월)
- 교육회사: 서울대
- 업무 내용

1) Identify and analyze SNPs from GBS data of 4 pepper accessions.

㉠ 2020년도 인턴교육 프로그램

- 3단계 후속으로 매년 4명의 학생을 상·하반기 각 2명씩 인턴교육을 진행하고자 하였으나 2020년도 코로나19 팬데믹으로 인하여 태국 비자발급 업무가 중단됨에 따라 글로벌 인턴교육을 진행할 수 없어 국내 회사 인턴교육을 실시하였다.
- 서울대 소속 학생 5명이 국내 종자회사인 (주)농우바이오, (주)팜한농에서 인턴교육을 실시하였다. 과채류에 대한 수확 및 접목, 종자채종 등에 대한 종자회사 업무에 대해 실습을 진행하였다.

순서	성명	과정	교육기관	기간	인턴교육내용
1	최** (서울대)	석사과정	Axia Vegetable Seed (네덜란드)	2018.02 .20 ~ 05.20	<ul style="list-style-type: none"> • 육종 활동 참여: data 수집, 교배 작업, 필드 방문, 네덜란드 토마토 재배 방법과 시장 경험. 토마토 표현형 프로젝트 (과일 맛, 식물 형태)에 참여 • Plant Breeding Related Projects 바이러스를 접종 및 이병성 여부 판단을 위한 Bio-assay setting 바이러스 저항성 고추 선발을 위한 최적 마커 개발 고추 흰가루병 저항성의 유전양상에 대한 연구 • 졸업 후 취업함
2	조** (서울대)	박사과정	Enza Zaden (네덜란드)	2018. 03.19 ~ 05.30	<ul style="list-style-type: none"> • Root structure: Root stock cross combination과 Red, Yellow, Orange Line을 분석한 데이터 정리 • RYO line의 Blossom end rot 저항성에 관하여 상관관계를 분석한 결과 뿌리 면적과 0.37의 correlation을 확인 • Fruit coloring: firm green 단계 조사 및 fruit setting tagging, 과색변이 조사. 육종 관련 활동으로 brix측정과 rootstock의 수량 조사
3	A. Y. (East West Seed)	연구원	서울대	2017.10 .12 ~ 11.12	<ul style="list-style-type: none"> • 서울대에서 자체 개발한 Genotyping by Sequencing (GBS) 기술을 교육 받고, 유전체 분석 및 분석 프로그램 교육 진행함.
4	김** (서울대)	석사과정	East West Seed (태국)	2018.07 .02. ~ 08.25	<ul style="list-style-type: none"> • QTL Mapping of Thrips Resistance in Pepper (<i>Capsicum</i>) with new phenotyping method • Paper Review for Develop Marker to Distinguish Red and White Bulb Color in Onion (<i>Allium cepa</i> L.) • 졸업후 취업함
5	I. S. (서울대)	박사과정	East West Seed (EWINDO) (인도네시아)	2018. 07.19 ~ 09.13	<ul style="list-style-type: none"> • East West Seed 인도네시아 사의 인턴교육 프로그램 진행. 표현형 조사, 병저항성관련 유전연구 진행
6	조** (서울대)	박사과정	Cornell Univ., Boyce Thomson Institute (미국)	2019. 01.18~ 02.02	<ul style="list-style-type: none"> • NGS 분석 기술 교육: Virtual Machine 세팅 & UNIX Command-line, Sequencing, Assembly and QC, Circos plotting, R/QTL genetic mapping 등에 대해 교육 및 실습 진행함.

7	홍** (서울대)	석사과정	Kazusa DNA Research Institute (일본)	2019.01 .21 ~ 0 1.25	<ul style="list-style-type: none"> • Genomic selection을 진행하기 위해 data 정리(유전형 및 표현형) • Genomic selection을 위한 GS model의 종류는 총 10가지에 대해 진행해봄. Kernel 방식으로 표현형을 예측하는 모델부터 선형모델 기반의 모델과 머신러닝 기반의 non-linear 모델들이 포함되어 있음
8	윤** (서울대)	석사과정	Danziger Innovatio ns, (이스라엘)	2019.02 .09 ~ 02.23	<ul style="list-style-type: none"> • 고추에서 TRV를 매개로 하는 유전자편집기술을 구축 • TRV 접종 실험 방법 등에 대해 교육받음
9	S. A	박사과정	East West Seed (태국)	2019.07 .01 ~ 08.25	<ul style="list-style-type: none"> • Ethiopian peper germplasm screening for ChiVMV, Ethiopian pepper • Germplasm screening for PC. 등 인턴교육 수행
10	박**	석사과정	Enza Zaden (네덜란드)	2019. 06.03 ~ 10.25	<ul style="list-style-type: none"> • Pepper <i>fusarium</i> Internal fruit rot의 접종방법 개발 • 유전자원의 저항성 스크리닝 진행 등 인턴교육 수행

순서	성명	과정	교육기관	기간	인턴교육내용
1	염** (서울대)	석사과정	농우바이오	2020.07 .06.~07. 10	<ul style="list-style-type: none"> 수박 교배, 대목접수, 종피제거, 수박사열준비, 열과 제거 및 종자채종 성능검정, 수확, 선발 및 표현형 검정 유인, 접목 실습, 파종 준비 등 창고정리, 잡초 제거 등 육종 전반 업무 실습함.
2	백** (서울대)	석사과정	농우바이오	2020.07 .06.~07. 10	<ul style="list-style-type: none"> 수박 교배, 대목접수, 종피제거, 수박사열준비, 열과 제거 및 종자채종 성능검정, 수확, 선발 및 표현형 검정 유인, 접목 실습, 파종 준비 등 창고정리, 잡초 제거 등 육종 전반 업무 실습함.
3	김** (서울대)	석사과정	(주)팜한농	2020.07 .06.~07. 10	<ul style="list-style-type: none"> 생명공학연구소 및 과채류 육종 업무 실습 십자화과(무, 배추, 양배추) 탈종을 위한 지상부 예취작업, 종자태종 품목별 재배법 및 육종 전략에 대한 교육 받음.
4	변** (서울대)	석사과정	(주)팜한농	2020.07 .06.~07. 10	<ul style="list-style-type: none"> 생명공학연구소 및 과채류 육종 업무 실습 십자화과(무, 배추, 양배추) 탈종을 위한 지상부 예취작업, 종자태종 품목별 재배법 및 육종 전략에 대한 교육 받음.
5	강** (서울대)	석사과정	(주)팜한농	2020.07 .13.~07. 17	<ul style="list-style-type: none"> 생명공학연구소 및 과채류 육종 업무 실습 십자화과(무, 배추, 양배추) 탈종을 위한 지상부 예취작업, 종자태종 품목별 재배법 및 육종 전략에 대한 교육 받음.

② 대학원생 비전 프로그램 개발(종자선진국 탐방)

㉠ 필요성

- 학생들에게 육종 산업의 비전을 적극적으로 제시하여 동기를 유발하는 것이 필요하다고 판단되어 종자 선진국 탐방 및 멘토링을 포함하는 선진 종자회사 탐방 비전 프로그램을 개발하고자 한다.

㉡ 연구목표

- 종자 선진국 탐방을 통하여 학생들에게 해외 종자산업 분야 탐색할 수 있는 기회를 제공하고 종자산업 분야의 관심과 동기 유발하고자 한다.

㉔ 선정방법

- 종자 선진국 탐방의 경우 과제참여 대학의 지도교수 추천을 통해 학부생을 선발하고 약 일주일 간 견학을 할 수 있는 기회를 제공한다. 종자 선진국 탐방을 위한 학부생의 선발은 과제 참여 국립연합대학 서울대, 경북대, 부산대, 전남대, 충남대 연구과제 책임자의 추천을 통해 1차년도에는 대학 3학년 또는 4학년 재학 중의 학생 중 학업성적이 우수하고 앞으로 대학원 진학 및 종자산업 분야에 취업할 학생 위주로 접수받아 선발하였다. 2차년도에는 대학원생 위주로 추천을 받아 선발하였다.

㉕ 연구결과 종합

- 2단계부터 본 센터는 과제 참여 국립연합대학 서울대, 경북대, 부산대, 전남대, 충남대의 대학원생 및 학부생을 선정하여 네덜란드, 일본의 각 선진 종자회사를 탐방하였다. 2단계에 참석한 25명의 학부생들 중 23명(91%)은 탐방 후 대학원 석사과정 진학을 하였다.
- 3단계에서는 1차년도 6명 네덜란드, 2차년도 일본으로 5명 총 11명에게 탐방의 기회를 제공하였다. 종자산업체 탐방을 통해 종자산업에 대한 비전을 갖도록 하였으며, 글로벌인턴교육과 해외 종자회사 탐방의 기회를 통해 서울대 김** 학생의 경우 태국의 East West Seed사에 취업하는 성과를 달성하였다.

기수	명수	탐방국가	회사	단계
1	6	네덜란드	KeyGene, Enza Zaden, Rijk Zwaan, Wageningen	2단계
2	7	일본	Takii, Sakata	
3	6	네덜란드	Takii Europe, KeyGene, Enza Zaden, Wageningen UR, Hazera	
4	6	네덜란드	Enza Zaden, KeyGene, Rijk Zwaan, Axia Vegetable Seed	
5	6	네덜란드	Enza Zaden, Nunhems vegetable seeds, Genetwister, KeyGene, Rijk Zwaan	3단계
6	5	일본	Kazusa DNA Research Center, Takii, Sakata	
합계	36			

㉖ 종자선진국 탐방(1차년도)

- 네덜란드의 세계 굴지의 종자 회사 또는 육종 기술 개발 회사를 방문하고 회사의 주 연구 내용 및 시설에 대해 소개받도록 함으로써 종자 산업을 새로운 각도에서 바라볼 수 있도록 하였다.
- 일정: 2018. 6. 26~ 30일

일정	참석자 명단		백**(서울대), 장**(서울대), 장**(서울대) 정**(경북대), 전**(충남대), 권**(부산대)
	1일	네덜란드 도착	
	2일	Rijk Zwaan Genetwister Wageningen University	<ul style="list-style-type: none"> • Keybase 기술에 대해 설명, PhenoFab 방문. 나노포어(nanopore, 초고속 DNA sequencer), 자동 phenotyping system 등 최첨단 기술 탐방. 네덜란드의 유일한 농과 대학 연구실, 온실, Wageningen UR 강의실, 도서관
	3일	Nunhems	<ul style="list-style-type: none"> • Nunhems사의 종자회사의 연구실, 온실, 육종 현장 탐방
	4일	Enza Zaden Axia	<ul style="list-style-type: none"> • 분자육종기술, 병저항성 전용 온실(고추, 파프리카), 종자 선발, 가공 및 포장 과정 등
5일	Local Market		



그림 3. 2018년도 네덜란드 학부생 및 대학원생 종자회사 및 연구소 탐방.

㉞ 종자선진국 탐방(2차년도)

- 2차년도에는 일본의 세계 굴지의 종자 회사 및 NGS 기술을 보유하고 있고 육종 기술 개발 지원을 하고 있는 연구소를 방문하고 회사의 주 연구 내용 및 시설에 대해 소개받도록 함으로써 종자 산업을 새로운 각도에서 바라볼 수 있도록 하였다.

- 일정: 2019.01.23 ~ 25일

		참석자 명단	윤**(서울대), 김**(서울대), 최**(경북대), 문**(충남대), 조**(전남대)
일정	1일	일본 도착(오전) Kazusa DNA research Institute(오추)	<ul style="list-style-type: none"> 일본의 Chiba 지역의 예산으로 설립된 연구소로 다양한 채소 작물 및 human에 대한 유전체 분석을 진행하고 있음. 연구소의 연혁과 현재 진행중인 딸기, 콩, 토마토 등의 연구에 대해 설명 들음.
	2일	Sakada 가케가와 육종연구소 방문	<ul style="list-style-type: none"> 일본의 세계적인 종자회사로 전세계로 채소 종자, 사료 종자를 생산하는 선두 기업임. 일본 최초로 종자를 수출한 종묘 회사로 현재 130개국 이상에 종자를 수출하고 있음. 회사 및 육종연구소에 대한 소개와 데모 온실을 방문함. 토마토, 양배추에 대한 시식의 기회도 제공함. 매우 보수적인 방식으로 육종을 진행하고 있으나 대외비의 기술을 보유하고 있음. 인턴 교육이나 외부에 대해 공개하지 않음. 종자 소비자들에게 데모 시설을 통해 홍보함.
	3일	Takii 교토 육종연구소 방문	<ul style="list-style-type: none"> 화훼 및 채소 종자산업을 주력으로 하고 있으며 토마토에 대한 점유율이 높음. 일본 종묘회사는 어떤 육종 목표를 세우는지, 육종 시스템과 기술은 어떤 것을 이용하는 지를 알아보고 앞으로 국내 종자 육종에 방향에 대해 생각해 볼 수 있는 기회를 제공 받음. 제 2대 농장장인 우창춘 박사의 사진이 전시되어 있음.



Kazusa DNA Research Institute(고베)



Sakada, Demo field, 양배추 tasting 등



Takii 우창춘 박사 사진 앞에서



그림 4. 2019년도 일본 대학원생 종자회사 및 연구소 탐방.

㉔ 국내 종자회사 탐방(3차년도)

- 3차년도에는 코로나19팬데믹 상황으로 인해 해외 종자회사 탐방을 진행하지 못하여 국내 종자회사 및 조직배양을 이용한 난 상품개발 회사에 방문하였다.

■ 바보난농원 방문

- 일시: 2020. 06. 13

- 참석인원(6명): 백**, 강**, 장**, 김**, 김**, 변**, 이**, 강**(인솔자)

- 강** 대표는 조직배양을 이용한 난 육종전문가로서 “끊임없는 변화와 새로운 환경 적응을 통한 새로운 품종개발”에 힘써 새로운 품종을 통한 새로운 소비자를 창출하는 고부가 가치 산업으로 난조직배양 사업을 소개하였다. 코로나19 상황으로 원예 화훼산업에 많은 어려움을 겪고 있지만 난에 대한 농업은 오히려 소비가 증가하는 추세도 변동되었다고 하였다. 멸종위기 식물에 대한 조직배양 기술을 이용한 복원사업, 난 품종 대량생산 등의 시스템을 구축하였으며 조직배양실 등 학생들에게 난 조직배양 사업에 대해 소개하였다.

■ PPS 본사 및 농장 방문

- 일시: 2020. 08. 12

- 참석인원(5명): 백**, 강**, 김**, 김**, 변**, 강**(인솔자)

- 피피에스는 고**그룹을 대표하는 종자기업으로 1995년 설립 이후 체계적인 육성계획에 의해 토마토, 참외, 고추, 수박을 대표 품종으로 하여 국내 기술로 개발한우리 품종이 세계농업 선진국의 품종들과 당당히 경쟁하여 세계를 선도하는 품종으로 이어져 농가소득 향상에 기여하며, 곡물 및 기능성 종자 개발로 농업인과 소비자가 필요로 하는 품종을 개량, 보급하여 농업시장의 새로운 가치창출을 목표로 한다.

- 학생들에게 피피에스 회사를 소개하고 종자생산 과정에 대해 견학을 실시하였다. 또 안 안산에 있는 육종연구소를 방문하여 현재 품종 육성을 하고 있는 토마토, 옥수수 등에 대해 현장 방문을 실시하였다.



그림 26. 바보난농원 방문



그림 27. PPS본사 방문

③ 종자산업 전문가 재교육

㉔ 필요성

- 본 연구센터는 1단계에서 농림축산식품부로부터 전문인력 양성기관 지정을 받은바 있다. 생명공학 기술 개발에 대한 집중 투자로 전통교배 육종 교육 및 인력 양성이 상대적으로 빈약한 실정이므로 차세대 교배육종 전문 인력을 양성하기 위한 전문기관 설립이 필요하다. 이에 따라 농림축산식품부는 종자산업법 제정하여 육종전문인력에 대한 전문 인증기관을 지정하여 종자산업 전문인력 양성 사업을 확대하고자 한다.
- 본 센터가 **채소육종전문인력 양성 기관으로 지정됨**에 농림축산식품부의 교육 과정 개설 및 교육 진행에 대한 수요가 있을시 교육을 진행할 계획이다. 특히 2017년도에는 육묘업 등록관련 법이 제정됨에 따라 **육묘업 등록 교육을 진행한다.**

㉕ 연구목표

- 육묘업 등록교육: 종자산업법 시행령 제15조의4에 따른 육묘업 등록 과정(16시간) 교육을 이수하여 육묘업 등록을 위한 수료증 취득 필요하다.
- 진행: 종자산업법 시행령·시행규칙 개정 시행('17.12.28.)에 따른 육묘업 등록 시 필요로 하는 육묘 교육과정을 운영한다.
- 서울대학교 채소육종연구센터는 농림부 지정 전문인력 양성기관으로써 육묘업 등록 교육 진행하였다.
- **교육 일정: 차수별 16시간 진행**

- 교육 프로그램

표 57 육묘업 등록 교육 프로그램(의무교육 16시간)

날짜	시간(16h)	시간	구분	교육 내용
1일차	09:00 ~18:00	2h	육묘업 등록 및 관리	종자산업법의 개요 및 주요 제도
		2h		육묘 분쟁 관리 및 행정절차 이해
		2h	묘 생산기술 및 경영관리	육묘의 이해
		2h		육묘업 경영 관리의 이해
2일차	09:00 ~19:00	2h	종자생리 및 저장	종자 발아 및 저장 생리 이해
		2h	묘 생산기술 및 경영관리	모종 생육 조절 및 생리경감 기술
		2h		육묘장 시설 및 생산 자동화 시스템
		2h	실습 및 현장학습	선도 육묘장 견학 수료증 배부
계		16h		

㉔ 교육결과

- 육묘업등록교육에 대한 종자산업법 시행으로 인해 전국의 육묘업 관련자가 교육 신청하여 교육을 16시간 동안 진행하고 수료증을 배부하였다. 2017년도부터 2020년도까지 총 12회차, 3,599명의 수료생을 배출하였다. 또한 교육비로 361백만원의 수익이 발생하였다.
- 2020년도에는 코로나 19 팬데믹으로 농림축산식품부의 「적극행정지원위원회」의 회의를 통해 육묘업 등록 신청자에 대해 전문인력양성기관에서 실시하는 교육 이수 증명자료의 제출을 한시적으로 사이버교육으로 대체(종자생명산업과)함으로써 Zoom을 활용한 인터넷 교육(직강)을 실시하였다.
- 본 센터는 종자산업법 시행령·시행규칙 개정 시행('17.12.28.)에 따른 육묘업 등록 시 필요로 하는 육묘 교육과정을 실시함으로써 육묘업 등록 시행이 조기에 정착할 수 있도록 기여하였다.

표 58 차수별 육묘업 등록 교육 수료생 수 및 교육비

년도	차수	날짜	수료생 수	장소	교육비 (천원)	연차별교육비 합계(천원)
2017	1차	10.25-26	278	서울대 문화관	140,000	265,000 (1차년도)
	2차	11.20-21	275	농촌진흥청		
	3차	11.27-28	615	서울대 문화관		
	4차	12.04-05	351	경상북도 농업기술원 농어민회관		
2018	1차	03.08-09	494	충남대 정심화국제문화회관	125,000	
	2차	03.13-14	453	북부문화예술회관 대공연장		
	3차	04.30-05.01	207	캠코인재개발원		

	4차	08.21-22	171	서울대학교 농생대 환경관 101호	22,000	78,800 (2차년도)
	5차	12.12-13	121	농촌진흥청 농촌인적자원개발센터	30,000	
	6차	12.19-20	203	서울대학교 농생대 환경관 101호	30,000	
2019	1차	03.13-14	293	서울대학교 글로벌공학교육센터	30,000	
2020	1차	04.23-23	138	인터넷 사이버 교육 (Zoom을 이용한 교육)	14,600	14,600 (3차년도)
합계			3,599		361,600	



그림 5. 육묘업 등록교육교재

④ 종자산업 전문가 교육: 식물 육종 여름학교 운영(첨단육종기술 교육)

㉠ 필요성

- 최근 종자업체에서 필요로 하는 육종인력에 대한 분야는 감소하고 있는 반면, 영업, 마케팅, 종자증식, 종자생산, 마커분석팀 등과 같은 채용분야가 세분화되고 있다. 그러나 정작 농업계열 대학생들은 종자회사에 대한 정보 및 업무 등에 대한 경험이 부족하다. 또한 종자회사에 취업한 신규 채용자의 경우 첨단 육종 기술에 대한 technical한 교육이 미흡한 실정이다.

㉡ 연구 목표

- 식물육종에 대한 소개 및 실험 실습을 통해 종자산업에 대한 비전을 갖도록 하며 분자마커분석 등의 교육 내용을 확대하여 멀티형, 맞춤형 교육으로 확대하여 미래 종자 산업을 이끌어 나갈 최정예 인력을 양성하고자 한다.

㉢ 연구 결과

■ 2018년도(2차년도): 식물육종여름학교

- 일정: 2018년 6월 22일
- 장소: 서울대 SPC 201호 및 농생대 4110호

- 참여인원: 20명
- 전국 국립대, 사립대 등 종자산업 분야의 학과 및 관련 있는 학과, 관심 있는 학생들을 선발하여 전통 육종, 현 식물 육종에 대한 최신 기술, 신품종 육종을 위한 생명공학의 이해, 등 강의 내용과 생명공학 기술을 실습 내용으로 구성하여 학생들의 종자산업 분야의 전망과 진로에 대하여 소개하였다. 신품종 육성에 있어 최신 기술인 유전체육종 활용 및 분자마커 개발 기술 소개, 생명공학 기술 이용한 신품종 육성, 제 4차산업과 농업의 중요성 등에 대해 소개하였다. 특히 실험실습을 통해 쉽게 접하지 못하는 생명공학을 이해할 수 있도록 하였다.
- 본 식물 육종 여름학교는 수도권 외 지방국립대, 사립대 등 농학계열 대학생들에게 생명공학 및 신 육종기술의 이해도를 증진하고 대학원 진학 및 종자산업 분야의 진로를 유도하기 위해 개설하였다. 본 식물 육종 여름학교를 통해 국내외 육종 분야와 현재 사용되고 있는 첨단 생명공학 기술에 대해 배우고 대학의 연구 시설 및 국내 종자 기업들과의 연계할 수 있는 기회를 제공하였다.

■ 2019년도(3차년도): 최신 분자육종기술 워크숍(식물육종여름학교)

- 일정: 2019년 7월 30일
- 장소: 서울대 SPC 201호 및 농생대 4110호
- 참여인원: 30명
- NGS를 활용한 최신 육종기술에 대해 소개하고 현 식물 육종에 대한 최신 기술, 신품종 육종을 위한 생명공학의 이해, 등 강의 내용과 생명공학 기술을 실습 내용으로 구성하여 참가자들이 종자산업 분야의 전망과 진로에 대하여 소개하였다. 본 워크숍에서는 농업 뿐 만 아니라 다양한 전공 분야에서 융복합 가능한 4차산업과 농업의 중요성 등에 대해 소개하였다. 또한 유전자가위를 활용한 생명공학의 최신 기술에 대해 소개하고 실험실습을 통해 쉽게 접하지 못하는 생명공학을 이해할 수 있도록 하였다.
- 본 최신 육종기술 워크숍은 농학계열 뿐만 아니라 응용생명공학 분야, 아프리카학부, 식품자원경제학과 등 다양한 분야의 참가자들이 참석하여 생명공학 및 신 육종기술의 이해도를 증진하고 대학원 진학 및 종자산업 분야와의 융합과학, BT산업으로의 진로를 탐색할 수 있을 것으로 기대된다. 국내외 육종 분야와 현재 사용되고 있는 첨단 생명공학 기술에 대해 배우고 대학의 연구 시설 및 국내 종자 기업들과의 연계할 수 있는 기회를 제공하였다.

⑤ 민간컨설팅

㉠ 필요성

- NGS 기반 분자육종 서비스를 진행하기 위한 육종 현장에서 요구되는 역량을 지니고 민간 기업, 농가, 연구자 등 첨단 기술 활용 능력을 갖춘 인력을 배양하기 위한 컨설팅

턴트가 필요하다.



그림 6. 2018년도, 19년도 식물육종여름학교 및 최신 육종 기술 워크숍 진행

㉞ 연구 목표

- 민간 컨설턴트 활동을 통해 현 육종 현장에서 요구되는 역량 및 유전체 정보 활용 능력 등 현 육종 과정의 개선을 통해 종자산업 분야 민간 기업의 발전 기여하고자 한다.
- NGS 기반 분자유종 서비스 방법을 소개하고 농가 및 종자회사에 관련분야의 지식 및 기술 등을 농가, 기업체에 교육, 지도를 진행한다.

㉞ 연구 결과

- 본 센터의 NGS 기반 분자유종 서비스를 진행하기 위해 센터 소장 및 연구책임자, 과제 참여자, 졸업 후 종자회사 취업자, 맞춤형 교육 등을 통하여 교육을 받은 자들을 민간 컨설턴트로 임명하였다. 18-19년 동안 총 7명의 컨설팅이 이뤄졌다.
- 18-19년도에는 GBS 기술에 대한 컨설팅이 많았으며 GBS 이후 SNP 마커를 활용한 QTL 분석 등에 대해 컨설팅이 진행하였다. 또한 센터의 교육 시스템에 대한 노하우를 케냐과학기술원 건설 사업단에게 정보를 공유하였다.

	일시	컨설팅 담당자	주제	대상자
1	2018년 07월 23일	강**	GBS library 구축 방법 컨설팅	East West Seed
2	2018년 10월 02일	장**	SNP 마커 및 phenotyping 결과를 활용한 QTL mapping	홍익바이오
3	2018년 10월 ~ 12월 28일	장**	GBS를 이용한 SNP 마커 개발 방법 컨설팅	CJ제일제당
4	2018년 12월 12일	장**, 안**	SNP 분석 pipeline 설계 및 GWAS 연구 항목 선정	세종대
5	2018년 12월 27일	강**	GBS를 이용한 SNP 마커 개발 방법 컨설팅	국립농업과학원, 임**
6	2019년 2월 18일-20일	강**, 백**	대량분석시스템 협의	국립종자원 정**
7	2019년 02월 25일	강**	채소육종관련 교육프로그램	한국과학기술원, 배**

⑥ NGS 기반 분자마커 개발 및 분석 서비스 사업화

㉠ 필요성

- 지난 2 단계 사업에서 genotype-by-sequencing (GBS) 기술을 이용하여 양파, 장미, 딸기, 벼, 고추, 토마토 등의 작물을 대상으로 SNP 마커 개발 서비스를 진행한 바 있다. 본 연구진은 다양한 NGS 기반 분자마커 개발 기술에 대한 노하우를 확보하고 있어 3단계에는 이러한 노하우를 이용하여 분자마커 개발 서비스 체계 구축 및 진행을 하고자 한다. 3 단계 사업에서는 다양한 작물에서 분자마커 개발 서비스를 제공하고 아울러 특허 출원 등을 통해 기 개발된 분자마커에 대하여 분석 서비스도 진행하고자 한다.

㉡ 연구 목표

- 본 센터는 3단계 후속산업화 이후 독립적 기관으로 NGS 분자마커 서비스를 위한 분자마커 서비스 체계를 구축한다. 고추 등 다양한 채소 작물의 유전체 정보를 확보하고 고도의 SNP 분석을 위한 파이프라인을 구축한다. 특히 고추 육종에 활용할 수 있는 병저항성, 캡시에이트 등 Marker Assisted Selection (MAS) 서비스를 위한 SNP 분자마커를 구축하고 Marker Assisted Backcrossing (MAB) 서비스를 진행하기 위해 GT-seq, GBS, Fluidigm 방법 등을 활용하여 서비스를 진행한다.

㉢ 연구 결과

- MAB 분석을 위해서 NGS 기반 유전형 분석 시스템인 GBS (Genotyping-by-sequencing)와 GT-seq (Genotyping-in-Thousands by sequencing) 2가지 방법을 확립하였다.
- GBS의 경우 sequencing library를 만들 때, 두 개의 제한효소(주로 PstI, MseI)로 잘린 DNA 절편에 index 서열을 포함한 adapter를 절편 양 끝에 ligation하여 PCR 및 sequencing을 진행한다. 이후 CLC genomics workbench, bwa, samtools, picardtools 등의 프로그램을 설치하여 SNP calling 분석 작업을 구축하였다. 또한 carthagene,

mapchart 및 in-house python script를 만들어 bin map 및 유전자 지도 작성을 위한 pipeline을 확립하였다.

- GT-seq은 다수의 primer set를 이용하여 96 well 별, 각 plate 별 barcode 및 index 서열을 PCR fragment에 ligation한 후에 Illumina sequencing을 진행한다. GT-seq 분석 pipeline은 Campbell et al., 2014 논문의 perl script를 참조하여 제작되었는데, 해당 pipeline은 index, barcode 서열을 이용해 read를 각 샘플 별로 나누고, 이를 이용해 유전형 분석을 수행하는 2단계로 나누어져 있다. 해당 pipeline을 기반으로 실험실 GT-seq 분석 방법을 확립하였으며, 이를 기반으로 MAB 육성 지원을 수행하였다.
- 본 센터는 분자마커 서비스에 대한 수익을 창출하기 위해 시스템적으로 서울대 산학협력단과 협의하여 센터의 운영의 수익으로 책정할 수 있도록 하였으며 이에 대한 수익이 발생했을 경우 세금계산서 발행 등 수입으로 책정할 수 있도록 시스템을 구축하였다.
- 확보된 NGS 기술을 이용하여 17-19년도 총 27건으로 고추, 파프리카 뿐 만 아니라, 딸기, 오이, 호박 등 다양한 작물에 대한 병저항성 유전자 관련 마커 서비스, GBS를 이용한 고밀도 SNP 마커를 선별하는 서비스를 진행하였다. 또한 중요 표현 형질에 대한 자료를 바탕으로 의뢰자와 협의하여 GWAS 분석 또한 서비스하였다.
- 연차별 성과로 1년차에는 8건으로 28,122천원, 2년차에는 8건으로 44,538천원, 3년차에는 11건으로 84,354천원으로 매년 증가추세를 나타냈다. 3단계 총 매출액은 157,014천원을 달성하였다.

세부	항목	내용	소속	금액(천원)
1-1세부	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2017년도 (9월-12월)	서울대	16,982
1-1세부	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2018년도 (1-6월)	서울대	11,140
1차년도 합계				28,122
1-1세부	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2018년도 (7월-12월)	서울대	40,220
1-1세부	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2019년도 (1월-4월)	서울대	4,318
2차년도 합계				44,538
1-1세부	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2019년도 (5월-12월)	서울대	52,750
1-1세부	마커분석비	분자마커 서비스 분석비 2020년도 (1월-7월)	서울대	31,604
3차년도 합계				84,354
합계*				157,014

- 3단계 연차별 서비스 내용은 아래 표와 같다.

순서	입금일자	내역	입금액(부가세 제외/단위 원)	년차
1	2017-09-22	국립농업과학원 ***	2,020,000	1년차
2	2017-10-26	고추 분자마커 검정 ***	1,372,800	
3	2017-11-03	고추 분자마커 검정	7,200,000	
4	2017-11-14	파프리카 및 고추 분자마커 검정	2,772,000	
5	2017-11-14	파프리카 및 고추 분자마커 검정	3,616,800	
6	2018-01-04	파프리카 분자마커 검정	2,727,200	
7	2018-03-09	고추 tsw 마커검정	413,600	
8	2018-05-28	딸기 SNP 연관지도 작성 및 분석 서비스	8,000,000	
9	2018-10-11	CMV-P0 분자표지 분석	3,518,680	2년차
10	2018-10-16	호박 GBS 분석료	8,000,001	
11	2018-11-01	분자마커 검정	701,800	
12	2018-11-15	CMV-P0 분자표지 분석	10,000,000	
13	2018-12-18	GBS Library 제작(649시료), GBS 염기서열 분석 및 SNP calling	15,000,000	
14	2018-12-18	TSWV/TMV 검정(620개)	3,000,000	
15	2019-02-13	참깨 GBS SNP 분석료	2,500,000	
16	2019-04-15	양파 SNP 분자마커 분석	1,818,182	
17	2019-08-29	오이 GBS library 제작 및 염기서열 분석	9,000,000	3년차
18	2019-09-19	오이 및 호박 GBS Library 제작 및 염기서열 분석 (***)	9,090,910	
19	2019-09-19	오이 및 호박 GBS Library 제작 및 염기서열 분석 (***)	4,545,455	
20	2019-10-28	파프리카 분자마커 검정 분석료_전라북도 ***	1,842,500	
21	2019-10-28	무 GBS Library 구축 및 SNP calling 마커 분석_***	9,000,000	
22	2019-11-12	고추우각형 분자마커 검정 분석_***	7,453,600	
23	2019-11-12	파프리카 분자마커 검정 분석_삼성종묘	4,545,200	
24	2019-11-15	호박 GBS 염기서열 및 SNP 분석_***	7,272,728	
25	2020-01-07	고추 SNP 마커 개발 분석_***	18,000,000	
26	2020-01-07	호박 GBS 염기서열 분석_***	5,454,545	
27	2020-07-06	파프리카 F2 집단 GBS 분석 및 SNP calling 분석 ***	8,150,000	

⑦ 교육용 식물 재료 개발(실험실습용 재료): 고추 자색 관련 분자표지 개발 및 Kit화

㉔ 필요성

- 집단에서의 분리 양상 확인 및 선발이 작물 육종에서 가장 큰 부분을 차지하나 기존

대학교 교육에서는 매년 수업을 위해 세대를 내리고 집단을 작성하는 것은 어렵기 때문에 개체 관찰 및 선발을 포함하는 실습은 제대로 이루어지기 힘들었다. 또한 수업이 진행되는 1학기 또는 단기간 동안 표현형과 분자마커에 대한 이해도를 높이기 위한 조기 선발 가능한 재료가 미흡하였다.

- 따라서 2단계에서 개발된 완두콩과 금어초 계통, 또는 자색 고추나 과색 관련 고추에 대해 지속적으로 증식하여 육종/유전학 교육용 소재로 kit 꾸러미로 제품화하고자 한다. 또한 지속적으로 이용될 수 있는 교육용 집단을 개발하고 이를 활용하여 실습 교육을 진행할 수 있도록 개발한다. 이는 전통 육종 과정을 이해하고 동시에 분자유종과의 접목을 시도해 보는 데에도 유용할 것으로 판단된다.

㉠ 연구 목표

- 본 연구를 통해 증식된 종자 또는 집단에 대해서는 육종학 교재 kit로 제품화 또는 상품화 하여 국립연합대학 및 고등학교에 제공하고 육종학 관련 워크숍 등 교육을 실시할 경우 현장학습에서 활용할 수 있도록 한다.

㉡ 연구 결과

■ 교육용 식물 재료 개발(실험 실습용 소재): 자색/녹색 고추 판별

- 멘델의 유전법칙(Mendelian inheritance)은 그레고어 멘델이 완두콩을 이용한 7년의 실험을 정리하여 1865년에서 1866년 사이에 발표한 유전학의 법칙이다. 멘델은 완두콩을 오랫동안 자가수분하여 특정한 유전형질이 고정된 순종을 얻었다. 그리고 일곱 가지 대립되는 유전형질을 선택하여 이를 잡종 교배할 경우 자식 세대에 발현되는 형질은 어떻게 되는지 관찰하였으며, 멘델은 실험 결과를 통해 우열의 법칙, 분리의 법칙, 독립의 법칙을 성립하였다.
- 이러한 법칙을 교육하기 위한 실습 소재로 고추의 자색/녹색 고추 표현형 검정용 소재를 개발하였다. 본 소재는 자색고추(우성)와 녹색고추(열성)를 교배하여 F1을 생산하고 다시 F1을 자가교배 하여 F2 종자를 확보하였다. 확보된 종자를 파종하게 되면 자색이 우성으로 3:1 분리비로 표현형이 나타나게 된다. 아래 그림과 같이 자색잎과 녹색잎의 숫자를 확인하여 F2 집단에서 조사한 표현형을 바탕으로 분리비가 3:1 (보라색:초록색)에 해당하는지 카이검정을 통해 알아볼 수 있도록 하였다.
- 이러한 재료를 통해 서울대 학부과정의 2019년도 [원예작물육종학] 수업시간에 교재로 활용하였다.
- 3차년도(2020년)도에는 ㈜바이오큐브와 기술이전을 통해 교육용 꾸러미(Kit)로 제품화하였으며, 국립종자원에서는 이 고추 종자를 활용하여 교육을 진행하였다.



그림 파종한 F2 개체 예시



그림 7. F2 개체들 표현형조사 예시

- 고추의 자색형질은 안토시아닌이라는 식물의 이차대사산물에 의하여 결정이 된다. 고추에서는 *CaAn2*라는 유전자가 고추의 다양한 조직에서 안토시아닌 발현을 조절한다는 사실이 밝혀졌다. 또한, *CaAn2* 유전자의 프로모터 영역에 4.2 kb의 유전자 서열이 삽입됨으로 인해 해당 유전자의 전사가 활성화된다는 사실이 보고되었다 (그림 5). 해당 삽입 서열을 이용하여 고추에서의 안토시아닌 합성여부를 예측할 수 있는 SCAR (Sequence-characterized amplified region) 마커를 개발하였고 (특허 제 10-2019-0076891), 이를 F2 분리집단에 적용함으로써 F2 개체들의 표현형을 미리 예측할 수 있다. 이 분자마커에 대하여 특허 출원·등록하였으며, 이에 대하여 (주)바이오큐브에 기술이전 하여 Kit 제품을 개발하였다.
- 표현형에 대한 유전분석 및 분자마커에 대한 이해를 돕기 위한 꾸러미 형태의 2가지 형태의 제품으로 개발하였으며, 이를 활용하여 각 대학에서 유전육종학 관련 교육 소재로 활용할 수 있고, 또한 국공립 교육기관의 교육 소재로 활용될 수 있을 것으로 기대한다.
- 자색과 관련된 개발된 육종 교육 소재 외 본 연구센터에서 보유하고 있는 완두콩, 금어초, 과색관련 고추에 대해서도 추후 사업화 추진이 가능할 것으로 기대한다.



그림 8. 부분, 모본 및 F1 식물체 표현형

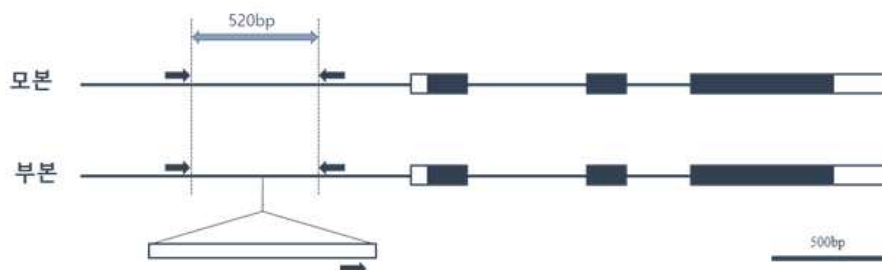


그림 9. 모본과 부분에서의 *CaAn2* 유전자 모식도

BCS™ 집단 유전형 표현 분리 분석 키트 (Cat. BCPM) 4



BCS™ 표현형 분석 PCR 키트 (Cat. BCPM-PCR) 4



그림 10. 유전형/표현형 분석용 PRC kit 개발 제품 모. (주)바이오큐브에서 제품화하여 일반 수요자에게 판매 중에 있음.

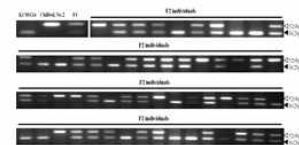
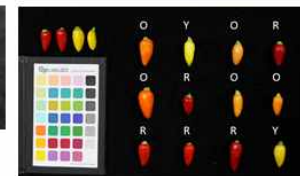
원두콩(2) 맨델의 유전법칙 (Niks 교수) 금어초 유전자 상위성 (Niks 교수)



고추 자색 유전법칙



고추 과색 유전법칙 (강병철교수)



유전분석 및 검정 마커 개발



그림 11. 제품화 할 수 있는 다양한 교육 소재들

■ 제품화를 위한 교육 소재 및 상품화 소재 증식

- 3단계 사업화 성과를 위한 교육 소재를 유지하기 위하여 증식을 실시하였다. 고추 자색·적색 교육 소재, 고함유 캡시에이트 소재를 지속적으로 유지하기 위해 19-20년도 수원 서울대학교 농장에서 하우스 및 field에서 재배하여 종자를 확보하였다.

⑦ 종자회사 설문 조사를 통한 육종가 채용 수요 조사

㉗ 필요성

- 현 육종 현장에서 요구되는 역량을 지니는 동시에 첨단 기술 활용 능력을 갖춘 인력을 양성하기 위해 역량 기반 교육과정 개발 방법을 활용하여 대학 육종 교육 및 육종가 재교육 프로그램 개발이 필요하다. 또한 현 육종 현장에서 요구되는 역량 및 유전체 정보 활용 능력 등 현 육종 과정의 개선을 위해 요구되는 역량 분석이 필요하다.

㉘ 연구 목표

- 육종현장에서 요구되고 채소육종 인력에 대해 수요 조사를 매년 1 차례씩, 8년 동안 한국종자협회 회원사를 중심으로 설문 방법으로 진행한다.
- 설문 내용으로 각 회사의 육종연구원에 대한 채용 계획, 인턴십에 대한 참가여부, 육종 현장에서 요구되는 교육 내용, 맞춤형 교육의 활용 등에 대해 조사한다.

㉙ 연구 결과

- 2019년 채용 시기에 대한 설문 조사 결과, 1년 이내 11명의 인력 채용이 진행될 것으로 생각되며 농협 및 농우바이오 합병으로 인한 인력 채용이 주춤할 것으로 예상되어 인력 채용 수요가 다소 감소하였다. 연도별 추이로는 대기업이 종자회사 인원을 많이 채용하려고 하였던 16년도를 기점으로 많은 인원수가 감소하고 있었다. 17-19년도에는 크게 인력 수요 수가 증가하지 않고 있다.

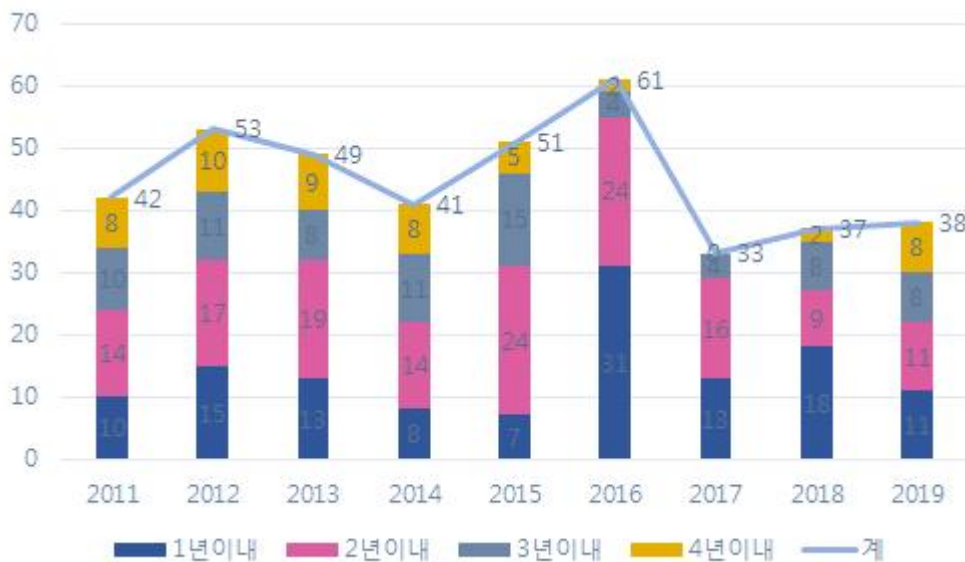


그림 12. 연차별 인력 채용 수요 조사

- 2019년도 채용분야의 경우 영업 등 인력 수요에 대해 농우바이오, 팜한농의 경우 정확한 인력 수요 조사가 어려웠으며 두 회사를 제외하고 37명의 채용 인원수에 대한 수요가 가능할 것으로 조사되었다. 작물별 육종인력에 대한 수요는 17년-19년도 지속적으로 채용 계획으로 나타났다. 본 조사는 19년도 2월 종자회사 9개에 대하여 설문 조사를 통해 이뤄졌으며 매년 1-2월 종자회사에 설문지를 보내 답변에 대한 분석한

결과이다.

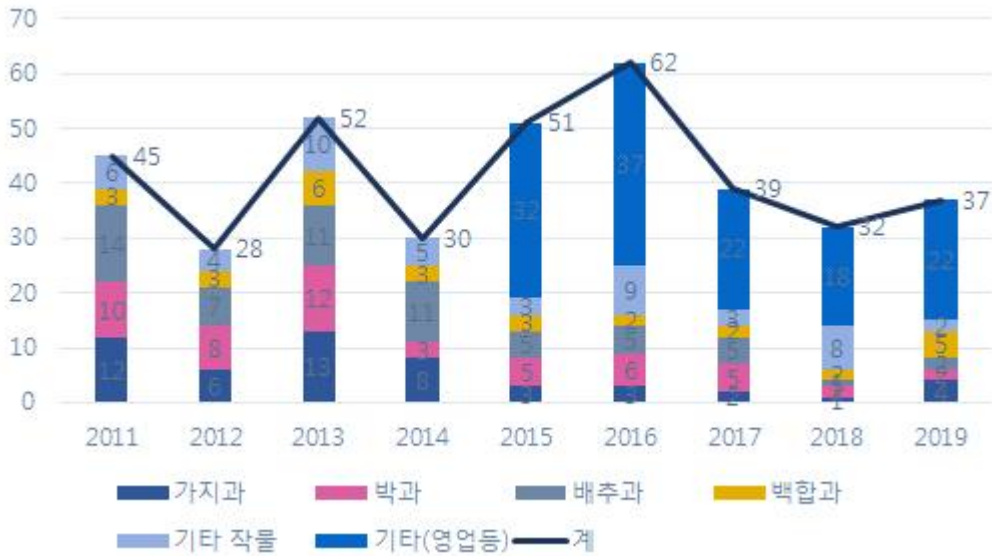


그림 13. 작물별 R&D 인력 수요

⑧ 젊은 육종가 및 대학원생 설문조사 실시(2019년도)

㉠ 필요성

- 본 센터 사업을 통해 10년간 많은 젊은 육종가를 배출하여 여러 종자회사에 취업함으로써 젊은 육종가 세대 교체라는 성과를 달성하였다. 따라서 최신 육종 기술을 습득한 젊은 육종가가 회사에서의 업무에 대한 만족도 및 의견과 앞으로 육종가의 길을 가고자 하는 학생들의 의견을 조사할 필요가 있다.

㉡ 연구 목표

- 본 ARC 과제를 통하여 배출된 젊은 육종가를 대상으로 육종현장에서 현재 근무하고 있는 업무와 관련하여 설문 조사를 실시한다. 또한 대학에 재학중인 대학원생을 대상으로 종자산업 분야 취업과 관련된 내용에 대해 설문조사한다.

㉢ 연구 결과

- 본 과제를 통하여 배출된 젊은 육종가를 대상으로 육종현장에서 현재 근무하고 있는 업무와 관련하여 11명에 대해 설문 조사 진행하였다. 석사 출신 63.6%, 박사출신 27.3%, 학사출신 9% 설문 참여하였다.
- 현재 대학원생으로 육종가 또는 종자산업 분야에 근무를 희망하는 자에게 설문을 조사하였다. 총 18명이 설문 조사에 참가하였으며 이 중 박사과정생 33.3%, 석사과정생 66.7%를 차지하였다.
- 젊은 육종가 뿐만 아니라 대학원생의 설문에서 대기업에 대한 취업 희망도가 45.5%, 44.4%로 높게 나타났으며 특히 대학원생의 경우 연구소에 취업을 희망(38.9%)하였다. 급여에 대한 취업자 및 재학생의 희망연봉은 4000만원 이상이 36.4%, 66.7%로 재학생이 월등히 높았으며 박사학위 소지자 일수록 고 소득의 급여를 희망하였다.
- 육종가 직업으로 매력적인 이유는 취업자 및 재학생 모두 적성이 가장 높게 나타났

으며 근무와 사생활의 구분 및 균형이 이뤄지는 것을 희망하였다. 육종가 직업을 기피하는 이유는 취업자의 경우 고된 업무, 지방근무, 낮은 연봉 순으로 재학생의 경우 낮은 연봉, 지방근무, 고된 업무 순으로 나타났다.

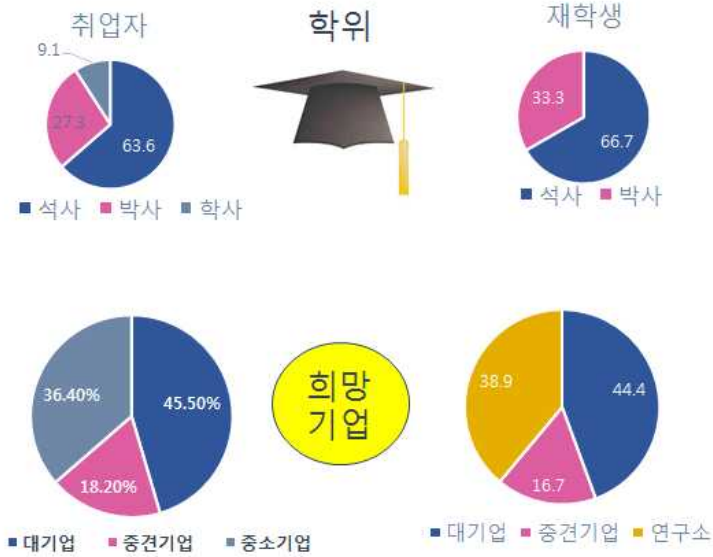


그림 14. 취업생 및 재학생 설문조사



그림 15. 취업자 및 재학생의 희망 연봉 수준

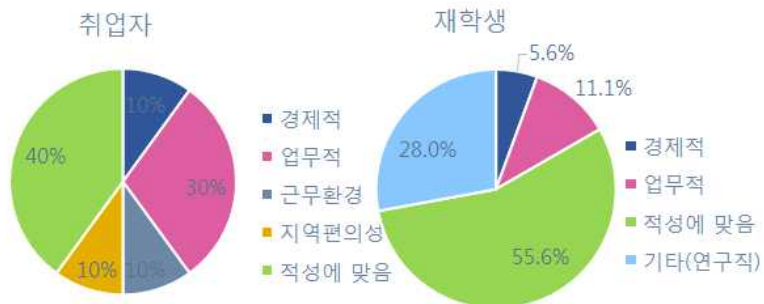


그림 16. 육종가 직업이 매력적인 이유 설문조사

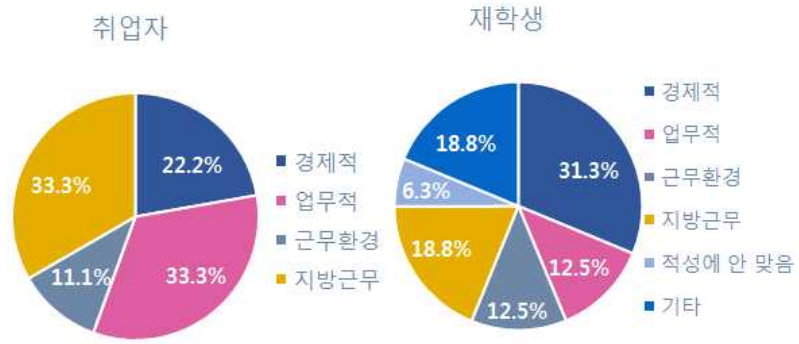


그림 17. 육종가 직업 기피 사유 설문조사

(2) 제 1-2 세부과제: 기주의 병 진전 및 저항성 관련 유전자 활용
바이러스 저항성 소재 개발

과제번호	제 (1 - 2)세부과제					
세부 연구과제명	국문	기주의 병 진전 및 저항성 관련 유전자 활용 바이러스 저항성 소재 개발				
	영문	Development of virus resistant plant resources using host genes responsible for susceptibility as well as for resistance responses upon virus infections				
세부 연구책임자	한글성명	김국형	영문성명	Kook-Hyung Kim	과학기술인 등록번호	
	소속기관	서울대학교	부서명 (학과명)	농생명공학부	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	70,000	70,000	110,000	250,000	
	기업부담금					
	기타					
	합계	70,000	70,000	110,000	250,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과			인력양성			정책·활용·홍보		인턴 교육
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문	학술발표	석사	박사	취업인력	정책·활용	홍보전시		
											SCI								비SCI	명
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	명	명				
가중치	20	10	10											20	20	20				
최종목표	6	3	1								19	7	14	7	6				2	
1단계	목표	2	0	0							5	0	4	3	1				0	
	실적	4	2	0							16	0	3	2	6				0	
2단계	목표	2	2	0							8	1	6	3	2				2	
	실적	1	5	0							20	4	4	6	8				2	
3단계	목표	2	1	1							6	6	4	1	3				0	
	실적	3	1	0							9	11	4	0	3				0	
최종	목표	6	3	1							19	7	14	7	6				2	
	실적	8	8	0							46	15	11	8	17				2	

① 논문게재 성과

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2017	Engineering an auto-activated R protein that is in vivo activated by a viral protease	Phu-Tri Tran	Kook-Hyung Kim	Kristin Widyasari, Jee-Yoon Park	Virology	510	국외	SCI
2017	De novo genome assembly and single nucleotide variations for soybean mosaic virus using soybean seed transcriptome data	Yeonhwa Jo	Kook-Hyung Kim	Hoseong Choi, Miah Bae, Sang-Min Kim, Sun-Lim Kim, Bong Choon Lee, Won Kyong Cho	Plant Pathol J	33	국외	SCI
2018	Isolation and validation of a candidate Rsv3 gene from a soybean genotype that confers strain-specific resistance to soybean mosaic virus	Phu-Tri Tran	Kook-Hyung Kim	Kristin Widyasari, Jang-Kyun Seo	Virology	513	국외	SCI
2018	Differential Contribution of RNA Interference Components in Response to Distinct Fusarium graminearum Virus Infections	Jisuk Yu	Kook-Hyung Kim	Kyung-mi Lee, Won Kyoung Cho	J Virol	92	국외	SCI
2018	In silico identification of viruses and viroids infecting grapevine cultivar Cabernet Sauvignon using a grapevine transcriptome	Yeonhwa Jo	Kook-Hyung Kim	Myung-Kyu Song, Hoseong Choi, Kristin Widyasari, Jae-Seong Park, Jae-Wung Lee, Won Kyong Cho	J Plant Pathol	100	국외	SCI
2019	A plant intron enhances the performance of an infectious clone in planta	Phu-Tri Tran	Kook-Hyung Kim	Miao Fang, Kristin Widyasari	J Virol Methods	265	국외	SCI
2019	Effects of abscisic acid and salicylic acid on gene expression in the antiviral RNA silencing pathway in Arabidopsis	Mazen Alazem	Kook-Hyung Kim	Na-Sheng Lin	International Journal of Molecular Sciences	20	국외	SCI
2020	The ORF2 protein of Fusarium graminearum virus 1 suppresses the transcription of FgDICER2 and FgAGO1 to limit host antiviral defences	Jisuk Yu	Kook-Hyung Kim	Ju Yeon Park, Jeong-In Heo	Mol Plant Pathol	21	국외	SCI
2020	Exploration of the interactions between mycoviruses and Fusarium graminearum	Jisuk Yu	Kook-Hyung Kim		Adv Virus Res	106	국외	SCI

② 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2017	콩 유래의 SMV에 대한 병 저항성을 조절하는 RSV3 콩 유래의 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2017-0133731	2019	콩 모자이크 바이러스에 대한 병 저항성을 조절하는 콩 유래의 GmPAP2.1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-1964658
2018	콩 모자이크 바이러스에 대한 병 저항성을 조절하는 콩 유래의 GmPAP2.1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	대한민국	10-2018-0127200					
2018	콩 모자이크 바이러스에 대한 병 저항성을 조절하는 콩 유래의 GmPAP2.1 유전자 및 이의 용도	서울대학교 산학협력단	미국	PCT/KR2018/013313					

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도 <ul style="list-style-type: none"> 토마토 및 감자의 식물 바이러스 병원성 및 저항성 검정 식물 바이러스 병리검정 지원 및 관련 전문 연구 인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> Pvr9 돌연변이체를 이용한 세포 괴사 반응 결정 인자 구명 및 Nia 단백질 기반의 세포 괴사 반응 유도 벡터 제작 베트남 지역 상업적으로 판매되는 토마토 및 고추 종자 시료를 확보 후 RNA-seq 분석을 통한 감염 바이러스 검출 및 분석
	2차년도 <ul style="list-style-type: none"> 바이러스 병 저항성 관련 유전자의 유전자 편집 기술 벡터 시스템 개발 식물 바이러스 병리검정 지원 및 관련 전문 연구 인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> Pvr9과 관련 변형체 유전자를 이용한 식물 과발현 벡터를 제작하고 이를 이용한 식물형질전환용 벡터 개발 완료 PepMoV 감염성 DNA 클론을 제작하고 형광단백질 유전자를 도입하여 감염성 확인 주요 식물바이러스 검정 매뉴얼 작성 및 관련 전문 연구 인력 배출
	3차년도 <ul style="list-style-type: none"> 식물 바이러스 병원체에 저항성을 갖는 유전자 확보 및 활용에 의한 내병성 토마토, 감자 품종 육성 식물 바이러스 병리검정 지원 및 관련 전문 연구 인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> 유전자 editing 기술 기반의 TALEN 이용 벡터 개발 완료 주요 식물바이러스 검정 매뉴얼 작성 및 관련 전문 연구 인력 배출

(다) 기타 주요연구 성과

① Pvr9을 이용한 병 저항성 주요 아미노산 분석 수행

- Auto-HR을 일으키는 autoPvr9을 이용하여 담배식물에서 세포 괴사반응에 직접적으로 관련되어 있는 아미노산 서열 분석을 수행하였다. autoPvr9 유전자를 식물 발현벡터인 pPZP 벡터에 클로닝 하였다. auto-HR을 일으키지 않는 Pvr9과의 아미노산 비교 분석을 통하여 각각 차이를 보이는 아미노산 서열 3개를 확인하였고 site-direct mutation 방법을 이용하여 autoPvr9과 Pvr9의 아미노산을 각각 치환하였다. 아미노산이 치환된 Pvr9과 autoPvr9 돌연변이 유전자 또한 pPZP 벡터에 클로닝하였고 담배식물에서 transient over-expression 하였다.
- 그림 1과 같이 Pvr9은 담배식물에서 세포 괴사반응을 일으키지 않았으며 autoPvr9은 담배식물에서 세포괴사반응을 나타내었다. 또한 988번 아미노산이 치환된 Pvr9^{M988T} 유전자는 infiltration된 부분에서 세포괴사를 나타내었지만 988번 아미노산이 치환된 autoPvr9^{T988M}은 세포괴사 반응을 야기하지 않았다. 이 결과를 통하여 autoPvr9에 의하여 일어나는 auto-HR 반응은 988번 아미노산에 의하여 일어나는 반응으로 결론 내릴 수 있다.

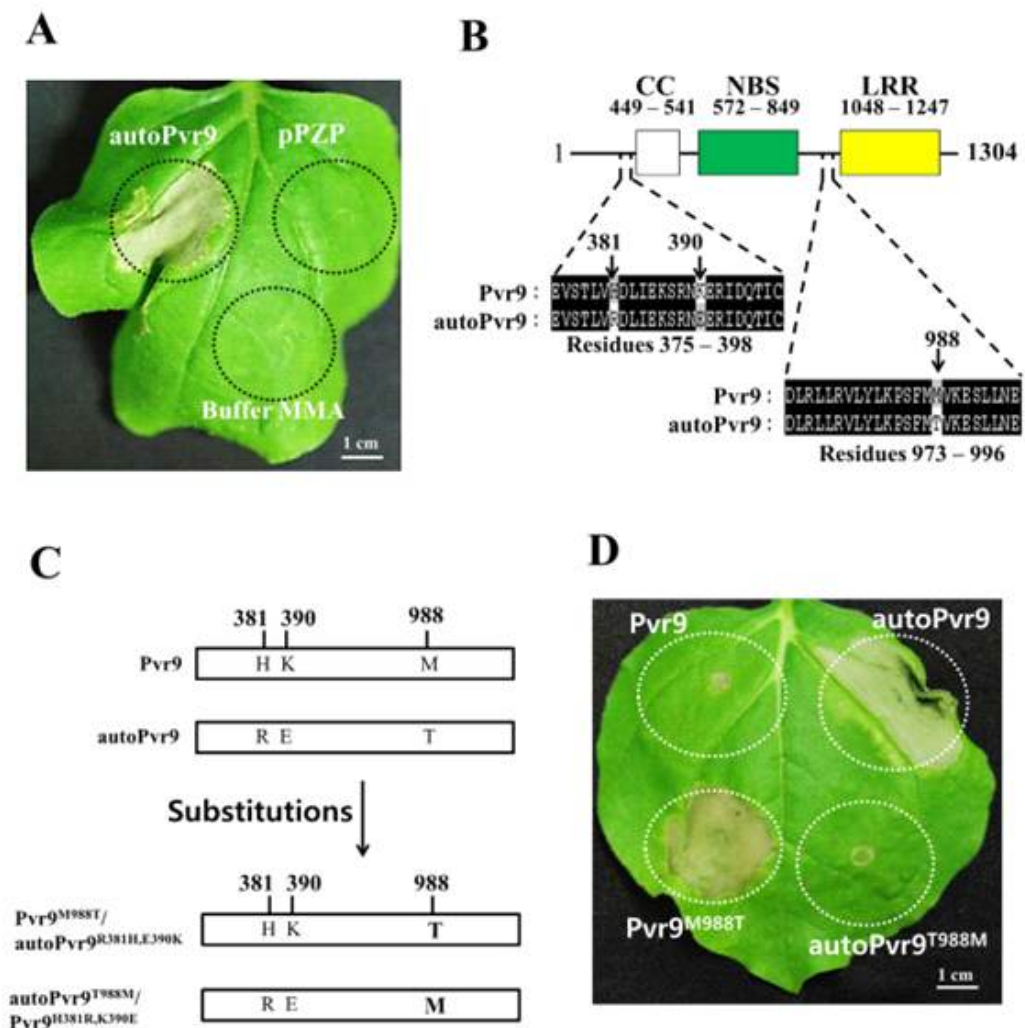


그림 1. autoPvr9의 auto-HR 결정 아미노산의 구명

② NIa에 의하여 활성화 되는 autoPvr9 기반 세포괴사반응 유도 기작 연구

- 유전자 단독 발현을 통하여 세포괴사반응을 일으키는 autoPvr9의 N-terminal과 C-terminal 부분에 각각 NIa recognition site와 형광단백질을 각각 fusion하여 pPZP 벡터에 클로닝을 하였다. 각각의 클론을 이용하여 담배식물에 transient over-expression을 수행하고 NIa 단백질의 발현시 GFP 단백질과 autoPvr9의 단백질 cleavage를 western blot을 통하여 확인하였다.
- 그림 2와 같이 GFP antibody를 이용한 western blot에서 GFP 단백질의 발현과 fusion 단백질의 발현을 각각 확인하였고 이를 통하여 NIa 발현을 통하여 GFP와 autoPvr9 사이에 cleavage가 일어남을 확인하였다. 또한 담배식물에서 세포괴사반응이 NIa 발현 상태에서 일어남을 관찰하였다.

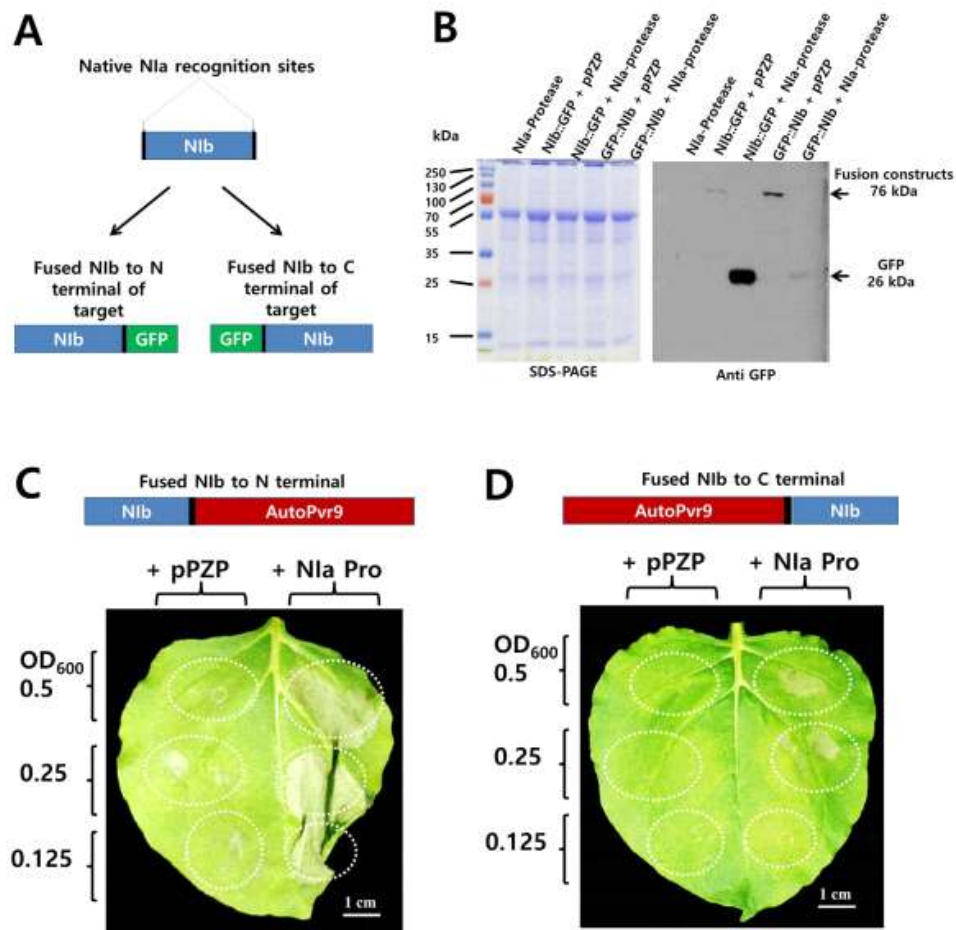


그림 2. NIa 단백질 발현에 따른 autoPvr9 기반 세포 괴사반응

- autoPvr9의 c-terminal 지역에 NIa recognition site와 potyvirus의 6K2, VPg, CP 유전자를 fusion 하여 NIa 단백질의 발현 환경에서 각각 단백질 발현 여부를 western blot을 통하여 확인하였다. 그림 3과 같이 NIa와 함께 co-expression 하였을 때 6K2와 Nib 단백질의 발현이 HA antibody를 통하여 확인이 되었으며 담배 식물에서도 NIa co-expression을 하였을 때 세포 괴사 반응이 일어났다. c-terminal 지역에 VPg와 CP 유전자가 fusion된 autoPvr9 클론은 NIa co-expression 환경에서도 세포괴사는 일어나지 않았으며 VPg와 CP 단백질의 발현 또한 검출되지 않았다.

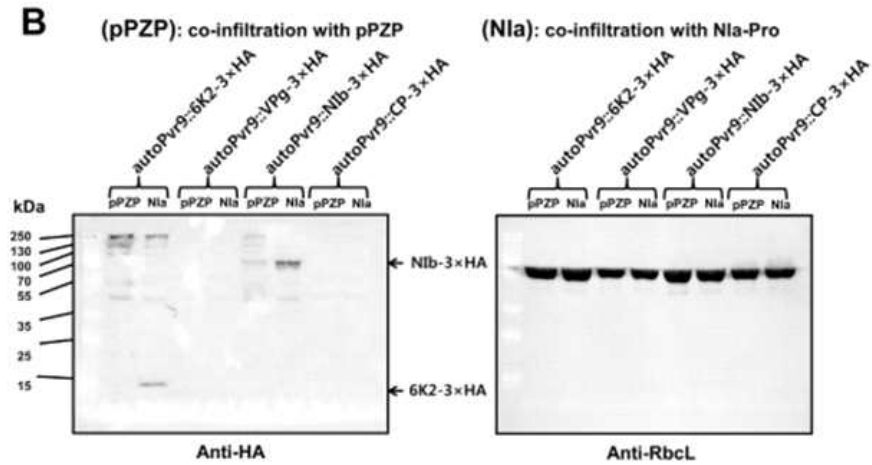
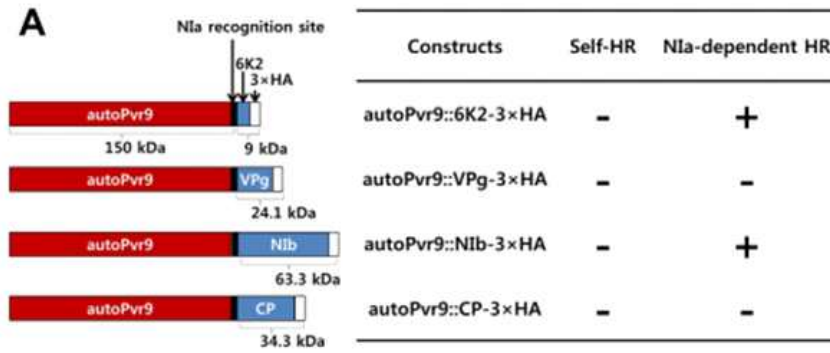


그림 3. Nia co-expression에 따른 potyvirus 유전자 발현 양상

③ Pvr9 변형체를 이용한 병 저항성 벡터 개발

- Auto-HR을 일으키는 Pvr9 변형체인 autoPvr9을 이용하여 식물에 과사 반응을 일으키는 벡터를 개발하였다. autoPvr9 유전자 C-terminal 부분에 potyvirus가 공통적으로 가지고 있는 Nia-recognition site 아미노산을 추가하고 6K2를 추가하였다. western blot 확인을 위하여 HA tag sequence도 추가하였다. 전체적인 클론을 식물의 발현 벡터인 pPZP 벡터에 클로닝하고 최종적으로 Agrobacterium에 형질전환 하여 식물 발현 가능 클론을 확보하였다.

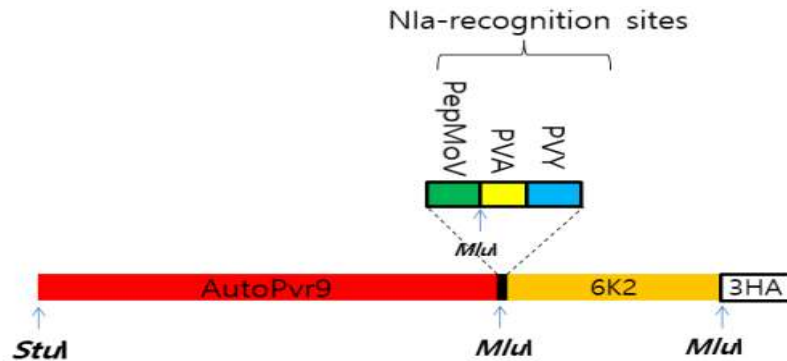


그림 4. autoPvr9과 Nia-recognition site fusion 벡터 모식도

- autoPvr9-Nia 벡터와 각각의 potyvirus Nia 와 co-infiltration을 수행하여 각 potyvirus Nia에

의한 NIa recognition site에 cleavage가 일어나고 이것에 의한 free-autoPvr9이 생성, 세포 괴사가 일어난다는 가정하에 co-infiltration을 수행하였다. 그림2와 같이 autoPvr9-NIa이 없는 상태에서 PepMoV, PVY, PVA NIa에 의한 세포 괴사는 발견되지 않았다. 하지만 autoPvr9-NIa와 각 potyvirus NIa co-infiltration시에는 담배식물에서 PepMoV-NIa, PVA-NIa에 의한 세포 괴사가 관찰되었다. 일한 결과를 통해 autoPvr9에 fusion 되어 있는 NIa recognition site 중 PepMoV와 PVA NIa recognition site가 작동하고 PVY NIa recognition site는 PVY NIa에 의하여 인식되지 못한다고 생각 할 수 있다. 개발된 autoPvr9-NIa 벡터를 이용하여 외부에서 침입하는 PepMoV와 PVA에 대하여 저항성 형질을 지닌 형질전환 식물 개발을 3차년도에 수행 하고자 한다.

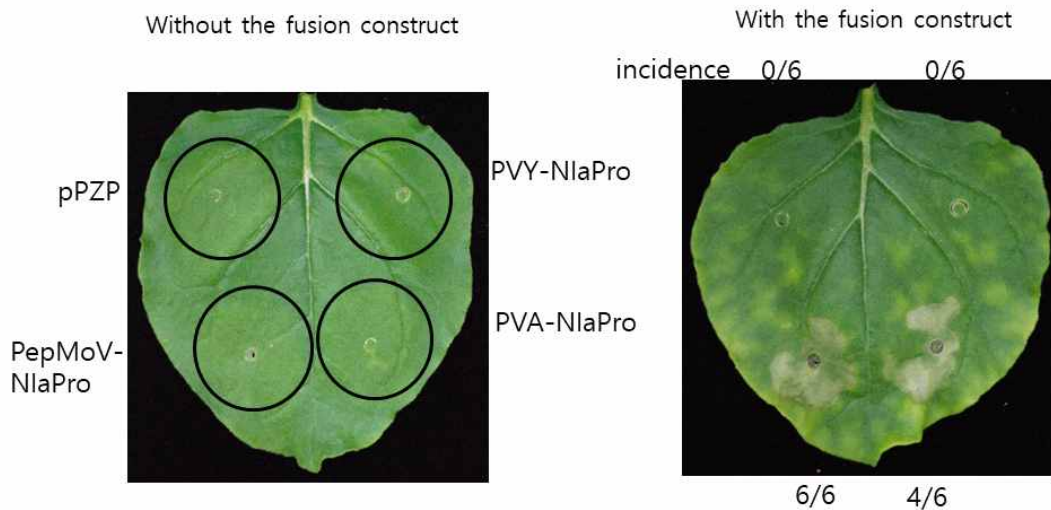


그림 5. autoPvr9-NIa와 potyvirus NIa coinfiltration을 통한 세포 괴사 반응 확인

④ 고추 모틀 바이러스 감염성 클론 제작 및 외래 유전자 도입 벡터 개발

- 고추 및 가지과 작물에서 큰 피해를 주고 있는 고추 모틀 바이러스의 방제 및 저항성 품종 육성을 위하여 안정적인 바이러스 감염을 위한 감염성 DNA 클론의 개발은 필수적인 요소이다. 따라서 본 연구팀에서는 2차년도 연구기간동안 고추 모틀 바이러스의 전체 게놈을 증폭 후 이를 이용한 감염성 DNA 클론을 제작하였다. 그림 3과 같이 고추 모틀 바이러스의 전체 게놈을 증폭 및 염기서열을 분석하여 각 바이러스 단백질을 확인하였다. 전체 게놈을 pSNU1 벡터에 클로닝하고 *Agrobacterium*에 형질전환하여 감염성 클론을 확보하였다.
- 담배식물에 infiltration을 수행하였고 접종 후 7일, 9일, 12일에 접종엽과 상엽에서 나타나는 병징을 확인하였다. 감염성 DNA 클론을 접종 한 식물의 상엽에서 접종 12일째에 강한 바이러스 병징을 보였으며 식물 괴사반응도 관찰되었다. 외래 유전자 도입을 위하여 형광 단백질을 암호화 하는 GFP 유전자를 고추 모틀 바이러스 전체 게놈에 삽입하였다.
- GFP 유전자 삽입 위치는 P1과 HC-pro 유전자 사이로 KpnI과 Hpa I 제한효소를 이용하였다. 감염성 DNA 클론 제작 방법과 마찬가지로 전체 게놈을 PCR 증폭하여 pSNU1 벡터에 클로닝, *Agrobacterium*에 형질전환 하여 pPepMoV::GFP 벡터를 확보하였다. 그림 4와 같이 *N. benthamiana*와 *N. tabacum*에 각각 접종하였고 접종 후 9일과 12일째에 병징을 관찰하였다.

UV lamp를 이용하여 병징 관찰 결과 *N. benthamiana* 상엽에서 형광 단백질이 강하게 발현됨을 관찰 하였으며 이러한 결과는 *N. tabacum*에서도 동일하게 관찰되었다.

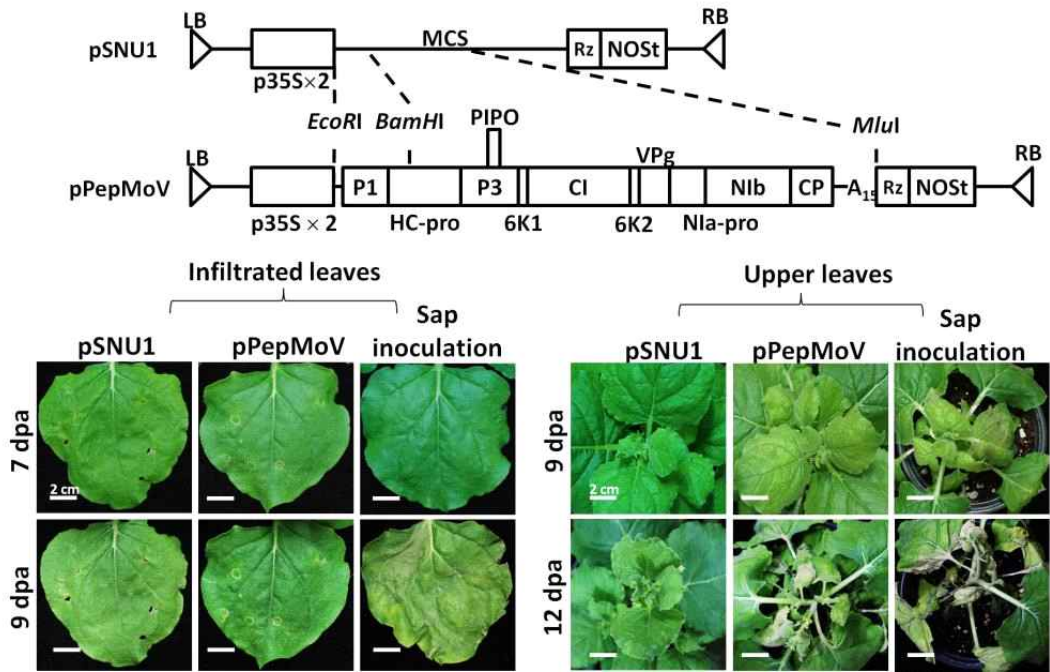


그림 6. 고추 모틀 바이러스 감염성 DNA 클론의 제작 모식도 및 병징

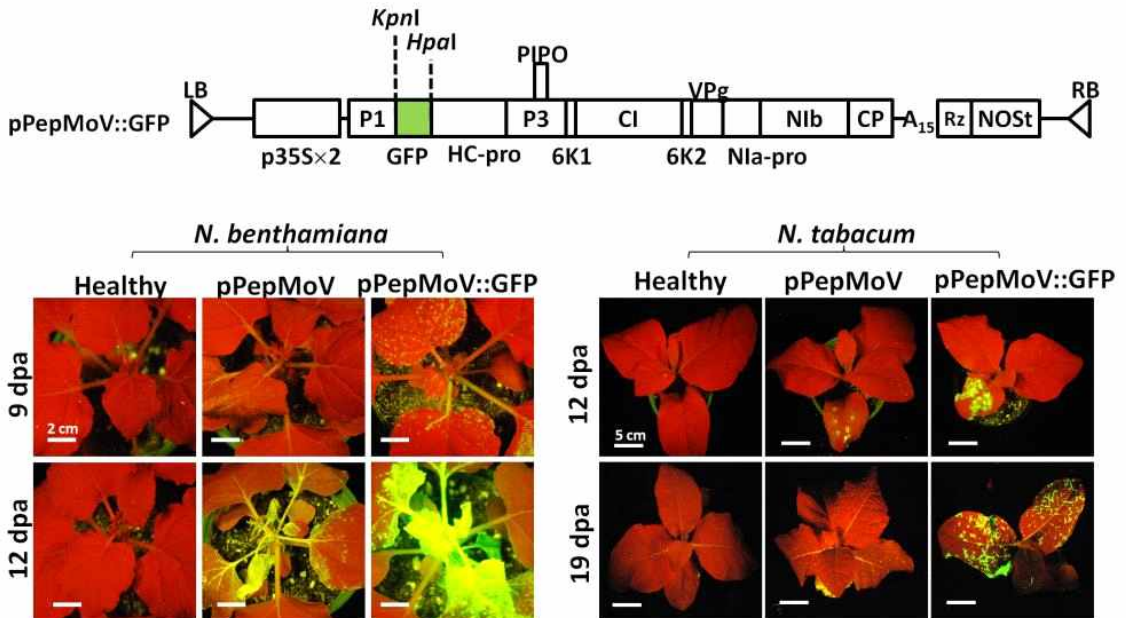


그림 7. 형광 단백질 유전자를 도입한 고추 모틀 바이러스 감염성 DNA 클론의 병징

- 고추 모틀 바이러스 감염성 클론 제작시 불안정한 *E. coli* 형질전환 효율 및 비특이적인 유전자의 도입과 같은 이유로 고추 모틀 바이러스 전체 게놈에 intron을 도입하여 감염성 클론을 제작하는 것이 일반적이다. 본 연구팀에서는 도입되는 intron에 차이에 따른 고추 모틀 바이러스 감염성 클론의 감염성 변화를 구명하였다. 고추 모틀 바이러스 전체 게놈을 증폭

하고 binary vector인 pSNU1에 클로닝하여 *E.coli* DH10B에 형질전환 하였다. 형질전환 된 *E.coli*에서 추출한 plasmid를 분석, Nla-pro 유전자 사이에 비특이적인 유전자의 삽입이 이루어져 있는 것을 확인하였다. 다른 intron 삽입에 의한 감염성 클론의 감염성 변화 여부를 확인하기 위하여 감자의 ST-LS1 intron 부분을 증폭하여 Nla-pro 유전자 사이에 삽입하고 *E.coli*에 형질전환 하였다.

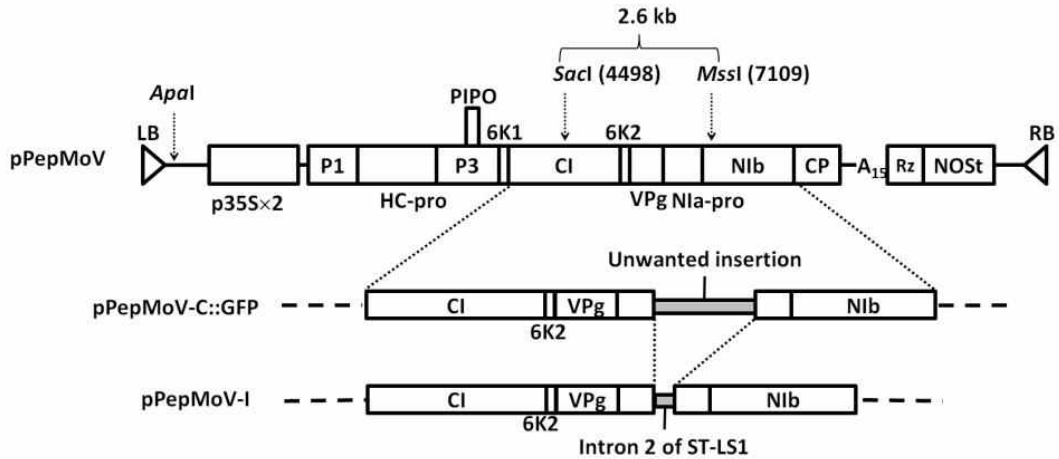


그림 8. 서로 다른 intron을 포함하고 있는 고추 모틀 바이러스 감염성 클론 제작 모식도

- 서로 다른 intron을 포함하는 감염성 클론을 이용하여 담배 식물에서 감염성 여부를 확인하였다. 그림 6과 같이 실험식물은 *N. benthamiana*와 *N. tabacum*을 사용하였다. 각각의 식물에서 접종 후 9일과 12일째에 형광 단백질의 발현을 확인 한 결과 ST-LS1 intron이 삽입되어 있는 pPepMoV-I 감염성이 비특이적 유전자가 삽입 된 pPepMoV 보다 확연하게 빠르고 높게 관찰되었다. 이러한 결과는 식물의 intron을 바이러스 게놈에 삽입함으로써 plasmid DNA의 안정성을 높이고 바이러스 감염성 클론의 감염 능력도 향상시킴을 나타내고 있다.

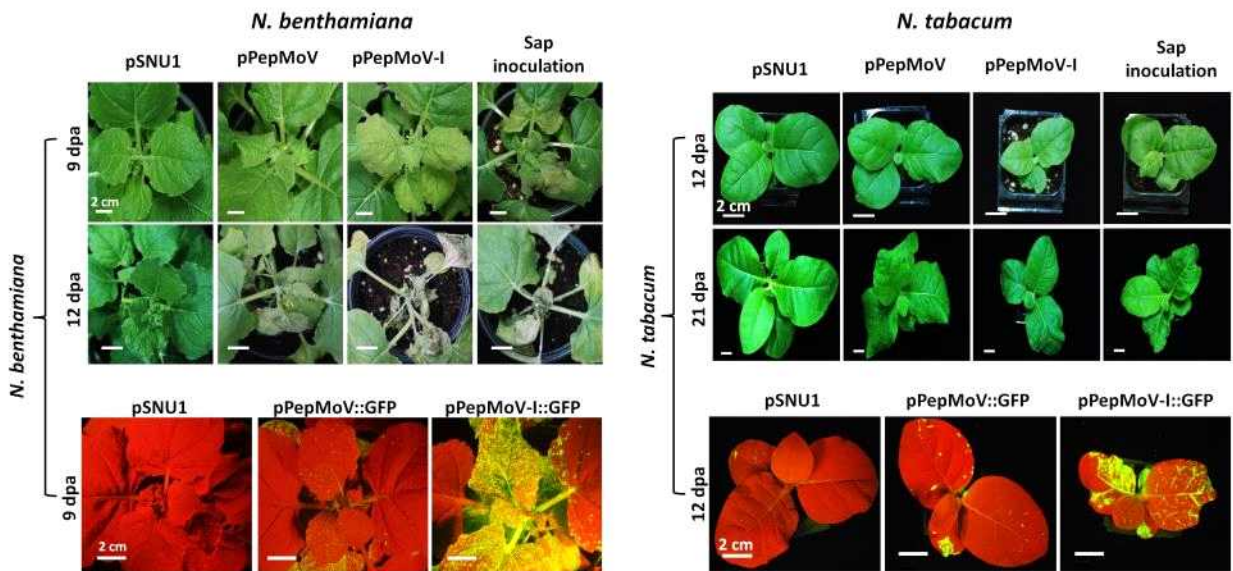


그림 9. 식물 intron을 포함한 고추 모틀 바이러스 감염성 벡터의 감염 능력

⑤ TALEN을 이용한 유전자 편집기술 기반 벡터 개발

- TALEN은 DNA 결합영역과 DNA 절단 영역으로 구성된 단백질이다. DNA 결합 영역 중 RVD unit에 의하여 염기서열이 인지되고 인지되어지는 염기서열은 endo-nuclease에 의하여 절단 되게 된다.

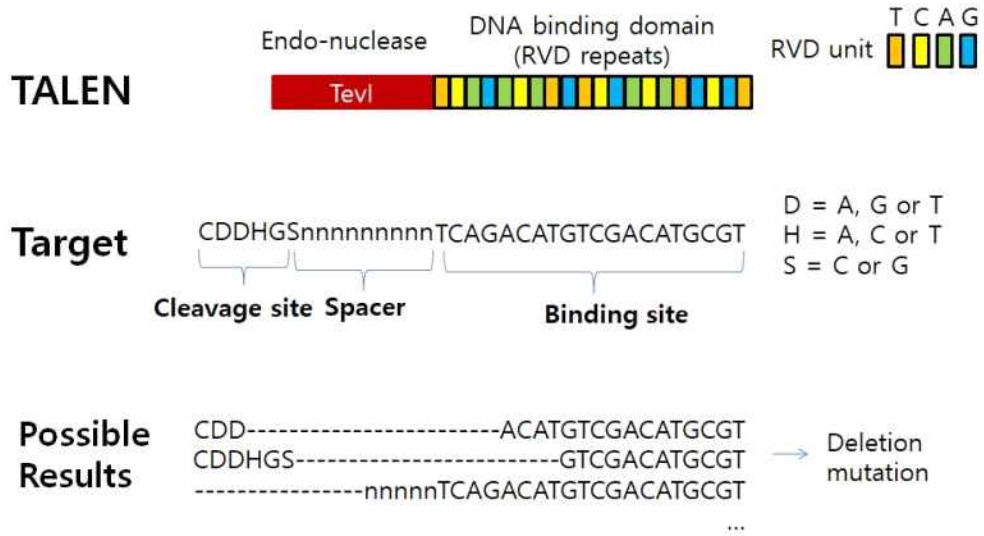


그림 10. TALEN 기반 유전자 편집 기술 모식도

- 이러한 TALEN 모듈을 이용하여 potyvirus인 soybean mosaic virus (SMV) 의 감염성 DNA 클론에 도입하였다. TALEN 모듈은 P1와 HC-pro 유전자 사이에 제한효소를 이용하여 도입하였다. endo-nuclease와 RVD 사이에 존재하는 Xba I / Mlu I 제한효소를 사용하여 클로닝 여부를 확인하였고 최종적으로 클로닝이 완료된 DNA 클론을 선발하였다. 3차년도에는 개발된 pSMV-Dual-TevI 벡터를 이용하여 식물에서 target 유전자의 editing에 관한 연구를 수행하고자 한다.

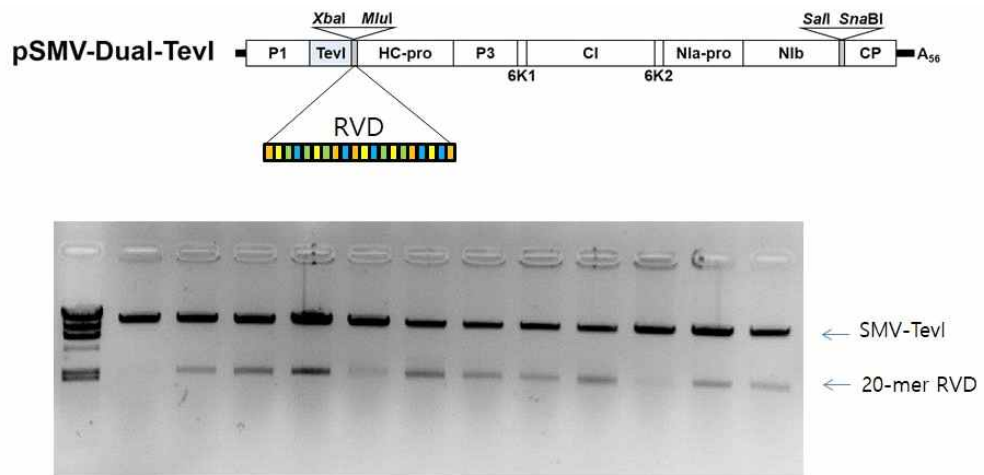


그림 11. SMV 벡터에 도입된 TALEN 구조

⑥ 주요 식물 바이러스 검정 매뉴얼 작성

- 2차년도 연구 기간 동안 주요 식물 바이러스 검정 방법을 개발하고 이와 관련된 매뉴얼을 작성하였다. 표 1의 방법을 이용하여 바이러스에 감염되거나 감염이 의심되는 시료에서 바이러스 RNA를 추출한다. 추출한 RNA를 이용하여 reverse transcription 반응을 수행하고 각 바이러스 별 특이적으로 제작된 primer를 이용, PCR을 수행한다. Reverse transcription 반응과 PCR 반응의 과정은 다음과 같다. 먼저, 3ug의 total RNA와 제작한 각 바이러스의 primer 중 reverse primer를 이용하여 Reverse transcriptase(Promega)로 1시간 반응하였다. 반응 후 얻은 cDNA 2ul에 4ul 2.5mM dNTP, 10X Ex Taq Buffer(100mM Tris-HCl(pH 8.3), 500mM KCl, 20mM MgCl₂), 각 25pmole/ul primer sets, 2.5 unit Ex Taq(TaKaRa)를 넣고 총 반응량을 50ul로 맞춘다. PCR 조건은 94°C 3분, 94°C 20초, 56°C 1분, 72°C 40초에서 35cycle/ 72°C 10분/ 4°C 이다. PCR 산물을 전기영동을 통해 확인하고 바이러스 특이적인 DNA의 증폭 여부를 통하여 해당 바이러스의 감염 여부를 결정할 수 있다.

표 1. 바이러스 감염 시료를 이용한 바이러스 RNA 추출 방법

Silica column RNA extraction kit를 이용한 RNA 분리 방법	Viral dsRNA 분리 방법
<ul style="list-style-type: none"> ① 식물 잎 또는 가지의 마쇄 후 5 mg~20 mg 정도를 2 ml tube에 옮겨 담는다. ② 각 tube에 600 µl의 Lysis buffer를 넣고 vortexing ③ 1분간 최대속도 (12,~13,000rpm)에서 원심분리하고 상층액을 새 tube에 옮겨 담는다. ④ 300µl의 Isopropanol을 첨가하고 5~6회 inverting하여 섞은 다음 내장된 column에 옮겨담는다. ⑤ 1분간 원심 분리하여 내린 용액을 버리고, 600 µl의 Wash 용액으로 세척 ⑥ column을 약 1분간 최대속도로 원심 분리하여 Washing buffer를 완전히 제거한다. ⑦ column을 새 tube에 옮긴 다음, 약 50~100 µl의 elution buffer를 넣고 실온에서 약 5분간 둔다. ⑧ 약 2분간 원심분리한 후, 약 5 µl 정도 취해서 1% agarose gel에서 확인한다. 	<ul style="list-style-type: none"> ① total RNA 용액에 최종 2 M 이되도록 LiCl을 첨가한 후, 4°C 에서 16시간 배양시킨다. ② 13000rpm에서 15분간 원심 분리하여 ssRNA를 침전시킨 다음, 상층액을 취한다. ③ 취한 dsRNA를 포함하고 있는 상층액에 동량의 isopropanol과 0.1배의 5M ammonium acetate를 첨가하고, - 20°C 에서 2시간 침전시킨다. ④ 13000 rpm에서 15분간 원심 분리하여 dsRNA pellet을 얻은 다음, 75% Et-OH로 13000 rpm에서 5분간 원심 분리하여 washing한다. ⑤ pellet의 양을 비교하여 적당량의 DEPC-dH₂O를 넣는다.

표 2. 바이러스 진단용 특이 프라이머

Index	Name	Amplified region	Accession No.	Primer sequences	Length	Tm (°C)	size
1	CVYV-1_F	Coat protein	NC_006941	5'-GAATGGCACAAGTGATGAGAGG-3'	22	55.8	334
2	CVYV-1_R	Coat protein	NC_006941	5'-ATTAGCGGCAAGTGTCTGGTG-3'	21	56.4	334
3	CVYV-2_F	Coat protein	NC_006941	5'-GGCACAAGTGATGAGAGGAAAAC-3'	23	56.4	331
4	CVYV-2_R	Coat protein	NC_006941	5'-CATTAGCGGCAAGTGTCTGGTG-3'	22	59.1	331
5	CYSDV-1_F	Coat protein	AJ243000	5'-GGACGGCTGACTTTATCAATTATG-3'	24	55.7	301
6	CYSDV-1_R	Coat protein	AJ243000	5'-TGTGACAGTTATAATATTTCTTTTC-3'	26	50.9	301
7	CYSDV-2_F	Coat protein	EF538681	5'-CATGCACGGTGACCAAAAAGAAG-3'	22	59	289
8	CYSDV-2_R	Coat protein	EF538681	5'-CAAAGCCTGGCATTTCATCAAC-3'	22	58.1	289
9	PAMV-1_F	RNA polymerase	NC_003632	5'-GCTGTGGGCTGTGTGTAAG-3'	20	52.8	338
10	PAMV-1_R	RNA polymerase	NC_003632	5'-TCCAATTGTCTTAAATGAACGC-3'	22	53.4	338
11	PYDV-1_F	Nucleocapsid	EU183122	5'-CGTCAGTTCGTGACAGTGT-3'	20	56	196
12	PYDV-1_R	Nucleocapsid	EU183122	5'-TCTGATTCTAGTCCACGCTGC-3'	21	54.2	196
13	PYDV-2_F	Nucleocapsid	EU183122	5'-GATGCAGTCAGCGGAAGTCAC-3'	21	56.8	253
14	PYDV-2_R	Nucleocapsid	EU183122	5'-GGTAATGGCTGGCAGTCCA-3'	19	55.4	253
15	ToCV-1_F	Coat protein	FM206381	5'-GAGGTTAGACCCAAAATGTCCG-3'	22	56.2	196
16	ToCV-1_R	Coat protein	FM206381	5'-CTGAGATATTCATCAACGAACCAT-3'	24	53.8	196
17	BNYVV-1_F	Coat protein	AY771348	5'-GATCGATGGGCCGTGTTC-3'	20	60.8	474
18	BNYVV-1_R	Coat protein	AY771348	5'-CAGGTGTCCATGGTAACTTCAAC-3'	23	54.8	474
19	ChiVMV-1_F	Coat protein	NC_005778	5'-CAAGCTCAGCCACAGTCTCGTC-3'	23	58.6	550
20	ChiVMV-1_R	Coat protein	NC_005778	5'-CGCGCTAATGACATATCGGTAAG-3'	23	57.5	550
21	CSNV-1_F	Coat protein	AB438998	5'-GCGGAATACTCTGCACGACTTG-3'	22	58.4	601
22	CSNV-1_R	Coat protein	AB438998	5'-GCTCTTTGTGCTTGAATCCTG-3'	22	55.4	601
23	CDV-1_F	Coat protein	AB179622	5'-CAAGATCGAGATGTGAATGCTG-3'	22	54.5	662
24	CDV-1_R	Coat protein	AB179622	5'-GTGTGACGTTCCGGTATCCTCTC-3'	23	56.2	662
25	IYSV-1_F	RNA polymerase	AF067070	5'-TCTGGTGAGTGCATATGGTTTGA-3'	23	56.7	420
26	IYSV-1_R	RNA polymerase	AF067070	5'-CTTGGAGGATTCTTGGGTTTAG-3'	23	56.9	420

㉞ 베트남 지역의 토마토 종자 시료를 이용한 종자 감염 바이러스 검정

- 베트남 지역에서 상업적으로 판매되고 있는 토마토 종자를 확보하여 이를 이용한 RNA-seq 분석을 수행하였고 종자에 감염되어 있는 바이러스에 분포 조사를 하였다.

표 3. RNA-seq에 사용된 베트남 고추 및 토마토 종자

Seed	Code	Company
Tomato	HT9	HT seeds
Tomato	HT160	HT seeds
Tomato	VNS 585	SSC
Tomato	MONACO (VA.11)	VIETA(packagedinVietnam,Indiaorigin)
Tomato	PEAR (VA.71)	VIETA(packagedinVietnam,Indiaorigin)
Tomato	VO HAN (VA.125)	VIETA(packagedinVietnam,Indiaorigin)
Tomato	SAMOVI (VA.72)	VIETA(packagedinVietnam,Indiaorigin)
Tomato	Naln	GIONGMOI(packagedinVietnam,Indiaorigin)
Tomato	NH2746 (VL017)	NONG HUU
Tomato	DVS 269	NAMDHARI seeds (India)
Tomato	SONG HONG	PHU DIEN
Tomato	RELISH (S-101)	SAKATA (Thailand)
Tomato	BIGTO	LUCKYSEEDS(packagedinVietnam,Netherlandorigin)
Tomato	MONTAVI	EAST-WEST SEED (Semini breeding technology)
Tomato	CTV 68	CHIA TAI SEED (Thailand)
Tomato	TV-01 SAVI	TreVietseeds(packagedinVietnam,Thailandorigin)
Tomato	NOVA	NONGWOO BIO (Korea)

- 토마토 종자를 pooling 하여 Total RNA를 추출하였고 NEBNext Ultra RNA library prep kit을 이용, RNA-seq library를 제작하였고 pair-end sequencing 방법을 사용하여 RNA-seq을 수행하였다. 수행한 RNA-seq library에 대한 정보는 표 4와 같다.

표 4. RNA-seq library에 대한 정보

NGS	Sample	Total read bases (bp)	Total reads	GC(%)	AT(%)	Q20(%)	Q30(%)
1st	Tomato (seed)	7,728,948,644	76,524,244	44	55.57	94.48	90.11
2nd	Tomato seeds	4,842,375,714	47,944,314	43.41	56.59	93.69	88

- NCBI viral reference database를 이용하여 종자에 감염되어 있는 virus sequences를 mapping하였고 확보한 contig를 조립하여 해당 virus와 비교 분석하였다. 2회에 걸쳐서 시료 수집을 하였고 토마토 종자에 감염되어 있는 식물 바이러스는 표 3과 같다.

표 5. 베트남 지역 판매되는 고추 및 토마토 종자 감염 바이러스

NGS	sample	Accession	virus name	length	No. of reads	No. of contigs
1st NGS	tomato seeds	NC_002692.1	Tomato mosaic virus	6,383	261931	11
		NC_002034.1	Cucumber mosaic virus RNA 1	3,357	228	3
		NC_002035.1	Cucumber mosaic virus RNA 2	3,050	145	7
		NC_001440.1	Cucumber mosaic virus RNA 3	2,216	338	2
		NC_005778.1	Chilli veinal mottle virus	9,711	1962	10
		NC_011591.1	Southern tomato virus	3,437	862	6
		NC_003630.1	Pepper mild mottle virus	6,357	392	8
2nd NGS	tomato seeds	NC_003538.1	Columnnea latent viroid	370	18	1

- 2NA-seq 분석 결과 토마토 종자에서는 Tobamovirus 1종 (tomato mosaic virus), Cucumovirus 1종 (cucumber mosaic virus), Potyvirus 2종 (chili veinal mottle virus, pepper mild mottle virus), Amalgavirus 1종 (southern tomato virus), columnnea latent viroid가 검출되었다.

⑧ 바이러스 병리 검정 지원

- 1-1 세부과제 연구팀에서 수행하는 고추 연구와 관련하여 고추 품종을 재배하고 있는 포장에서 발생한 바이러스 감염 의심 시료를 분석하였다. 바이러스 감염 의심시료에서 total RNA를 추출하고 이를 template으로 이용하여 RT-PCR을 수행하였다. 국내에서 주로 발생하는 고추 바이러스의 특이적 프라이머 6종(cucumber mosaic virus, pepper mottle virus, broad bean wilt virus 2, tomato spotted wilt virus, pepper mild mottle virus, chilli veinal mottle virus)을 이용하여 RT-PCR을 수행하였다. 바이러스 검정 결과 총 15개 시료에서 CMV와 BBWV2가 공통적으로 확인되었다. 해당 고추 포장에서 발생하는 고추 바이러스 병징은 CMV와 BBWV2의 복합감염에 따른 바이러스 병징이라고 추측할 수 있다.

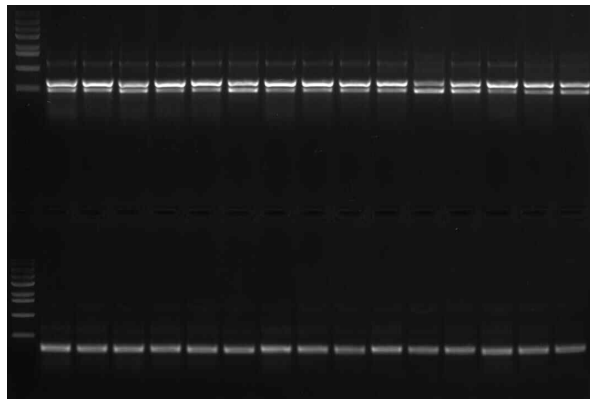


그림 12. 바이러스 감염 의심 고추 시료를 이용한 바이러스 검정
(CMV-위, BBWV2-아래)

(3) 제 1-1 협동: 응성불임성을 활용한 *Allium*속 식물 F1품종 육종기술 개발 및 인력양성

과제번호	제 (1 - 1)협동과제					
세부 연구과제명	국문	응성불임성을 활용한 <i>Allium</i> 속 식물 F ₁ 품종 육종기술 개발 및 인력양성				
	영문	Development of F ₁ hybrid varieties of <i>Allium</i> species using male-sterility and breeding education				
세부 연구책임자	한글성명	김성길	영문성명	Sunggil Kim	과학기술인 등록번호	
	소속기관	전남대학교	부서명 (학과명)	원예생명공학과	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	70,000	70,000	110,000	250,000	
	기업부담금					
	기타					
	합계	70,000	70,000	110,000	250,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴 교육	
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용 창출	투자유치		SCI	비SCI	학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용		홍보전시
											논문								학술발표	
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건		명	명	명				
가중치																				
최종목표	3	2		2	10							9	5	2	17	4	6			16
1단계	목표											3	2		5					6
	실적	2										5	1		4		3			2
2단계	목표	1			1							3	3		6	3				8
	실적	4	3		1	3						12	1	2	6		7			3
3단계	목표	2	2		1	10						3		2	6	1	6			2
	실적	2	2		1	5						8	1		4	1	4			10
최종	목표	3	2		2	10						9	5	2	17	4	6			16
	실적	8	5		2	8						25	3	2	14	1	14			15

① 논문게재 성과

게재 연도	논문명	저자			학술지명	Vol. (No.)	국내외 구분	SCI 구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2018	Identification of the <i>S</i> locus core sequences determining self-incompatibility and <i>S</i> multigene family from draft genome sequences of radish (<i>Raphanus sativus</i> L.)	김동선	김성길		Euphytica	214	국외	SCI
2018	Identification of chromosomal translocation causing inactivation of the gene encoding anthocyanidin synthase in white pomegranate (<i>Punica granatum</i> L.) and development of a molecular marker for genotypic selection of fruit colors	정현주	김성길	박문영	Hort Env Biotechnol	59	국내	SCI
2019	Development of a new <i>S</i> locus haplotyping system based on three tightly linked genes in the <i>S</i> locus controlling self-incompatibility in radish (<i>Raphanus sativus</i> L.)	김동선	김성길		Sci Hortic	243	국외	SCI
2019	Identification of a gene responsible for cytoplasmic male-sterility in onions (<i>Allium cepa</i> L.) using comparative analysis of mitochondrial genome sequences of two recently diverged cytoplasms	김봉주	김성길	양태진	Theor Appl Genet	132	국외	SCI
2019	Inheritance of Fertility Restoration of Male-sterility conferred by Cytotype Y and Identification of Instability of Male Fertility Phenotypes in Onion (<i>Allium cepa</i> L.)	김봉주	김성길	김철우	J Hort Sci Biotechnol	94	국외	SCI
2019	Development of molecular markers for distinguishing onion (<i>Allium cepa</i> L.) and Welsh onion (<i>A. fistulosum</i> L.) based on polymorphic mitochondrial genome sequences	김봉주	김성길		Plant Breed Biotechnol	7	국내	비SCI
2019	Identification of a variant of CMS-T cytoplasm and development of high resolution melting markers for distinguishing cytoplasm types and genotyping a restorer-of-fertility locus in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	김봉주	김성길		Euphytica	215	국외	SCI

2020	Transposition of a non-autonomous DNA transposon in the gene coding for a bHLH transcription factor results in a white bulb color of onions (<i>Allium cepa</i> L.)	조창영	김성길			Theor Appl Genet	133	국외	SCI
2020	Construction of a linkage map flanking the <i>I</i> locus controlling dominant white bulb color and analysis of differentially expressed genes between dominant white and red bulbs in onion (<i>Allium cepa</i> L.)	서인호	김성길	김주경 문제학		Euphytica	216	국외	SCI

② 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원 연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록 연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2019	양파와 대파 구별용 조성물	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0075209	2017	노균병 저항성 양파 선별용 마커	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-1785084
2019	양파의 응성불임 판별용 조성물	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-2019-0075208	2017	무의 자가불화합성 결정 유전자형 선별용 프라이머	전남대학교 산학협력단	대한민국	10-1783996

③ 기술료징수 현황

기 징수액	당해연도 징수액	향후 징수액	합계
	5,000,000원		

- 기술이전 및 기술지도 내용

년도	기술이전 내용	대상	기술료
2020	양파의 임성회복 관련 분자 마커 및 응성-가임 또는 응성-불임의 선별방법 외 2건	주식회사 제농 에스앤티 농업회사법인	5,000,000원

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계 1차년도	<ul style="list-style-type: none"> 양파 정상과 CMS-T 응성불임 세포질의 미토콘드리아 염기서열 확보 및 응성불임 유기유전자 탐색 	<ul style="list-style-type: none"> 정상과 CMS-T 세포질의 미토콘드리아 염기서열을 비교분석 함으로써 응성불임 후보 유전자인 <i>orf725</i>의 존재 확인. <i>orf725</i> 주변 서열에 대해 CMS-S, CMS-T에서 비교 분석하였을 때 <i>orf725</i> 부분은 polymorphism이 존재하지 않았기 때문에 응성

			불임에 중요한 역할을 수행할 것으로 생각 됨.
		• 다양한 대파 유전자원 수집	• 무안의 국립원예특작과학원에서 23가지의 대파 유전자원을, 미국의 ARS-GRIN 기관에서 90가지의 다양한 대파 유전자원을 확보.
		• 육종인력 양성프로그램 운영	• 2명의 석사과정 학생의 졸업 • 2명의 석사 진학 학생 선발 • 6명의 2학년 학부생을 프로그램에 참여 • 신입생 오리엔테이션을 위한 워크숍 개최
	2차년도	• 양파에서 cytotype Y 세포질에 의한 응성불임의 회복에 따른 유전양상과 응성불임 불안정성 확인	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Cytotype Y의 유전양상을 파악하기 위해 SL, OP1 집단을 육성하여 분리양상을 분석(CMS-Y 세포질로 명명). ▪ RF31446의 genotype과 표현형이 일치하지 않는 불안정한 응성불임 개체를 확인. ▪ OP2 집단을 육성하여 10개체의 추가적인 불안정한 응성불임 개체를 확인하였고, 2개체는 안정적인 응성불임개체와 교배하고 4개체는 자가수정을 진행하여 종자가 형성됨을 확인. ▪ 결과적으로 불안정한 응성불임 개체의 꽃가루는 임성을 가짐.
		• 양파와 대파를 구별할 수 있는 분자표지 개발	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 양파와 대파의 mitochondrial genome에 존재하는 atp9 유전자 주변 서열을 분석하였고 양파와 대파 사이에서 유사성이 없는 5' UTR부분을 확인. ▪ atp9의 5' UTR 부분을 이용하여 대파에 specific primer(Bunching-F1), 양파에 specific primer(Onion-F1), 그리고 공통 primer(Con-R1)를 개발하였고 양파와 대파를 완벽하게 구별하는 결과를 확인하였음. ▪ atp9의 3' UTR 서열을 비교했을 때 1개의 InDel과 2개의 SNP를 확인하였고 1개의 SNP를 대상으로 양파와 대파를 구별하는 HRM 분자표지를 개발하였음.
		• 육종인력 양성프로그램 운영	• 1명의 석사 진학 학생 선발 • 6명의 2학년 학부생을 프로그램에 참여 • 신입생 오리엔테이션을 위한 워크숍 개최
	3차년도	• 대파의 응성불임 유기 후보 유전자 탐색	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 이전에 보고된 SCAR1, SCS13 분자표지를 활용하여 정상세포질과 응성불임 세포질을 구별. ▪ 주요 유전자(<i>atp1</i>, <i>atp4</i>, <i>atp6</i>, <i>atp9</i>, <i>cox1</i>, <i>cox2</i>, <i>cox3</i>)에 대해 Genome walking을 수행 ▪ <i>atp9</i> 유전자의 3' 부분에 정상세포질과 응성불임 세포질사이에 차이를 보임 ▪ <i>atp9</i> 유전자의 146bp 부분과 알려지지 않은 서열의 구조를 가진 <i>orf224</i> 확인
		• 대파의 정상 세포질과 응성불임 유기 세포질 구별 분자	▪ 정상 세포질과 응성불임 세포질에 존재하는 <i>orf224</i> 의 구조를 기반으로 응성불임과 세포질

		표지 개발	<ul style="list-style-type: none"> 을 구별하는 분자표지를 개발. ▪ 국내외 다양한 계통에 적용하여 신뢰성 검증 필요
		<ul style="list-style-type: none"> • 육종인력 양성프로그램 운영 	<ul style="list-style-type: none"> • 1명의 박사과정 학생과 2명의 석사과정 학생의 졸업 • 2명의 석사 진학 학생 선발 • 8명의 2학년 학부생을 프로그램에 참여 • 신입생 오리엔테이션을 위한 워크숍 개최

(다) 기타 주요연구 성과 (자유 기술)

① 양파에서 응성불임을 일으키는 CMS-T 세포질과 정상 세포질의 미토콘드리아 염기서열 비교 분석을 통한 응성불임 유기 유전자 탐색

㉞ 2가지 세포질에 대한 미토콘드리아 염기서열 확보

○ 정상과 CMS-T 세포질에 대한 미토콘드리아 염기서열을 확보하기 위해서 Next-generation sequencing 기술을 이용한 Whole genome sequencing을 수행하였다. 그 결과, Normal과 CMS-T에서 각각 8, 9개의 contig를 확보하였다. 각각의 contig중에서 8개는 동일한 구조와 염기서열을 가졌고 1개의 contig는 CMS-T에서만 존재하였다(그림 1). 각각의 contig 양 끝에 primer를 디자인하여 모든 조합으로 PCR을 수행하였다. 그 결과 contig 2번과 contig 7번이 연결되었고 contig 3번과 contig 4번이 연결되어 5가지 scaffold를 확보하였다(그림 2).

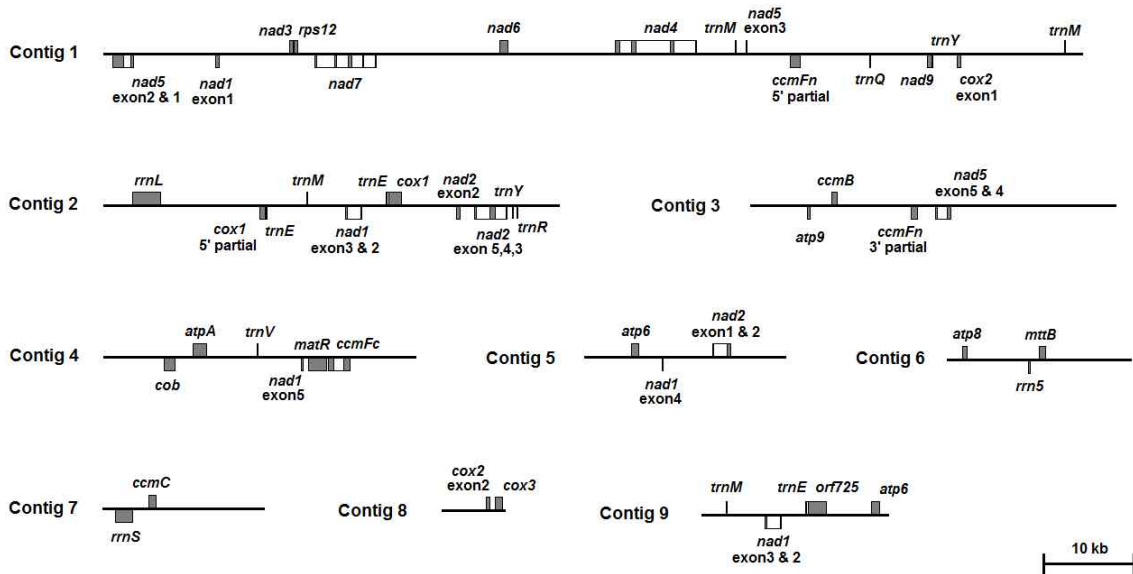


그림 1. NGS분석을 통해 확보한 9가지 contig 구조

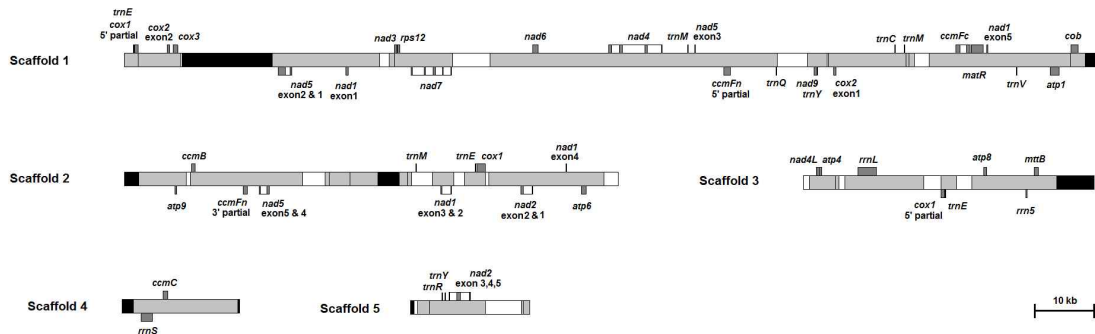


그림 2. 최종적으로 연결된 5가지 scaffold 구조

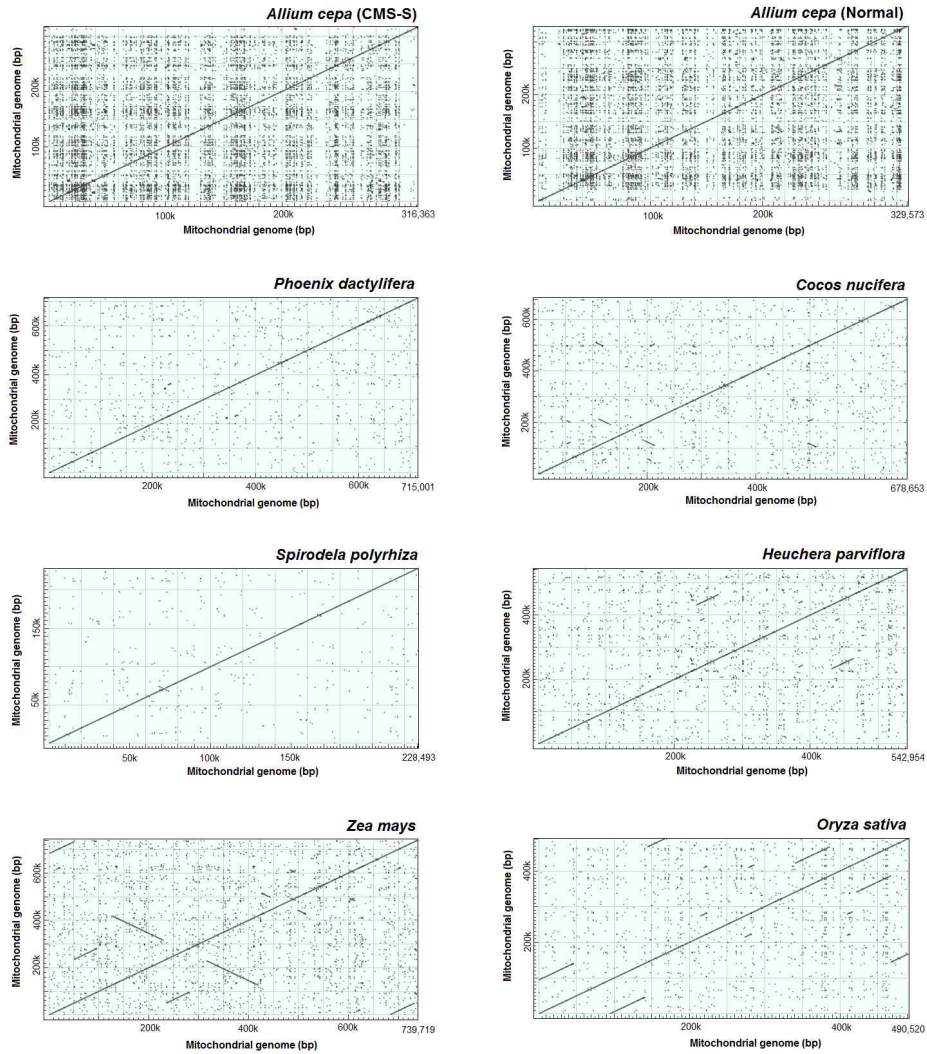


그림 4. 미토콘드리아 유전체에 분포하는 반복서열

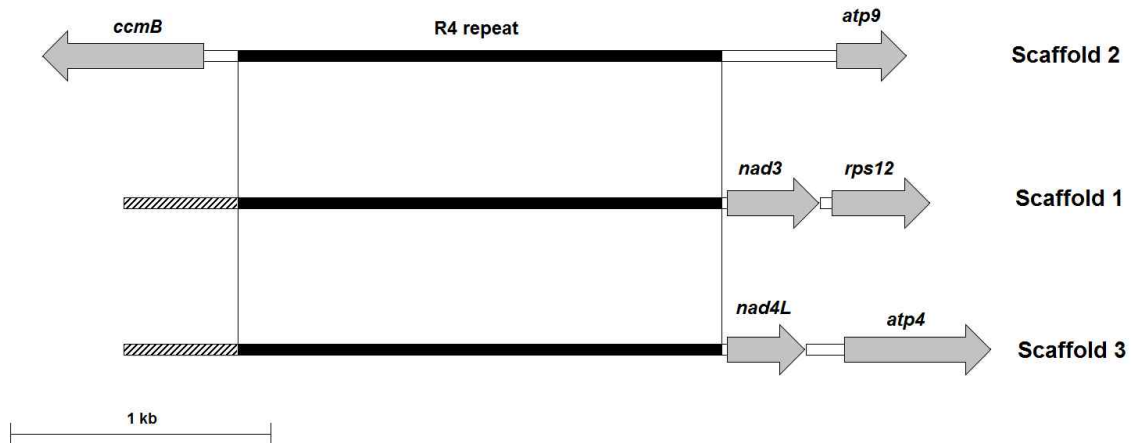


그림 5. 3가지 Scaffold에 존재하는 R4 repeat의 flanking 구조

표 1. Scaffold에 존재하는 엽록체 유사서열

Fragment	Position		Size (bp)	Homology with chloroplast sequences (%)	Presence in the CMS-S mitochondrial genome ^a
	Scaffold	Coordinate			
1	1	8437-23912	15,476	98.6	-
2	1	37447-37665	219	86.7	+
3	1	46843-47210	368	92.7	+
4	1	98606-99156	551	95.3	+
5	1	129164-129686	523	88.7	+
6	1	153554-153713	160	95.6	+
7	1	160875-162551	1,677	99.1	-
8	2	1-2277	2,277	98.0	-
9	2	42598-46109	3,512	99.5	-
10	4	4743-4957	215	98.6	-
11	5	16535-22791	6,257	99.5	-
12	6	1-1867	1,867	98.9	-
13	6	19486-19797	312	89.6	+
14	7	1-584	584	99.8	-
Total			33,998		

㉔ 정상과 CMS-T의 미토콘드리아 염기서열 비교분석을 통한 응성불임 후보 유전자 동정

- 이번 연구에서 정상과 CMS-T에서 각각 5, 6가지의 scaffold를 확보하였고 확보된 5가지 scaffold는 동일한 구조를 가지고 있었다. 동일한 5가지 scaffold에 대해서 염기서열 비교분석을 수행한 결과 2번 scaffold에 3개의 SNP만이 확인되었다. 확인된 3개의 SNP는 유전자의 coding region에 존재하는 것이 아니기 때문에 응성불임을 유기하는데 중요하지 않을 것으로 생각되었다. 따라서 CMS-T에서만 존재하는 1개의 scaffold가 응성불임 유기에 중요할 것으로 생각되었다.
- 해당하는 scaffold에는 이전 연구에서 양과 응성불임 후보유전자로 추정되는 *orf725* 유전자가 포함되었다. *orf725* 유전자는 *cox1* 유전자의 일부와 알려지지 않은 서열이 조합된 chimeric 구조이다. 따라서 *orf725* 유전자의 기원을 추정하기 위해서 3가지 세포질 타입 (normal, CMS-S, CMS-T)를 대상으로 *orf725* 유전자와 *cox1* 유전자의 flanking region에 대한 비교분석을 수행하였다 (그림 6). CMS-S와 CMS-T의 *orf725*에 대한 flanking region을 분석하였을 때 *orf725* 유전자를 포함하는 16,210 bp 부분이 공통적으로 존재하였다.
- 공통적인 부분에 대해서 CMS-T와 CMS-S 사이에 15개의 SNP와 5개의 Indel을 확인하였고 99.2%의 유사성을 보였다. Normal과 CMS-T의 *cox1* 유전자와 *orf725* 유전자 flanking region을 비교 분석하였을 때, *orf725*의 *cox1* 유전자 부분과 5' UTR에 해당하는 5,241 bp 부분이 공통적으로 존재하였다. 또한 *orf725*의 3' end 부분에 해당하는 10,099 bp가 *cox1* 유전자의 뒷부분에 존재하는 것으로 확인되었다. 5' end 부분과 3' end 부분은 100% 동일한 염기서열을 가지고 있었고 5' end

부분은 방향성이 동일하였지만 3' end 부분은 방향성이 바뀌진 것을 확인할 수 있었다. 따라서 *orf725* 주변 부분에서 genome rearrangement가 나타났기 때문에 repeat에 대한 homologous recombination을 분석하였지만 관여하는 특별한 repeat은 확인되지 않았다.

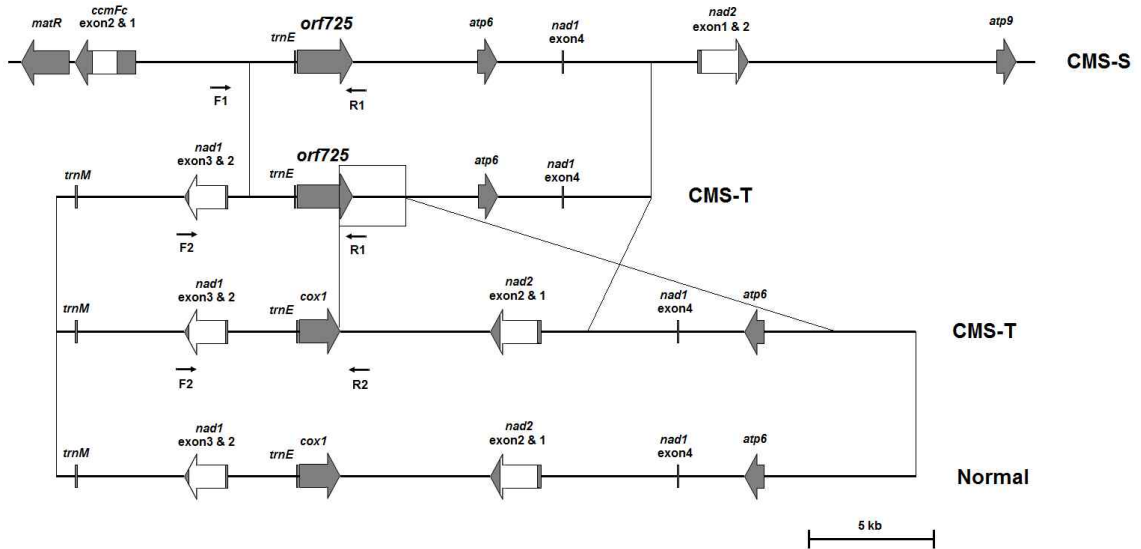


그림 6. 세가지 세포질에 존재하는 *orf725*, *cox1*의 flanking region에 대한 구조 분석

- CMS-T의 구조에서 CMS-S와 유사한 부분이 확인되었기 때문에 CMS-T에서도 CMS-S의 유전체 구조 일부가 subgenome으로 존재할 것으로 생각되었다. 따라서 각각의 공통적 부분에 대한 주변 염기서열을 이용하여 *orf725*-F1/ *orf725*-F2/ *orf725*-R1/ *orf725*-R2를 디자인하였고 PCR을 수행한 결과, CMS-T에서 CMS-S의 구조가 subgenome으로 연하게 나타나는 것을 확인할 수 있었다(그림 7). CMS-T에서 확인되는 subgenome의 염기서열을 분석한 결과 CMS-S에선 존재하지 않은 1,827 bp의 insertion 염기서열이 존재하였고 scaffold1에서도 동일한 구조로 존재하였다(그림 8). 따라서 CMS-T는 Normal의 세포질에서 CMS-S의 유전체 일부가 들어와 CMS-S의 구조와 normal의 구조 사이에 homologous recombination에 의해 CMS-T가 만들졌을 것으로 추정된다(그림 9).

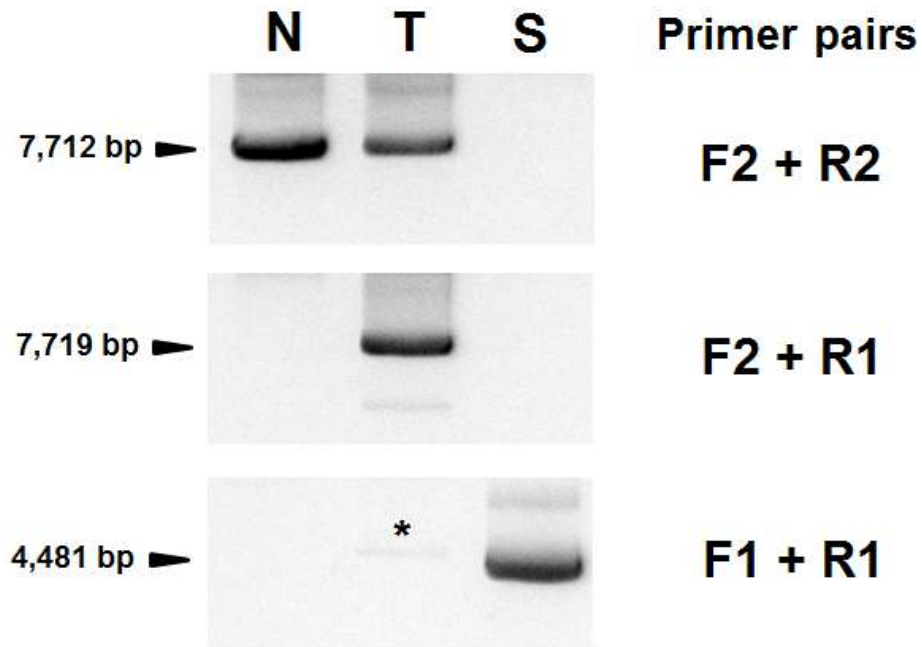


그림 7. *orf725*를 포함하는 구조에 따른 subgenome 존재여부 확인

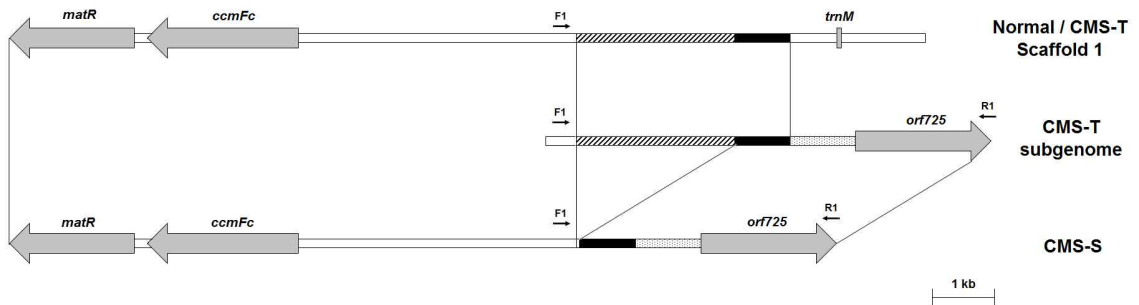


그림 8. CMS-T에서 존재하는 *orf725* 유전자 관련 subgenome의 구조

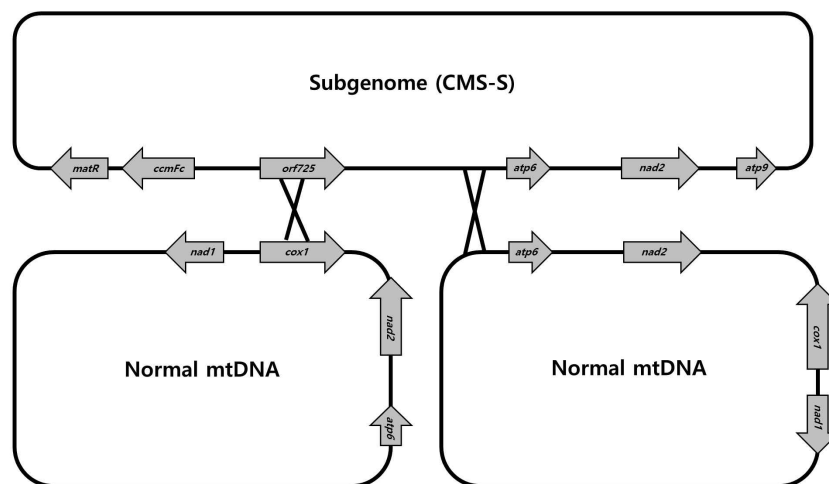


그림 9. CMS-T 세포질에 대한 기원 추정

- 이전 연구에서 확인된 유력한 응성불임 후보 유전자인 *orf725* 유전자는 다른 보고된 응성불임 유기유전자와 동일하게 transmembrane domain이 존재하였다. *orf725* 유전자의 경우 총 14개의 domain이 확인되었다(그림 10). 이러한 transmembrane domain은 mitochondria의 내막에 이상을 주어 ATP를 생성하는 전자전달계에 영향을 줄 것으로 생각된다. 또한 CMS-T와 CMS-S의 *orf725* flanking region에 대한 염기서열을 비교분석 하였을 때, 22개의 SNP가 확인되었지만 *orf725* 부분은 SNP가 존재하지 않은 것으로 확인되었다(그림 11). 이러한 결과는 *orf725*가 응성불임 세포질에서 특이적인 기능을 수행하기 때문에 mutation이 발생하지 않은 것으로 추정된다. 따라서 이번 연구 결과를 종합하여, CMS-S와 CMS-T에 존재하는 *orf725* chimeric gene은 양파의 응성불임을 일으키는 가장 유력한 후보 유전자임을 확인할 수 있었다.

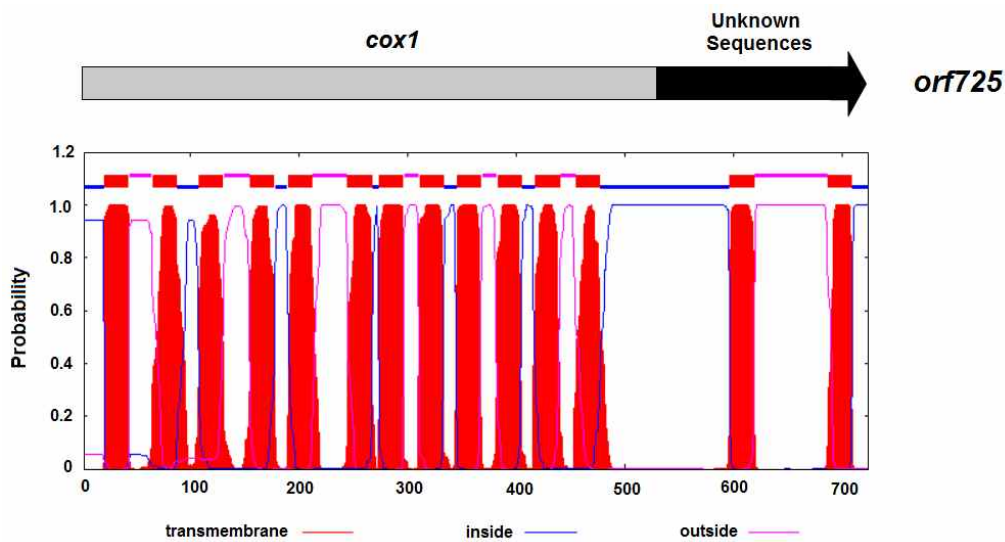


그림 10. *orf725* 유전자의 transmembrane domain의 분포

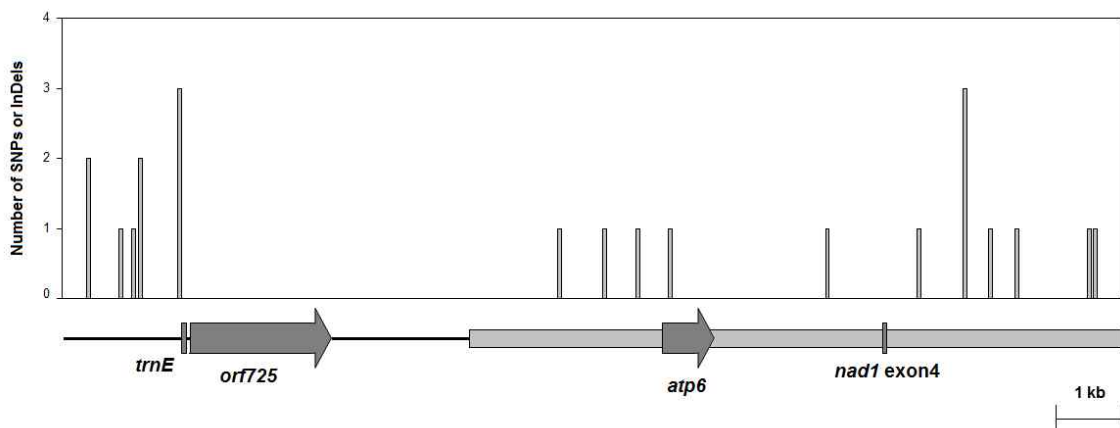


그림 11. CMS-T와 CMS-S에서 존재하는 *orf725* flanking region에 대한 SNP 분포

② 양파에서 cytotype Y 세포질에 의한 응성불임의 회복에 따른 유전양상과 응성 불임 불안정성 확인

㉔ cytotype Y 세포질에 의한 응성불임의 회복에 따른 유전양상

○ 이전 연구에서 엽록체와 미토콘드리아 유전체 구조에 따른 세포질 타입을 구별하였고 2가지 새로운 세포질 타입을 확인하였다. 확인된 세포질 타입을 ‘cytotype X’, ‘cytotype Y’ 로 명명하였다 (Kim et al., 2015). cytotype Y 세포질은 응성 불임 유기 후보유전자인 *orf725* 유전자를 가지고 있었고 이외의 구조는 정상 세포질과 비슷한 구조의 세포질타입으로 확인되었다. 이전 연구에서 cytotype Y 세포질은 2가지 계통(PI273626, PI236025)에서 확인되었다. 응성불임 회복유전자 연관 분자표지인 *jnurf13* 분자표지로 PI273626 계통을 분석한 결과 heterozygous genotype을 발견할 수 있었다. heterozygous genotype을 가지는 개체를 자가수정하여 회복유전자에 따른 분리집단 (S_1)을 육성하였고 S_1 분리집단에서 응성불임과 응성가임의 표현형을 관찰할 수 있었다. 그러나 멘델의 유전법칙에 따른 3:1의 분리비는 보이지 않고 예상보다 응성불임의 개체수가 많이 관찰되었다 (표 2). 하지만 회복유전자와 linkage disequilibrium에 해당하는 분자표지인 RF31446 분자표지로 조사한 결과 표현형과 완벽하게 일치하였다. 이러한 결과는 cytotype Y 세포질을 가지는 응성불임 개체는 단일 회복유전자(MS)에 의해 회복되어짐을 의미한다. 본 연구에서 cytotype Y 세포질을 가지는 양파는 응성불임 표현형이 확인되었기 때문에 cytotype Y 세포질에 의해 유기되는 응성불임을 ‘CMS-Y’ 로 명명하였다.

표 2. cytotype Y 세포질을 가지고 회복유전자에 따른 분리집단(S_1)에서 응성불임 표현형의 분리

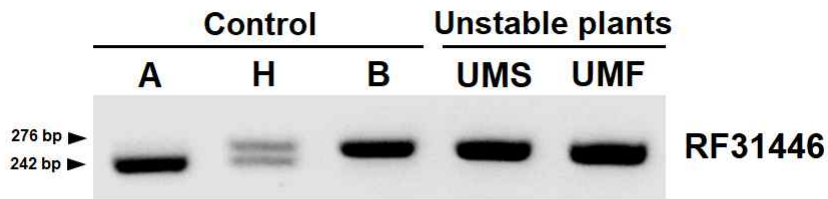
Category	Observed number of plants			Total	χ^2	P
	Male-fertile		Male-sterile			
	<i>MsMs</i>	<i>Msms</i>	<i>msms</i>			
Expected ^a	86.5	173	86.5	346	49.98	0
Observed	31	198	117	346		

㉕ 분리집단에서 관찰된 응성불임이 불안정한 표현형

○ S_1 분리집단을 대상으로 open pollination에 따른 다음 세대(OP₁)를 육성하였다. OP₁ 집단을 대상으로 회복유전자 연관 분자표지인 RF31446 분자표지로 분석을 하였을 때 한 개체에서 RF31446 분자표지 genotype과 표현형이 일치하지 않는 개체를 발견할 수 있었다. 해당 개체는 가임의 표현형을 가지지만 RF31446 분자표지에 대해서 homozygous recessive genotype을 가지고 있었다(그림 12). 분해현미경

을 이용하여 약을 분석하였을 때 분자표지와 일치하지 않는 개체는 꽃가루의 양이 정상적인 가임개체보다 작았지만 정상과 비슷한 표현형을 관찰할 수 있었다(그림 13). 그러나 전자현미경을 이용하여 분석한 결과, 정상적인 꽃가루의 모양과 달리 찌그러진 형태의 꽃가루가 관찰되었다(그림 14). 찌그러진 정도는 꽃가루마다 다양하게 확인되었다(그림 14B,14C). 그러나 정상 세포질의 경우 대부분의 꽃가루가 둥근형태의 모양을 유지하고 있었다(그림 14E). 옹성불임 개체의 경우 해부현미경으로 분석한 결과, 꽃가루를 확인할 수 없었고 전자현미경으로 분석하였을 때 심하게 찌그러진 꽃가루가 일부 발견되었다(그림 14D).

A



B

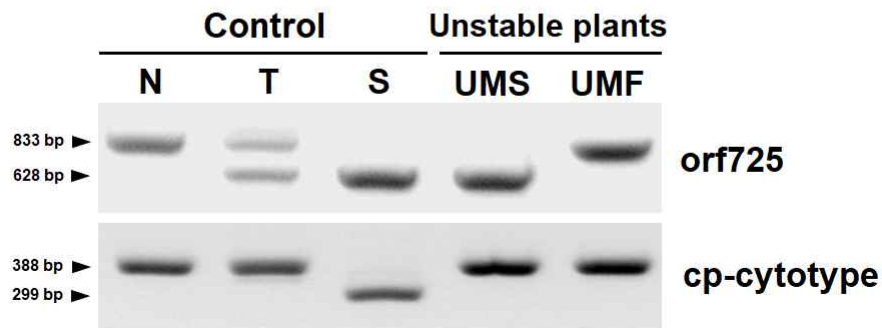


그림 12. 분자표지를 이용한 불안정한 옹성불임과 옹성가임의 회복유전자 genotype과 세포질타입 분석

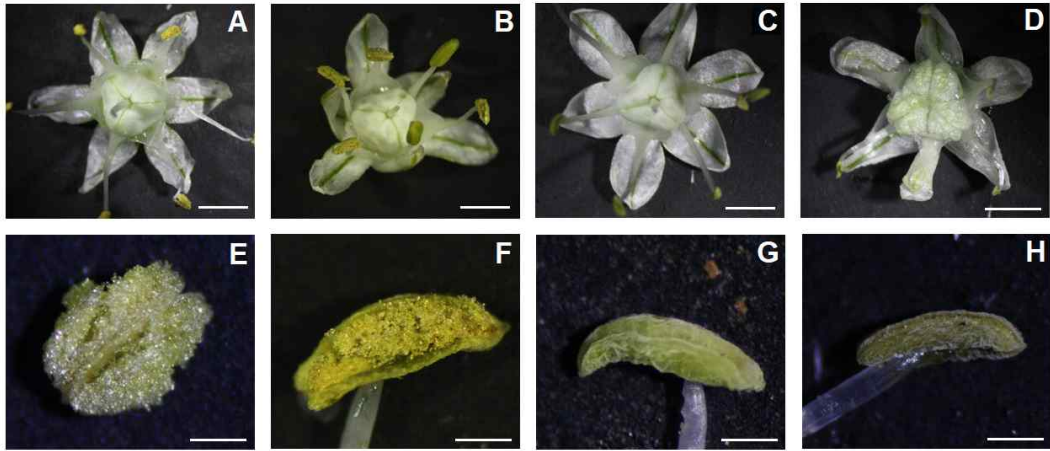


그림 13. 가임 (A,E), 불안정한 응성불임 (B,F), 불안정한 응성가임 (C,G), 응성불임 (D,H)의 꽃과 약의 형태 분석

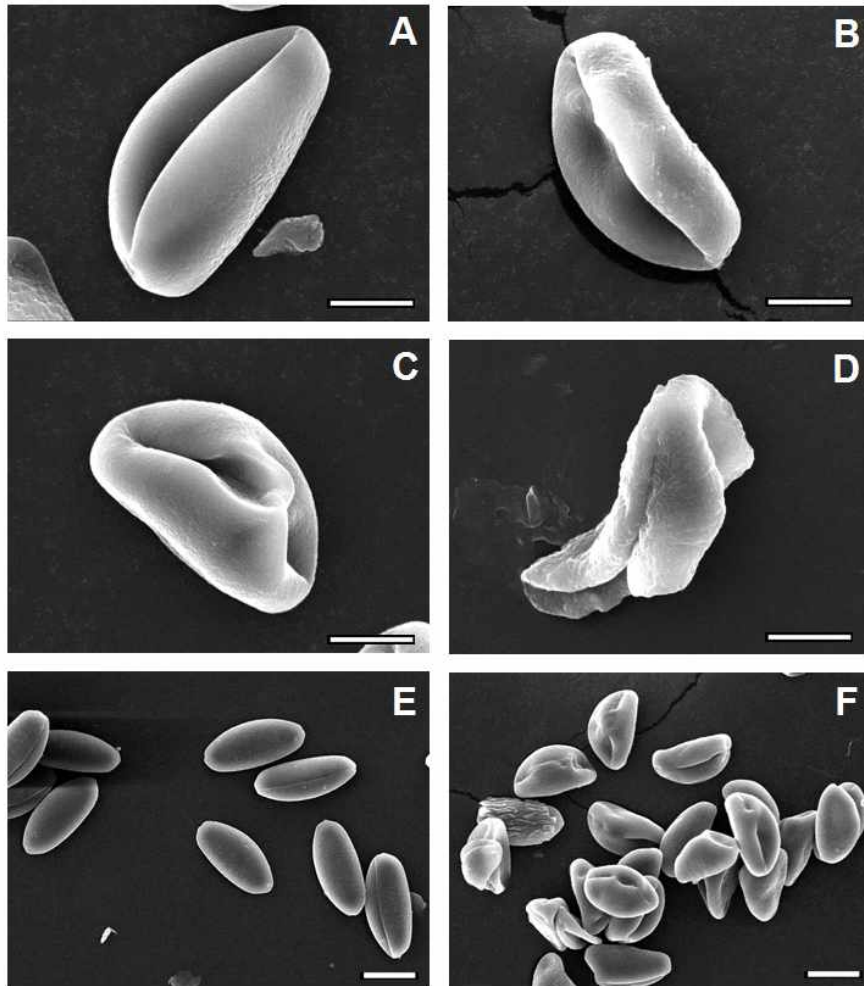


그림 14. 가임 (A,E), 불안정한 응성불임 (B,C,F), 응성불임 (D) 개체의 꽃가루 형태 분석

○ RF31446 분자표지와 표현형이 일치하지 않는 개체는 회복유전자 (*Ms*)와 RF31446 분자표지 사이에서 recombination에 의해 나타났을 가능성도 배제할 수 없다. 따라서 이러한 가능성을 확인하기 위해서 불안정한 응성불임개체를 회복유전자와 연관된 13개 분자표지를 이용하여 분석하였다. 그 결과, 불안정한 응성불임 개체에서 13개의 분자표지에 대한 recombinant는 확인할 수 없었다 (그림 15). 이러한 결과는 불안정한 응성불임개체에서 *Ms* locus와 RF31446 분자표지 사이에 recombinant가 일어나지 않았음을 의미한다.

Population	Plant	Molecular marker												
		RF15334	RF23881	RF24123	RF24998	RF25191	RF28184	RF28314	RF31446	RF31869	RF24501	RF26780	RF27463	RF28839
	PI273626	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H
<i>S₁</i>	<i>S₁</i> (1)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>S₁</i> (2)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>S₁</i> (3)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>S₁</i> (4)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>S₁</i> (5)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
<i>OP</i>	UMS	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>OP</i> (1)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>OP</i> (2)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>OP</i> (3)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>OP</i> (4)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
	<i>OP</i> (5)	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B

그림 15. 13개의 회복유전자 연관 분자표지의 recombination 분석

○ 불안정한 응성불임 표현형을 확인하였을 당시, 꽃이 개화되어있었기 때문에 다음 세대를 받기위해서 open pollination에 의해 *OP₂*집단을 육성하였다. 종자가 생성되는 것은 불안정한 개체에서 female fertility는 정상적으로 기능을 하는 것을 의미한다. 응성불임 불안정 개체는 RF31446 분자표지로 검증하였을 때 homo-recessive genotype이었기 때문에 분석한 *OP₂* 개체는 모두 heterozygous genotype이거나 homo-recessive genotype이 확인되었다. 표현형에 따른 분석을 수행한 결과, 예상대로 가임개체에선 모두 heterozygous genotype을 확인하였다. 그러나 불임개체의 경우 38개체 중 10개체에서 응성불임 불안정 표현형을 띄는 것으로 관찰되었다(표 3).

표 3. 불안정한 응성불임 개체에 대한 회복유전자 분리집단 (*OP₂*)에서 응성불임과 가임 표현형의 분리.

Phenotype	Observed number of plants		Total
	<i>Msms</i>	<i>msms</i>	
Stable male-sterile	0	28	28
Unstable male-sterile	0	10	10
Stable male-fertile	47	0	47
Total	47	38	85

- 10개의 불안정한 응성불임 개체 중에서 2개체는 안정적인 응성불임개체와 교배하였고 4개체는 자가수정을 수행하였다. 교배한 개체와 자가수정한 개체 모두 종자가 형성되는 것으로 확인되었다 (그림 16). 이후 자가수정과 교배를 통해 얻은 다음 세대의 종자 중 10립을 선발하여 발아를 확인하였으며 RF31446 분자표지로 검증하였을 때 모든 개체에서 homo-recessive genotype을 확인하였다. 이러한 결과는 교배와 자가수정을 통해 종자가 형성되었음을 의미하고 불안정한 응성불임개체는 정상적으로 기능을 하는 꽃가루를 만든다는 것을 나타낸다.

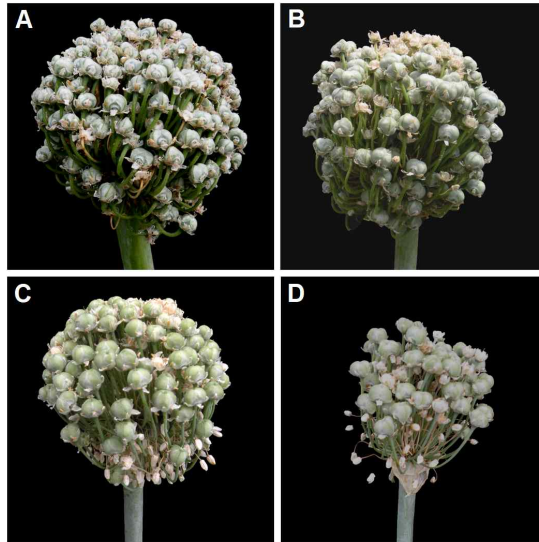


그림 16. 불안정한 개체에서 정상적으로 종자형성이 일어난 표현형의 분석

③ 양파와 대파를 구별할 수 있는 분자표지 개발

㉞ 양파와 대파의 mitochondrial genome 구조 분석 및 구별 분자표지 개발

- 대파와 양파의 품종을 가지고 있는 육종기업은 대부분이 같은 장소에서 양파와 대파를 육성한다. 대파와 양파의 경우, 종자 형태가 거의 유사하기 때문에 혼입될 가능성이 높다. 혼입될 경우 자라는 표현형까지 비슷하기 때문에 종자오염을 일으킬 가능성이 있다. 따라서 이를 구별할 수 있는 분자표지를 이용한다면, 종자의 순도를 높일 수 있을 것으로 생각하였다.
- 대파와 양파를 구별하는 분자표지를 개발하기 위해서 미토콘드리아 주요 유전자 (*atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*)에 대해 genome walking을 수행하였다. Genome walking을 통한 band pattern과 sequence 분석을 통해, *atp9* 유전자의 5' UTR부분이 양파와 대파사이에서 유사성이 없음을 확인하였다(그림 17). 그러나 *atp9*의 coding region과 3' UTR부분은 98% homology를 보였다. 따라서 대파에 specific한 primer인 Bunching-F1, 양파에 specific한 primer인 Onion-F1, 대파와 양파가 모두 붙을 수 있는 Con-R1을 디자인 하였다(그림 17). 디자인된 primer를 이용하여

PCR분석을 수행하였을 때, 완벽하게 3가지 양파 세포질과 2가지 대파 세포질을 구별할 수 있었다(그림 18A). 또한 양파와 대파의 대표적인 5가지 품종에 대해서도 완벽하게 양파 및 대파에 대한 분석결과와 일치함을 확인하였다(그림 18B)

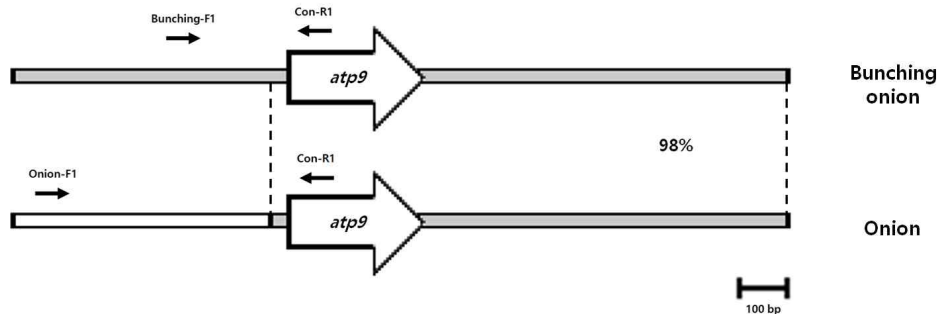


그림 17. 양파와 대파의 mitochondrial genome 구조 분석

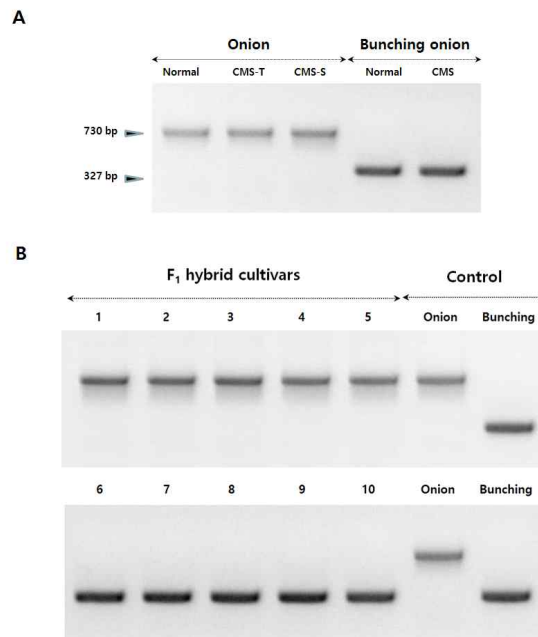


그림 18. 양파와 대파 구별 분자표지 결과 및 5가지 대표 F1 품종 분석 결과

㉔ 양파와 대파를 구별할 수 있는 HRM분자표지 개발

- SNP를 활용하여 단시간에 원하는 특징을 구별하기 위해 HRM, KASP 등 여러 가지 분자표지가 연구되었다. 양파와 대파를 구별하는 분자표지 또한, 단시간에 분석하기 위해서 SNP를 활용한 HRM 분자표지를 개발하고자 하였다. *atp9* 유전자에 대한 mitochondrial genome sequence 분석을 수행하여, *atp9* 3' UTR 부분에 1개의 InDel과 2개의 SNP가 확인되었다(그림 19).
- HRM 분석의 경우 DNA가 2중 나선으로 상보적 결합시에 이용되는 수소결합을 이용하기 때문에 1개의 SNP (G/T)는 HRM 분자표지 개발에 활용하기 적합하였다.

- 대파는 동아시아 지역에서 활발히 재배되고 많은 품종이 보고된 작물임에도 불구하고 분자 육종 시스템이 전혀 구축되어 있지 않다. 그러나 이전부터 옹성불임을 가지는 대파 계통은 발견되었고 국내 육종회사에서 교배 육종을 통해 A, B line으로 개발하여 F₁ 종자 생산에 이용하고 있다. 따라서 이번 연구를 통해서 대파의 옹성불임에 대한 표현형 및 특징들을 규명하고 옹성불임성을 가지는 세포질을 구별할 수 있는 분자표지를 개발하여 국내 대파 F₁ 종자생산에 대한 분자 육종 시스템을 구축하고자 한다.
- 대파의 옹성불임을 일으키는 세포질에 대한 분자표지를 개발하기 위해서 국내, 국외의 다양한 유전자원을 수집하였다. 무안에 위치한 국립원예특작과학원은 대파, 양파, 마늘과 같은 *Allium*속에 대한 많은 연구를 수행하였다. 따라서 바이오 에너지 작물 센터로부터 23가지의 대파 유전자원을 수집할 수 있었다 (표 4). 23가지 유전자원에선 8가지의 A, B line을 확보할 수 있었고 국내에서 사용하는 F₁ 품종과 고정종, 일본의 고정종을 확보할 수 있었다.

표 4. 무안의 국립원예특작과학원에서 수집한 23가지 대파 유전자원

	샘플명	임성	국가	샘플정보
1	대청	불임	대한민국	F1
2	금장	가임	대한민국	고정종
3	장열	가임	일본	고정종
4	2702 A	불임	대한민국	
5	2702 B	가임	대한민국	
10	27001 A	불임	대한민국	
11	27001 B	가임	대한민국	
12	27003 A	불임	대한민국	
13	27003 B	가임	대한민국	
6	27004 A	불임	대한민국	
7	27004 B	가임	대한민국	
8	27005 A	불임	대한민국	
9	27005 B	가임	대한민국	
14	요총1호 A	불임	중국	
15	요총1호 B	가임	중국	
16	고백 A	불임	중국	
17	고백 B	가임	중국	
18	장구대총 A Brown	불임	중국	
19	장구대총 A ½	불임	중국	
20	장구대총 B	가임	중국	
21	민권거총	임성모름	중국	
22	Ishikura	임성모름	일본	
23	White lisbon	임성모름	미국	

- 국외의 다양한 유전자원을 수집하기 위해서 다양한 유전자원을 보관하는

ARS-GRIN (Agricultural Research Service - Germplasm Resources Information Network) 기관에 90가지의 대파 유전자원을 의뢰하여 결과적으로, 90가지의 다양한 유전자원을 수집하였다 (표 5).

표 5. ARS-GRIN 기관으로부터 확보한 90가지 대파 유전자원

Item	Accession	Plant Name	Country
1	PI 208733		Cuba
2	PI 219754		Japan
3	PI 223853	Kujyo-Negi	United States
4	PI 249549	Tareh	Iran
5	PI 255460	Altaiskii	Russian Federation
6	PI 264322	Blanca Grande	Spain
7	PI 274254		Japan
8	PI 280093		Russian Federation
9	PI 280560		Russian Federation
10	PI 280561		Russian Federation
11	PI 280562	Pesoenyj	Russian Federation
12	PI 280665		Russian Federation
13	PI 280667		Former Soviet Union
14	PI 369186	1816	Former Soviet Union
15	PI 401726	R-2128	Denmark
16	PI 418953	Chih shuii Kua	China
17	PI 433629	Hakushyu Giant	Japan
18	PI 433630	Ishikura Long White	Japan
19	PI 433631	Kincho Long White	Japan
20	PI 433632	Tsukuba Long White	Japan
21	PI 436539	Zhang qiu da cong	China
22	PI 461393	Asagikei-Kujyo	Japan
23	PI 461396	Iwatsuki	Japan
24	PI 461397	Koshizu	Japan
25	PI 461398	Kujyo-futo	Japan
26	PI 461399	Kuronobori	Japan
27	PI 461400	Matsumoto	Japan
28	PI 461401	Shimonida	Japan
29	PI 461402	Shiobara-bansei	Japan
30	PI 462342	Aigarashu	Japan
31	PI 462343	Akari	Japan
32	PI 462345	Jionji Negi	Japan
33	PI 462347	Kannon Hosonegi	Japan

34	PI 462348	Kannon Negi	Japan
35	PI 462349	Koshizu Nebuka	Japan
36	PI 462350	Kujou (Asagi Kei)	Japan
37	PI 462351	Matsumoto Ippon Futo	Japan
38	PI 462352	Miya Negi	Japan
39	PI 462353	Nanbu Ippon Futo	Japan
40	PI 462354	Nissato Negi	Japan
41	PI 462355	Oosaka Chuuboso	Japan
42	PI 462356	Shounai Nebuka Negi	Japan
43	PI 462357	Shounan	Japan
44	PI 462358	Yakko	Japan
45	PI 462359	Yatabe	Japan
46	PI 462360	Zairai Negi	Japan
47	PI 483413	VIR 1871	Russian Federation
48	PI 483414	VIR 3139	Russian Federation
49	PI 483415	VIR 3142	Russian Federation
50	PI 485590	Q9	China
51	PI 491582	Da Wu Tong	China
52	PI 508401	Bing Buncher	Korea, South
53	PI 508402	Footlong White	Korea, South
54	PI 508403	Hybrid Footlong	Korea, South
55	PI 508404	Prolific Buncher	Korea, South
56	PI 508405	Prolific Twin	Korea, South
57	PI 508406	Winter Snow Foot	Korea, South
58	PI 512032	84236	Ukraine
59	PI 512033	84242	Czechoslovakia
60	PI 546121	HomeGardenBunching	United States
61	PI 546157	Crystal White Wax L303	United States
62	PI 546167	EvergreenBunching	United States
63	PI 546171	SouthportGreenBunching	United States
64	PI 546288	Improved Beltsville Bunching	United States
65	PI 546250	Evergreen Long White Bunching	United States
66	PI 546259	Kaga	United States
67	PI 546260	LongWhiteBunching	United States
68	PI 546334	Japanese Bunching	United States
69	PI 546335	White Welsh	United States
70	PI 548824	Emerald Isle	United States
71	PI 576902	W6 4254	Former Soviet Union
72	PI 576947	570-85-76	Germany
73	PI 656910	Evergreen Bunching	United States
74	PI 656911	He-shi-ko	Japan

75	PI 656914	G 29873	Russian Federation
76	PI 656923	Asagi	United States
77	PI 656924	G 30393	United States
78	PI 656926	G 30638	Former Soviet Union
79	PI 656944	Evergreen Bunching	United States
80	PI 656945	Ishikura Long	Japan
81	PI 656946	LongWhiteSummerBunching	United States
82	PI 656952	Wakamidori	Japan
83	PI 656953	Sanshun	Japan
84	PI 662411	G 29842	United States
85	PI 662417	G 30578	Brazil
86	PI 662420	G 30642	United States
87	PI 662422	W6 4276	Former Soviet Union
88	PI 662425	G 31889	Russian Federation
89	PI 662434	Kincho	Japan
90	PI 662460	W6 12753	Kazakhstan

㉞ 이전 연구에서 보고된 대파 응성불임 세포질 구별 분자표지 분석

- 이전 연구에서 파의 응성불임 세포질 타입 구별 분자표지는 SCS13, SCAR1으로 보고되었다 (Gai and Meng, 2010; Wang et al., 2013). SCAR1 분자표지의 경우 AFLP 분석을 통하여 polymorphism을 나타내는 K1, K2 분자표지를 확인하였고 sequence 분석을 통하여 *coxI* 유전자의 3'UTR 부분의 염기서열이 다름을 확인하였다. polymorphism을 보이는 5bp indel을 이용하여 SCAR 분자표지를 개발하였고 이를 SCAR1으로 명명하였다 (Gai and Meng, 2010). SCS13 분자표지의 경우 RAPD 분석을 통해서 S2002400과 S132800이 세포질 타입을 구별하는 것으로 확인하였고 SCAR 분자표지로 전환하고자 하였다. S132800은 SCAR 분자표지로 전환하였고 이를 SCS13으로 명명하였다(Wang et al., 2013).
- SCS13 분자표지의 경우 SCS13-R/ SCS13-L 분자표지는 모든 개체에서 500bp의 밴드를 형성하였고 이를 개선하고자 보고된 염기서열을 이용하여 SCS13-F2/ SCS13-R2를 디자인하였다(그림 21). SCS13-F2/ SCS13-R2로 분석하였을 때 정상 세포질을 가지는 B line에서 4.4kb의 band를 확인하였다(그림 22). 염기서열 분석 결과 앞의 204 bp는 93%의 identity를 가지고 뒤의 1,627bp는 98% identity를 가졌다. 가운데 각각 520 bp와 227 bp는 유사성을 보이지 않았다(그림 23).



그림 21. 2010년에 보고된 SCS13분자표지를 이용하여 분석한 결과

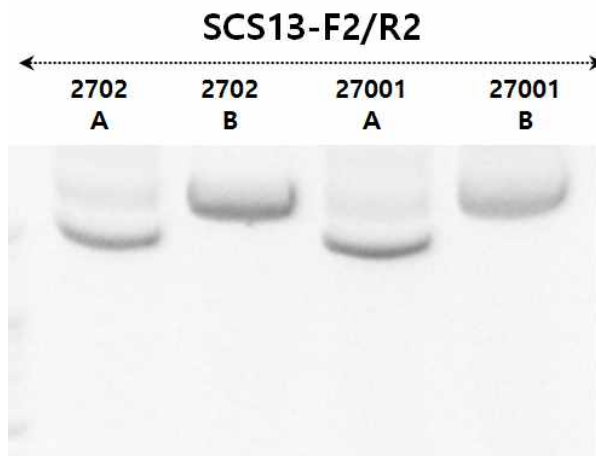


그림 22. 개선된 SCS13-F2/R2를 이용하여 A, B line의 분석결과

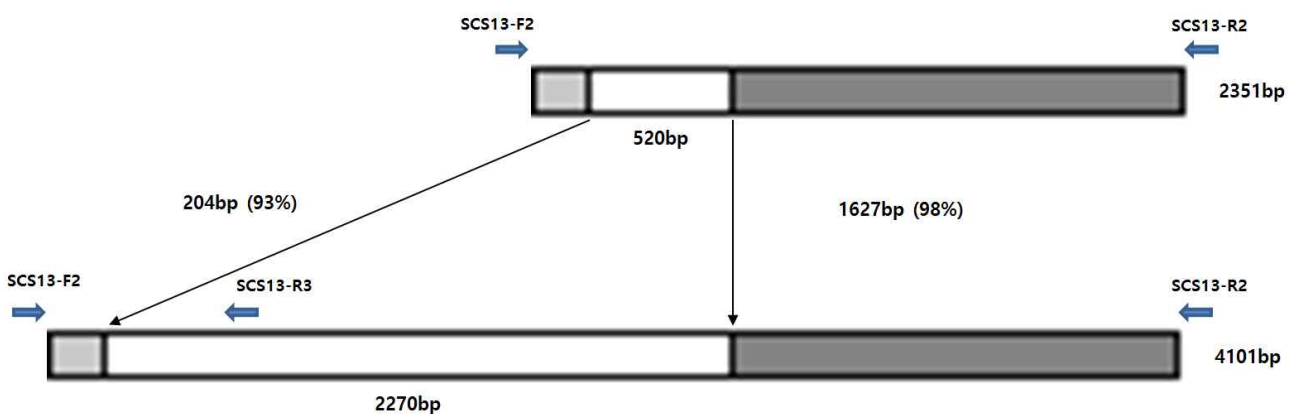


그림 23. SCS13-F2, R2 primer로 확보된 2가지 fragment

- 확보된 서열을 기반으로 SCS13-R3를 디자인하여 SCS13 분자표지를 개선하였다 (그림 23). 개선된 SCS13 분자표지와 이전에 보고된 SCAR1 분자표지를 활용하여

확보한 24가지 유전자원을 분석하였다. 5가지 계통 (27003A, 27003B, 27004B, 요충 1호A, 장구대충B)를 제외한 19가지 계통은 세포질 타입과 표현형이 일치하였다. 일치하지 않은 5가지 계통은 올해 임성 검증을 통해서 확인할 예정이다.

㉔ 응성불임 유기 후보 유전자 탐색 및 정상 세포질과 응성불임 세포질 구별 분자표지 개발

- 식물에서 보고된 응성불임 유기 유전자들은 미토콘드리아 유전자 일부와 알려지지 않은 서열 일부로 구성된 chimeric 구조를 갖는 것으로 보고되었다. 따라서 대파의 응성불임 유기 유전자도 미토콘드리아 유전자 일부의 서열이 존재할 것으로 예상하여 5가지 *atp* 유전자 (*atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp8*, *atp9*)와 3가지 *cox* 유전자 (*cox1*, *cox2*, *cox3*)를 대상으로 genome walking을 수행하였다. 또한 양과와 과는 근연관계이기 때문에 양과의 응성불임 유기 후보 유전자가 가지는 *orf501A* 유사서열이 존재할 것으로 생각되어 *orf501A* 유전자에 대한 genome walking도 수행하였다. 그 결과, *atp1*, *atp9*, *orf501A*에 대해 세포질간의 polymorphism이 확인되었다. 염기서열을 확보하여 분석한 경우, *atp1*은 5'UTR 부분에 차이를 보여 chimeric 구조를 보이지 않았다. *orf501A*에 대한 A, B line의 염기서열을 확보하였을 때 *atp9*과 합쳐진 chimeric 구조를 확인하였다. 이는 *atp9* 유전자와 96% homology를 보이는 146bp와 양과의 *orf725* 유전자와 76% homology를 보이는 555bp를 확인하였고 chimeric 유전자는 672bp로 구성되었다. 확인된 chimer gene을 *orf224*로 명명하였다. 차후 *orf224*에 대한 expression level에서의 분석을 통해 *orf224*가 대파의 응성불임 유기 유전자인지 검증할 계획이다.
- 대파의 응성불임 유기 후보 유전자인 *orf224*는 A line과 B line에 모두 존재하였고 coding 부분에 염기서열 차이를 보이지 않았지만 promoter 부분에 5bp Indel이 존재하였다. 또한 3'UTR 부분에 염기서열 차이를 보였다. 이를 기반으로 *orf224-F1*, *orf224-R1*, *orf224-R2*을 디자인하여 co-dominant 분자표지를 개발하였다(그림 24). 개발된 분자표지는 A line과 B line을 정확하게 구별할 수 있었다. 해당 분자표지의 신뢰성 검증을 위해 우리가 수집한 국내외 다양한 대파 계통에서 꽃의 표현형 검증을 통하여 완벽한 co-segregation 하는지를 확인하는 분석을 진행할 예정이다.

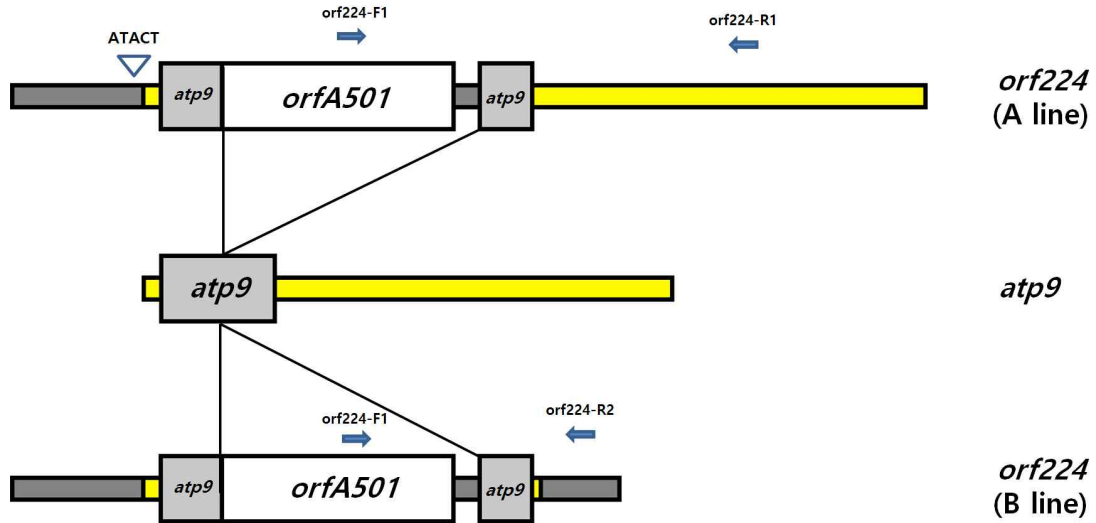


그림 24. A, B line에서 확인된 *orf224* 유전자의 구조 및 세포질 구별 분자표지 개발

⑤ 육종인력 양성프로그램 운영

㉞ 석박사 인력양성

- 1, 2 단계에 이어서 전남대 자체 인력양성 프로그램을 운영하여 유전학, 육종학, 원예작물 분자유종학, 채종학 과목을 우수한 성적으로 이수한 학생들을 대상으로 프로그램에 참여 시켜서 아래 표6과 같은 시기별 교육을 통하여 육종인력을 양성 하였다.

표 6. 자체 운영중인 육종인력 양성 프로그램 내용

시기	교육 내용
학부과정	<ul style="list-style-type: none"> - 유전학, 육종학, 분자유종학, 채종학 수강을 통한 육종분야 기초지식 습득 - 실험실 세미나 참석을 통한 최신 육종 기술 학습 - 실험실습을 통한 육종 기초기술 습득 - 민간종자회사 견학 및 현장실습
대학원 과정	<ul style="list-style-type: none"> - 육종관련 최신 논문 연구를 통한 육종 심화 교육 실시 - 주요 형질 선발용분자표지 개발 및 분자유종 시스템 개발 연구 수행
인턴 교육	<ul style="list-style-type: none"> - 국내외 종자회사에서 실시하는 인턴교육 참여 - 공동연구를 수행하는 민간종자회사에서 현장 실습

○ 프로그램 참여 학생 오리엔테이션 실시

시기	장소	신입 참여학생수
2017년 12월 21일	해남	6명
2019년 1월 24일	해남	6명
2020년 1월 14일	화순	8명

○ 졸업자 명단

순번	연차	구분 (핵심-세부)	학위	성명	소속	취득년월
1	1	1-1 협동	석사	김**	전남대	2018. 2.
2	1	1-1 협동	석사	백**	전남대	2018. 2.
3	3	1-1 협동	석사	조**	전남대	2020. 2.
4	3	1-1 협동	석사	서**	전남대	2020. 2.
5	3	1-1 협동	박사	김**	전남대	2020. 2.

㉞ 인턴교육

○ 국내 종자회사 1개사를 대상으로 아래와 같은 인턴 교육을 실시하였음.

종자회사	인턴 교육 내용
(주)제농종묘	- 양파 수확 및 저장방법 - 양파 계통 관리 및 선발 요령 - 양파 실험포 정리 및 관리 방법

○ 인턴교육 명단

순번	연차	구분 (핵심-세부)	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
1	1	1-1 협동	김**	전남대	제농종묘	석사	2018.06.11.~ 06.14.
2	1	1-1 협동	서**	전남대	제농종묘	석사	2018.06.11.~ 06.14.
3	1	1-1 협동	조**	전남대	제농종묘	석사	2018.06.11.~ 06.14.
4	1	1-1 협동	김**	전남대	제농종묘	박사	2018.06.11.~ 06.14.

5	2	1-1 협동	서**	전남대	제농종묘	석사	2018.08.07. ~ 08.10
6	2	1-1 협동	조**	전남대	제농종묘	석사	2018.08.07. ~ 08.10
7	3	1-1 협동	조**	전남대	제농종묘	석사	2019.06.24. ~ 06.28
8	3	1-1 협동	조**	전남대	제농종묘	석사	2019.06.24. ~ 06.28
9	3	1-1 협동	조**	전남대	제농종묘	석사	2019.08.05. ~ 08.09
10	3	1-1 협동	조**	전남대	농우바이오	석사	2019.09.01. ~ 12.31

㉔ 전문인력 취업

○ 전남대 자체 육종프로그램을 모두 수료한 학생들 중에서 3명의 인력이 국내 종자 회사에 육종가 또는 분자유종지원 인력으로 취업하였다.

○ 전문인력 취업자 명단

순번	연차	구분 (핵심-세부)	이름	소속	취직회사	취업일	학위	취업분야
1	1	1-1 협동	김**	전남대	국립원예특작 과학원	2017.11.13.	석사	연구
2	1	1-1 협동	김**	전남대	팜한농	2018.1.1.	석사	육종
3	3	1-1 협동	김**	전남대	제농종묘	2019.5.2.	박사	분자유종
4	3	1-1 협동	조**	전남대	농우바이오	2020.1.6.	석사	육종

(나-3) 제 2 핵심연구과제 개요

(1) 연구과제 개요

과제구분	제 (2)핵심과제					
핵심 연구과제명	국문	차세대 품종개발 연구				
	영문	Development of next generation pepper varieties				
핵심 연구책임자	한글성명	민웅기	영문성명	Woong-Ki Min	과학기술인 등록번호	
	소속기관	(주)팜한농	부서명 (학과명)	육종연구센터 (생명공학팀)	직위	차장 (책임)
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	275,000	275,000	390,000	940,000	
	기업부담금	194,500	194,500	271,500	660,500	
	기타					
	합계	469,500	469,500	661,500	1,600,500	
참여연구인력 (단위:명)	세부과제책임자	책임급	선임급	원급이하	합계	
	4	7	13	7	31	
세부 연구책임자	구분	성명	소속	전공		
	제2-1세부과제	민웅기	(주)팜한농	식물분자유전육종		
	제2-1협동과제	정지원	씨제이제일제당	후생생리학		
	제2-2협동과제	강순철, 이성호, 김성훈	농협종묘센터 농우바이오	육종		
	제2-3협동과제	임찬주	농업회사법인 아시아종묘(주)	분자유종		

(2) 연구내용

(가) 연구의 필요성

- 국내 종자사업의 경우 산업화에 따른 농업부분의 축소로 국내 종자시장의 규모가 정체 내지는 축소경향을 보이고 있으며, 김치 채소인 배추, 고추, 무의 육종기술에 비해 과채류의 육종기술과 유전자원은 취약한 현실이다. 이러한 현실에서 종자산업을 부가가치가 높은 산업으로 발전시키기 위해서는 종자산업을 투자, 육성해야 한다.
- TSWV 등 바이러스병은 국내 주요 고추 재배지역에서 매개충의 확산과 함께 전국적인 발병으로 인해 생산량 감소의 주요 원인이 된다. 따라서 최종 소비자가 요구하는 고추의 신미와 색소 수준을 유지하면서 가장 기본적인 역병 내병성과 함께 바이러스에 대한 복합적인 내병성 고추 품종을 육성하는 요구가 꾸준히 증가하고 있다.
- 웰빙 트렌드 등에 의하여 소비자의 고기능성 품종에 대한 요구가 증가하고 있다. 이

러한 트렌드에 맞추어 자색 기능성 배추 품종 육성을 수행하여 다양한 자색계통을 확보하고 우수한 F1 조합을 확보할 필요가 있다. 수박의 경우에도 여러 기능성 품종이 나오고 있지만, 당도나 육질 면에서 기존의 품종들보다 떨어지는 특성을 보인다. 따라서 신시장 개척을 위해서는 다양한 특성을 결합하여 기존 품종의 단점을 보완할 필요가 있다.

(나) 연구 목표

■ 최종 목표

- 과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합내병성인 고추 품종 개발
- 캡시에이트 고탍유 고추를 이용한 상품화 연구
- 소비자 기호성 및 내병성 수박품종 육성 및 인력양성
- 자색 배추 품종 육성 및 교배육종 인력양성

■ 연차별 목표

○ 1차년도

- 고추 바이러스 저항성 품종 선발을 위한 SNP 마커 전환
- MABC 계통 육성 및 우수 조합의 현지 특성 평가
- 캡시에이트의 인체 효능 검증 및 수확적기 분석, 원료단가 및 시장 분석
- 소비자 기호성, 내병성 등 조합 작성 및 적응성 시험을 통한 수박 신품종 출원
- 시교 종자 생산 및 수박 주산지 시교 사업
- 신규 배추 유용 유전자원 수집 및 특성 조사
- 자색배추 계통 및 CMS 계통, 내병성 계통 선발
- 육종 현장 인턴 교육 수행

○ 2차년도

- 복합 내병성 고추 계통 육성 및 현지 특성 평가로 신품종 출시
- 캡시에이트 소재원료 최적화 및 제품 프로토 개발, 양산화 연구
- 소비자 기호성, 내병성 등 조합 작성 및 적응성 시험을 통한 수박 신품종 출원
- 시교 종자 생산 및 수박 주산지 시교 사업
- 신규 배추 유용 유전자원 수집 및 특성 조사
- 자색배추 계통 및 CMS 계통, 내병성 계통 선발

- 육종 현장 인턴 교육 수행

○ 3차년도

- 복합 내병성 고추 계통 육성 및 현지 특성 평가로 신품종 출시
- 캡시에이트 소재의 표준화 개선 및 경제성, 소재원료생산 최적화
- 캡시에이트의 지방세포 분화, 에너지 소비 및 대사 조절 작용기전 연구 및 검증
- 소비자 기호성, 내병성 등 조합 작성 및 적응성 시험을 통한 수박 신품종 출원
- 신규 배추 유용 유전자원 수집 및 특성 조사
- 자색배추 계통 및 CMS 계통, 내병성 계통 선발
- 육종 현장 인턴 교육 수행

(다) 연구내용 및 방법

■ 과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합내병성인 고추 품종 개발(팜한농(주) 주관, 제 2-1 세부)

- 고추 바이러스 저항성(CMV, TSWV, TMV)의 효율적인 선발을 위한 SNP 마커 전환을 실시하여, 이를 이용한 MABC 선발을 통해 고정 계통을 육성한다. 육성한 우수 고정 계통을 교배한 F1 우수 조합의 현지 특성 평가를 통해서 조합 선발을 실시하여 지적 재산권을 확보한다. 또한 매년 1명의 육종 현장 인턴 교육을 수행한다.

■ 캡시에이트 고탐유 고추를 이용한 상품화 연구(씨제이제일제당(주) 주관, 제 2-1 협동)

- 캡시에이트 고추의 식품화를 위해 먼저 에너지 대사량 증진에 따른 체지방 감소 효능을 검증하며, 소재 표준화를 위해 캡시에이트 고추의 원료 재배 및 수확적기 분석, 소재시장 등을 분석한다. 소재 표준화를 끝낸 후에 다이어트 제품 프로토타입 개발 및 양산화 연구를 통해 상품화를 진행하고, 캡시에이트의 지방세포 분화, 에너지 소비 및 대사 조절 작용기전을 비만동물모델을 통해서 연구하여 그 효과를 검증하여 캡시에이트 고탐유 고추를 제품화한다.

■ 소비자 기호성 및 내병성 수박품종 육성 및 인력양성(농우바이오(주) /농협종묘센터 제 2-2 협동)

- 소비자 기호성 및 내병성 수박품종 육성을 위해서 소비자 기호성, 기능성 및 내병성 등을 조사하여 F1 우수 조합을 작성하고, 국내 적응성 시험을 수행한다. 이후 시고 종자 생산 및 수박 주산지 시고 사업을 거쳐 소비자 기호성 및 내병성 수박 신품종을 출원한다. 또한 매년 전통 육종 현장 인턴 교육을 수행한다.

■ 자색 배추 품종 육성 및 교배육종 인력양성(농업회사법인아시아종묘(주) 주관, 제 2-3 협동)

- 자색배추계통 육성을 위해 배추 신규 유용 유전자원을 수집하고 특성조사를 수행하여 CMS 계통, 뿌리혹병 내병성 계통을 선발한다. 선발 후 자색배추계통의 육종 연관 단축을 위해 소포자 배양 기술을 도입하여 계통화하고, 이를 이용해 신규 F1 조합 작성 및 우수선발조합 채종, 지역 적응성 시험 등을 거친다. 또한 매년 전통 육종 현장 인턴 교육을 수행한다.

(라) 세부과제간의 연관성

- 본 핵심과제는 총 1개의 세부과제와 3개의 협동과제로 구성되어 있다. 각 세부과제 및 협동과제는 신제품 개발 및 상품화를 목표로 한 회사들로 구성되어 있으며, 내병성 등 생산 효율 증대를 위한 특성과 기능성, 고품질 등 소비자 지향적인 특성을 모두 도입하거나, 캡시에이트 고품유 품종 등을 이용한 식품화를 추진하여 육종 소재의 시장 경쟁력 강화 및 고부가가치 창출을 목표로 한다.
- 연구되는 세 가지 작물 중 고추는 1개의 세부과제와 1개의 협동과제, 수박은 1개의 협동과제, 배추는 1개의 협동과제에서 담당하며, 각 과제는 제 1·3 핵심과제로부터 첨단 육종 기술을 지원받아 육종 혹은 식품화의 효율성을 극대화하는 방식으로 진행된다. 제 2 핵심과제는 각 세부과제 및 다른 핵심과제와 이러한 방식으로 특정 작물에 대한 공동 연구를 진행하는데 이 과정에서 인턴 인력 활용 및 역할 분담을 통해서 육종 과정의 효율성을 향상시킨다.



그림 1. 2핵심과제 추진체계도

(마) 기대효과

- 고추 복합내병성 향상을 통한 국내 고추 농가 재배 노동력 및 비용 절감
- 복합 바이러스 내병성이 향상된 역병 내병성 품종 개발을 통한 기존의 품종 개선
- 고품질·고기능성·내병성 수박 품종 개발을 통한 국내 수박 시장 활성화 및 수출

증대

- 향후 기능성·내병성 수박 품종 개발 및 연구에 활용 가능한 육종 소재 제공
- 기능성 자색배추 개발 연구 및 분석 과정을 통해 기능물질의 유전에 대한 기초학문적 이해 증진
- 자색배추 품종육성을 통한 국내외 급증하는 자색배추 품종 시장 선도
- 학생의 현장 근무 경험을 통해 이론과 현장 교육을 병행함으로써 차세대 육종인력 양성

(나-4) 제 2핵심연구과제별 주요성과

(1) 제 2-1 세부과제 : 과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합 내병성인 고추 품종 개발

과제번호	제 (2 - 1)세부과제					
세부 연구과제명	국문	과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합 내병성인 고추 품종 개발				
	영문	Development of pepper cultivars having multiple disease resistant and consumer-preferred fruit quality				
세부 연구책임자	한글성명	민웅기	영문성명	Woong-Ki Min	과학기술인 등록번호	
	소속기관	(주)팜한농	부서명 (학과명)	육종연구센터	직위	책임
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	65,000	65,000	100,000	230,000	
	기업부담금	65,000	65,000	100,000	230,000	
	기타					
	합계	130,000	130,000	200,000	460,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표								
	지식 재산권		기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴 교육	
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	건수	기술료	제품회	매출액	수출액	고용 창출		투자유치	SCI	비 SCI	학술 발표	석사	박사	취업 인력		정책 활용
										건								건	
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건		명	명	명			
가중치			30			30		20											20
최종목표			4			100		7			2								18
1단계	목표										1								6
	실적			1				4			1								6
2단계	목표			2				1			1								9
	실적			5			95.6	5			1								8
3단계	목표			2			100	6											3
	실적			2			98.4	4											8
최종	목표			4			100	7			2								18
	실적			8			194	13			2								22

②-1 품종 출원·등록 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2017	PEDF5511	팜한농	대한민국	2017-115	2018	PEDF5063	팜한농	대한민국	제7316호
2020	PEDF8245	팜한농	대한민국	2020-118	2020	PEDF5511	팜한농	대한민국	제8144호

④ 사업화 성과 및 매출 실적

항 목	세부 항목	성 과			
사업화 계획	사업화 소요기간(년)	7년 이상			
	소요예산(백만원)	460			
	예상 매출규모 (억원)	현재까지	3년후	5년후	
		1.94	2.94	3.94	
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내	0.1	0.15	0.2
국외		-	-	-	
	향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획	국내 건고추, 풋고추 복합 병 저항성 품종 출시			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)	현재	3년후	5년후	
	수입대체(내수)	-	-	-	
	수 출	-	-	-	

항목	세부항목		성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	0.1 억원
			향후 3년간 매출	0.1 억원
		관련제품	개발후 현재까지	1.84 억원
			향후 3년간 매출	2.84 억원
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : 0.1 %
			향후 3년간 매출	국내 : 0.1 %
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : 0.18 %
			향후 3년간 매출	국내 : 0.28 %
세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위		해당사항 없음	
	3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위		해당사항 없음	

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계 1차년도	<ul style="list-style-type: none"> • SNP 마커를 이용한 MABC 기술 셋업 • 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • 고추 바이러스 저항성의 효율적인 선발을 위한 SNP 마커 전환 <ul style="list-style-type: none"> - 고추 바이러스 CMV, PepMoV, TSWV 저항성 유전자 선발 마커의 SNP 마커 전환 3건 • MABC 기술 활용 계통 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 96개 SNP 마커 적용성 검정 및 BC2세대 3개, BC3 세대 1개 시험 적용 • 우수 조합의 현지 특성 평가 <ul style="list-style-type: none"> - 전북 임실 지역 농가 연락시험으로 1개 조합 선발 완료
3단계 2차년도	<ul style="list-style-type: none"> • MABC용 SNP 마커 확대 검정 • MABC를 이용한 계통 선발 • 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • MABC용 SNP 마커 추가 스크리닝 및 선발 <ul style="list-style-type: none"> - 염색체 2번, 8번 선발 92개 신규 SNP 마커 디자인 및 스크리닝 완료 • MABC 이용 고추 복합 내병성 계통 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 염색체 2번, 8번 선발 92개 신규 SNP 마커 이용 8개 조합 분석 및 적용성 Trail 진행 완료 • 우수 조합의 현지 특성 평가로 신품종 출시 <ul style="list-style-type: none"> - 4개 우수 조합에 대해 전북 임실지역 연락시험 수행 - 3개 조합은 특별한 우수성이 없어 출시 포기, 1개 조합은 차년도 재시험 후 결과에 따라 품종 출시 결정
3단계 3차년도	<ul style="list-style-type: none"> • MABC용 SNP 마커 확대 검정 • MABC를 이용한 계통 선발 • 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • MABC용 SNP 마커 추가 스크리닝 및 선발 <ul style="list-style-type: none"> - 278개 SNP 마커 스크리닝 및 전체 12개 염색체 포함하는 96개 마커 set 선발 완료 • MABC를 이용 고추 복합 내병성 계통 육성 <ul style="list-style-type: none"> - 신규 선발 MABC 마커 set 이용, 3개 BC1 조합 선발 완료 • 우수 조합의 현지 특성 평가로 신품종 출시 <ul style="list-style-type: none"> - '19년도 연락시험으로 풋고추 1품종 선발함 - '20년도 현지 시험 진행 중, 3개 조합 예비 선발함 • 육종 현장 인턴 교육 8명 수행

(다) 기타 주요연구 성과

① SNP 마커를 이용한 MABC 기술 셋업

㉞ 다양한 바이러스 저항성 유전자에 대한 SNP 마커 개발

○ 과제의 1, 2단계 수행기간 동안 서울대학교 채소육종연구센터로부터 지원 받은 CMV, TSWV, PepMoV 바이러스를 이용하여 접종 선발 시스템을 갖추었고 이를 기반으로 각각의 바이러스에 대한 저항성 선발 마커를 개발하였다. 기존에 개발하여 육종 계통 선발에 적용 중인 마커는 PCR 반응 뒤 제한효소 절단을 거치는 CAPS (cleaved amplified polymorphic Sequences) 마커이므로 분석 과정에서 인위적인 오류가 발생할 가능성이 존재한다. 이러한 문제점을 해결하기 위해 이들 마커는 새로운 프라이머 디자인을 통해 KASP™ (Kompetitive Allele Specific PCR, LGC) 또는 TaqMan® (Taq Polymerase pacMan, Applied Biosystems) 마커로 전환하였다. 사용한 장비는 Applied Biosystems사의 QuantStudio™ 6 Real-Time PCR 이며, 분석 조건은 KASP의 경우 assay 조건에 따라 61°C-55°C touchdown protocol 또는 2-step 57°C protocol을 이용하였으며, TaqMan의 경우 Standard 60°C condition으로 수행하였다.



61-55°C touchdown protocol

Protocol Stage	Temperature	Duration	Number of cycles for each stage
Stage 1 Hot start Taq activation	94°C	15 minutes	x 1 cycle
Stage 2 Touchdown	94°C	20 seconds	x 10 cycles
	61°C (61°C decreasing 0.6°C per cycle to achieve a final annealing / extension temperature of 55°C)	60 seconds	
Stage 3 Amplification	94°C	20 seconds	x 20 cycles
	55°C	60 seconds	
Optional Stage 4 (read stage for qPCR instruments only)	30°C (any temperature below 40°C is suitable for the read stage)	60 seconds	x 1 cycle

*Please note that Stage 4 of the above program is only required if running and reading KASP genotyping reactions on a qPCR machine. If running the KASP genotyping program on a plate reader or a microfluidic system, only Stages 1, 2 and 3 are needed although you may ensure that the reaction plates are cooled to 4°C before performing the plate read.

2-Step 57°C protocol

Protocol Stage	Temperature	Duration	Number of cycles for each stage
Stage 1 Hot start Taq activation	94°C	15 minutes	x 1 cycle
Stage 2 Amplification	94°C	20 seconds	x 30 cycles
	57°C	60 seconds	
Optional Stage 3 (read stage for qPCR instruments only)	30°C (any temperature below 40°C is suitable for the read stage)	60 seconds	x 1 cycle

*Please note that Stage 3 of the above program is only required if running and reading KASP genotyping reactions on a qPCR machine. If running the KASP genotyping program on a plate reader or a microfluidic system, only Stages 1 and 2 are needed although you may ensure that the reaction plates are cooled to 4°C before performing the plate read.

Stage	Step	Ramp rate	Temperature	Time
Pre-Read Stage	Step 1	1.4°C/s	60 °C	30 seconds
	Step 2	1.4°C/s	40 °C	30 seconds
Hold Stage	Step 1	1.4°C/s	95°C	10 minutes
	Step 2	1.4°C/s	60°C	15 seconds
PCR Stage	Step 1	1.4°C/s	95°C	15 seconds
	Step 2	1.4°C/s	60°C	1 minute
Post-Read Stage	Step 1	1.4°C/s	60°C	30 seconds
	Step 2	1.4°C/s	40°C	30 seconds

그림 1. SNP 마커 분석에 사용한 QuantStudio 6 Real-Time PCR 장비 및 KASP, TaqMan 분석 Protocol (상, 61-55°C Touchdown protocol ; 중, 2-step 57°C protocol ; 하, TaqMan Standard 60°C protocol)

㉔ TSWV 저항성 유전자 *Tsw* 연관 마커

- 제한효소 인식 서열을 중심으로 KASP primer를 디자인하여 기존 agarose gel 마커 분석 결과와 비교하였다. 반복적인 분석을 통해 calling plot이 명확하게 구분되는 최적 assay를 선발하였다.

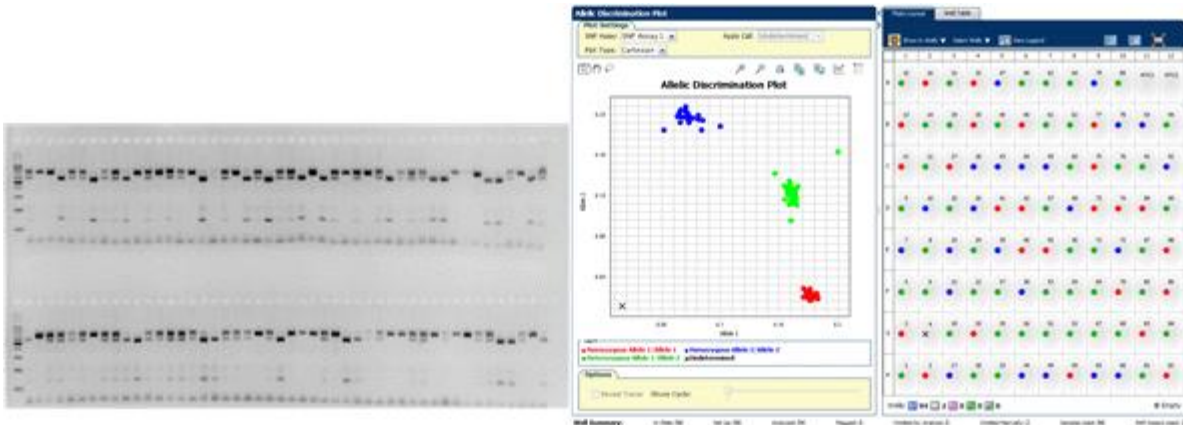


그림 2. TSWV 저항성 마커의 KASP SNP 전환 결과 (상, 기존 마커 gel 분석; 하, SNP 분석결과)

㉕ PepMoV 저항성 유전자 *Pvr4* 연관 마커

- 제한효소 인식 서열을 중심으로 KASP primer를 디자인하여 기존 agarose gel 마커 분석 결과와 비교하였다. 반복적인 분석을 통해 calling plot이 명확하게 구분되는 최적 assay를 선발하였다.

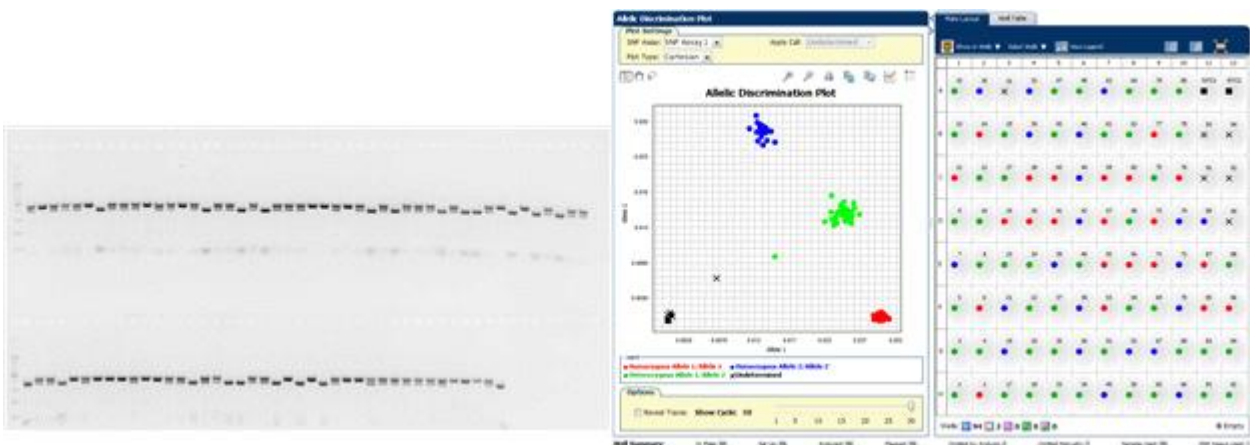


그림 3. PepMoV 저항성 마커 KASP SNP 전환 결과 (상, 기존 마커 gel 분석; 하, SNP 분석결과)

㉔ CMV PO 저항성 유전자 *Cmr1* 연관 마커

- 제한효소 인식 서열을 중심으로 TaqMan assay를 합성하여 기존 agarose gel 마커 분석 결과와 비교하였다. 반복적인 분석을 통해 calling plot이 명확하게 구분되는 최적 assay를 선발하였다.

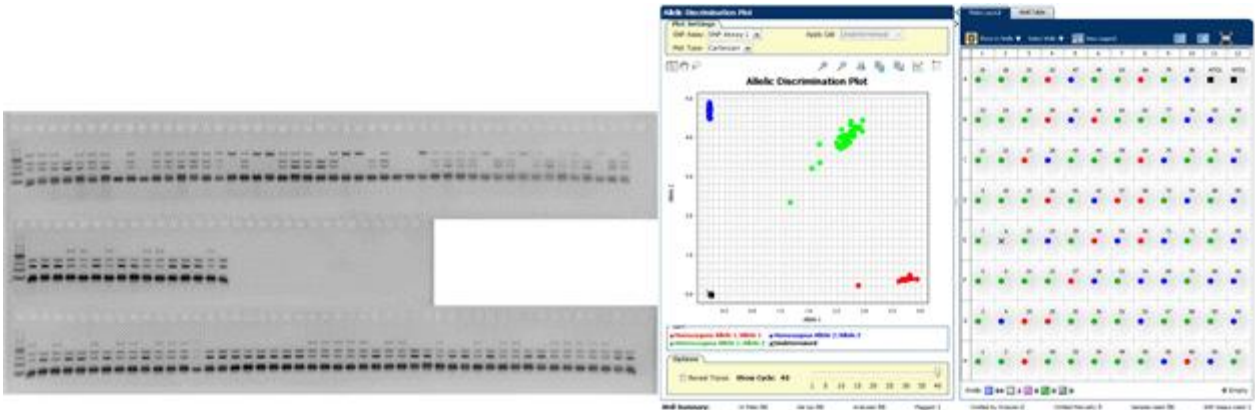


그림 4. CMV 저항성 마커 TaqMan SNP 전환 결과 (상, 기존 마커 gel 분석;하, SNP 분석결과)

㉕ MABC 기술을 이용한 고신미/고색소 역병 및 복합 바이러스 내병성 품종 개발

- 복합 내병성 계통 육성을 위해서는 병 저항성 유전자를 보유한 자원과 원예적 형질이 우수한 elite line을 교배한 다음, 후대를 다양한 병 저항성 마커 선발 및 병리 접종을 쳐 선발하고(background selection), 다시 elite line과의 반복적인 역교배 (BackCross, BC) 과정을 거쳐 원예적 형질이 우수한 계통을 만든다. 대부분의 경우 역교배는 5~7세대를 거치며, 이후 형질에 따라 고정과정을 더 거치므로 계통 육성 과정에 최소 5년 이상의 긴 기간이 소요되어 전체 품종 개발 기간의 대부분을 차지하게 된다.
- 유전자 지도 전반에 걸친 다수의 분자마커를 이용한 background selection으로 역교배 개체를 선발할 경우 세대별로 2년 이상 단축 가능한 사례가 보고되었고(Hospital, F. 2003. Marker-assisted breeding. Plant molecular breeding. pp. 30-59), 다양한 작물에서 활용되고 있으므로 고추에 대해서 적용을 시도하였다.
- Marker-Assisted BackCrossing(MABC)의 효율적인 선발을 위해 17년 하반기 Fluidigm사의 Juno 시스템과 EP-1 시스템 도입을 완료하였다 (그림 5).
- MABC의 효율적인 선발을 위해 다양한 SNP 마커 정보를 활용할 수 있으나, 최대한 단기간 실용성 있는 기술의 set-up을 위해서 제1-1세부에서 보유한 고추의 MABC 마커세트를 테스트 하기로 하였으며, 현재 기술 이전 관련 서류를 검토 중에 있다.
- 총 412개의 마커 정보 중 염색체 위치 별로 선정한 96개 마커를 활용하여 주요 elite line 93개를 테스트한 결과 3개 그룹 (3계통 1그룹, 2계통 씩 2그룹)을 제외하고 대부

분의 계통을 구분할 수 있었다(그림 6). 해당 마커 set는 MABC 선발에 적용 가능한 것으로 판단되어 실제 계통 선발 과정에 적용성 검정을 수행하기로 하였다.

- 육종가의 선발 결과와 비교 하기 위해 여교배 2세대(BC2)3개 집단, 여교배 3세대(BC3) 1개 집단을 모두 하우스에 정식하였으며, 정식 전 모두 96개의 MABC용 SNP 마커로 분석하여 개체별로 반복친(recurrent parent)의 유전자 도입율을 계산하여 1~3순위까지 표기하였다.



그림 5. MABC용 전문 분석 장비인 JUNO 시스템(좌) 및 선발에 사용하는 96×96 IFC (중), 분석 결과 판독에 필요한 EP-1 시스템(우)

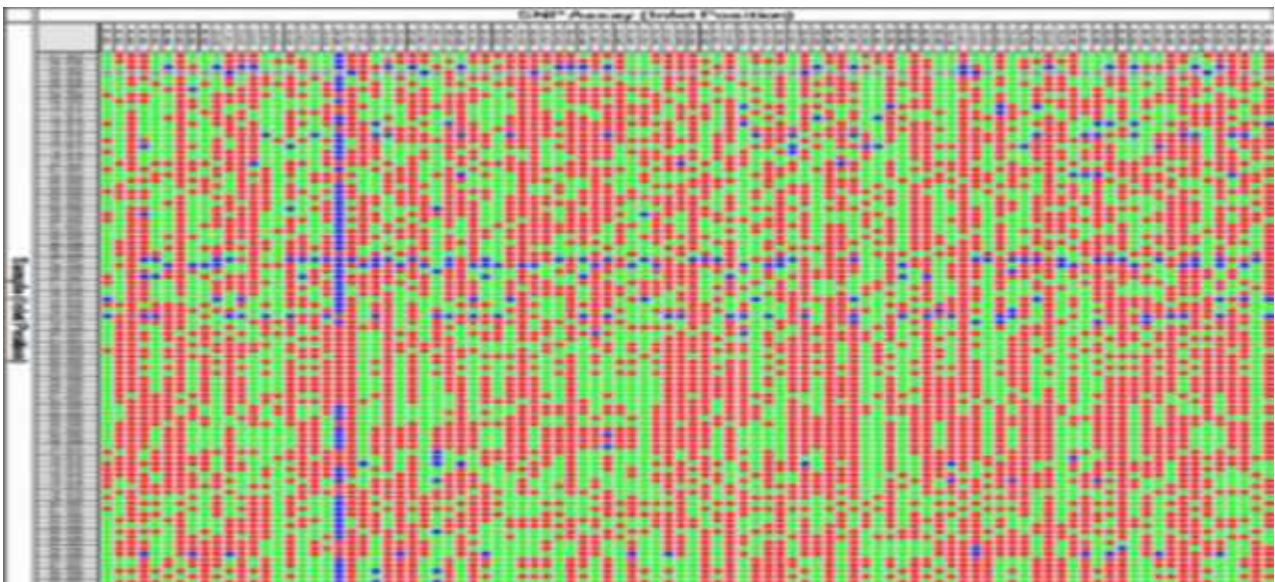


그림 6. 고추 MABC 선발용 SNP 마커 96개를 이용한 고추 elite line 93개의 분석 결과 (적색, 녹색은 각각 대립 유전자형의 homozygote, 청색은 heterozygote를 의미함).

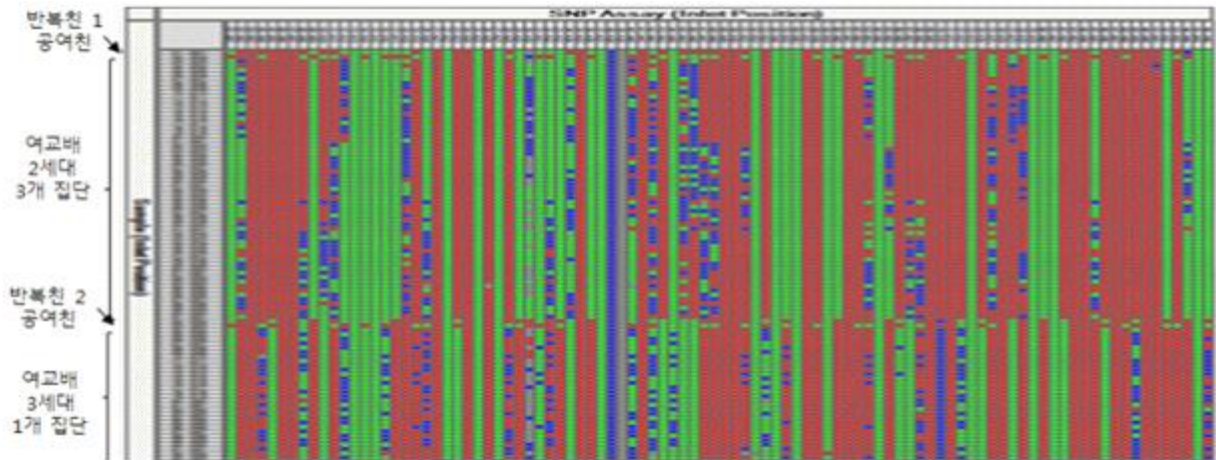


그림 7. 고추 MABC 선발용 96개 SNP 마커를 이용한 여교배 2세대(BC2) 3개 집단 및 여교배 3세대(BC3) 1개 집단의 분석 결과(적색, 녹색은 각각 대립 유전자형의 homozygote, 청색은 heterozygote를 의미함).

- 다형성을 보인 마커에서 반복친(Recurrent parent)과의 유사성이 가장 높은 1~3위의 개체를 선발하였을 때, BC2 집단의 경우 83.7 ~ 89.5%로 측정되었으며, BC3 집단의 경우 93.6~97.4%가 확인되었다. 반면 최저값을 가지는 개체는 BC2 집단의 경우 69.8%, BC3 집단의 경우 79.5%로 확인되었다.
- 하우스 재배 후 '17년 12월 20일 채종용 착과가 완료된 상태에서 고추 육종가의 선발 결과와 비교한 결과 BC2 집단 3개 및 BC3 집단 1개에서 모두 MABC 선발 개체와 육종가 선발 개체가 거의 일치함을 확인할 수 있었다(표 1). 동절기 하우스 재배상황에서 정확한 착과 특성을 확인하기는 어려웠으나 반복친과의 유사성이 높은 개체일수록 과 특성이 유사함을 확인할 수 있었다. 또한 반복친과의 유사성이 가장 낮은 개체는 모두 표현형을 이용한 개체 선발에서 배제되었다(그림 8).

표 1. 고추 MABC 용 SNP 마커를 이용하여 여교배 개체를 선발한 결과

육성단계	계통번호	개체수	개체번호	반복친유사성	육성가의견	과장평균(cm)	과경평균(cm)	과중평균(g)
공여친1	4052	1	1	0	공여친	14.9	2.0	22.1
반복친1	4051	1	1	100	반복친1	12.0	1.7	15.3
BC2	4053	17	2	74.4	최저값	13.3	1.7	15.6
			6	89.5	유사	14.3	1.9	19.8
			12	88.4	유사			
			15	86.0	유사	12.8	1.8	16.2
			19	86.0	유사	13.2	1.7	16.0
	4054	16	7	86.0		13.2	2.0	19.0
			8	79.1	유사	14.3	2.0	20.3
			12	86.0	유사	13.3	2.1	20.6
			14	72.1	최저값	13.4	2.1	23.4
			4	69.8	최저값	13.2	2.2	20.1
4055	23	13	83.7	유사	13.8	2.0	21.0	
		20	84.9					
공여친1	4052	1	1		공여친	14.9	2.0	22.1
반복친2	4057	1	1		반복친2	12.9	2.6	29.7
BC3	4058	28	3	93.6	유사	12.9	2.3	23.8
			6	93.6		11.9	2.6	25.8
			7	79.5	최저값	11.8	2.7	27.4
			8	94.9	유사	12.1	2.5	26.0
			18	97.4	유사	11.3	2.5	23.2



그림 8. 고추 여교배 세대 BC2 집단(상) 및 BC3 집단(하)에서 MABC로 선발한 개체 및 반복친 유사성이 최저값인 개체의 과실 비교 (M, MABC 선발 개체; B, 육종가 선발 개체; M/B, MABC 및 육종가 공통 선발 개체)

- BC2 집단은 테스트 한 96개 SNP 마커 중 43개에서, BC3 집단은 39개 마커에서 다형성이 확인되어 비교적 제한적인 마커만으로 여교배 세대를 선발하였으나, 정식 후 착과 및 생육 특성을 기초로한 육안 선발과 충분히 유사한 결과를 확인하였다.

③ 고신미/고색소 역병 및 복합 바이러스 내병성 품종 개발(1차년도)

- 전년도 육성, 장내 시험을 거쳐 선발한 20개의 우수 조합에 대해 2017년 3월 ~ 10월 기간 동안 전북 임실 지역에서 약 100평 규모로 농가 연락시험을 수행하였다. 대비 품종은 당사의 ‘강탄지구’, 신젠타코리아의 ‘매운탄’ 으로 하였다. 시험 결과 ‘강탄지구’ 는 바이러스 저항성 불안정으로 작황이 매우 불안정하였으며, ‘매운탄’ 은 착과 불안정으로 수량성이 미흡하였으나, 신규 조합 ‘PEDF7011’ 은 기존 당사 주력 품종 ‘파워스피드’ 와 유사한 집중 착과성을 보이며, 후기 착과성과 크기가 개선됨을 확인하였다. 또한 역병과 TSWV 복합 내병성 조합으로 건과 품질까지 우수하여 선발하였다(표 2, 그림 9, 그림 10).

표 2. 농가 연락시험 조사 특성표

품종명	숙기	과실 특성			품질특성		병 저항성			수량 특성
	개화일 (일)	과장 (cm)	과경 (cm)	과중 (g)	매운맛 정도	건조율 (%)	역병	CMV	탄저병	수량지수 (%)
강탄지구	조	16.4	2.7	24.0	7	15.3	5	7	3	88.0
매운탄	중	15.6	2.4	27.2	3	16.1	5	3	3	100.0
PEDF7011	중	16.9	3.0	33.9	7	16.9	5	4	6	111.2



그림 9. 농가 연락시험의 대비종 및 선발 조합 재배 사진



그림 10. 농가 연락시험의 대비종 및 선발 조합의 수확 과실 특성 사진

④ MABC용 SNP 마커 확대검정 (2차년도)

- 복합 내병성 계통 육성을 위해서는 병 저항성 유전자를 보유한 자원과 원예적 형질이 우수한 elite line을 교배한 다음, 후대를 다양한 병 저항성 마커 선발 및 병리 접

종을 쳐 선발하고(foreground selection), 다시 elite line과의 반복적인 여교배 (BackCross, BC) 과정을 거쳐 원예적 형질이 우수한 계통을 만든다. 대부분의 경우 여교배는 5~7세대를 거치며, 이후 형질에 따라 고정과정을 더 거치므로 계통 육성 과정에 최소 5년 이상의 긴 기간이 소요되어 전체 품종 개발 기간의 대부분을 차지하게 된다.

- 유전자 지도 전반에 걸친 다수의 분자마커를 이용한 background selection으로 여교배 개체를 선발할 경우 세대별로 2년 이상 단축 가능한 사례가 보고되었고(Hospital, F. 2003. Marker-assisted breeding. Plant molecular breeding. pp. 30-59), 다양한 작물에서 활용되고 있으므로 고추에 대해서 적용을 시도하였다. 이 과정에 Marker-Assisted BackCrossing(MABC)의 효율적인 선발을 위해 17년 하반기 Fluidigm사의 Juno 시스템과 EP-1 시스템 도입을 완료하였다
- MABC의 효율적인 선발을 위해 다양한 SNP 마커 정보를 활용할 수 있으나, 최대한 단기간 실용성 있는 기술의 set-up을 위해서 1차년도에 제1-1세부에서 보유한 고추의 MABC 마커세트를 테스트하였다. 그러나 BC2 집단은 테스트 한 96개 SNP 마커 중 43개에서, BC3 집단은 39개 마커에서만 다형성이 확인되어 다양한 계통에 확대적용하기에는 문제가 있음을 확인하였다. 특히 다양한 병 저항성 유전자가 분포하는 8번 염색체의 경우 적용 가능한 SNP 마커가 1개에 불과해 전체 염색체에 대해 효과적인 MABC 선발이 불가능함을 확인하였다.
- 단기간 전체 염색체를 cover할 수 있는 충분한 수량의 다양한 SNP 마커를 선발하기 어려우므로 가장 우선적으로 필요한 염색체를 중심으로 1차 set를 확보하는 전략을 선택하였다. 이를 위하여 고추의 다양한 유전체 정보에서 도출한 공개된 SNP 마커 정보들을 수립하였다(Ashrafi et al., BMC Genomics, 2012 13:571; Hill et al., 2013. PLoS ONE 8:e56200). Unigene을 중심으로 디자인 된 다양한 SNP 마커 들 중 병 저항성 유전자 및 다수의 원예적 형질과 관련성이 높을 것으로 추정되는 염색체 2번, 8번을 중심으로 별로 수집한 뒤, Blast search를 통해 최대한 유전자와 유사한 마커들 위주로 선별하였다. 이후 합성한 MABC 후보 SNP 마커들은 주요 elite line에 대해 스크리닝을 실시하였다. 분석 결과 증폭이 되지 않는 마커들과 모든 계통에서 다형성이 없는 마커들, 그리고 대부분의 계통에서 heterozygote로 증폭된 마커들은 우선 제거하였다(1차 TRIM, 그림 11). 비교적 다양한 계통에서 다형성을 보이는 마커들 중심으로 SNP 마커를 선별하였다(그림 12). 최종적으로 94개의 elite line 중 2계통을 제외한 모든 계통을 구분할 수 있었다(그림 13).

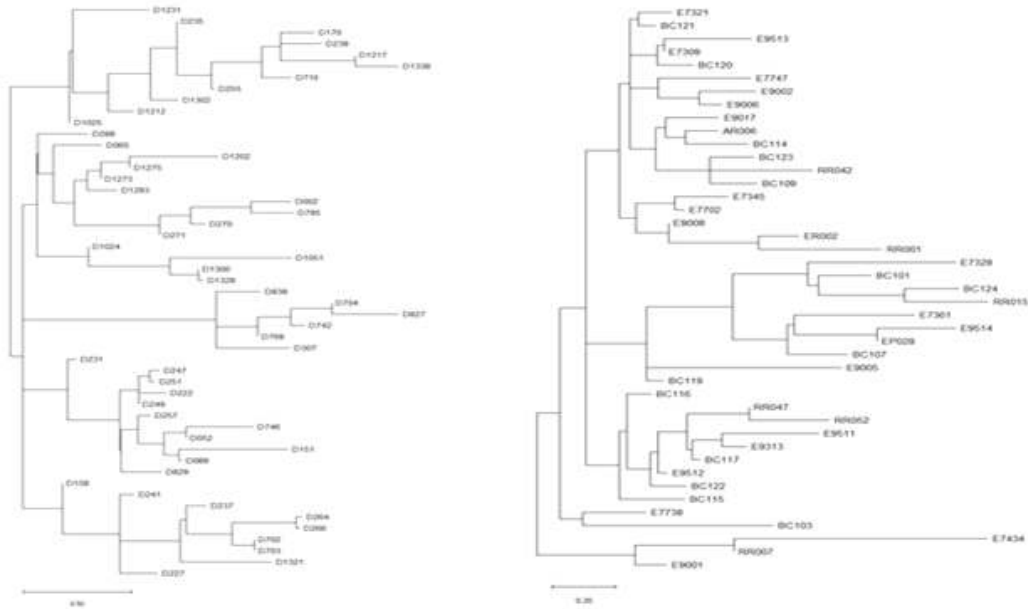
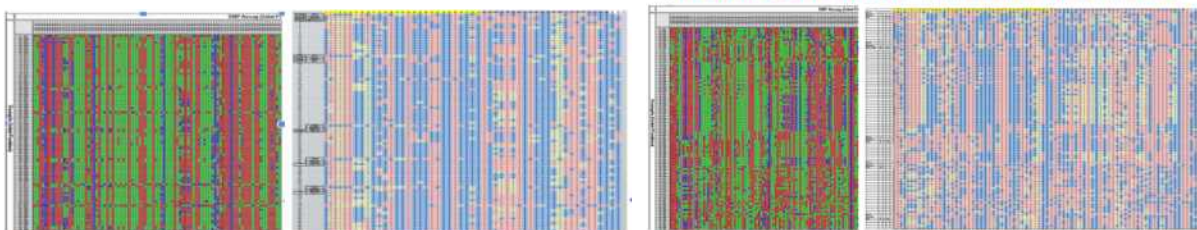


그림 13. 염색체 2번, 8번에서 선별한 SNP마커를 이용하여 주요 고추 elite line 94개의 구별성을 시험한 결과. 2계통을 제외한 모든 계통이 식별 가능함.

⑤ MABC를 이용한 고추 복합 내병성 계통 육성(2차년도)

- 염색체 2번 및 8번을 중심으로 선정한 92개 마커는 다양한 여교배 조합에 테스트를 진행하였다.
- 역병, TSWV, 흰가루병 등에 대한 저항성 마커 분석을 1차 실시한 뒤, 육종가가 선정한 개체들을 취합하여 MABC 분석을 진행하였다. 8개 조합에 대해 적용한 결과 각각의 조합 별로 공여친(Donor parent)와 반복친(Recurrent parent)사이 다형성이 30개 내외로 존재함을 확인하였다(그림 14).



계통	Type	시도명	지역명	CMV P1
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청
2018-01 2018-02	Donor H9808	충청	TSWV	충청

그림 14. 고추 여교배 세대 선발과정 중 역병 및 TSWV 저항성을 각각 또는 복수로 보유한 개체들을 중심으로 선정한 8개 조합의 Fluidigm 장비를 이용한 분석 결과. 최상단행에서 노란색은 염색체 8번, 보라색은 염색체 2번의 SNP 마커임 (상, Fluidigm 분석 결과 사진; 하, Donor/Recurrent parent 순서배치, fail 및 monomorphic을 제거한 분석표)

⑥ 우수조합의 현지 특성 평가로 신품종 출시(2차년도)

- 과제 수행 기간 동안 육성한 건고추 4조합 이외에 당해연도에는 다양한 품종의 출시 및 매출액 향상을 목표로 신미계 풋고추 1조합, 무신미계 풋고추 1조합을 포함하였으며, 이들에 대해 상품화 가능한 후보 품종을 선발하기 위하여 주요 재배 단지권 농가 시교사업을 수행하였다.

㉞ 건고추 4조합

- 전년도 다양한 후보 조합들의 재배시험 결과 원예적 특징이 우수한 4개 조합을 선발 하였으며, 이들에 대해 건고추 주산단지인 전북 임실 및 경북 영양 지역 농가에서 연락시험을 수행하였다. 파종은 임실지역의 경우 '18년 1월 말, 영양 지역은 2월 초에 실시하였고, 정식은 임실지역 4월 중순, 영양은 5월 2일, 수확조사는 임실지역 8월 3일, 영양지역 8월 13일에 실시하였다. 임실지역 재배시험 시 대비품종으로는 시장에서 우점중인 '빅스타', '칼라짱', '거대박', '불칼라', '매운탄', '에이알 돌격탄'을, 영양지역은 노지 터널재배시험을 위해 '불녹수', '불칼라', '매운탄'을 이용하였다. 주요 선발 포인트는 리딩 품종 대비 과 크기, 매운맛, 바이러스 저항성으로 하였다.
- 후속 1차년도에 우수 조합으로 선발한 'PEDF7011'의 경우 과 크기가 우수하고 CMV P1 저항성이 있어 차별성이 있지만 리딩 품종 대비 집중착과성이 부족하여 품종 출시를 포기하였다. 두 번째 조합인 'PEDF7130'의 경우 초세 부족으로 노지작형에 적합하지 않은 단점이 있었으며, 'PEDF7131'은 과 크기 및 CMV P1 저항성이 강하여 장점이 있으나 최근 가장 문제가 되는 TSWV에 대한 저항성이 없어 품종화할 수 없었다. 가장 유망한 조합 'PEDF7123'은 초세가 강하고 연속 착과 되는 극 대과 품종으로 리딩 품종과 비교하여 장점이 확실하였으나, 하절기 극도의 고온으로 인한 매운맛 저하 현상이 있었다. 이 조합에 대해서는 차년도 2차 재배시험을 통해 매운맛 함량의 변화를 확인한 뒤 품종화 여부를 결정하였다(그림 15, 그림 16).

‘PEDF7123’

‘PEDF7130’

‘PEDF7131’

‘PEDF7011’



그림 15. 후속 2차년도 기간 동안 수행한 우수조합의 전북 임실지역 시교사업 결과 재배사진. ‘PEDF7123’은 3차년도 재시험, 다른 3개 조합은 모두 drop.

대비품종 ‘불칼라’

‘PEDF 7011’

‘PEDF7131’

‘PEDF 7414’



그림 16. 후속 2차년도 기간 동안 수행한 우수조합의 경북 영양지역 시교사업 결과 재배사진. 차별적으로 우수한 특성이 없는 3개 조합 모두 drop.

㉞ 풋고추

- 신미계 풋고추 우수 조합 선발 시험은 경북 예천군에서 수행하였다. 파종은 ‘18년 1월 초, 정식은 5월 10일, 수확조사는 7월 20일에 수행하였다. 대비품종으로는 리딩품종인 ‘PR열’, ‘PR큰열’, 그리고 ‘청양’을 사용하였다. 당사의 후보 조합 ‘PEDG7227’의 경우 대비종 보다 과 크기가 유사하면서도 바이러스에 강하여 초세가 유지되어 다수확이 가능하며 과실 중량이 더 무거운 장점이 있었지만 숙기가 늦은 단점이 있어서 더 이상의 품종화는 진행하지 않기로 결정하였다(그림 17).

‘PEDG 7227’



그림 17. 후속 2차년도 기간 동안 수행한 우수조합의 경북 예천지역 시교사업 결과 사진. 차별적으로 우수한 특성이 없어 drop.

㊤ 품종보호등록(2차년도)

- ‘15년 품종보호출원한 고추 품종 ’ 피이디에프5063 (PEDF5063)’ 품종의 보호등록이 완료되었음 (그림 18, 등록일 2018년 7월 11일, 품종보호 제7316호)



그림 18. 품종보호 등록 결정된 고추품종 ‘PEDF5063’(좌, 재배시 착과사진; 중, 대비품종 파워스피드와의 과실 비교 모습; 우, 품종보호권등록증)

㉞ MABC용 SNP 마커 확대 검정(3차년도)

- 후속 1,2차년도에 이어 후속 3차년도 기간에는 역병 저항성 주동 유전자가 존재하는 염색체 5번, TSWV 병 저항성 유전자가 존재하는 염색체 11번 중심의 SNP 마커 정보를 수집한 뒤 이를 육종 elite line에 스크리닝하여 가장 유효한 5번과 11번 염색체 중심의 마커를 선발하였다.

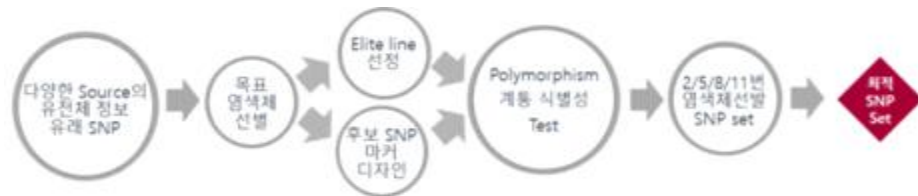


그림 19. 후속 3차년도 MABC용 마커 set 개선 컨셉

- 고추의 다양한 유전체 정보에서 도출한 공개된 SNP 마커 정보들에서 Unigene을 중심으로 디자인 된 다양한 SNP 마커 들 중 병 저항성 유전자 및 다수의 원예적 형질과 관련성이 높을 것으로 추정되는 염색체 5번, 11번 및 후속 1, 2차년도에서 제외하였던 다른 염색체 (1, 3, 4, 6, 7, 9, 10, 12번)의 정보도 확보하였다(Ashrafi et al., BMC Genomics, 2012 13:571; Hill et al., 2013. PLoS ONE 8:e56200). 그 다음 Blast search를 통해 최대한 유전자와 유사한 마커들 위주로 선별한 뒤 후속 1, 2차년도에 선발한 마커와 합쳐서 총 278개의 SNP 마커를 합성하였다.
- 이들 마커를 이용하여 국내용 Elite line 51개(건고추, 풋고추), 수출용 43개(인도, 중국, 하늘초, 할라페노)를 스크리닝한 다음 분석 결과 증폭이 되지 않는 마커들과 모든 계통에서 다형성이 없는 마커들, 그리고 대부분의 계통에서 heterozygote로 증폭된 마커들은 우선 제거하였다(1차 TRIM, 그림 23). SNP 마커는 2개의 allele 차이를 구분하는 bi-allelic marker 이므로 각 마커의 Polymorphic information content (PIC) 값을 최대 0.375 기준으로 설정하고, PIC 값이 0.2 이하인 마커를 제거하여 171개 후보 마커를 선정하였다(1/3 계통 이상에서 다형성인 마커 선발). 최종적으로 94개의 elite line 중 2계통을 제외한 모든 계통을 구분할 수 있었다.

㉟ 1차 선정 171개 SNP 마커의 elite line 식별성 확인

- 수출용 43계통은 크게 미주용, 우각초, 남방계/인도, 복화방하늘초로 계통 특성에 맞게 구분됨을 확인하였다. 국내용 51계통은 건고추/풋고추, 유지친/회복친 등으로 나누어 지나 형매교배인 sib계통 6개는 식별이 불가능하였다(그림 20).

㉔ 공여친/반복친 식별성 확인과 최종 마커 set 확정

- 실제 여교배 과정에 사용되는 다양한 공여친과 반복친을 이용하여 1/3 이상의 조합에서 다형성이 있는 마커 선별을 실시하여 최종 96개 마커 set를 확정하였다. 기존 염색체 2/8번 set 대비 다형성 마커 수를 다양한 조합에 일괄 적용이 가능한 수준으로 확장할 수 있었다(그림 21, 그림 22, 표 3).

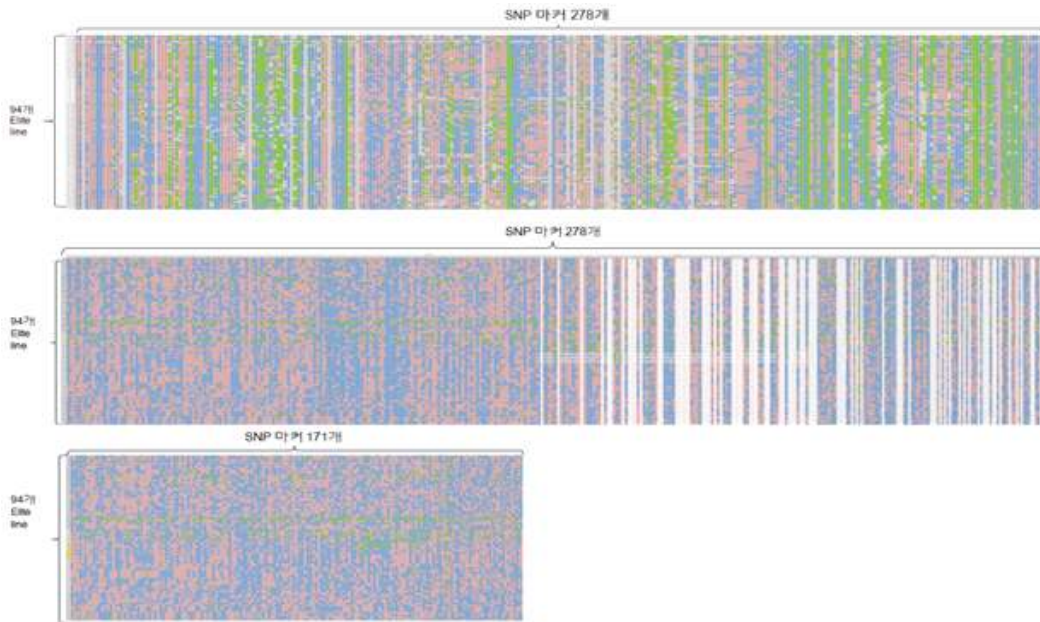


그림 20. 총 278개 SNP 마커 이용 elite line 94계통 1차 스크리닝 과정.

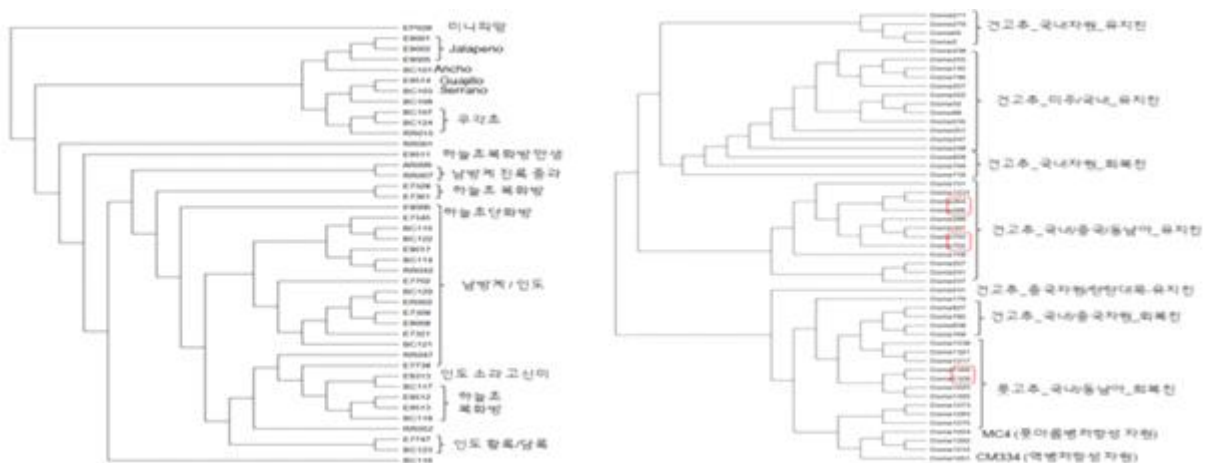


그림 21. 171개 후보 SNP 마커를 이용한 수출용(좌) 및 국내용(우) elite line 분석 결과. 대부분 seg. 및 주요 특징에 따라 구분됨.

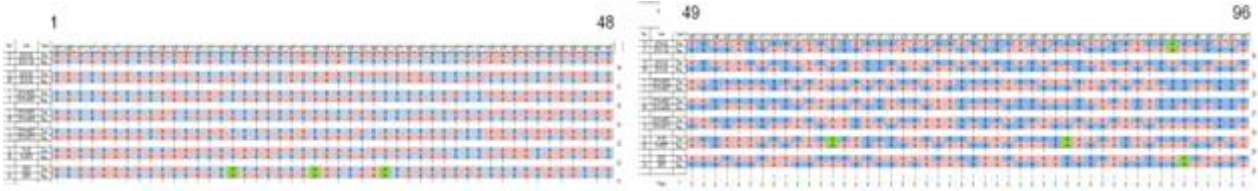


그림 22. 171개 후보 SNP 마커 이용 5개 공여친과 7개 반복친 조합 별 다형성이 우수한 96개 마커 set 선정 결과.

표 3. 최종 선정한 96개 마커 set 의 기존 마커 set 대비 다양한 공여친/반복친 조합 별 다형성 마커 수

Line	Type	Ch 2/8set 다형성마커 수	신규 96개 마커set 다형성마커 수	증가율
No. 52	공여친	39	64	156 %
No. 4057	반복친			
No. 60	공여친	35	70	200 %
No. 134	반복친			
No. 60	공여친	37	65	176 %
No. 90	반복친			
No. 4083	공여친	40	65	163 %
No. 4087	반복친			
No. 4083	공여친	37	63	170 %
No. 4099	반복친			
No. 4083	공여친	50	62	124 %
No. 4515	반복친			
No. 8303	공여친	29	64	220 %
No. 2429	반복친			

⑧ MABC를 이용한 고추 복합 내병성 계통 육성(3차년도)

- 신규 개선한 전체 염색체를 포괄하는 96개 마커 set를 TSWV 및 탄저병 저항성을 보유한 3개 여교배 집단 BC1세대 조합 72개체에 대해 테스트를 진행하였다(그림 23). 분석 결과를 바탕으로 각 집단 별로 반복친 유사도가 높은 개체를 선발하였다.

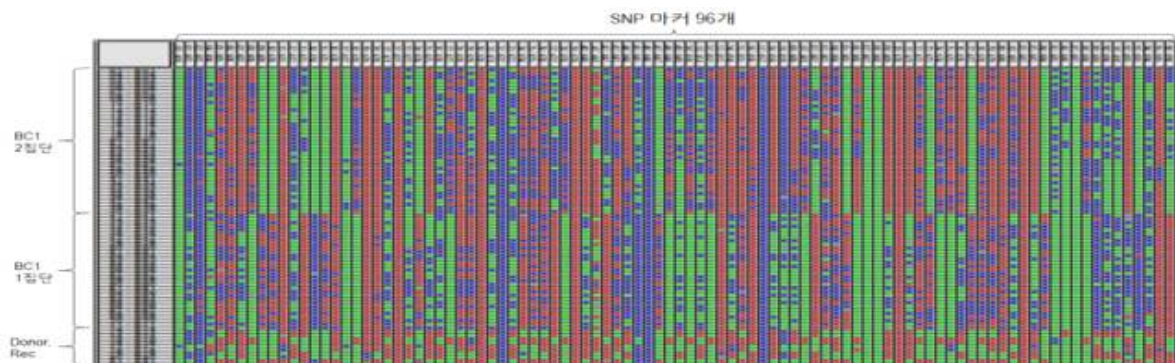


그림 23. 96개 SNP 마커 이용 BC1세대 3집단 분석 결과.

표 4. 신규 96개 마커 set을 이용한 3개 BC1 집단의 개체 별 반복친 유사도 분석 결과

세대	계통 번호	탄저병 Tswv	반복친 유사도(%)	세대	계통 번호	탄저병 Tswv	반복친 유사도(%)	세대	계통 번호	탄저병 Tswv	반복친 유사도(%)					
Don.1	20-160 8	1	평균73.12	Don4.5	18-075 2	1	평균78.0	Don6	20-160 2	1	평균56.1					
Rec1	20-107 7	1		Rec1	20-107 7	1		Rec6	20-221 4	1						
BC1	20-170 1	1	H	68	BC1	20-170 4	6	H	H	79.6	BC1	20-170 6	9	H	H	66.1
		2	H	78			13	H	H	80.6			18	H	H	50.8
		3	H	71			17	H	H	72.4			19	H	H	57.6
		4	H	73			18	H	H	66.3			27	H	H	59.3
		6	H	75			26	H	H	79.6			30	H	H	66.1
		7	H	65			31	H	H	79.6			38	H	H	72.9
		8	H	65			42	H	H	79.6			41	H	H	54.2
		10	H	78			44	H	H	81.6			45	H	H	57.6
		12	H	81			55	H	H	88.8			55	H	H	69.5
		13	H	81	BC1	20-170 5	1	H	H	77.6			60	H	H	45.8
		14	H	82			23	H	H	78.6			61	H	H	66.1
		16	H	76			28	H	H	74.5			67	H	H	35.6
		19	H	74			48	H	H	74.5			68	H	H	33.9
		20	H	69			51	H	H	73.5			71	H	H	81.4
		21	H	70			95	H	H	83.7			72	H	H	66.1
		23	H	74									74	H	H	62.7
		27	H	76									78	H	H	62.7
		28	H	69									79	H	H	42.4
		29	H	85									84	H	H	45.8
		31	H	80									86	H	H	47.5
		32	H	70									88	H	H	44.1
		33	H	62									91	H	H	45.8
		35	H	66									93	H	H	42.4
		41	H	68									107	H	H	61.0
		47	H	72									109	H	H	55.9
													110	H	H	52.5
													115	H	H	64.4
													117	H	H	59.3
													119	H	H	59.3
													122	H	H	59.3
													126	H	H	64.4
													133	H	H	44.1

㉞ 우수조합 선발 및 품종 개발

■ 농가 연락시험 및 조합 선발('19년)

- 역병과 흰가루병에 복합 저항성인 무신미계 풋고추 2조합에 대해 홍성, 의성, 철원 지역의 연락시험을 진행하였다. 그 결과 대비품종인 '스위티풋' 과 비교하여 과형이 안정적이고 초세가 작으면서도 흰가루병에 강하고, 무신미 특성이 안정적으로 유지가 되는 조합 'PEDG8520' 을 선발하였다(그림 24, 표 5). 해당 조합은 차년도 시교사업을 거쳐 품종 보호 출원을 진행할 예정이다.



그림 24. 후속 3년차('19년) 신규 선발한 무신미계 풋고추 'PEDG8520'의 과형

표 5. '19년 신규 선발 풋고추 품종 'PEDF8520'의 특성 비교표

품종명	과장 (cm)	과경 (cm)	과중 (g)	과피두께 (mm)	無辛味 안정성	치감	과균일도	초장 숙기	흰가루병 저항성
스위티풋 (팜한농)	21.0	1.9	27.5	2.5	3	3	7	5 5	9
PEDG8520 (신규조합)	20.7	2.2	33.1	3.5	1	3	5	3 3	3

- 역병 및 TSWV/CMV 복합 저항성 건고추 신조합 : 기존 자체 조합 대비 과 크기가 크고 착과력이 우수하며, 복합 바이러스 저항성이 강한 PEDF9184, 9186, 9187 3개 조합을 신규 선발하였다(그림 25, 표 6)



그림 25. 후속 3년차('19년) 신규 선발한 건고추 3개 조합의 과형

표 6. '19년 신규 선발 건고추 3조합의 특성 비교표

지표	성능검정시험 선발 조합 결과					비고
	대비종1	불갈라	9184	9186	9187	
과크기	5	5	3	4	4	대비종 평균 20g, 신규 조합 23~26g
건과품질	4	4	4	4	4	
착과력	4	2	1	3	4	
매운맛	4	7	4	4	4	
숙기	5	4	5	6	5	
초장	6	6	5	6	5	
복합 바이러스 저항성	5	5	5	4	4	
과형	4	4	4	4	5	
생리장해 정도	5	5	5	5	4	
저항성 정도	3	2	2	2	2	
저항성 정도	9	9	9	9	9	
저항성 정도	9	9	9	9	9	

■ 농가 연락시험('20년)

- 임실 연락시험 농가(6월 30일) : 주산단지인 임실지역에 대해 25조합 및 대비종에 대한 중간점검을 시행하였다. 정식 후 저온 및 야간 온도 저하로 전반적으로 생육이 전년대비 늦고 요철과 발생이 많았으며, 7월 하순 작황조사를 수행할 예정이다.
- 해남지소(6월 30일) : 터널용 고추 80조합 및 대비종에 대해 전반적인 생육점검을 수행하였다. 타 지역 대비 전반적으로 작황이 양호하였고 #271 등 9개 조합을 예비선발하였다. '19년 선발한 무신미꽃고추 ' PEDG8520' 의 경우 대비품종인 '스위티꽃' 대비 과 크기가 크고 요철이 적으며, 무신미 특성이 안정적으로 유지됨을 확인할 수 있었다. 7월 중순 작황조사를 진행 할 예정이다.
- 홍성 연락시험 농가(7월 1일) : 비가림재배 작형에 대한 작황점검을 진행한 결과 후보 조합은 과 크기가 크고 균일하였으며, 7월 하순 작황조사를 진행 할 예정이다.
- 공주 재배농가(7월 1일) : 노지재배 작형에 대한 작황점검을 진행한 결과 대과 및 착과력이 우수한 특성을 확인하였다. 7월 하순 작황조사를 진행 할 예정이다.



그림 26. 후속 3년차('20년) 연락시험 중간조사 결과 (좌, 임실 연락시험 농가 건고추 중간조사. 결과; 우, 홍성 연락시험 농가 'PEDG8520' 비교사진)

㉔ 품종 보호 출원/등록 (3차년도)

- ‘19년 하반기 신규 선발한 역병/TSWV 복합 병 저항성 조합 ‘ 피이디에프 8245(PEDF8245) ‘에 대해 품종보호 출원을 진행하였다(출원일 2020년 2월 27일, 출원번호 2020-118)

민원인을 가족같이, 민원을 내 일같이	
품종보호출원번호 통지서	
출원일자 : 2020. 2.27.	품종보호 출원번호 : 출원 2020 - 118
	품종명 출원번호 : 명칭 2020 - 229
작 품 명 : 고추	
품종 명칭 : 피이디에프8245	
2020년02월27일	
국 립 종 자 원 	

- 2017년 품종보호 출원한 ‘피이디에프5511(PEDF5511)’ 품종의 보호 등록이 완료되었다(등록일 2020년 5월 20일, 품종보호 제8144호).



⑨ 채소육종 현장 인턴교육

- 1, 2단계에서 고추를 중심으로 다양한 채소작물에 대해 1개월 ~ 6개월에 걸쳐 12명에 대해 채소육종 현장 인턴 교육을 실시하였고, 교육 참여시기에 해당하는 작물의 생육 단계에 맞는 교육 과정을 운영하였다. 이를 바탕으로 3단계 과제 운영 기간 동안 매년 1명 이상의 인턴 교육 대상자를 지원받아 교육 시기에 맞는 실제 육종 단계에 대한 현장 교육을 수행하고자 하였으나, 후속 1차년도 과제 수행 기간이 참여 가능한 학생의 방학기간(6월~8월)과 매칭이 되지 않아 현재 까지 수행하지 못하였다.
- 인턴 교육 인력 지원을 활성화 하기 위하여 2019년 3월 18일, 본 과제에 제1-1협동과제로 참여하는 전남대학교 농업과학대학 원예생명공학과 학부생 및 대학원생을 중심으로 채소육종 과정의 분자마커 활용과 채소육종연구센터 지원 육종현장 인턴교육에 대해 소개하였다(그림 27).
- 대부분의 참여 대학원생이 하계방학 기간 동안 참여하는 만큼 최대한 참여의 폭을 늘리기 위해 후속 3년차에는 1개월 이내의 단기 교육 비중을 늘리기로 하였다. 교육 기간 동안 주요 작물의 육종 이론 교육, 교배 및 기초 현장 실습을 진행하였다. 총 8명의 인턴교육을 실시하였다.



그림 27. 제1-1협동 참여 대학인 전남대학교 농업생명과학대학 원예생명공학과 학생 및 대학원생을 중심으로 실시한 채소육종현장 인턴교육 소개 사진

표 5. 후속 3년차 채소육종 현장 실습 내용

순번	성명	소속	교육 기간	교육 내용
1	김**	중앙대학교	'20.05.19 ~ 05.21	배추 육종 이론, 교배
2	최**	중앙대학교	'20.05.19 ~ 05.21	배추 육종 이론, 교배
3	김**	서울대학교	'20.07.06 ~ 07.10	양배추, 토마토, 무, 배추 육종 기초교육
4	변**	서울대학교	'20.07.06 ~ 07.10	양배추, 토마토, 무, 배추 육종 기초교육
5	김**	서울대학교	'20.07.06 ~ 07.10	양배추, 토마토, 무, 배추 육종 기초교육
6	강**	서울대학교	'20.07.13 ~ 07.17	무, 배추, 수박, 토마토 육종 기초교육
7	장**	서울대학교	'20.07.13 ~ 07.17	무, 배추, 수박, 토마토 육종 기초교육
8	이**	서울대학교	'20.07.13 ~ 07.17	무, 배추, 수박, 토마토 육종 기초교육

⑩ 고용창출

- 제1-1협동 과제를 수행 전남대학교 졸업생 김**(최종 하위 석사), 제3-1협동 과제를 수행하는 서울대학교 졸업생 한**(최종 학위 박사) 2명을 채용하였으며, 각각 2018년 1월 1일, 2월 1일 육종연구센터로 발령 받아 육종연구원으로 근무중이다(담당 작물 미정). 이외에도 충북대학교 이**(최종 학위 석사) 1명을 채용하여 육종연구원으로 근무중이다(담당 작물 미정). 신입 육종연구원은 작물 순환 교육이 완료되면 담당 작물을 지정 받아 육종을 시작할 계획이다.
- 서울대학교 졸업생 장** (최종 학위 석사) 1명을 채용하여 생명공학팀 분자마커 연구원으로 근무중이다(그림 21).

⑪ 사업화 실적

■ 1차년도

- ‘보석’, ‘비가림스피드’ 사업화로 후속 1년차 기간 동안 3,148,200원의 매출이 발생함

원품종명	제품명	기간 : 2017년 9월 ~ 2018년 5월
		매출액 합계 (단위 : 원)
비가림스피드(PEDH3603)	비가림스피드고추	1122000
보석(PEDF4005)	강탄보석고추	30360000
총 합계		31482000



강탄보석 고추

탄자성에 강하고 건과품질이 극히 우수한 대과종!
특성: 탄자성에 강하고 건과품질이 극히 우수한 대과종!
특성: 탄자성에 강하고 건과품질이 극히 우수한 대과종!
특성: 탄자성에 강하고 건과품질이 극히 우수한 대과종!

재배작기호	●작종	●표정식	●출수량
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10			
노지	●		

농림수산식품안전관리공단
02-6206-2014 206

표정식: 특이형, 발아율: 95% 이상

비가림스피드 고추

키가 작고 품질이 좋은 비가림 전용 품종! 매운맛 최고!
특성: 키가 작고 품질이 좋은 비가림 전용 품종! 매운맛 최고!
특성: 키가 작고 품질이 좋은 비가림 전용 품종! 매운맛 최고!
특성: 키가 작고 품질이 좋은 비가림 전용 품종! 매운맛 최고!

재배작기호	●작종	●출수량	●표정식
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11			
비가림	●		

농림수산식품안전관리공단
02-6206-2014 206

표정식: 특이형, 발아율: 95% 이상



■ 2차년도

○ ‘보석’, ‘비가림스피드’ 사업화로 후속 2년차 기간 동안 16,992,000원의 매출이 발생함

제품명(품종명)	기간 : 2018년 7월 ~ 2019년 3월
	매출액 합계 (단위 : 원)
강탄보석고추	16,332,000
비가림스피드고추	660,000
총 합계	16,992,000

■ 3차년도

○ ‘보석’, ‘지구’ 사업화로 후속 2년차 기간 동안 50,070,000원의 매출이 발생함

제품명(품종명)	기간 : 2019년 5월 ~ 2020년 1월
	매출액 합계 (단위 : 원)
강탄보석고추	4,100,000
강탄지구고추	45,970,000
총 합계	50,070,000



(2) 제 2-1 협동과제: Capsiate함유 고추를 활용한 소재 및 상품개발

과제번호	제 (2 - 1)협동과제					
세부 연구과제명	국문	Capsiate함유 고추를 활용한 소재 및 상품개발				
	영문	The development of diet foods using the pepper with high levels of capsiate				
세부 연구책임자	한글성명	정지원	영문성명	Ji Won Jung	과학기술인 등록번호	
	소속기관	CJ제일제당	부서명 (학과명)	식품연구소	직위	부장
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	95,000	95,000	120,000	310,000	
	기업부담금	95,000	95,000	120,000	310,000	
	기타					
	합계	190,000	190,000	240,000	620,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴 교육	
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용 창출	투자유치		논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용		홍보전시
												SCI	비SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	명	명				
가중치																				
최종목표																				
1단계	목표																			
	실적																			
2단계	목표																			
	실적																			
3단계	목표					1	200	0			1	2								
	실적					1	0	4			0	0								
최종	목표					1	200	0			1	2								
	실적					1	0	4			0	0								

④ 사업화 성과 및 매출 실적

항 목	세부 항목	성 과			
사업화 계획	사업화 소요기간(년)				
	소요예산(백만원)				
	예상 매출규모 (억원)	현재까지	3년후	5년후	
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내			
국외					
	향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획				
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)	현재	3년후	5년후	
	수입대체(내수)				
	수 출				

항목	세부항목			성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	억원	
			향후 3년간 매출	2 억원	
		관련제품	개발후 현재까지	억원	
			향후 3년간 매출	억원	
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : % 국외 : %	
			향후 3년간 매출	국내 : % 국외 : %	
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위			위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위			위

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도 • Capsiate고추 소재의 표준화	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Capsiate고추를 기능성 소재화하기 위해 고추의 재배특성 및 생산성 평가 ▪ Capsiate고추 기능성 식품 소재화를 위해 기능성물질 추출 및 물질 안정성 평가
	2차년도 • Capsiate고추 추출물 소재의 기능성효과 동물검정과 동물검정	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Capsiate고추 소재의 기능성 식품 형태 설정 ▪ Capsiate고추 추출물의 동물실험으로 효능 검정
	3차년도 • Capsiate고추 추출물 소재의 기능성인체시험검정 및 제품화	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Capsiate고추 소재로 2가지 프로토 제품 개발 및 1개 제품 시생산 ▪ 시생산 제품의 품목제조 신고 및 유통기한, 안전성 등 검증 ▪ Capsiate고추 추출물 소재를 활용한 시생산 제품으로 인체시험(진행중)

(다) 기타 주요연구 성과 (자유 기술)

① 캡시에이트 소재 개발 배경

㉞ 연구의 필요성

- 세계보건기구(WHO)가 ‘21세기 신종 전염병’으로 비만을 지목하면서 질병으로 그 위협에 주목을 하고 있으며, 미국 국립보건원(NIH)에 의하면 전체 인구의 약 50%가 본인이 과체중이라고 인지하며 적극적으로 체중조절을 하고자 노력하겠다는 보고가 있을 정도로 소비자들의 체중조절 식품에 대한 니즈와 관심은 지속 증가하고 있다.
- 국내에서 체지방 감소 기능성을 인정받은 소재는 30여종으로 다수가 해외에서 수입되는 소재로 국내 농가, 기업 등의 국가 경쟁력 강화를 위해서는 국내 재배 식물을 활용한 자체 기능성 원료 개발 및 산업화가 필요한 상황이다.
- 체중조절용 기능성 식품의 주요 메커니즘으로 식욕억제, 흡수억제, 분해촉진, 합성억제, 기초대사량 증진 등이 있으며, 최근 발열에 의한 기초대사량 증진을 통한 체지방 감소 소재에 대한 연구 및 제품화가 일본 등지에서 활발히 진행되고 있으며, 아지노모토는 capsiate 함유 고추(CH-19)를 활용한 다이어트 제품을 출시한 상황이다.
- 지금까지 알려진 Capsiate 성분의 체지방 감소 작용기전은 인체내 Nociceptor(자극수용체)의 TRPV1 (The transient receptor potential cation channel subfamily V member 1) 채널을 자극하여 부교감신경(Sympathetic nerve)에서 norepinephrine(NE)을 방출하게 되고, 이로 인해 갈색지방 세포(Brown adipose tissue:BAT)내에 열을 발생시키는 uncoupling protein 1(UCP1) 발현을 촉진시키며, 이 과정에서 에너지 대사량이 증가하여 체지방 감소가 일어난다고 보고되었다.

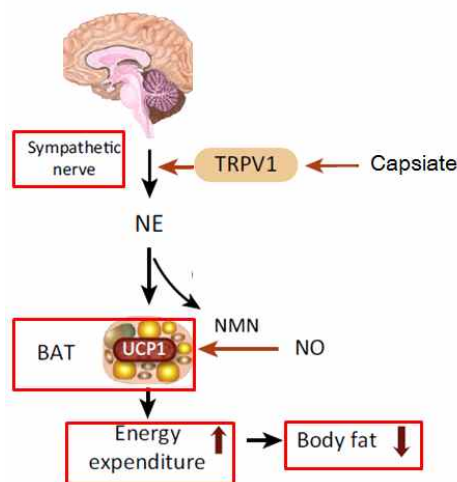


그림 1. 캡시에이트 체지방 감소 작용 기전

- 일본 아지노모토사 고추대비 capsiate 함량이 높은 품종의 고추를 개발하여 발열에 의한 기초대사량 증진 메커니즘의 신규 다이어트 소재 및 제품 개발을 진행시 국내 건식 산업의 자체 경쟁력 증진 및 농가 소득 증진에 큰 기여를 할 것으로 판단된다.

② 소재 개발 및 원료 생산

㉞ 캡시에이트고추(스윗하바네로(스누윈더HO)) 특성

1) 유전적 특성

- *Capsicum chinense* 종의 ‘SNU11-001’ 계통은 맵지 않은 캡시에이트 고함유 계통으로, pAMT 유전자의 세번째 intron에 Tcc (Transposon of *Capsicum chinense*) 라는 2.3kb의 큰 염기 서열이 삽입되어 있다. 또한 이 유전자에서 두 개의 전사체가 만들어지는데 403 bp의 삽입 서열 및 45 bp 와 8 bp 결실 서열이 있으며 조기 종결 코돈이 생긴 돌연변이가 되어 다른 품종보다 많은 캡시에이트가 합성된다.

2) 생리적 특성

- 과실의 미숙과색은 중간정도의 녹색이며, 안토시아닌 착색이 없다.
- 과실의 숙과색은 적색이며, 광택은 중간 정도이다.
- 과실의 길이와 직경은 3~4 cm 정도로 길이/직경 비율은 1:1 정도이다.
- 과실을 세로로 자른 면의 모양은 심장형이며, 가로로 자른 면의 모양은 각이 있어 심실의 수가 3개 내지 4개이다.
- 과실 꼭지부위를 제외한 부분의 과피 굴곡은 중간 정도이다.
- 과실 표면의 질감은 약하게 주름이 저있다.



그림 1. 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추의 과실, 식물체 및 캡사이신과 캡시에이트 함량

㉟ 원료재배 테스트

1) 1차년도 원료생산

- 온실과 노지에서 각각 재배(그림 2)하면서 녹색단계와 주황색단계로 수확시기를

구분하여 캡시에이트 함량과 과실건조 수율을 측정하였다(표 1). 온실재배가 노지 재배대비 전체적으로 함량이 높았으며, 온실재배는 성숙단계(주황색)가 노지재배는 미숙단계(녹색)가 상대적으로 함량이 높게 나타났다.



그림 2. 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추의 형태와 온실과 노지의 재배모습

표 1. 스윗하바네로(스누윈더HO) 성숙단계별 캡시에이트 함량 및 과실 건조 수율

재배지	온실재배		노지재배	
	녹색단계	주황단계	녹색단계	주황단계
Capsiate함량(mg/g D.W.)	4.2	6.0	3.3	2.9
건조수율(%)			12.0	11.7

- 노지재배시 10월까지 수확이 가능했으며, 생산성은 식물체 1주당 2kg으로 측정되었다. 1주당 과실이 150~300개, 과실 1개당 6~13g의 분포를 나타내었다.

2) 2차년도 원료생산

- 노지에서 재배하면서 성숙단계와 수확시기에 따른 스윗하바네로(스누윈더HO)의 캡시에이트 함량을 측정하였다(표 2). 성숙단계는 1차년도와 같이 녹색단계와 주황단계로 구분하였고, 수확 시기는 식물체의 고추 과실 크기가 비대해진 후 초기에 수확한 것과 재배 종료 전 수확한 것으로 구분하였다. 노지재배의 경우 1차년도와 같이 미성숙 단계인 녹색단계의 캡시에이트 함량이 성숙단계보다 높았으나, 1차년도 대비 2차년도에 전체적으로 캡시에이트 함량이 감소하였다. 수확시기에 따라서는 초기에 수확한 것이 후기보다 높았다. 2년간의 재배테스트 결과에 따르면 수확물의 캡시에이트 함량을 상대적으로 높이려면 미성숙한 녹색단계의 고추를 수확하여 제품생산에 사용하는 것이 적합하였다.

표 2. 스윗하바네로(스누윈더HO)의 성숙단계와 수확시기별 캡시에이트 함량

성숙단계	Capsiate함량(mg/g D.W.)	
	녹색단계	주황단계
	2.2	1.6
수확시기	초기	후기
	1.4	1.2

3) 3차년도 원료생산

- 3차년도 노지재배시 1, 2차년도에 관찰되지 않던 바이러스 감염이 관찰되었다(그림 3). 3,000주 재식하여 3톤의 수확량 예상하였으나 스윗하바네로(스누윈더HO) 식물체의 바이러스 피해로 총 수확량이 260kg에 그쳤다.
- 향후 스윗하바네로(스누윈더HO) 추출물을 활용한 제품 생산을 위해서는 바이러스 저항성이 있는 식물체로 추가 육성이 필요하다.



그림 3. 노지재배시 스윗하바네로(스누윈더HO) 식물체의 바이러스 피해 모습

㉔ 소재 표준화

1) 추출 최적화

■ 주정 추출

- 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추원료를 제품에 적용할 수 있는 상업적 소재로 개발하기 위해 먼저 식품에서 사용가능한 용매인 주정을 활용한 유효물질 추출 테스트를 진행하였다. 95% 주정으로 40℃에서 추출할 때 C캡시에이트 함량기준 수율이 가장 높았다(표 3, 표 4).

표 3. 주정함량별 캡시에이트 함량 변화

주정 함량	Capsiate (mg/g D.W.)
95%	1.4425
85%	1.3359
75%	1.2552
65%	1.139

표 4. 추출온도별 캡시에이트 함량 변화

추출용매	추출온도(°C)	Capsiate(mg/g D.W.)
75%주정	60	0.1720
75%주정	50	0.1805
95%주정	40	1.1404
95%주정	30	0.8052

- 추출공정 : 원물 → 건조 → 분쇄 → 추출(37°C, 24시간)
- 건조수율 : 11~12%
- 원물 대비 95% 주정추출 수율 : 76.5%
- 추출물을 보관하며 캡시에이트 함량변화를 측정된 결과 빠른 속도로 감소하여 일반적으로 사용하는 주정추출물 상태로의 활용은 불가능한 것으로 확인되었다.

■ 초임계추출

- 지용성 성분 추출에 주로 사용되는 초임계추출을 통해 유효성분 추출 테스트를 진행하였다. 고함량의 캡시에이트 추출물을 얻을 수 있었으며 본 연구에서 향후 제품 적용을 위한 소재생산에 적용할 1차 방안으로 도출하였다.
- 추출조건 : 400bar, 55°C
- 추출물 capsiate 함량 : 68mg/g

2) 안정성 실험

■ 초임계 추출물 상온보관 안정성

- 초임계추출로 최종 수분함량 3.4%인 캡시에이트 고추 추출물을 상온에 보관하면서 유효성분의 안정성을 측정하였다. 시간이 지남에 따라 점차 감소하였고 1년 경과후에는 캡시에이트 함량이 50%로 줄어든 것으로 측정되었다(그림 5).

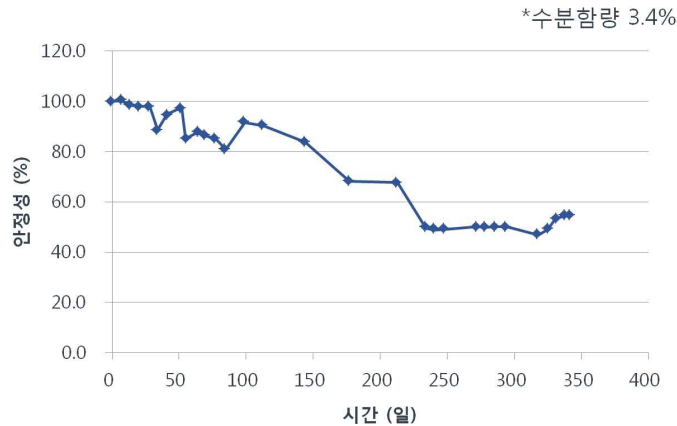


그림 5. 초임계 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추추출물의 상온보관 중 캡시에이트 함량 변화

■ 액상제형내 안정성

- 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추 추출물 소재로 제품 개발시 식품 제형을 결정하기 위해, 1차적으로 현재 다이어트제품의 가장 고전적 형태인 액상제형을 검토하였다. 음료형태로 개발시 일반적인 살균조건인 85℃, 15분 적용시 유효성분인 캡시에이트 함량이 43%만 남아있는 것으로 확인되었다.
- 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추 추출물 소재로 일반적 음료 적용시 사용되는 보존제로 안식향산을 첨가하고, 구연산과 NaOH로 pH를 조절하여 각각 pH3.75, 7.0, 10로 조정하여 45℃시 가속 보관실험으로 캡시에이트 함량 변화를 측정된 결과 30일 경과시 모든 처리구가 20%대 또는 그 이하로 감소하였다(그림 6).

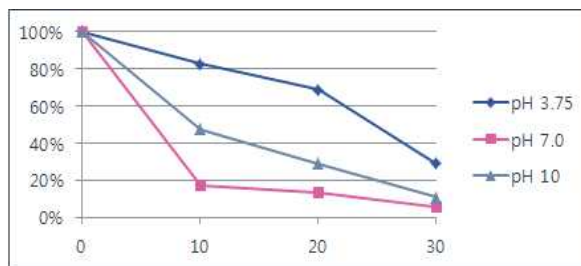


그림 6. 액상내에서 캡시에이트 함량변화 (45℃ 가속 실험 조건)

■ Encapsulation 비드 적용 안정성

- 스윗하바네로(스누윈더HO) 고추 추출물의 액상내 안정성을 개선하기 위하여 고추 추출물과 건조물 자체를 알긴산, 안긴산과 유지가 결합된 물질로 각각 비드를 형성하는 encapsulation을 시도하였다. 각각 4, 25, 45℃에서 보관하면서 capsiate 함량변화를 측정하였다(그림 7, 8, 9). 모든 처리구에서 함량감소가 나타나, 액상제형으로 제품개발은 불가능한 것으로 판단하였다.

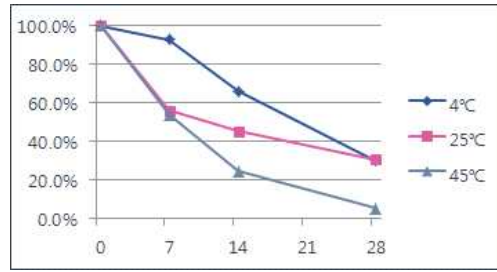


그림 7. 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 알긴산 비드 Encapsulation에서 캡시에이트 함량 변화

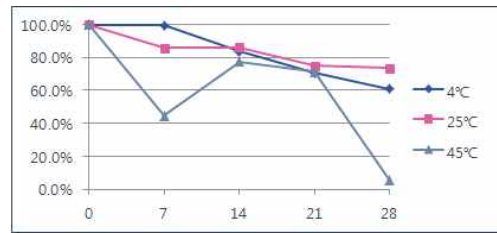


그림 8. 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 알긴산 유지 비드 Encapsulation에서 캡시에이트 함량 변화

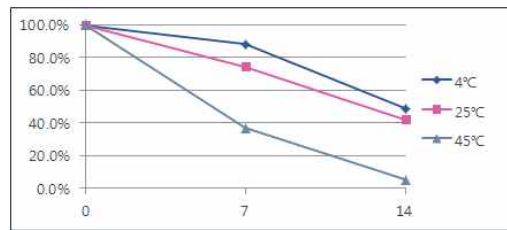


그림 9. 스윗하바네로(스누원더HO) 분말의 알긴산 유지 비드 Encapsulation에서 캡시에이트 함량변화

③ 동물실험 (효능검정)

㉠ 1차 ‘스윗하바네로(스누원더HO)’ 추출물의 항비만 효능 동물 실험

- 비운동상태에서 단기 5mg capsiate/kg Capsiate가 함유된 스윗하바네로(스누원더 HO) 추출물은 탄수화물 산화를 운동상태에서 단기 Capsiate 고추 추출물은 지방 산화를 높여 Capsiate 운동과 비운동상태에서의 다른을 기능 나타내는 것으로 측정되었다.
- 비운동상태에서 8주 장기 Capsiate 고추 추출물에서 체지방 (perirenal tissue)은 감소를 보였으나 유의성 있게 나타나지 않아 장기로 인한 내성인지 효능이 없는지 결론 내릴 수 없었다. 따라서 추가 동물실험이 필요할 것으로 결론지었다. 그리고 인체선행연구에서 여성이 남성에 비해 스윗하바네로(스누원더HO) 섭취로 인해 발열에 의한 땀분비가 유의성 있게 나와 2차 동물실험에서는 수컷대신 암컷을 사용하여 진행하였다.

㉡ 2차 ‘스윗하바네로(스누원더HO)’ 추출물의 항비만 효능 동물 실험

- 동물실험제목: ‘스윗하바네로(스누원더HO)’ 추출물의 in vivo 항비만 효능 검증
- 수행기관: National Mouse Metabolic Phenotyping Center at University of Massachusetts Medical School
- 실험설계
 - 스킨물질: 육종된 CJ 캡시에이트고추 추출물
 - 동물모델 : female C57BL/6J mice
 - 섭취량 및 기간: 5mg capsiate/kg, 2주
 - 바이오마커: 체중, 전체 체지방, 전체 근육량, 에너지대사량, 다리 근육 무게, 표피지방 무게, 갈색지방 무게, 간무게, 심장 무게

㉔ 결과

1) 고지방식이에서 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 체중, 체지방, 및 Lean Mass 에 미치는 영향

- 2주동안 5mg capsiate/kg이 함유되어 있는 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물을 먹인 실험군은 고지방식이동안 체중이 8.3%이 감소되었고 대조군과 유의성을 나타내었다.
- 체지방과 Lean Mass양도 실험군에서 각각 28%와 5.5% 감소하였으나 대조군과 유의성은 나타나지 않았다.

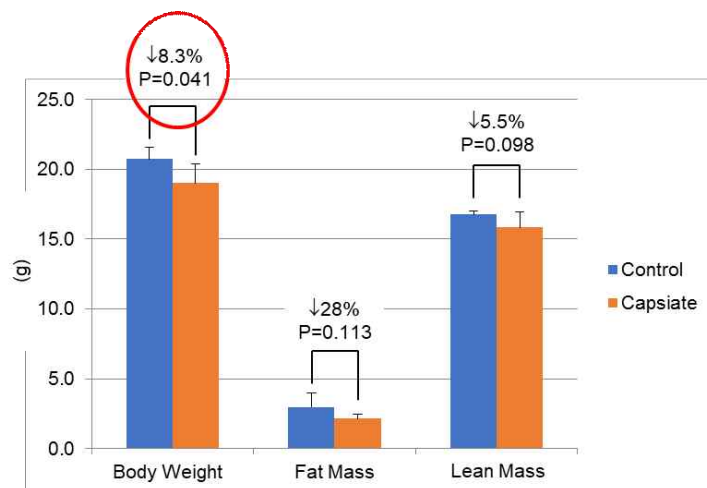


그림 10. 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 체중 감소 효과

2) 고지방식이에서 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 에너지 대사에 미치는 영향

- 2주동안 5mg capsiate/kg이 함유되어 있는 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물을 먹인 실험군은 산소 사용량과 대사체로 나오는 이산화탄소량을 각각 10%와

11%r 증가하였으나 대조군과 유의성은 나타나지 않았다.

- 총 에너지 대사량은 10% 증가하였으나 대조군과 유의성은 나타나지 않았다.
- 활동량에는 영향을 주지 않았다.

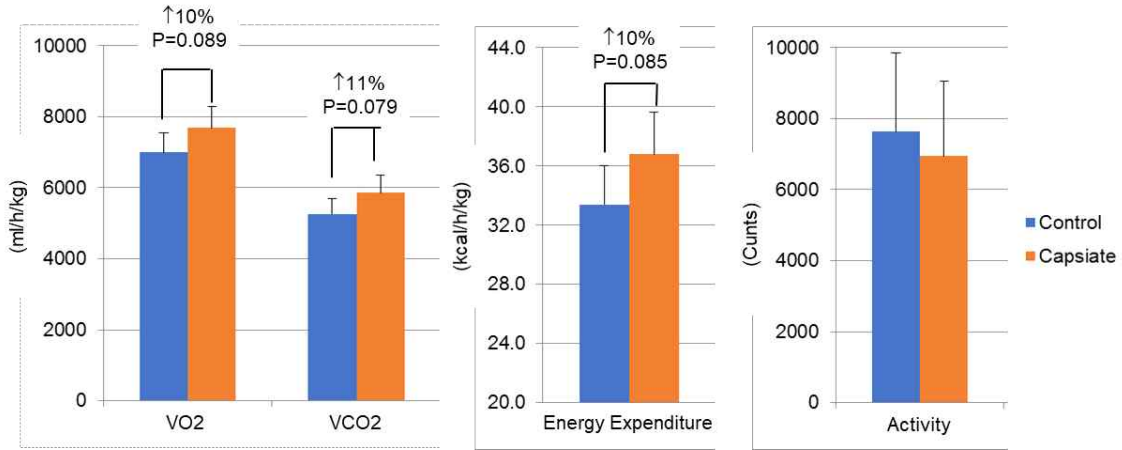


그림 11. 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 에너지대사 증가 효과

3) 고지방식이에서 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 다리 근육, 내장 지방, 갈색 지방, 간, 및 심장 무게 에 미치는 영향

- 2주동안 5mg capsiate/kg이 함유되어 있는 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물을 먹인 실험군은 내장지방 (Epidermal WAT)과 갈색 지방 (Interscapular BAT)이 각각 30.5%와 15.6%r 감소하였으나 대조군과 유의성은 나타나지 않았다.
- 다리 근육, 간, 그리고 심장 무게에는 영향을 주지 않았다.

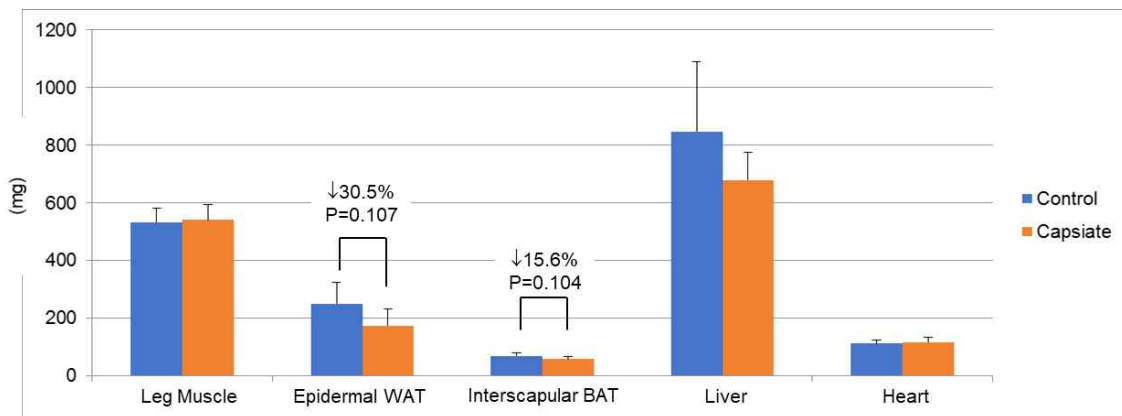


그림 12. 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물의 내장지방 감소 효과

4) 고지방식이에서 스윗하메네로 추출물의 혈당, 지방산, 및 중성지방에 미치는 영향

- 2주동안 5mg capsiate/kg이 함유되어 있는 스윗하바네로(스누원더HO) 추출물을 먹인 실험군은 혈당, 지방산, 및 중성지방에는 영향을 주지 않았다.

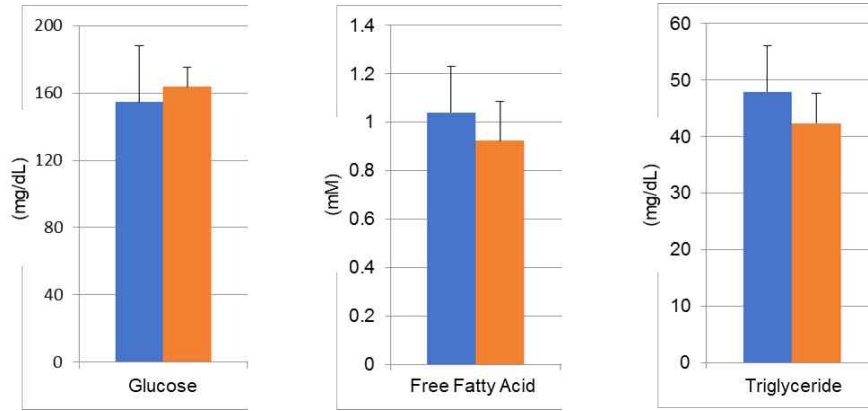


그림 13. 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물의 혈당, 지방산, 및 중성지방 함량에 대한 영향

- 5mg capsiate/kg Capsiate 함유된 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물은 먹인 마우스는 활동량에는 변화를 주지 않고 에너지 대사증가는 증가 되는 경향 나타남. 이것으로 인해 체중감소하는 것으로 보였다.
- 스위트하바네로(스누윈더HO)는 근육량에는 변화가 없고 체지방에 영향을 주어서 효과적으로 체중을 감소할 것으로 나타났다.
-

④ 제품개발

㉠ 글로벌 제품현황

- 일본 아지노모토사를 비롯하여 다양한 글로벌 업체에서 Capsiate 성분을 활용한 제품이 출시되어 판매되고 있으며(그림 14), 특히 연령이 증가됨에 따라 감소되는 기초대사량을 증진하는 컨셉으로 제품화가 이루어지는 것으로 조사되었다(그림 15).



그림 14. capsiate 성분을 활용한 다이어트 제품

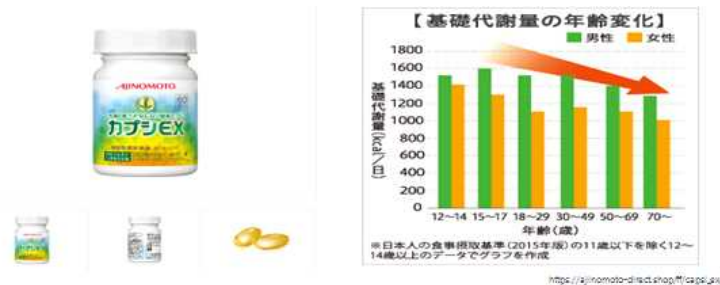


그림 15. 일본의 capsiate 적용 제품의 효능설명

㉔ 원가경쟁력 분석

- 국내 활용되는 다이어트 소재들의 일일섭취량 기준 원가를 스위트하바네로(스누원더HO) 추출물 원가와 비교하였다(표 5).
- 본 연구에서 재배생산, 추출한 capsiate 고추추출물(일명 ‘스위트하바네로’)의 일일섭취 원가는 53원으로 기존 상업화된 다이어트 기능성 소재대비 원가경쟁력이 있는 것으로 판단되었다. 특히 일본 아지노모토사의 문헌상 조사된 ‘CH-19 sweet’ 보다 약 1.5~3배의 높은 capsiate를 함유하고 있어서 정확한 함량대비 원가가 제시되지 않았으나 경쟁력 있는 단가일 것으로 추정된다.

표 5. 상업화 다이어트 소재 원가 비교

기전	다이어트소재 및 일일섭취량기준원가
포만감 증진	CLA(117원)
탄수화물 흡수억제	그린커피빈(57원)
지방 흡수억제	녹차추출물(73원), 보이차추출물(120원)
지방 산화 촉진	CLA(117원), 클레우스포스클리(90원) 녹차추출물(73원) L-카르니틴(290원), 보이차추출물(120원)
지방 합성 억제	가르시니아카모보지아(HCA)(40원) CJ히비스커스등복합추출물(360원)
대사량증가	잔티젠(240원), ‘스위트하바네로’ 추출물 (53원, 98만원/kg) Ajinomoto社 ‘CH-19 sweet’ 추출물(150만원/kg)

㉔ ‘스윗하바네로(스누윈더HO)’ 추출물을 활용한 제품개발

1) 분말타입

■ 제품 컨셉 설정

- 일본 아지노모토社 등 해외 다이어트 제품 분석을 통해 Active senior 타겟의 기초대사량 증진 신규 메커니즘 다이어트 제품으로 컨셉 설정하였다.

■ 제형 설정

- 극성 용매(물 등)에 불안정한 소재 특성상 연질캡슐 또는 과립 제품으로 상품화 가능하다.

■ 프로토 제품 배합비 개발

- 스위트하바네로(스누윈더HO) 초임계추출물 표준화 전에 1차적으로 고추분말을 적용한 프로토 배합비 개발하였다.
- 주원료 섭취량 결정 : 스위트하바네로(스누윈더HO) 고추분말 1.15g (capsiate 1.7mg/g 기준)

(선행 연구문헌상 효능 인체시험 섭취량 기준으로 설정)

- 기능성 원료 설정 : 가르시니아카모보지아추출물 1.25g
(실제 제품 기능성 표현을 위하여 건강기능식품법상 1일 섭취량으로 함량 설정)
- 부원료 설정
 - 당류(감미부여) : 당알콜(솔비톨, 에리스리톨, 자일리톨 등), 고감미당(효소처리스테비아 등)
 - 과즙분말(풍미증진) : 사과과즙분말, 파인애플 과즙분말 등
 - 과립화 부형제(결착작용) : HPMC 등
- 고결방지제(장기 보관시 caking 현상 방지) : 이산화 규소 등
 - 향료 : (미설정)

■ 제조공정 설정

- 원료 준비 : 배합비에 설정된 원료를 각기 준비함.
- 계량 : 배합비에 맞게 각 원료를 정밀하게 계량함.
- 1차 혼합 : 흐름성이 낮은 원료들(미분)과 흐름성이 높은 원료(결정형)들을 구분하여 혼합함.
- 과립 제조 : HPMC를 주정에 녹인 후 유동층 과립기에 투여하여 과립화 원료에 분사한 후 건조하여 과립을 제조함.

- In let temp : 75℃, Out let temp : 55℃
- 체과 : 과립화된 원료를 체망에 걸러 여과
- 2차 혼합 : 과립화 처리한 원료와 일반 원료들을 V-mixer를 통해 20분간 혼합
- 규격검사 : 반제품에 대해 미생물 등 일반 규격 검사
- 스틱포장 충전 : 규격에 통과된 반제품을 충전룸으로 이동하여 스틱포에 충전 (2.7g/포)
- 케이스 포장 : 충전된 스틱포를 케이스에 포장하여 제품을 완성

■ 미생물 안전성 확보

- 프로토타입 미생물 검사 실시 : 대장균군 음성 (법적사항 적합)

■ 제품 규격 설정

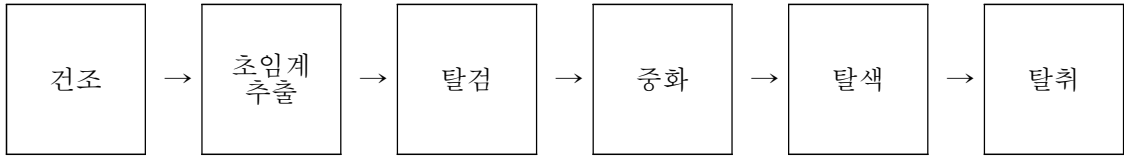
- 정상 : 한도건본품에 준함. 이미/이취 없음.
- 기능성분 총(-)Hydroxy citric acid 함량(%) : 375mg/2.7g
- 납 : 1.0mg/kg이하
- 카드뮴 : 0.5mg/kg이하
- 수은 : 0.4mg/kg이하
- 비소 : 1.0mg/kg이하
- 대장균군 : 음성



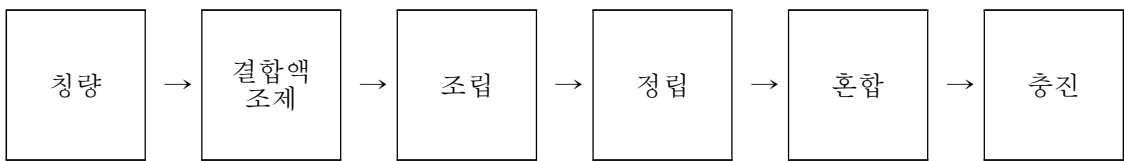
그림 16. 과립형 분말타입 제품의 형태

2) 연질캡슐타입

■ 스위트 하바네로 초임계 추출 공정



■ 분말 제품 상품화 공정



■ 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물 품목제조보고 (연구성과 참조)

○ 식품(식품첨가물) 품목제조보고서

- 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물은 파이코일바이오텍에서 초임계 이산화탄소를 이용하여 스위트하바네로(스누윈더HO) 건조물에서 유지성분을 추출하였다. 식품의 유형은 향미유, 유통기한은 다른 고추기름의 유통기한을 참고하여 제조일로부터 14개월로 설정하여 신고를 진행하였다.

■ 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물 안전성 검사

- 스위트하바네로(스누윈더HO) 건조물에 대해 잔류농약 245항목 분석을 진행하였고 불검출 결과를 확보하였다.
- 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물에 대해 산가, 대장균, 대장균군, 벤조피렌, 산화방지제에 대해 분석을 진행하였고 각각 산가 10.82, 대장균 0, 대장균군 0, 벤조피렌 불검출, 산화방지제 불검출 결과를 확보하였고 법적 기준규격 및 일반적인 유지의 안전성 기준을 충족하였다.

■ 연질캡슐 제품 시생산

- 스위트하바네로(스누윈더HO) 추출물 시료는 파이코일 바이오텍에서 제조한 추출물을 사용하였다. 제품의 배합비율은 표 6과 같은 비율로 생산하였으며 각 연질

캡슐 1개당 내용물 양이 500mg이 되도록 설계하였고 제품 생산은 (주)노바렉스(충북 오창)에서 진행하였다. 제품과 임상실험에서 사용된 용기는 그림 17과 같다.

표 6. 시생산 제품의 배합비율

구분	원료명	배합비율(%)	제조사
내용액	스윗하바네로(스누원더HO) 추출물	20	파이코일바이오텍
	대두유	80	롯데푸드
	합계	100	
피막기제	젤라틴	64	젤텍
	글리세린	26.5	LG생활건강
	D-솔비톨	6	삼양제넥스
	카카오향	2.5	서울향료
	카카오색소	1	제이스에프아이
	합계	100	



그림 17. 연질캡슐 제품

⑤ 인체시험 효능검정 (스윗하바네로(스누원더HO) 체지방감소 효능)

- 효능검정제목: 과체중 성인 여성에서 스윗하바네로(스누원더HO)추출물 섭취시 에너지대사 증가, 체지방 감소 및 안전성을 평가하기 위한 무작위배정, 이중눈가림, 위약대조 인체적용시험
- 수행기관 : 경희대의료원 임상시험센터
- ㉞ 실험설계
 - 1) 시험물질
 - 육종된 CJ 캡시에이트고추 추출물
 - 2) 실험모델
 - 만 19세 이상 만 60세 미만의 BMI 25kg/m² 이상 29.9kg/m² 이하의 여성 총 70명

3) 섭취량 및 기간

- 스윗하바네로(스누윈더HO) 추출물 100mg(capsiate 3mg)을 12주간 1캡슐씩 1일 1회 경구 복용

4) 시험 그룹

- 실험군: 스윗하바네로(스누윈더HO)추출물 (n=35)
- 대조군: 대조 위약 (n=35)

5) 시험방법

- 과체중 성인 여성이 스윗하바네로(스누윈더HO) 추출물을 12주간 섭취시 에너지대사의 증가 및 체지방 감소 기능성 및 안전성을 평가하는 무작위 배정 (randomization allocation), 이중눈가림 (double -blinded), 위약대조 (placebo controlled) 형태로 본 임상시험을 진행한다.
- 자발적으로 서명동의한 대상자에 한하여 임상시험용 식품 섭취 예정일(0w)로부터 2주 이내(-2w ~ 0w)에 문진, 신체검진 및 임상실험실검사 등 스크리닝 검사를 시행하여, 본 임상시험에 적합하다고 판단되는 시험대상자를 선정한다.
- 선정된 시험대상자는 실험군 혹은 위약군 중 하나에 무작위로 배정되며, Visit 1(0w)에 경희대학교병원 임상시험센터에 외래 방문한다. Visit 1 방문시 인체 적용 시험용 제품을 교부 받는다. 이후 12주간 시험제품 혹은 대조제품을 복용하게 되며, Visit 2(6w), Visit 3(12w)에 방문하여 기능성과 안전성을 평가하고 인체적용시험을 종료한다.



그림 18. 시험대상자가 교부받을 제품 형태

표 7. 실험군과 대조군의 배합비율

구 분	원료명	배합비율(%)	제조사
실험군	스윗하바네로(스누윈 더HO) 추출물	20	파이코일바이오텍
	대두유	80	롯데푸드
	합계	100	
대조군	대두유	100	롯데푸드
	합계	100	
피막기제	젤라틴	64	젤텍
	글리세린	26.5	LG생활건강
	D-솔비톨	6	삼양제넥스
	카카오향	2.5	서울향료
	카카오색소	1	제이스에프아이
	합계	100	

임상시험 디자인

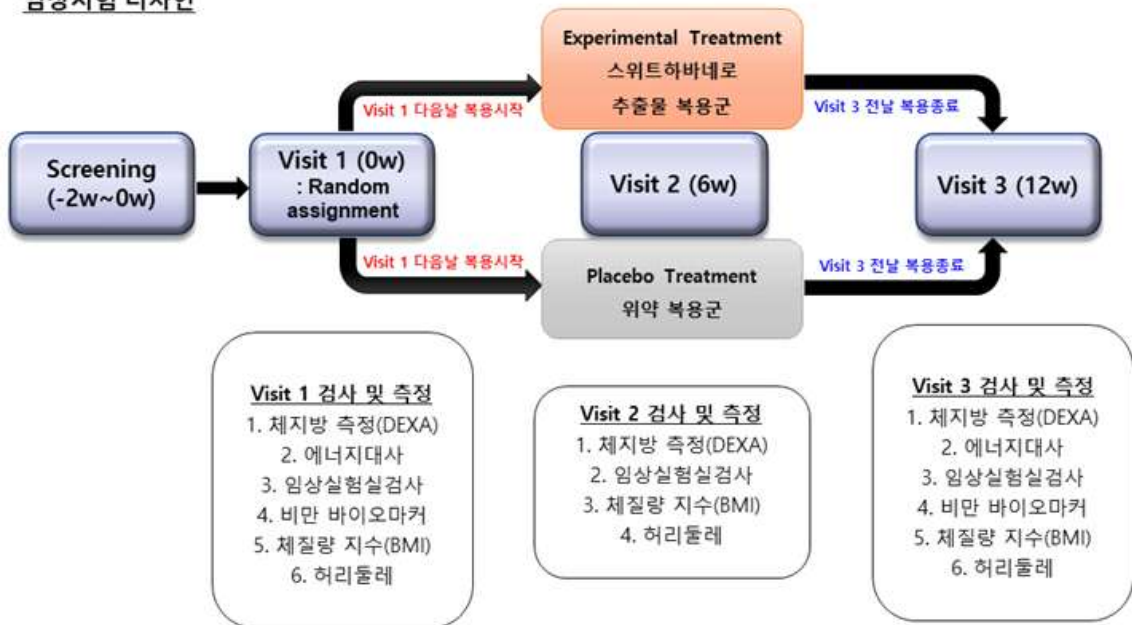


그림 19. 스윗하바네로(스누윈더HO) 인체시험 디자인

6) 평가방법

■ 1차 기능성 평가(Primary endpoint)

- DEXA로 측정된 체지방의 기저치 대비 변화율

■ 2차 기능성 평가(Secondary endpoint)

- DEXA로 측정된 체지방 변화량
- 체질량지수(BMI) 변화량 및 기저치 대비 변화율
- 혈중 leptin/adiponectin/insulin 농도 변화량 및 기저치 대비 변화율
- 혈청지질(Total cholesterol, HDL cholesterol, LDL cholesterol, Triglyceride) 변화량 및 기저치 대비 변화율
- 공복 시 혈당(Fasting blood glucose) 변화량 및 기저치 대비 변화율
- 에너지대사 변화량 및 기저치 대비 변화율
- 허리둘레의 변화량 및 기저치 대비 변화율

■ 안전성 평가(Safety assessment)

- 신체검진
- 활력징후
- 임상실험실검사 (혈액학 검사, 혈액화학 검사, 요검사)
- 자·타각 증상 등 이상반응 모니터링

■ 추진 현황

- COVID19 사태로 임상시험을 수행하는 병원에서 모든 임상연구가 2~3개월 지연되어 재개되어서 순차적으로 모든 연구 스케줄이 지연되었음. 특히, 대상자분들이 병원에 오시는 걸 많이 불편해하셔서 모집이 원활하지 않는 현황임.
- 임상시험계획 완료 (별첨)
- Institutional Review Board 승인 ~ 7월말
- *생명의과학연구(Biomedical Research)의 윤리적 과학적 타당성을 심의
- 시험 대상자 모집(1개월~1개월반 소요예상) ~ 9월중
- 측정 등 연구일정: 3~4개월 소요 예상

(3) 제 2-2협동과제 : 소비자 기호성 및 내병성 수박품종육성 및 인력 양성

과제번호	제 (2 - 2)협동과제					
세부 연구과제명	국문	소비자 기호성 및 내병성 수박품종육성 및 인력 양성				
	영문	Breeding for consumer friendly and resistant watermelon and the education of breeder				
세부 연구책임자	한글성명	김성훈	영문성명	Sung Hoon Kim	과학기술인 등록번호	
	소속기관	농우바이오	부서명 (학과명)		직위	
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도(강순철)	2차년도(이성호)	3차년도(김성훈)	합계	
	정부출연금	65,000	65,000	100,000	230,000	
	기업부담금	22,000	22,000	34,000	78,000	
	기타					
	합계	87,000	87,000	134,000	308,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표										
	지식 재산권			기술실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용·홍보		인턴교육		
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품회	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문	학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용	홍보전시			
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건		명	명	명				
가중치			30	20		20		10													20
최종목표			8	4		120		4													20
1단계	목표		1	0		0		0													6
	실적		3	3		63		4													11
2단계	목표		4	1		0		2													8
	실적		3	0		28.5		4			1										16
3단계	목표		3	3		120		2													6
	실적		4	3		87.1		2													7
최종	목표		8	4		120		4			0										20
	실적		10	6		178.6		10			1										34

②-1 품종 출원·등록 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2019	까마쿤	농협종묘	대한민국	2019-57 1	2018	흑강	농협종묘	대한민국	제 7156호
2019	씨업수	농협종묘	대한민국	2019-57 2	2020	흑수	농협종묘	대한민국	제 7970호

③ 기술료징수 현황

기 징수액	당해연도 징수액	향후 징수액	합계
	0원 (기술이전 자체실시)		

년도	기술이전 내용	대상	기술료(원)
2018	흑강 품종	농협종묘센터	0
2018	흑수 품종	농협종묘센터	0
2018	새로나꿀 품종	농협종묘센터	0

④ 사업화 성과 및 매출 실적

항 목	세부 항목	성 과			
사업화 계획	사업화 소요기간(년)	3년			
	소요예산(백만원)				
	예상 매출규모 (억원)	현재까지	3년후	5년후	
		0.87 억원	1.2 억원	1.5 억원	
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내	0.09	0.27	0.3
국외					
	향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획				
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)	현재	3년후	5년후	
	수입대체(내수)				
	수 출				

항목	세부항목		성 과	
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	0.87 억원
			향후 3년간 매출	1.2 억원
		관련제품	개발후 현재까지	억원
			향후 3년간 매출	억원
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : 0.09 % 국외 : %
			향후 3년간 매출	국내 : 0.27 %

항목	세부항목		성 과
	관련제품	개발후 현재까지	국외 : %
			국내 : %
		향후 3년간 매출	국외 : %
			국내 : %
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위	- 위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위	- 위

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도 <ul style="list-style-type: none"> ■ 채소 육종 인력 양성 ■ 기능성 수박, 내병성 수박, 고당도 호피 수박 계통육성 및 조합작성 ■ 지역적응성 시험 ■ 해외 세대 진전 ■ 수박 주요 형질 유전분석 및 분자마커 개발 	<ul style="list-style-type: none"> ■ 인턴 교육, 전문 인력 채용 ■ 계통 육성 및 우수 계통 선발 ■ 수박 주산지에 수박 조합 성적 조사 ■ 해외에서 세대 진전 ■ 수박 주요 형질 유전분석
	2차년도 <ul style="list-style-type: none"> ■ 채소 육종 인력 양성 ■ 기능성 수박, 내병성 수박, 고당도 호피 수박 계통육성 및 조합작성 ■ 지역적응성 시험 ■ 해외 세대 진전 ■ 수박 주요 형질 유전분석 및 분자마커 개발 	<ul style="list-style-type: none"> ■ 인턴 교육 ■ 계통 육성 및 우수 계통 선발 ■ 수박 주산지에 수박 조합 성적 조사 ■ 해외에서 세대 진전 ■ 수박 주요 형질 분자마커 개발
	3차년도 <ul style="list-style-type: none"> ■ 채소 육종 인력 양성 ■ 기능성 수박, 기능성 수박, 내병성 수박 ■ 지역적응성 시험 ■ 기능성 및 내병성 품종 홍보 및 시판 ■ 우수 조합 품종 출원 	<ul style="list-style-type: none"> ■ 인턴 교육 ■ 계통 육성 여부 및 우수 계통 선발 ■ 수박 주산지에 수박 조합 성적 조사 ■ 품종 홍보 및 시판 ■ 품종 출원

(다) 기타 주요연구 성과

① 수박계통육성

㉠ 수박 육종연구 개요

1) 1차년도

- 소비자 기호성 및 내병성 계통을 육성하기 위하여 안성 본장에서는 1년에 봄작기, 가을작기 총 2번에 걸쳐 수박 계통을 육성했다. 봄작기에는 특성평가 및 선발 위주의 시험을 수행했고, 가을작기에는 세대진전 및 숙기 평가 위주의 시험을 수행했다. 가을작기 계통 육성은 2017년 8월 ~ 2017년 12월에 수행했고, 봄작기는 2018년 3월 ~ 2018년 8월에 수행하였다. 가을작기는 총 274 계통을 공시했으며 그중 1,020계통을 선발했고, 봄작기는 총 375계통을 공시했으며, 그중 1,284계통을 선발했다.

표 1. 1차년도 수박 육종연구 개요

구분	육성목표	계통 공시	계통 선발	지역 적응성 시험 (대비/조합)
				진천
소비자 기호성	칼라수박	182	784	2/9
	4배체	196	359	2/2
	특이형질	32	93	0/7
내병성	흰가루병	34	185	-
호피	호피수박	205	585	11/17
계		649	2,006	15/35

2) 2차년도

- 소비자 기호성 및 내병성 계통을 육성하기 위하여 안성 본장에서는 1년에 가을작기(1차), 봄작기(2차) 2번에 걸쳐 수박 계통을 육성했다. 가을작기 계통 육성은 2018년 8월 ~ 2018년 12월에 수행했고, 봄작기는 2019년 3월 ~ 2019년 7월에 선발 작업을 수행하였다. 1차 가을작기는 총 293계통을 공시했으며 그중 641계통을 선발했고, 2차 봄작기는 총 262계통을 공시하여 915계통을 선발하였다.

표 2. 2차년도 수박 육종연구 개요

구분	육성목표	계통 공시	계통 선발	지역 적응성 시험 (대비/조합)		
				경남	충남	충북
소비자 기호성	칼라수박	112	487	3/7	1/1	1/5
	4배체	164	248	-	1/1	4/5
	특이형질	99	305	-		0/1
내병성	흰가루병	15	38	-		0/2
호피	고당도 호피수박	165	478	3/9		1/0
계		555	1,556	6/16	2/2	6/13

3) 3차년도

- 소비자 기호성 및 내병성 계통을 육성하기 위하여 농우바이오 밀양 남부육종연구 소에서는 봄작기 계통육성을 위해 2020년 3월 ~ 8월까지 550계통을 공시하여 523 계통을 선발하였다.

표 3. 3차년도 수박 육종연구 개요(2020년 농우바이오)

구분	육성목표	계통 공시	계통 선발	지역 적응성 시험 (대비/조합)	
				경남	전북
소비자 기호성	칼라수박	100	91	-	-
	4배체	124	122	-	4/4
	특이형질	-	-	-	-
내병성	흰가루병	-	-	-	-
호피	고당도 호피수박	326	310	1/4	-
계		550	523	5/8	

㉠ 칼라수박 계통 육성

- 지금까지 소비자들은 수박을 단타원 과형, 녹색 과피색, 검은 호피라는 이미지를 갖고 있었다. 하지만 최근에는 소비자의 요구가 다변화 되는 추세이며 이에 맞춰 기존의 획일화된 녹색 호피 수박과 차별화를 꾀할 수 있는 다양한 칼라수박 계통을 육성하고자 했다. 또한 우수한 조합에 대해서는 원종생산 및 F1생산을 우선적으로 생산하여 품평회 및 시교사업에 차질 없도록 진행하였다.

1) 칼라수박 계통육성(1차년도)

- 후속 1차년도에는 가을작기(2017년 8월 ~ 2017년 12월) 때에는 100 계통을 공시하

여 401계통을 선발했고, 봄작기(2018년 3월 ~ 2018년 8월) 때에는 82계통을 공시하여 383계통을 선발 하였다. 흑피 수박은 과피색이 진하고 당도가 높은 계통을 우선적으로 선발했고, 과피 경도가 높거나 과피 두께가 얇은 계통도 선발했다. 무지 수박 역시 과피색이 진하고 당도가 높은 계통을 우선 선발했고, 숙기가 빠른 계통도 선발했다.



그림 1. 1차년도 칼라수박 계통 과실사진

표 4. 1차년도 칼라수박 계통성적 요약

BN	과형	과피색	호피 굵기	호피 진하기	식감	당도(Brix)	과육색
1264	원형	진녹	-	-	부드러움	8.9	연분홍
1274	원형	진녹	-	-	부드러움	10.7	진홍
1268	원형	진녹	-	-	아삭단단	11.2	연홍
1245	단타원	흑피	-	-	아삭단단	10.9	연분홍
1231	원형	흑피	-	-	아삭중단	9.9	홍
1271	고구형	흑피	-	-	아삭중단	10.2	연분홍
1272	타원	흑피	-	-	부드러움	12.4	연홍

2) 칼라수박 계통육성(2차년도)

- 후속 2차년도에는 가을 작기(2018년 8월 ~ 2018년 12월) 때에는 59 계통을 공시하여 185계통을 선발했고, 봄 작기(2019년 3월 ~ 2019년 8월)는 53 계통을 공시하여 302계통을 선발했다. 흑피 수박은 과피색이 진하고 당도가 높은 계통을 우선적으로 선발했고, 과피 경도가 높거나 과피 두께가 얇은 계통도 선발했다. 무지 수박 역시 과피색이 진하고 당도가 높은 계통을 우선 선발했고, 숙기가 빠른 계통도 선발했다.

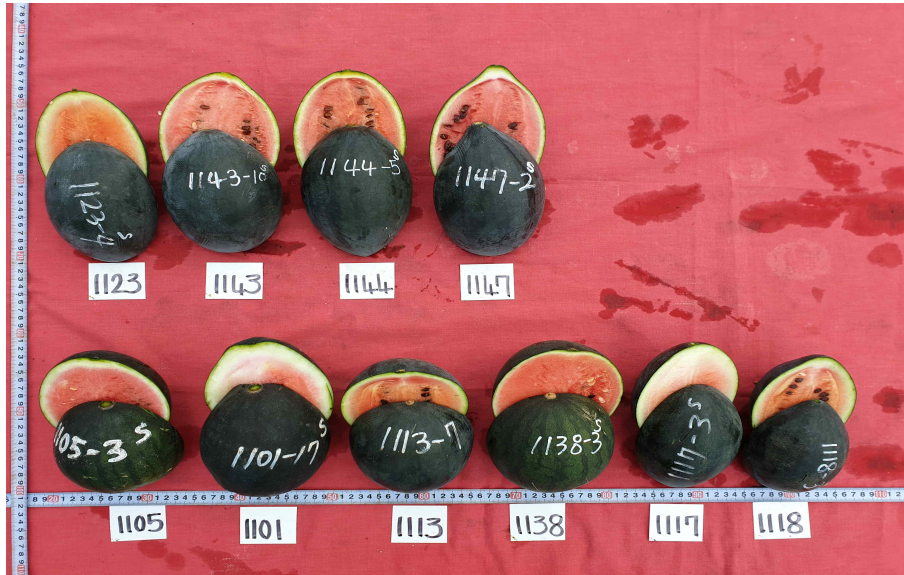


그림 2. 2차년도 칼라수박 선발 계통과실사진

표 5. 2차년도 칼라수박 계통성적 요약

BN	과형	과피색	호피 굵기	호피 진하기	식감	당도(Brix)	과육색
1101	고구형	흑피	-	-	부드러움	8.9	연분홍
1105	원형	흑피	-	-	부드러움	10.7	진홍
1113	원형	흑피	-	-	아삭단단	9.8	홍
1117	단타원	흑피	-	-	아삭단단	10.9	연분홍
1118	단타원	흑피	-	-	아삭중단	9.9	홍
1138	원형	흑피	-	-	아삭중단	10.2	진홍
1123	타원	흑피	-	-	부드러움	10.5	홍
1143	타원	흑피	-	-	아삭중단	10.8	선홍
1144	타원	흑피	-	-	아삭중단	9.4	선홍
1147	타원	흑피	-	-	아삭중단	9.5	선홍

3) 3차년도 칼라수박 계통육성 (농우바이오)

- 후속 3차년도 봄작기(2020년 3월 ~ 2020년 8월) 때에는 100계통을 공시하여 91계통을 선발하였다. 흑피수박의 육성 취지에 따라 기존 수박에 비해 과피색이 진하고 과형안정성이 좋은 계통을 우선적으로 선발하였다. 추가적인 선발 기준에는 과피가 얇으면서 경도가 좋아 열과에 강하고 육질이 좋으며 당도가 높은 계통을 선발하였다.



그림 3. 3차년도 칼라수박 선발 계통과실사진

표 6. 3차년도 칼라수박 계통성적 요약

BN	과형	과피색	호피 굵기	호피 진하기	식감	당도(Brix)	과육색
2007	원형	흑피	-	강	부드러움	12.1	선홍
2013	원형	흑피	-	강	부드러움	11.9	선홍
2028	장타원형	흑피	-	강	단단	13.7	선홍
2050	원형	흑피	-	강	단단	12.5	선홍

㉔ 4배체 수박계통 육성

- 미국은 씨 없는 수박 품종이 대부분 재배되고 있고, 유럽 및 아시아의 많은 국가에서도 점차 씨 없는 3배체 수박으로 옮겨가고 있는 추세이다. 국내에서는 콜히친 등을 처리하여 씨 없는 수박을 만들었지만 재배가 까다로워 생산량이 적었다. 하지만 최근에는 3배체 종자가 보급되면서 3배체 수박의 재배 면적이 점차 늘고 있다. 3배체 F1수박을 육성하기 위해서는 콜히친 처리를 통한 4배체 모계유기가 필요하고 유기 후 4배체의 형질이 계속적으로 발현 될 수 있는 안정성 또한 필요하다.

1) 1차년도 4배체수박 계통육성

- 가을작기(2017년 8월 ~ 2017년 12월)에는 24계통을 공시하여 116계통을 선발했고, 봄작기(2018년 3월 ~ 2018년 8월)에는 81계통을 공시하여 243계통을 선발하였다. 봄작기에는 추가로 91계통에 대하여 새로이 4배체로 유기하였으며, 4배체 안정적인 수박 계통을 우선적으로 선발하고 있다.

- 4배체 수박은 일반적으로 2배체 수박에 비해 과피가 두껍고, 숙기가 느린 특성이 있기 때문에, 안정된 4배체 수박 계통 중에서 과피가 얇고 숙기가 빠른 계통을 우선적으로 선발하여 조합 작성에 활용하였다. 또한 2018년 5월에 4배체 79계통 총 238점을 농우바이오에 유세포분석을 의뢰하여 통해 4배체 유기여부를 조기에 판단하여 우수한 계통에 대해서 3배체 수박 조합을 작성하였다.



그림 4. 1차년도 4배체수박 계통과실사진

표 7. 1차년도 4배체 수박계통 성적 요약

BN	과형	과피색	과피두께	식감	당도(Brix)	과육색
1291	타원형	흑피	중	아삭연함	12.0	선홍
1292	원형	호피	중	아삭단단	11.4	홍
1299	원형	흑피	중	아삭단단	9.0	진홍
1301	원형	호피	소	아삭중단	10.2	진홍
1304	원형	호피	소	부드러움	9.7	진홍
1317	원형	호피	중	아삭단단	11.8	홍

2) 2차년도 4배체수박 계통육성

- 후속 2차년도에는 가을 작기(2018년 8월 ~ 2018년 12월) 때에는 87계통을 공시하여 116계통을 선발했고, 봄 작기(2019년 3월 ~ 2019년 8월)는 77계통을 공시하여 132계통을 선발하였다. 안정된 4배체 수박 계통 중에서 과피가 얇고 숙기가 빠른 계통을 우선적으로 선발하여 조합 작성에 활용하였다. 또한 2019년 7월에 4배체 77계통 총 476점을 농우바이오에 유세포분석을 의뢰하여 통해 4배체 유기여부를 조기에 판단하여 우수한 계통에 대해서 3배체 수박 조합을 작성하였다.



그림 5. 2차년도 4배체수박 계통과실사진

표 8. 2차년도 4배체 수박계통 성적 요약

BN	과형	과피색	과피두께	식감	당도(Brix)	과육색
1009	원형	흑피	중	아삭연함	10.8	분홍
1018	원형	흑피	소	아삭단단	9.8	홍
1024	원형	흑피	중	아삭단단	9.0	분홍
1034	원형	흑피	대	아삭중단	10.2	분홍
1066	원형	호피 연녹	중	부드러움	9.7	선홍
1074	원형	호피 진녹	중	아삭단단	8.7	선홍
1073	원형	호피 진녹	소	아삭단단	10.2	홍
1032	타원형	흑피	중	부드러움	10.3	홍
1036	타원형	흑피	중	아삭중단	8.8	홍
1039	타원형	흑피	소	아삭중단	7.9	선홍

3) 3차년도 4배체수박 계통육성

○ 후속 3차년도 봄작기(2020년 3월 ~ 2020년 8월) 때에는 124계통을 공시하여 122계통을 선발하였다. 3배체 수박은 세계적으로 1억 2천만불의 시장성을 가지는 주요 작물이다. 주 시장은 미국과 중국으로 2배체 수박보다 고단가의 종자가 판매되고 있어 수박 육성 목표 설정에 있어 주요한 타겟이 된다. 3배체 F1종자를 생산하기 위해서는 4배체의 모계와 2배체의 부계가 수정되어 3N의 종자를 생산해야 한다. 하지만 종자생산성 및 발아력이 크게 떨어지기 때문에 생산성이 우수한 4배체 모계와 2배체 모계의 육성이 필요하다. 따라서 농우바이오에서는 1차적으로 종자생산성 및 발아력이 우수한 계통을 선발하고 2차적으로 외관 및 당도가 좋은 계통을 선발하였다.



그림 5. 3차년도 4배체계통 과실수확사진



그림 6. 4배체 계통 발아력 비교 사진

- 4배체 수박의 경우 자연상태에 존재하기도 하지만 육성에 이용하기 위해 주로 고정종의 염색체 배가 기술을 활용한다. 2배체 수박의 종자 혹은 성장점에 콜히친을 처리하게 되면 대부분 고사하거나 기형을 보이지만 일정 확률로 doubling된 개체를 획득할 수 있다. 한번 4배체 유기된 개체는 세대를 진전하거나 다른 4배체와 합성을 통해 또다시 계통으로 육성되는데 이때 4배체의 형질이 계속적으로 발현될 수 있는 안정성 또한 계통선발에 중요한 요건이 된다. 2020년도 농우바이오 수박연구팀은 2020.01.13. 농우바이오 생명공학연구소에 12계통 810 개체에 대해 콜히친 처리를 의뢰하여 5차의 종자처리, 성장점처리와 유세포 분석을 통해 총 12계통 143개체의 4배체를 얻었다. (표9 ,그림8) 유기된 4배체 식물체는 2020.07.17. 정식하여 형질조사 및 계통육성에 이용하려 한다.

표 9. 콜히친 처리 결과

계통	파종	콜히친 처리 -농도					검정 개체 수	4N 선발 개체 수(%)
		1차	2차	3차	4차	5차		
5701	80	0.3	0.2/0.3	0.2/0.3	0.3	0.3	79	27(34.1)
5702	80	0.3	0.2/0.3	0.2/0.3	0.3	0.3	49	9(18.3)
5703	80	0.3	0.2/0.3	0.2/0.3	0.3	0.3	67	13(19.4)
5704	80	0.3	0.2/0.3	0.2/0.3	0.3	0.3	68	5(7.3)
5705	80	0.3	0.2/0.3	0.2/0.3	0.3	0.3	77	10(12.9)
5706	80	0.3	0.2/0.3	0.2/0.3	0.3	0.3	67	7(10.1)
5707	80	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	59	7(11.8)
5708	80	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	68	7(10.2)
5709	80	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	52	8(15.3)
5710	80	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	75	14(18.6)
5711	80	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	77	13(16.8)
5712	80	0.3	0.3	0.3	0.3	0.3	72	19(26.3)
합계	960	-	-	-	-	-	810	139(17.2%)

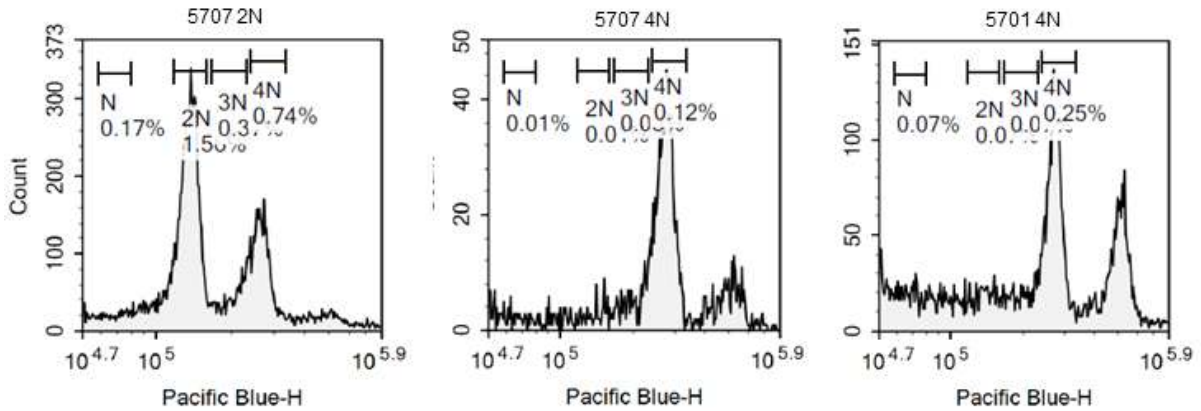


그림 7. 콜히친 처리구 유세포 분석 결과

㉠ 고당도 호피 수박계통 육성

- 녹색 호피 수박은 국내 시장에서 가장 대표적인 수박 품목이다. 소비자기호성이 가장 높은 시장으로 사업화성과를 내기 위해서 가장 필요한 수박시장이다.

1) 1차년도 고당도 호피수박 계통육성

- 가을작기(2017년 8월 ~ 2017년 12월)에는 120계통을 공시하여 342계통을 선발했고, 봄작기(2018년 3월 ~ 2018년 8월)에는 85계통을 공시하여 243계통을 선발하였다. 과피색이 진하고 호피가 진하면서 식미가 우수한 계통을 우선적으로 선발했다.



그림 8. 2차년도 가을작기 호피수박 계통 과실사진

표 10. 2차년도 고당도 호피수박 계통 성적 요약

BN	과형	과피색	호피 굵기	호피 진하기	식감	당도(Brix)	과육색
1823	원형	진녹	중대	강	아삭단단	10.5	진홍
1847	원형	녹	중	중	아삭중단	8.8	선홍
1849	원형	녹	중	중	아삭단단	9.4	선홍
1848	원형	녹	중	중	아삭단단	9.5	선홍
1826	원형	녹	중	중하	아삭중단	9.9	홍
1816	원형	녹	중	중하	아삭단단	10.3	홍
1864	원형	연녹	중	중	아삭중단	8.9	선홍

2) 2차년도 고당도 호피수박 계통육성

- 후속 2차년도에는 가을 작기(2018년 8월 ~ 2018년 12월) 때에는 85계통을 공시하여 182 계통을 선발했고, 봄 작기(2019년 3월 ~ 2019년 8월)는 80계통을 공시하여 296계통을 선발하였다. 호피수박의 경우 당도를 기본 베이스로 과피색이 진하고 호피가 진하면서 식미가 우수한 계통을 우선적으로 선발했다.



그림 9. 후속 1차년도 가을작기 호피수박 계통과실사진

표 11. 후속 1차년도 가을작기 고당도 호피수박 계통 성적 요약

BN	과형	과피색	호피 굵기	호피 진하기	식감	당도(Brix)	과육색
1111	원형	진녹	중대	강	아삭단단	10.5	진홍
1114	원형	진녹	중	강	부드러움	11.1	홍
1124	고구형	녹	중	중	아삭단단	9.1	진홍
1125	원형	녹	중	중	아삭단단	10.2	진홍
1130	원형	녹	중	중하	아삭중단	11.2	진홍
1133	타원형	진녹	중	중	아삭단단	9.7	진홍

3) 3차년도 고당도 호피 계통육성 (농우바이오)

- 후속 3차년도 봄작기(2020년 3월 ~ 2020년 8월) 때에는 326계통을 공시하여 310계통을 선발하였다. 3년차 농우바이오에서는 1차적으로 호피가 균일하고 선명하며 과형안정성이 우수한 계통을 선발하고, 2차적으로 대사성분 분석을 통해 과육의 식감이 좋고 입당도가 높은 계통을 선발하였다. 대사성분의 분석은 HPLC를 통해 환원당과 유기산의 함량을 측정했고 가용성고형물은 굴절계를 이용하여 측정하였다. 특히 선발된 타원형 8계통 원형 4계통은 입당도가 뛰어났으며 대사성분 분석 값 또한 높아 포장에서 조사한 표현형과 일치하는 결과를 보였다.

표 12. 3차년도 고당도 호피수박 계통 성적 요약

BN	과형	과피색	호피 굵기	과형 안정성	식감	당도(Brix)	과육색
1004	타원형계	연녹	중대	중	중간	15.0 ± 2.0	선홍
1005	타원형계	진녹	중대	상	단단	14.3 ± 1.6	진홍
1007	타원형계	녹	중대	중상	중간	14.0 ± 0.9	선홍
1008	타원형계	진녹	대	중	단단	14.2 ± 1.3	선홍
1009	타원형계	진녹	대	상	단단	14.4 ± 1.3	선홍
1015	타원형계	녹	대	중상	단단	14.6 ± 1.4	분홍
1031	타원형계	연녹	중대	중상	중간	13.0 ± 1.0	선홍
1071	타원형계	연녹	대	중하	단단	12.6 ± 0.6	진홍
2025	원형계	녹	중소	상	단단	11.3 ± 0.2	선홍
2032	원형계	진녹	중대	상	부드러움	11.4 ± 0.4	선홍
2054	원형계	연녹	중소	상	단단	12.9 ± 0.8	오렌지
2064	원형계	연녹	중소	상	단단	11.9 ± 0.1	선홍

표 13. 고당도 호피 수박 대사성분 함량 분석 결과 요약

B.N	당도 (brix)	환원당 (g/100g FW)	Fructose (g/100g FW)	Glucose (g/100g FW)	Sucrose (g/100g FW)	Malic acid (mg/100g FW)	년도	타입
1004	15.0 ± 2.0	13.9	2.8	1.0	8.6	244.6	2020	타원형계
1005	14.3 ± 1.6	12.9	3.0	0.7	7.4	277.4	2020	타원형계
1007	14.0 ± 0.9	12.9	2.9	0.8	7.4	267.0	2020	타원형계
1008	14.2 ± 1.3	12.8	2.8	0.8	7.5	210.4	2020	타원형계
1009	14.4 ± 1.3	13.7	4.0	1.5	5.9	240.1	2020	타원형계
1015	14.6 ± 1.4	14.0	4.2	1.3	5.9	268.4	2020	타원형계
1031	13.0 ± 1.0	13.4	3.9	1.3	5.9	262.7	2020	타원형계
1071	12.6 ± 0.6	14.4	5.9	3.2	2.2	217.3	2020	타원형계
2025	11.3 ± 0.2	12.3	3.0	0.9	6.7	169.7	2020	원형계
2032	11.4 ± 0.4	13.2	5.7	3.5	11.1	279.9	2020	원형계
2054	12.9 ± 0.8	15.4	6.0	3.0	3.2	214.5	2020	원형계
2064	11.9 ± 0.1	13.7	5.9	2.8	1.8	259.0	2020	원형계

㉞ 흰가루병 저항성 계통 육성

- 흰가루병은 고온 건조한 상태에서 *Sphaerotheca fusca*에 의해 발병하는 병으로 포자에 의해 전염된다. 시설 안에서 발병하기 시작하면 처음에는 잎에 노란 병반이 후기에는 잎 뒷면에 하얀 포자기 발생하며, 대기 중에 포자를 통해 전파가 되기 때문에 시설 내에서 급격하게 증식하는 특징을 보인다. 흰가루병이 발병하면 잎과 줄기가 하얀 포자로 뒤덮이며 생육부진, 상품과율 저하 등의 피해가 발생하여 저항성 품종의 개발이 필요하다.

1) 1차년도 흰가루병저항성 계통육성

- 흰가루병 저항성 계통을 육성하기 위하여 3-2협동과제인 부산대에 협력하여 흰가루 내병성 수박을 육성하였다. 가을작기(2017년 8월 ~ 2017년 12월)에는 기존에 흰가루병 여교잡계통에 대해 34계통을 공시하여, 111계통을 선발, 고정하였고 봄작기(2018년 3월 ~ 2018년 8월)에는 14계통을 공시하여, 74계통을 선발하였다. 이와 함께 부산대에 240점을 마커분석을 의뢰하여 조기 여교잡용 계통을 선발하였다.

2) 2차년도 흰가루병저항성 계통육성

- 가을 작기(2018년 8월 ~ 2018년 12월)에는 기존에 흰가루병 여교잡계통에 대해 15계통을 공시하여, 38계통을 선발 및 고정하였다.

㉞ 특이형질 수박 계통 육성

- 특이형질로는 단간성, 무촉지성 수박을 연구 중에 있으며, 단간성의 경우 대과종에서 중과종, 소과종을 소비자 요구가 변화하고 있고, 보통 수박 재배면적의 2/3가 필요한 단간성 품종 연구와 순지르기 노동력 절감 효과를 위한 무촉지성 수박을 연구하고 있다. 애플수박은 최근에 소형수박의 인기로 인해 껍질을 깎아 먹을수 있는 수박을 개발요구로 인해 현재는 계통을 고정중에 있다.

1) 1차년도 특이형질 계통육성

- 가을작기(2017년 8월 ~ 2017년 12월)에는 32계통을 공시하여 형질조사를 통해 50계통을 선발하였고, 봄작기(2018년 3월 ~ 2018년 8월)에는 22계통을 공시하였고, 43계통을 선발하였다. 동시에 부산대의 단간성 마커집단을 공동연구를 통해 비교 공동 선발하였다.

2) 2차년도 특이형질 계통육성

- 특이형질로는 현재 단간성, 무촉지성, 애플수박을 가을 작기(2018년 8월 ~ 2018년 12월)에는 47계통을 공시하여 형질조사를 통해 120계통을 선발하였고, 봄 작기(2019년 3월 ~ 2019년 8월)에는 52계통을 공시하였고, 185계통을 선발하였다. 동시에 부산대와 협력하여 유용형질인 단간성 마커 개발을 위해 집단을 구축하고 연관마커 개발을 진행하였다.

② 지역 적응성 검정 및 조합 검정 시험

㉟ 예비조합검정

1) 1차년도 해남도 예비조합검정

- 겨울 저온기 수박에 적합한 조합을 선발하기 위해 중국 해남도 종자 공사를 통해 예비 조합검정을 실시했다. 해남도는 노지 재배를 위주로 하며 겨울철 비교적 따뜻한 기후 지역으로 중국에서도 재배가 성행하는 지역이다. 중국 해남도 지역에서 2017년 10월~12월까지 봄, 가을 작기에 안성본장에서 작성한 조합에 대해 예비검정을 진행하였다. 호피 및 흑피, 칼라 수박 등 총 35조합에 대해 예비조합평가를 진행하였다.

2) 2차년도 해남도 예비조합검정

- 중국 해남도 지역에서 2018년 10월~12월까지 봄, 가을 작기에 안성본장에서 작성한 조합에 대해 예비검정을 진행하였다. 호피 및 흑피, 칼라 수박 등 총 20조합에 대해 예비조합평가를 진행하였다.



그림 10. 후속1차년도 중국 해남도 예비조합검정



그림 11. 후속2차년도 중국 해남도 예비조합검정

㉞ 농가 지역적응성 시험

1) 1차년도 지역적응성 시험(충북 진천 농가)



그림 12. 진천농가지역적응성시험 및 품평회(2018년 6월)

- 국내 비가림 재배 지역에 맞는 수박 품종을 육성하고자 진천 이월면 하우스 200평에서 조합검정 시험을 진행하였고, 칼라수박 2대비 품종 9조합, 3배체 수박 2대비 품종 2조합, 특이형질 7조합, 호피수박 11대비품종 17조합 등 총 50품종에 대해 2018년 3월에 정식하여 2018년 6월 초에 수확 조사하였다.
- 지역적응성시험과 더불어 개발한 신품종 및 기존 출원품종에 대해 품평회를 주변 농가 및 전문가를 초대하여 진행하였다. 품평회를 통해 우수한 품종에 대해 확대 시교를 통해 농가 재배 안정성을 시험하고, 우수한 품종에 대해 품종 출원 및 사업화 성과를 위해 노력하였다.

2) 2차년도 지역적응성 시험(경남 사천, 충북 진천, 충남 부여)

- 국내 저온기수박 재배 지역에 맞는 수박 품종을 육성하고자 경남 사천농가 하우스 200평에서 조합검정 시험을 진행하였다. 현재 착과 후 비대 중에 있다. 칼라수박 3대비 품종 7조합, 호피수박 3대비품종 9조합 등 총 22품종에 대해 2018년 12월에 정식하여 2019년 3월 말에 수확 조사하였다.



그림 13. 경남사천 농가지역적응성시험 품종사진(2019년 3월)

- 국내 비가림 재배 지역에 맞는 수박 품종을 육성하고자 진천 이월면 하우스 200평에서 조합검정 시험을 진행하였고, 2019년 3월에 정식하여 6월 말 수확 조사하였다. 칼라, 호피, 3배체, 특이형질 등 6대비품종 13조합 총 19품종을 재배시험 하였다. 농우바이오와 공동 조사 및 선발하였다.



그림 14.진천농가지역적응성시험 및 품평회(2019년 6월)

- 충남 부여에서 흑피, 3배체 등 각각 대비품종 하나와 F1품종 각 하나씩을 비교하여 확대시험을 진행하였다. 2019년 3월에 정식하여 6월에 수확조사하였다. 부여 주변농가와 작목반, 농우바이오등을 초대하여 품평회 열어 흑피와 3배체수박 둘다 안정성과 품질면에서 대비품종과 비슷하여 각각 ‘씨업수’와 ‘까마쿰’으로 품종출원 완료하였다.



그림 15. 부여 농가지역적응성시험 및 품평회(2019년 6월)

3) 3차년도 지역적응성 시험 (농우바이오)

■ 경남 함안 농가지역적응성시험

- 국내 저온기 수박 재배 지역인 경남 함안 하우스에서 조합검정 시험을 진행하였다. 2019년 10월에 정식하여 2020년 1월 말 수확 조사하였다. 호피, 1대비품종 4조합 총 5품종을 재배시험 하였고 2조합이 선발 되었다. 대비품종의 평균 과중은 6.4kg 이고 조합은 2조합이 5.7kg, 나머지 2조합이 6.5kg의 평균과중을 보였다. 대비품종의 당도는 12.6brix 였으며 조합의 경우 각각 12.8, 13.6, 11.8, 12.8brix 의 당도를 보였으며 최종적으로 고당도를 보인 1조합과 과중이 높은 1조합이 선발되었다.



그림 16. 경남 함안 농가지역적응성시험

■ 전북 익산 3배체수박 농가지역적응성시험

- 전북 익산에서 3배체수박 조합검정시험을 진행하였다. 2020년 4월에 정식하여 2020년 6월 말에 수확 조사하였다. 4대비품종의 평균과중 8.3kg으로 측정되었고 조합의 경우 과중이 9.5kg으로 대비품종보다 시험조합의 비대력이 더 우수하였다. 대비품종의 당도는 11.8brix로 측정되었으며 조합의 당도는 12.5brix로 대비품종보다 높은 당도를 보였고 최종적으로 2조합이 선발되었다.



그림 17. 전북 익산 3배체 수박 농가지역적응성시험

③ 채소육종인력 양성

㉠ 현장중심 인턴교육

- 본 연구수행과정에서 센터 참여대학들의 대학원생들을 대상으로 학사 석사급 인턴교육을 통해 육종부, 품질관리부 등 다양한 부서에서의 근무를 통해 육종관련 업무를 익히게 하였다.

- 단기 (2개월이하), 장기(2개월이상) 등의 인턴실습 프로그램을 운영하여 수박육종에 관한 전반적인 기술을 접해 볼 기회를 제공하고 학생들의 육종실습의 기회로 만들었다.
- 내병성 및 기능성 특성의 선발효율을 높이기 위한 분자마커 개발과 관련하여 필요한 유용 형질의 분리세대 육성 및 특성평가 등을 수행케 함으로서 고전육종과 분자유종을 겸할 수 있는 인재육성의 기회로 활용하였다.

분야	교육 활동
전통 육성	<ul style="list-style-type: none"> • 작물 재배 • 접목 실습 • 육묘장 및 시설 관리 • 계통 조사 및 선발 • F1 조합 식미 조사 • 단간성 유전형 분석 및 마커 선발
종자 관리	<ul style="list-style-type: none"> • 종자 프라이밍 처리 • 종자 포장 • 종자 검수

1) 1차년도

- 1차년도에는 총 5명의 인턴교육을 실시하였다. 석사과정으로는 조** 학생이 2018.04~07월간 안성 농협종묘센터에 근무하며 다양한 전통육종관련 실무 트레이닝을 진행하였다. 단간성 수박 마커개발을 위한 집단작성 및 형질조사를 포함하여 호피, 흑피, 응성불임성 등에 관한 형질에 대하여 조사를 실습하고 재배 요령에 대한 교육을 실시하였다. 강**, 정** 학생의 경우 밀양 남부연구소에서 근무하며 파종, 접목, 교배의 반복적인 실습으로 업무의 전문성을 높이는 교육을 실시하였으며 여러 계통의 교배집단을 관찰 함으로서 유전분리양상 등 수박의 형질을 직접 조사하였다. 학사과정으로는 이** (2017.11~12월), 김**(2017.11월)학생에 대하여 종자생리, 프라이밍처리, 가공 실습 등의 교육을 진행하였다.



그림 18. 2018년도 봄 인턴교육

2) 2차년도

- 2차년도에는 총 2명의 인턴교육을 실시하였다. 권**(부산대), 이**(충남대) 학생은 2019.07~08월 안성 농협종묘센터에서 근무하며 단간성 집단 선발 시험을 위한 파종, 접목, 정식, 유인, 측지정리, 교배를 실습하며 기본적인 재배 방법을 교육하였으며 계통선발방식, 재료특성 선발요령, 순도검사 방법에 대하여 교육 하였다.

3) 3차년도

- 조**(전남대), 염**(서울대), 백**(서울대) 학생이 밀양 농우바이오 남부연구소에서 근무하였다. 수박 및 박과작물의 전통육종관련 실무 트레이닝을 위주로 파종, 접목 후 육묘장관리, 수박 유전자원의 염형 및 길이조사, 3배체 수박 F1 성능검정에 참여하는 등 다양한 경험을 할 수 있도록 교육하였다.

표 3단계 인턴교육생 리스트

순번	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기	비고
1	김**	부산대	농협종묘센터	학사	2017.12~01	국내
2	이**	부산대	농협종묘센터	학사	2017.12~02	국내
3	조**	부산대	농협종묘센터	석사	2018.03~07	국내
4	강**	서울대	농우바이오	석사	2018.07~10	국내
5	정**	경북대	농우바이오	석사	2018.07~10	국내
6	권**	부산대	농협종묘센터	석사	2019.07~08	국내
7	이**	충남대	농협종묘센터	석사	19.08.01~19.08.30	국내
8	조**	전남대	농우바이오	석사	2019.09~12	국내
9	정**	경북대	농우바이오	석사	2019.09~12	국내
10	염**	서울대	농우바이오	석사	2020.07.06~07.10	국내
11	백**	서울대	농우바이오	석사	2020.07.06~07.10	국내

㉔ 전문인력 채용

1) 1차년도

- 전문인력채용의 경우 2017년 12월 공채를 통해 2명(이**-서울대 석사, 이**-서울시립대 석사)을 채용하였고 2018년 2월 5일 종자마케팅업무 부서에 발령되었다.

㉕ 사업화 성과

㉖ 품종출원 등록 성과

1) 1차년도

- 총 1품종을 품종보호등록 하였다. 총 1품종을 품종보호등록 하였다. 기능성 흑피 수박인 ‘흑강’ 수박을 2016년 출원하였으며 2018년 5월에 품종보호 등록을 완료 하였다. 성능검정 결과 기존의 흑피 우점 품종에 비해 엽질의 수가 많고 초세가 안정적으로 재배안정성이 뛰어났으며 과피 경도가 강해 수송 안정성에 유리한 장점을 가지고 있다.

2) 3차년도

- 총 3품종을 품종보호 출원/등록 하였다. 3배체 수박인 ‘씨업수’ 수박을 2019.11월 품종보호 출원하였다. 대조품종에 비해 과육색이 진하며 절간의 길이가 짧고 원형에 가까운 품종으로 과육이 아삭하여 식감이 우수한 장점이 있다. 흑피 2배체 수박인 ‘까마쿤’ 수박은 2019.11월 품종보호 출원하였다. 대조품종에 비하여 녹색에 가까우며 호피가 보이는 흑피로 광택이 우수하며 햇빛 백과가 적은 특성이 있다. 타원형 흑피 수박인 ‘흑수’ 수박을 2017.07월 품종보호 출원하여 2020.2월에 품종보호 등록을 완료 하였다. 흑수 수박의 경우 중타원형 수박으로 과피색이 진하며 과육과 당도가 우수한 품종이다. 대조품종과 비교했을 때 과피의 두께가 얇은 특성을 가지고 있다.



그림 8 품종 등록된 ‘흑수’(좌), ‘흑강’(우) 품종 과실 사진

3) 품종 출원/등록 리스트

순번	연차	구분	출원/등록	출원명	취득년월	출원/등록 번호
1	1	2-2 협동	품종등록	흑강	2018.05.02	제 7156호
1	3	2-2 협동	품종출원	씨업수	2019.11.08	2019-572
1	3	2-2 협동	품종출원	까마쿰	2019.11.08	2019-571
1	3	2-2 협동	품종등록	흑수	2020.02.25.	제 7970호

㉠ 사업화 실적

- 수박 매출 사업화 성과로 ARC지원을 받아 품종출원 및 지역적응성 품평회를 거쳐 1차년도 골드맛 650,000원, 맛노랑 100,000원, 흑보 550,000원, 슈퍼꿀 19,303,038원, 햇빛꿀 8,570,000원, 새로나꿀 572,000원, 2차년도 골드맛 936,880원, 맛노랑 300,000원, 새로나꿀 111,450원, 슈퍼꿀 15,177,520원, 흑보 326,350원, 3차년도 골드맛 1,300,000원, 맛노랑 550,000 흑보 850,000원, 슈퍼꿀 34,646,055원, 새로나꿀 260,000원 으로 총 87,151,294원 사업화 성과를 달성하였다.

사업화 실적 리스트

구분	내용	연차	비고	소속	금액(천원)
2-2 협동	수 박 매출액	1차년도	골드맛 외 6품종	농협중요센터	29,745
		2차년도	골드맛 외 5품종	농협중요센터	20,400
		3차년도	골드맛 외 5품종	농협중요센터	37,005



(4) 제 2-3 협동과제 : 자색배추 품종육성 및 교배인력 양성

과제번호	제 (2 - 3)협동과제					
세부 연구과제명	국문	자색배추 품종육성 및 교배인력 양성				
	영문	Development of small head chinese cabbage with high level of plastid and vege표 breeding education				
세부 연구책임자	한글성명	임찬주	영문성명	Chan Ju Lim	과학기술인 등록번호	
	소속기관	아시아종묘	부서명 (학과명)	배추과	직위	부장
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	50,000	50,000	70,000	170,000	
	기업부담금	12,500	12,500	17,500	42,500	
	기타					
	합계	62,500	62,500	87,500	212,500	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴 교육	
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		SCI	비SCI	학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용		홍보전시
단위	건	건	건	건	백만 원	건	백만 원	백만 원	명	백만 원	건	건		명	명	명				
가중치																				
최종목표			5	3		50	50	4											14	
1단계	목표																			
	실적																			
2단계	목표		2	1				2											8	
	실적		3	2				4											7	
3단계	목표		3	2		50	50	2											6	
	실적		6	2		4	191.8	58	3										7	
최종	목표		5	3		50	50	4											14	
	실적		9	4		191.8	58	7											14	

②-1 품종 출원·등록 성과

출원된 특허					등록된 특허			
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국
2018	핑크1호 (Pink No.1) 배추	아시아종묘	대한민국	2018-74	2018	휘모리골드	아시아종묘	대한민국
2018	올레드	아시아종묘	대한민국	2018-480	2018	팔도장군	아시아종묘	대한민국
2018	골든박스	아시아종묘	대한민국	2018-481	2019	핑크웨이브	아시아종묘	대한민국

제품화: 골든박스, 올레드, 팔도장군, 휘모리

③ 기술료징수 현황

기 징수액	당해연도 징수액	향후 징수액	합계
	0		0

년도	기술이전 내용	대상	기술료(원)
2019	자색배추 '올레드' 출원번호 2018-480 기술이전	아시아종묘	0
2020	골든박스 배추 기술실시	아시아종묘(주)	0

④ 사업화 성과 및 매출 실적

항 목	세부 항목	성 과			
사업화 계획	사업화 소요기간(년)	3년			
	소요예산(백만원)	212.5			
	예상 매출규모 (억원)	현재까지	3년후	5년후	
		1.97	6	10	
	시장 점유율	단위(%)	현재까지	3년후	5년후
		국내	1	2	3
		국외	0.1	0.2	0.3
	향후 관련기술, 제품을 응용한 타 모델, 제품 개발계획	만추대성, 월동형, 내병성 자색배추개발			
무역 수지 개선 효과	(단위: 억원)	현재	3년후	5년후	
	수입대체(내수)	1.91	4	5	
	수 출	0.58	2	5	
항목	세부항목	성 과			

항목	세부항목			성 과
사업화 성과	매출액	개발제품	개발후 현재까지	1.97억원
			향후 3년간 매출	6억원
		관련제품	개발후 현재까지	0억원
			향후 3년간 매출	0억원
	시장 점유율	개발제품	개발후 현재까지	국내 : 1 % 국외 : 0.1 %
			향후 3년간 매출	국내 : 2 % 국외 : 0.2 %
		관련제품	개발후 현재까지	국내 : 0 % 국외 : 0 %
			향후 3년간 매출	국내 : 0 % 국외 : 0 %
	세계시장 경쟁력 순위	현재 제품 세계시장 경쟁력 순위		2 위
		3년 후 제품 세계 시장경쟁력 순위		2 위

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도 - 자색배추계통육성, 채소육종인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 자색배추품종 개발을 위한 계통 기반마련 ▪ 채소육종인력양성을 위한 인턴교육 및 인력채용
	2차년도 - 자색배추계통육성, 채소육종인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 자색배추품종 개발, 기술이전, 사업화를 위한 국내외 시교활동 ▪ 채소육종인력양성을 위한 인턴교육 및 인력채용
	3차년도 - 자색배추계통육성, 채소육종인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 자체 개발한 자색배추 품종인 올레드 배추를 국내에 판매를 시작하였으며, 수출을 위한 해외시 교결과가 속속 긍정적으로 나타나고 있기에 수출전망도 밝을 것으로 판단됨 ▪ 채소육종인력양성을 위한 인턴교육 및 인력채용

(다) 기타 주요연구 성과

① 품종개발을 위한 배추 파종, 육묘, 정식, 및 특성조사

- 자색 배추 품종개발을 위해서 기존에 수행해 오던 2단계 연구사업을 이어받아 3단계 연구사업으로 2017년 8월부터 2020년 6월까지 연구를 진행하였다. 경기도 이천시 장호원읍에 소재한 아시아종묘(주) 생명공학육종연구소에서 1-3년차 가을 재배의 경우 2017-19년 8월 10일 파종, 8월 30일 정식, 10월 20~25일에 각각 생육조사를 수행하였으며, 1-3년차 봄 재배의 경우 2018-20년 3월 23일 파종, 4월 16일에 정식 후 5월 30일 전후에 생육조사를 각각 수행하였다(그림 1~3).



그림 1. 자색 배추품종개발을 위한 파종, 육묘, 정식_가을재배(1차년도)



그림 2. 자색배추 품종개발을 위한 파종, 육묘, 정식_봄재배(2차년도)



그림 3. 자색배추 품종개발을 위한 파종, 육묘, 정식_가을재배(3차년도)

② 수집 유전자원 특성 검정 및 선발

- 배추 소비시장은 기능성이 강화된 배추, 생식용 샐러드 및 샐러드용 배추 등 기존배추의 단순한 소비에서 다양하면서도 웰빙을 추구하는 방향으로 소비자의 소비 트렌드가 변하고 있다. 또, 최근 1~2인 가구가 늘어나는 현상에 따라 소구형의 배추를 선호하는 추세로 기존배추에 기능성이 추가된 품종개발 및 소구형의 배추가 절실히 요구되고 있는 실정이다. 이러한 배추 시장의 변화에 따라 본 연구소(아시아종묘 생명공학육종연구소)에서는 연구개발 목표에 적합한 소구형, 적색 및 유색 배추 등을 유전자원으로 활용하고자 국내 및 중국, 동남아, 유럽 등지에서 인기있거나 특이한 품종을 1차년도 20점, 2차년도 20점, 3차년도 20점을 수집하고 특성을 각각 조사하였다 (그림 4-6, 표 1).
- 1차년도에 수집된 유전자원의 원예적 형질을 조사한 결과, 초고의 분포는 260~490 mm이었고, 엽장은 350~490 mm, 엽폭은 215~320 mm이었고, 중륵장은 140~240 mm, 중륵폭은 50~80 mm, 구중은 1,000~2,600 g, 구고는 194~310 mm, 구폭은 125~180 mm, 엽색은 모두 녹색이었고, Core size은 18~80 mm, 내엽수는 20~46으로 조사되었다. 수집 유전자원은 결각이 강한품종 1품종, 중간 5품종, 약한품종 14품종이었고, 사보이가 강한품종 1품종, 중간 11품종, 약한품종이 8품종 등으로 조사되었으며 각각 품종 육성 목표에 맞추어 선발하였다.(그림 4, 표 1).



그림 4. 국내의 유전자원 수집 및 특성 검정 (1차년도)

- 2차년도에 수집된 유전자원의 원예적 형질을 조사한 결과, 초고의 분포는 240 ~ 440 mm이었고, 엽장은 310 ~ 470 mm, 엽폭은 200 ~ 335 mm이었고, 중륵장은 180 ~ 300 mm, 중륵폭은 50 ~ 95 mm, 구중은 1,160 ~ 3,280g, 구고는 95 ~ 320 mm, 구폭은 100 ~ 245 mm, 엽색은 녹색 19품종과 연두색 1품종 이었고, Core size은 131~56 mm, 내엽수는 16~34으로 조사되었다. 수집 유전자원은 결각이 중간인 13품종, 약한 품종 7품종이었고, 사보이가 강한품종 6품종, 중간 7품종, 약한품종이 7품종 등으로 조사되었으며 각각 품종 육성 목표에 맞추어 선발하였다.(그림 5, 표 1).



그림 5. 국내의 유전자원 수집 및 특성 검정 (2차년도)

○ 3차년도에 수집된 유전자원의 원예적 형질을 조사한 결과, 초고의 분포는 270~530 mm이었고, 엽장은 300~540 mm, 엽폭은 230~340 mm, 중륵장은 154~365 mm이었고, 중륵폭은 50~85 mm, 구중은 1,550~3,950 g, 구고는 199~410 mm, 구폭은 105~185 mm이며, 엽색은 녹색 18품종과 진녹 1품종, 연녹 1품종 이었고, Core size은 31~80 mm, 내엽수는 18~48으로 조사되었다. 수집 유전자원은 결각이 중간인 품종 13품종과 결각이 강한 품종 7품종으로 조사되었으며, 모용이 있는 품종은 11품종, 모용이 없는 품종은 9품종으로 조사되었으며 이러한 특징을 가진 각각의 품종들은 품종 육성 목표에 맞추어 선발하였다.(그림 6, 표 1).



그림 6. 국내외 유전자원 수집 및 특성 검정 (3차년도)

표 1. 국내외 유전자원수집 및 특성(1차년도)

년도	BN NO	초고 (mm)	엽장 (mm)	엽폭 (mm)	중륵 장 (mm)	중륵 폭 (mm)	구중 (g)	구고 (mm)	구폭 (mm)	엽색	결각	사보이	모 용	core size (mm)	내엽 수
1 차 년 도	5633	450	420	300	200	70	2600	300	170	녹	1	3	유	30	32
	5635	375	413	250	198	80	2050	260	170	녹	5	5	유	38	44
	5637	400	400	290	200	60	2200	280	180	녹	1	1	유	30	36
	5638	400	410	280	200	60	2150	270	150	녹	3	3	유	30	32
	5639	400	400	270	180	70	2250	270	180	녹	1	1	유	30	30
	5640	370	410	320	180	50	2100	300	180	녹	1	1	유	30	30
	5645	370	450	245	220	65	2300	280	180	녹	1	1	유	30	28
	5646	430	460	260	240	65	1800	310	125	녹	1	1	유	20	30
	5647	400	400	230	200	60	1900	240	145	녹	3	3	유	18	28
	5648	490	480	290	203	70	1650	280	130	녹	1	3	유	25	20

	5649	340	390	290	180	70	1100	240	130	녹	1	1	유	22	30
	5650	300	390	250	170	73	1750	268	160	녹	1	3	유	30	38
	5651	365	386	240	185	60	1000	260	130	녹	1	1	유	25	24
	5652	390	420	250	180	54	1900	270	150	녹	3	3	유	35	42
	5653	390	445	270	212	74	1750	310	160	녹	1	3	유	30	46
	5675	380	490	305	220	50	1100	270	140	녹	3	3	유	19	20
	5676	330	350	250	155	60	1600	232	150	녹	1	3	유	34	24
	5677	260	358	280	140	60	1800	194	165	녹	1	3	유	80	22
	5678	300	365	230	155	52	1450	260	160	녹	3	3	유	22	24
	5679	350	350	215	170	58	1250	260	130	녹	1	1	유	25	26
2 차 년 도	5197	350	415	275	265	75	1840	280	150	녹	중	약	유	40	30
	5198	380	450	330	260	75	2360	320	150	녹	중	약	유	40	26
	5199	330	440	335	230	70	2200	270	130	녹	중	강	유	40	31
	5200	320	395	240	225	60	2240	290	155	녹	중	중	유	45	31
	5201	380	450	335	270	80	1880	320	140	녹	중	중	유	40	29
	5202	330	425	310	240	60	1820	270	135	녹	중	약	유	45	34
	5203	380	435	300	280	70	2120	310	135	녹	약	약	유	40	34
	5204	350	420	330	230	65	2280	300	165	녹	약	약	유	40	16
	5205	250	360	290	210	70	1220	200	135	녹	중	중	무	44	28
	5206	240	340	260	210	65	1500	195	154	녹	중	강	유	53	29
	5207	440	450	320	300	70	1560	295	105	녹	중	중	유	31	26
	5208	300	360	280	240	75	1160	248	100	녹	약	약	무	39	30
	5209	320	390	280	240	70	1660	286	115	연두	약	중	무	33	23
	5210	360	420	250	250	60	1360	255	105	녹	중	중	유	44	25
	5211	440	470	280	290	75	1180	95	245	녹	중	약	유	31	25
	5212	300	350	230	180	60	1800	220	137	녹	약	강	유	54	26
	5213	300	310	200	210	50	1820	275	120	녹	약	중	무	45	18
5214	420	465	315	295	95	3280	300	160	녹	중	강	유	40	31	
5215	330	340	260	230	80	1300	220	105	녹	약	강	무	56	25	
5216	340	430	230	270	80	2140	305	130	녹	중	강	유	40	25	
3 차 년 도	5300	270	324	230	154	51	1640	199	152	녹	1	3	무	80	30
	5301	324	388	300	306	60	1550	250	130	녹	3	5	유	31	34
	5302	420	300	340	300	85	3950	340	185	녹	3	3	유	45	42
	5303	340	355	250	235	50	2950	280	165	녹	3	5	무	80	32
	5304	380	445	325	260	50	2000	315	135	녹	5	5	무	40	28

5305	300	370	305	220	60	2650	250	150	연녹	3	3	무	45	27
5306	400	515	325	320	70	2800	335	180	녹	3	3	유	50	48
5307	380	430	295	290	65	2300	335	150	녹	3	3	유	35	45
5308	390	440	280	280	65	2750	290	170	녹	3	3	유	50	45
5309	365	445	280	260	60	1900	270	165	녹	3	3	유	45	48
5310	370	415	340	250	70	2650	230	170	녹	3	5	유	75	34
5311	310	400	270	270	60	2700	250	155	녹	5	5	무	60	37
5318	390	465	310	295	60	2320	320	145	녹	3	3	유	45	44
5319	400	455	290	290	55	2900	320	165	녹	3	3	유	55	47
5322	320	370	320	230	60	2700	250	160	녹	3	5	무	55	35
5323	345	450	340	295	65	2950	315	170	녹	3	3	무	60	44
5324	500	510	280	350	60	2500	410	105	진녹	5	5	무	45	19
5325	530	540	260	365	60	2350	360	110	녹	5	3	유	60	18
5326	355	400	320	240	60	3000	280	160	녹	3	3	무	50	34
5327	370	425	320	280	75	3200	280	180	녹	3	3	60	60	38

③ 계통 포장 성능 검정 및 선발과 SSD에 의한 계통육성 및 자색 CMS계통육성

- 경기도 이천 생명공학육종연구소에서 육성해오던 고정중인 기 보유 및 이전 연구 수행을 통해 획득한 계통을 1-3년차 2017-19년 8월 10일 파종, 8월 30일 정식, 10월 20~25일에 각각 생육조사 및 원예적형질을 조사 후 성숙모본으로 선발하였다(표 2). 이 계통들은 춘화처리를 위해 비닐하우스에서 월동시킨 후, 2월 18일 전후 7℃로 Setting된 온풍기로 가온하여 추대 시켰다. 매년 2월부터 4월에 걸쳐 계통 고정을 위한 세대진전 교배하여 순화 고정을 위해 FS(flower selfing, 개화수분)는 10개, BS(bud selfing, 뇌수분) 20개, GBS(General Bud Selfing) 20개 이상을 교배 후, 종자량, FS, BS임성을 조사하였다(그림 7-9).



그림 7. 교배를 통한 세대 진전 및 SSD계통육성 (1차년도)



그림 8. 교배를 통한 세대 진전 및 SSD계통육성 (2차년도)



그림 9. 교배를 통한 세대 진전 및 SSD계통육성 (3차년도)

- 이들 중 원예적 형질이 자색 소구형 배추 육성에 유리하며 임성이 좋은 우수 30계통을 향후 품종개발을 위한 조합 작성을 위해 선발하였다. 추가적인 세대진전과 계통 고정을 위해 이들 30계통을 1-3차년도(2017-2019년) 가을에 각각 재배하여 선발 후 준화처리를 하였으며, 2~3월 교배를 통한 세대진전을 진행하였다.

표 2. 자색 소구형 배추 품종육성을 위한 기 보유계통 선발 및 SSD계통육성과 각 선발계통의 특성 조사

(단위: mm)

년 도	BN No.	계통명	내한 성	결각	사보 이	초고	구고	구폭	외엽 색	내엽색	임성	
											FS	BS
1 차 년 도	5596	5105-53-51-51-51-51		약함	약함	440	350	140	적	적,노	0	8.9
	5597	5114-51-51-51-51		중간	중간	230	170	130	녹	노	1.6	1.5
	5598	5072-51-51-51-51		중간	중간	330	255	150	녹	노	2.6	9.5
	5599	CH-2-51-51-54-51		약함	약함	360	276	155	녹	노	1.2	2.3
	5600	H-2-51-51-51-53		중간	중간	330	240	145	녹	노	0	15.9
	5601	BP-55-52-51-51-51		약함	약함	380	280	150	녹	노	2.8	11.1
	5602	BP-55-52-51-51-52	강	약함	약함	360	260	140	녹	노	13	17.5
	5603	JS3-1-51-52-51-51		약함	약함	360	250	145	녹	노	19	21.5
	5604	JS3-1-51-52-51-51-52		약함	약함	350	280	150	녹	노	0.6	8.8
	5605	WC-2-52-51-51-51		중간	중간	240	200	70	적	적,노	0	2.6
5606	WC-3-52-51-51-51		중간	중간	270	210	80	적	적,노	0.8	5	

	5607	WC-8-52-51-51-51	강	약함	약함	285	200	90	적	적	0.6	18.5
	5608	WC-16-52-51-51-51		약함	중간	330	185	90	적	적	0.3	15
	5609	JS3-1-51-51	강	약함	약함	430	270	145	녹	노	3	10.4
	5610	9052SP-14-51		약함	중간	400	280	160	녹	노	1.8	11.7
	5611	9053SP-31-51		중간	약함	440	290	150	녹	노	1.5	20
	5612	9053SP-4-51		중간	중간	390	260	140	녹	노	0	3.5
	5613	720SP-12		중간	중간	420	270	170	녹	노	0.1	0.5
	5614	H-51-51-51		약함	중간	400	290	120	녹	노	0.3	2
	5615	2SP-265-51-51-51		중간	중간	450	290	100	적	적,노	0.3	5
	5616	9053SP-11-51-51	강	약함	약함	470	270	100	적	적,노	0.2	3
	5617	8067-G8		약함	약함	470	260	190	적	적,노	0.7	11.9
	5618	WC-2-52-51-51-51-52		약함	약함	500	260	140	녹	노	13.6	15
	5619	WC-2-52-51-51-51-53		중간	중간	470	240	150	녹	노	0.1	0.3
	5620	5237-54-51-51-52-G5		중간	강함	280	240	1110	녹	노	0.1	0.2
	5621	2H-1-G8		중간	강함	280	210	100	녹	노	0.2	0.1
	5622	8067-51-51-51-52		중간	중간	420	280	95	적	적,노	1	2.7
	5623	8053-51-51-52-51		중간	중간	420	280	90	적	적,노	3	13
	5624	2SP-265-51-51-51		약함	약함	460	310	130	적	적,노	0.2	3.9
	5625	319-52S-G7		중간	중간	530	340	120	적	적,노	3	18
2 차 년 도	5094	5440-51-51-52-G5		약	중	395	320	170	녹	노랑	0.1	1.8
	5095	5290-1-51-52-51-53-51		약	중	420	320	150	녹	노랑	0	4.3
	5096	5390P-1-51-52-51		약	강	390	330	150	녹	노랑	1.3	2.2
	5114	8067-G8-51-51-51-		중	약	450	370	180	녹	노랑	1.2	3.3
	5115	BP-51-51-1-G7	강	중	약	450	330	160	진녹	노랑	2.3	7.7
	5116	BP-54-52-52-51-52-51		중	강	440	310	180	녹	노랑	0	7.1
	5117	JJ4-1-51-52-51-51-52	강	중	강	330	255	124	진녹	노랑	0.2	3.6
	5118	5766-10-52-51-51-51-1		약	강	240	210	80	녹	노랑	0.3	6.8
	5119	5290-51-14-51-52		중	중	410	340	155	녹	노랑	0	3.8
	5120	5105-52-51-51-51-51		중	중	420	310	170	녹	노랑	0	3.5
	5121	5123-52-51-51-51-52		중	중	420	340	155	녹	노랑	5	8.3
	5122	BB-53-51-51-51-51-52		약	약	420	340	170	녹	노랑	0	1.4
	5123	WC2-2-52-51-51-51-53		중	중	400	350	165	녹	노랑	0.2	6
5124	5111-51-52-51-51-51		중	중	280	270	100	녹	노랑	0	2	
5125	8100-51-51-51-52-51	강	약	중	290	280	120	진녹	노랑	0	1.5	

	5126	5280-8-52-51-51-51		약	약	380	300	160	녹	노랑	0	2.9
	5127	5802-52-51-53-51		중	중	420	320	165	녹	노랑	0	6.9
	5128	BP-1-51-51-51-51		중	중	420	320	170	녹	노랑	0	3.7
	5129	5002-52-52-51		중	중	420	290	90	녹	노랑	0.2	7.7
	5130	5380-51-51-51-53		중	강	430	310	155	녹	노랑	0	2.3
	5260	JS2-51-51-51-52-51		약	중	350	280	115	진빨	빨강	0.5	3.6
	5162	5220-52-51-52		약	중	360	250	100	빨	빨강	0	3.8
	5164	5119-51-1-51-51		약	중	230	220	90	빨	빨강	0	12
	5165	5117SP-4-51-52-51		약	중	220	230	85	빨	빨강	0	3
	5166	5112-51-52-53-51-51		약	약	340	250	115	빨	빨강	0	4.1
	5167	5009-51-51-51		약	중	390	340	120	빨	빨강	0.1	2.3
	5168	BP-1-55-52-G8		약	중	340	300	105	진빨	빨강	0.4	1.6
	5169	5118-51-51-51-51		약	중	420	285	130	빨	빨강	0.4	2.2
	5170	5119-2-52-51-54-51-51		약	중	420	350	115	진빨	빨강	0	3.2
	5171	WC-51-51-51-51-52		약	중	380	300	115	빨	빨강	1.3	9.6
3 차 년 도	5112	36-4-G5-51-51-52		중	중	370	270	129	녹	노	0	4.3
	5113	B1-1-G4-51-51-51		중	중	390	264	141	녹	노	0.2	2.2
	5114	SG369-12-1-1-51		중	중	340	280	124	녹	노	0.2	3.1
	5115	5048-52-51-51-51-51-51		중	중	374	293	128	녹	노	3	7
	5116	412SP-19-51-551-51		중	강	369	232	130	녹	노	0	7.1
	5117	5077-51-51-51-51-51		중	강	300	263	130	녹	노	0.2	8
	5118	5085-51-51-51-51-52	강	중	중	325	280	134	녹	노	1	15
	5119	5063-51-51-51-51-53	강	중	중	333	277	139	녹	노	3	0.2
	5120	5072-51-51-51-51-52		중	중	339	240	130	녹	노	0.3	0.3
	5121	5096s-51-51-51-51-51		중	중	315	234	120	녹	노	0.3	1.8
	5122	32-1-52-G4-51-51-52		중	중	380	200	122	녹	노	0.7	2.6
	5123	CY♂-1-51-51-51-51		중	중	317	262	127	녹	노	13.6	13
	5124	32-1-52-G4-51-51-52		중	중	360	246	133	녹	노	0.1	3.5
	5125	5075-51-51-51-51-52		강	중	308	270	111	진녹	노	0.1	10
	5126	5085-51-51-51-51-52		중	중	366	270	137	녹	노	0	2.3
	5127	5063-51-51-51-51-53		중	중	320	243	120	녹	노	0	1.5
	5128	5066-52-51-51-51-53	강	중	중	329	310	136	녹	노	0	3
	5129	32-1-52-G4-51-51-53		중	중	306	260	130	녹	노	1.2	2.5
	5255	CGM-60-52		약	중	350	260	110	녹	노	2.3	3.2

5256	787-17-8-5-58-53		중	중	366	220	130	진자	진자	0.3	6.8
5257	BP-55-51		중	중	330	255	134	녹	노	0	3.2
5258	5192-52-51-51-51		중	강	350	245	136	녹	노	0	2.9
5259	CGM-59-51		중	약	320	261	137	녹	노	0.1	6.2
5260	CGM-60-52		중	강	300	267	140	녹	노	0	3.7
5271	5412-G5		중	중	380	290	106	자색	노/자	1.3	7.8
5272	5413-G5-51		중	중	390	260	130	자색	노/자	0	2
5275	8192-55-51		중	강	292	230	110	자색	노/자	0	3.5
5276	8194-55-51-51		중	강	360	260	100	자색	노/자	0	8.2
5280	8193-55-51-51		중	중	320	190	92	진자	진자	0	1.6
5282	8195-55-52-51		중	강	433	270	100	자색	자	0.2	4

- 1차년도에 선발된 30계통의 형질 조사는 초고의 분포 230~530 mm, 구고는 170~350 mm, 구폭은 70~110 mm 으로 조사되었다. BN5598, BN5599, BN5600, BN5601, BN5602, BN5603, BN5604, BN5609, BN5610, BN5611, BN5612, BN5613, BN5620, BN5621은 외엽색이 농록색으로 진하고 광택이 있으며, 내엽색이 황색으로 완벽한 포합형의 결구형 배추 계통이다. 이들 중 BN5602, BN5607, BN5609, BN5616는 내한성이 강한 계통이며, 나머지 계통들은 결구력은 뛰어나지만 내한성(11월 10~20일경까지 재배 후 특정)에 약한 특색이 있는 품종이다.
- 2차년도에 선발된 30계통의 형질 조사는 초고의 분포 220~450mm, 구고는 210~370mm, 구폭은 80~180mm 으로 조사되었다. 선발된 계통 중 결각이 중간인 계통은 13계통, 결각이 약한 계통은 17계통이다. 또 사보이가 강한 계통은 5계통, 중간계통은 20계통, 약한계통은 5계통으로 조사되었다. BN5115, BN5117, BN5125는 외엽색이 농록색으로 진하고 광택이 있으며, 내엽색이 황색인 결구형 배추 계통이다. 이들 중 BN5115, BN5117, BN5609, BN5125는 내한성이 강한 계통이며, 나머지 계통들은 결구력은 뛰어나지만 내한성에 약한 특성이 있는 품종이다.
- 3차년도에 선발된 30계통의 형질 조사는 초고의 분포 292~433mm, 구고는 292~433mm, 구폭은 9~141mm 으로 조사되었다. 선발된 계통 중 결각이 중간인 계통은 28계통, 약한 계통은 1계통, 강한계통은 1계통으로 조사되었다. BN5125는 녹색이 진하고, 광택이 있으며, BN5271, BN8272, BN5275, BN5276, BN5282는 외엽색이 자색인 계통이고, BN5256, BN5280은 외엽색이 진한 자색이고 내엽색도 자색인 계통이다. BN5118, BN5119, BN5128는 내한성이 강한 계통이며, 나머지 계통들은 결구력은 뛰어나지만 내한성이 약한 특성이 있는 품종이다.



그림 10. 원예적 형질이 뛰어난 우수계통 선발 (1차년도)





그림 11. 원예적 형질이 뛰어난 우수계통 선발 (2차년도)



그림 12. 원예적 형질이 뛰어난 우수계통 선발 (3차년도)

○ 1차년도 선발된 계통 중 자색계통은 BN5596, BN5605, BN5606, BN5607, BN5608, BN5615, BN5616, BN5617, BN5622, BN5623, BN5624, BN5625 이다. 특히 이들 중 BN5615, BN5616, BN5622, BN5623, BN5624, BN5625는 외엽색이 적색을 띠고 결구

력이 우수한 계통이다, BN5605, BN5606, BN5607, BN5608은 다른 계통들과 다르게 자색이 진하고 엽수가 적고 중륵이 매우 두꺼운 특징을 가지고 있다. BN5596은 적색과 녹색이 섞여있는 독특한 형태의 내엽색을 이루고 있는 품종이다(그림 10, 표 2).

- 2차년도 선발된 계통 중 BN5160, BN5162, BN5164, BN5165, BN5166, BN5167, BN5168, BN5169, BN5170, BN5171은 외엽색과 내엽색이 모두 자색인 배추 계통이다. 특히 이들 중 BN5163, BN5168, BN5170은 외엽색이 진한 적색을 띄고 결구력이 우수한 계통이다, BN5118, BN5119, BN5120, BN5125는 구의 크기가 작아 소구형계통으로 유용하게 활용할 수 있다 (그림 11, 표 2).
- 3차년도 선발된 계통 중 BN5271, BN8272, BN5275, BN5276, BN5282, BN5256, BN5280은 외엽색이 자색을 띄고 결구력이 우수한 계통이다. 그중에서 BN5256, BN5280은 외엽색과 내엽색이 모두 진한 자색으로 색의 발현이 균일하다. BN5116, BN5117, BN5118, BN5119, BN5120, BN5125는 외엽색이 녹색이고, 결구력이 우수하며, 구의 모양이 좋아 상품성이 우수한 계통이다(그림 12, 표 2). 이와 같은 선발된 계통들은 자색배추 개발을 위하여 여러 다양한 조합에 활용하였으며 향후 유용한 계통으로 활용 할 수 있을 것으로 여겨진다.
- 배추과 작물에서는 CMS(Cytoplasmic male sterility)를 이용한 F1 채종체계가 많이 활용되고 있다. CMS를 활용하면 제웅작업을 생략할 수 있으며, 연속 여교잡에 의한 핵치환으로 세포질인자만 삽입된 불임계통을 만들 수 있고, 노력과 경비를 절감할 수 있을 뿐만 아니라, 자식주가 없이 순도가 우수한 상품을 만들 수 있는 다양한 장점 때문에 널리 활용되고 있으며 해마다 CMS를 이용한 품종의 비중이 늘고 있다. 세포질 융성불임계통을 만들기 위해서는 융성불임세포질을 가진 품종을 모본으로 하고 유지계통을 화분친으로 하여 연속적으로 여교배를 실시해 핵 치환하여 육성해야 한다. 4~5회 정도 여교잡을 실시하면 주요 재배적 특성 면에서 유지친과 유사해지고, 온실에서 1년에 2-3번 정도 여교잡을 실시하면 2년을 전후로 거의 고정된 융성불임계통을 얻을 수 있고, 고정된 융성불임계통은 새로운 품종을 육성하는데 중요한 유전자원으로 사용된다. 자색 배추의 형질을 가진 세포질융성불임성 계통의 육성을 위하여 1차년도 (2017년) 봄 교배 후 가을 포장시험에 재배하여 교잡친과 최대한 표현형이 비슷한 개체를 선발한 후 2차년도 (2018년) 교잡친과 반복 교배/채종 후 가을 포장시험에 재배하여 교잡친과 최대한 표현형이 비슷한 계통을 선발하였으며 2019년 봄에 반복하여 교배/채종 후 가을 포장시험에 재배하여 교잡친과 최대한 표현형이 비슷한 계통을 선발하였으며, 2020년에도 봄교배를 통해 세대진전을 수행하였고 가을에 교잡친과 유사한 계통을 선발할 예정이다(표 3).

표 3. 자색 소구형 배추 품종육성을 위한 CMS계통육성과 각 계통의 임성 조사

년도	No.	계통명	조 제 번호	교 배 방법	교배 개수	결 협 수	종 자 량	임성	비고
1 차 년 도	1	MSBC6×323-56S-G4-2S	3001	BC	30	28	420	14	
	2	MSBC2×5239-3S	3002	BC	30	24	360	12	
	3	MSBC8×4-M-G6-2S	3003	BC	30	20	280	9.3	
	4	MSBC8×3-M-G6-2S	3004	BC	30	19	330	11	
	5	MSBS6×5164-51S-G4-2S	3005	BC	30	28	150	5	
	6	MSBC7×2호-3-G4-2S	3006	BC	30	29	200	6.6	
	7	MSBC4×341-8S-51	3007	BC	30	10	89	2.9	
	8	MSBC4×341-5S	3008	BC	30	15	200	6.6	
	9	MSBC2×5239-3S	3009	BC	30	22	50	1.6	
	10	MSBC2×5239-3S	3010	BC	30	29	130	4.3	
2 차 년 도	1	KwonMSBC0 x 787-17-16-10	2410	BC	26	26	280	10.7	
	2	KwonMSBC0 x 787-17-8-5	2411	BC	22	22	400	4.5	
	3	KwonMSBC0 x 787-17-16-7	2418	BC	25	22	210	8.4	
	4	hnMSBC0 x 787-17-16-10	2425	BC	25	25	310	12.4	
	5	hnMSBC0 x 787-17-8-5	2426	BC	22	22	210	9.5	
	6	hnMSBC0 x 787-17-16-7	2438	BC	28	24	100	3.5	
	7	hnMSBC0 x 787-17-16-10	2450	BC	25	25	130	5.2	
	8	akiMSBC0 x 787-17-16-7	2472	BC	23	10	39	1.6	
	9	akiMSBC0 x 787-17-16-10	2478	BC	24	22	60	2.5	
	10	akiMSBC0 x 787-17-8-5	2479	BC	23	23	70	3	
3 차 년 도	1	KwonMSBC0 x AR2-1	1919	BC	20	20	230	11.5	
	2	KwonMSBC0 x AR2-2	1920	BC	25	24	200	8	
	3	akiMSBC0 x 8193-55-51	1921	BC	22	22	100	4.5	
	4	DHMSBC0 x 8193-55-51	1922	BC	25	25	210	8.4	
	5	DHMSBC0 x 8193-55-52	1923	BC	20	20	200	10	
	6	DHMSBC0 x 8193-55-53	1924	BC	20	20	80	4	
	7	KwonMSBC0 x 8193-55-54	1925	BC	20	17	110	5.5	
	8	akiMSBC0 x 8193-55-55	1926	BC	21	20	100	4.7	
	9	MSBC2 x AR2-1	1927	BC	20	20	43	2.2	
	10	MSBC2 x AR2-2	1928	BC	24	24	33	1.4	

④ 자색배추 소포자 배양

- 시료는 성숙한 개체에서 개화가 시작된 bud를 채취하여 화엽 길이가 주두 길이의 1/2~1/3 가량이 되는 sample만을 선별하여 사용하였으며, 시료의 소독은 70% ethyl alcohol로 20초, Sodium Hypochlorite 1% 용액에서 15분간 침지하여 표면소독한 후 멸균된 증류수로 3분간 3회 수세하였다. 소독이 완료된 시료는 13% sucrose가 첨가된 B5 washing배지와 함께 막자사발에 넣어 마쇄한 뒤, 45 μ m sieve로 약벽과 조직을 제외한 소포자만을 걸러낸 용액을 Centrifuge에서 소포자만을 분리하였다.(1000rpm, 3분, 3회) 분리된 소포자는 NLN, Sucrose, AgNO₃과 생장호르몬이 첨가된 성장배지에 Activated charcoal를 넣어 60X15mm petri dish에 2.5ml씩 분주하였다. 배양 온도처리는 30 $^{\circ}$ C 2d, 32.5 $^{\circ}$ C 1d의 두 가지 조건으로 시행하였으며 암상태의 incubator에서 고온처리 후, 같은 암조건의 25 $^{\circ}$ C 항온기에서 약 20일 간 배의 발생을 관찰한다. 배가 발생되면 명배양하여 배가 엽록소를 띠게 되면 식물체 분화배지에 이식하였다. 발생된 배는 호르몬이 첨가되지 않은 MS기본배지에 옮겨 식물체로 분화시켰으며 기형으로 자라는 개체는 호르몬을 첨가한 MSK배지에 계대하여 정상식물체로 유도하였다. 식물체가 재분화되면 1/2MS배지에 이식하여 발근을 유도하였다(그림 13).

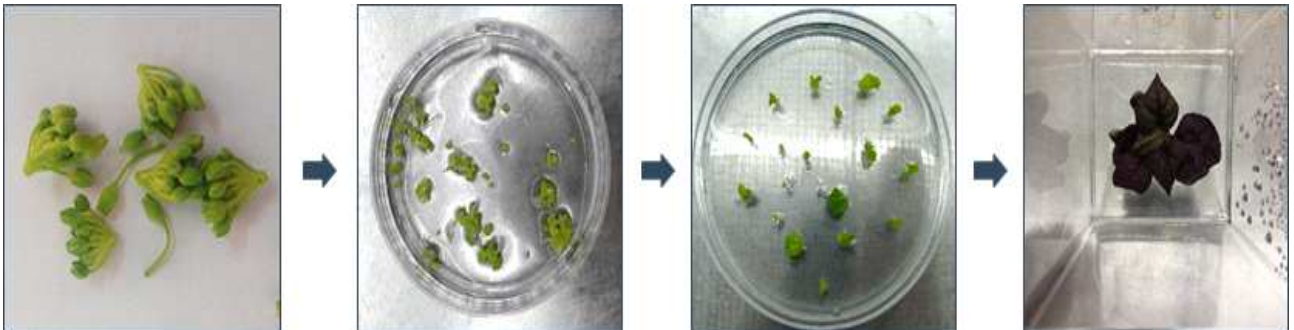


그림 13. 자색배추 소포자 배양을 통한 발생 배로부터 식물체 유기과정

- 온도처리는 두 가지 방법으로 하였는데 총 발생배의 수는 유사하며 계통별로 높은 효율의 처리조건이 상이함을 알 수 있었다. 후속 1차년도 연구결과 발생된 배의 개수는 총 202개로, 평균 한 계통당 50여개의 배가 발생한 것으로 배발생률이 기존 배추과 작물에 비해 낮은 것을 알 수 있다. 그러나 자색배추의 소포자 배양에서는 배양시 기형배 발생률이 적고 재분화율은 기존 배추과 작물의 재분화율(자사 기준)과 유사하고 성장속도가 빨라 재분화된 개체의 대부분이 순화까지 이어졌다. 후속 2차년도에는 총 336개의 배가 발생하였으며 계통당 평균 110여개의 배가 발생했음을 알 수 있다. 그 중 1347이 사용된 시료의 개수에 비해 다수의 배를 얻어 배발생률이 높은 계통임을 알 수 있었다. 온도처리별 배 발생률은 후속 1차년도와 유사하게 30 $^{\circ}$ C 48h 처리구에서 더 높은 배발생률을 보였으나 재분화율은 32.5 $^{\circ}$ C 24h 처리구에서 더 높았다.

- 배양배지별 차이는 A(control)에서 평균적으로 다수의 배가 발생하였으며 후속 2차년도 DH26의 경우 B배지를 32.5°C 24h 처리했을 때 가장 많은 배를 확보할 수 있었다. 8920과 DH26은 후속 1차년도보다 발생 배의 수가 늘었으며, 3계통 중 1347에서 가장 많은 수의 배를 확보하였고, 이를 재분화하였을때의 재분화 개체수도 1347이 가장 많았고 DH26의 경우 재분화 중 발근이 잘 되지 않은 개체가 많았다. 전년 대비 완전한 자색인 개체의 수가 늘었고 발생 배에서 자색을 띄지 않더라도 재분화 단계에서 자색이 확연한 개체의 비율이 늘었다.
- 1차, 2차 연구를 통해 총 538개의 배를 얻을 수 있었으며 그 중 재분화 및 발근까지 완료된 40여개의 식물체는 배양실에서 토양순화를 완료하였으며 춘화처리를 거쳐 유용 유전자원 선발을 위한 계통 육성 소재로서 활용되었다(표 4, 5).

표 4. 후속 1차년도 소포자 배양의 계통별 전처리 온도 및 처리시간에 따른 배발생

B N.	Media	Temperature condition(°C, hour)		Total
		32.5°C 24h	30°C 48h	
8920	A(control)	25	28	71
	B	7	6	
	C	0	4	
	D	1	0	
8492	A(control)	17	9	39
	B	1	11	
	C	1	0	
	D	0	0	
7052	A(control)	8	2	24
	B	1	3	
	C	3	0	
	D	2	5	
DH26	A(control)	19	21	68
	B	10	10	
	C	1	3	
	D	0	4	
Total		96	106	202

표 5. 후속 2차년도 소포자 배양의 계통별 전처리 온도 및 처리시간에 따른 배발생

B N.	Media	Temperature condition(°C, hour)		Total
		32.5°C 24h	30°C 48h	
1347	A(control)	37	41	78
	B	17	28	45
	C	0	8	8
	D	4	9	13
8920	A(control)	22	29	51
	B	18	11	29
	C	9	0	9
	D	1	4	5
DH26	A(control)	11	27	38
	B	29	14	43
	C	1	3	4
	D	9	4	13
Total		158	178	336

- 전년도 배양결과들을 토대로 8920, DH26, DH48에 대한 후속 3차년도 연구를 진행하였다. 소포자 시료 채취 및 소독과 배양과정은 동일하며, 모본관리가 잘 되어 더 양질의 bud를 다수 확보할 수 있었다. 온도처리조건은 동일하게 진행하였으며 배양 배지는 이전 연구에서 효율이 낮았던 D배지를 제외한 3종류의 배지를 사용하였다.



그림 14. 재분화된 식물체의 순화 및 저온처리

- 배양결과 8920과 DH26은 전년도와 유사한 배양결과를 보였으며 DH48에서 다수의 건전한 배를 확보하여 총 417개의 소포자 유래 발생배를 획득하였다. 이전연구결과에 비해 32.5°C 24h 처리구에서 더 많은 수의 배를 확보할 수 있었으며 이 조건이 30°C 48h 처리구에서 발생한 배보다 재분화율이 높기 때문에 당해 연구에서의 평

균 재분화율도 높아 더 많은 수의 식물체를 확보할 수 있었다.(표 6.) DH48의 경우, 잎의 생장에 비해 뿌리의 발생이 매우 느린 편이고 습도에 더 민감하여 순화에 어려움이 있었으나 한 번 뿌리가 활착이 된 후엔 성장속도가 빠르고 엽색이 고른 편이었다.(그림 14)

- 발생배 중 기형배를 제외하고 재분화된 37개의 식물체는 계통 육성 소재로서 활용하기 위해 저온처리시설에서 춘화처리를 거치고 있다.

표 6. 후속 3차년도 소포자 배양의 계통별 전처리 온도 및 처리시간에 따른 배발생

B N.	Media	Temperature condition(°C, hour)		Total	Total
		32.5°C 24h	30°C 48h		
8920	A(control)	18	25	43	84
	B	30	7	37	
	C	2	2	4	
DH26	A(control)	21	32	53	104
	B	29	16	45	
	C	4	2	6	
DH48	A(control)	84	55	139	226
	B	38	23	61	
	C	17	9	26	
Total		243	171	417	

⑤ 뿌리혹병 병리 검정 및 저항성 계통 및 조합 선발(1~3년차)

- 최근 세계적인 급격한 기후변화로 인해서 작물 생육단계에서의 변화와 고온, 건조, 다습 등 환경스트레스에 대한 변화로 새로운 병, 해충의 출현이 많아지는 가운데 배추 작물에 가장 큰 영향을 미치는 배추 뿌리혹병 저항성 품종의 필요성이 점점 더 절실해 지고 있다. 배추 뿌리혹병은 토양 중에서 휴면포자의 형태로 월동 및 전염을 하는 병원균으로, 보통 정식 후 20~30일에 잎이 누렇게 변하고 아랫잎이 늘어지는 증상과 함께 뿌리에 여러개의 크고 작은 혹이 생겨난다. 토양을 통해 전염되는 뿌리혹병은 상품성 있는 배추 생산을 저하시키고, 오염된 토양은 계속해서 병을 유발하여 방제에 어려움을 겪게 한다. 이에 육종가들은 뿌리혹병 균주를 수집 및 접종을 통해 뿌리혹병 저항성 품종을 개발하고자 여러 가지 실험을 통해 노력하고 있다.
- 본과제를 통해 자색결구배추이면서 뿌리혹병에 강한 품종을 개발하기 위해서 경기도 연천군일대의 배추밭에서 수집한 균주를 채취 후 사용하였다. 뿌리혹병 균주(Race) 판별은 Williams 판별기주 4종인 Jersey Queen(WCD1), Badger Shipper(WCD2), Laurentian(WCD3), Wilhelmsburger(WCD4)를 사용하여 Race판별하였다. 그 결과 연천 수집 균주의 경우 판별 host인 WCD1, WCD2, WCD3가 모두 이병성을 나타내며 WCD4에서는 저항성을 나타내고 있음을 확인하여 Race2로 판별하였으며 본 저항성 검정 시험에 사용하였다(그림15).



그림 15. Williams법에 따른 수집 뿌리혹병 균주의 race 판별(race2)

- 수집한 뿌리혹병 균주의 배추 뿌리 이병조직은 -80℃ deep freezer에 보관하면서 실험에 사용하였다. 접종하기 직전에 보관중인 균주를 꺼내어 증류수로 수차례 세척하여 이물질 및 흙을 깨끗이 제거한 후 멸균수를 첨가하여 공업용 믹서기로 마쇄하였다. 그리고 식물조직을 제거하기 위하여 2겹의 거즈로 여과하였으며 만든 병원균 현탁액을 Hamacytometer로 휴면포자의 포자수를 측정한 뒤 5×10^6 ml 으로 농도를 조절하여 시험에 사용하였다. 그 후 트레이에 인공 상토를 채우고 파종한 다음, 파종 후 7일 뒤(자엽전개)에 각 포트 당 5ml씩 포자현탁액을 관주하는 방법으로 접종하였다. 접종 후에는 최대한 습하게 관리하였으며, 물이마르지 않게 많은 양의 물을 주었다(그림 16).



1. 보관된 병원균

2. 병원균 현탁액 제조

3. 농도 측정

4. 접종 준비

5. 접종(관주)

6. 접종 후 관리

그림 16. 뿌리혹병 저항성 배추 선발을 위한 뿌리혹병 접종준비 과정 및
접종후 관리

- 뿌리혹병 접종 30일 후 1차 발병정도를 조사하였고, 1차 조사이후 7일 후 2차 발병정도를 조사하였다. 뿌리혹병의 발병은 눈으로 식별하였으며 주근에 흑이 형성된 것은 이병성(S), 세근이 고르게 잘 퍼져있으며 주근이 매끈할 경우 저항성(R)으로 분류하였다. 총 개체수를 조사한 다음 이병성(S)과 저항성(R)을 조사하고, 이후 선발된 개체에 대해서 이병율을 계산하였다. 이병율은 전체개수/이병개체 × 100으로 계산하였다(그림 16).
- 1년차에 뿌리혹병 접종을 위하여 사용된 배추 계통은 전년도 선발한 135종류의 계통(CR5~CR110, CR150~CR180), 45종류의 수집품종(CR111~CR149)을 사용하였으며 뿌리혹병 내병성 대비품종(CR1, CR2), 이병성 대비품종(CR3, CR4), 판별품종 WCD1, WCD2, WCD3, WCD4 등 총 180계통으로 뿌리혹병 저항성 여부를 조사하는데 사용하였으며, 2년차에도 마찬가지로, 이병성 저항성 대비품종, Williams판별품종 포함하여 251계통 및 품종을 검정하였다. 2020년에는 9월~10월 검정예정이며, 약 200계통 및 품종을 검정예정이다. 이병성 대비품종은 아시아종묘의 “NRMN”, T사의 “MS” 였고, 내병성 대비품종은 J사의 “DKMK”, S사의 “CHJK” 였다.



그림 17. 뿌리혹병 저항성 배추 선발을 위한 접종 후 조사결과

⑥ 자색 배추 우수 F1조합 작성 및 선발

- 본 연구 목표에 따라 국내 및 중국, 유럽등의 수출용으로 자색 고함유 소구형 품종을 육성하기 위하여 기 보유 유전자원 및 수집 유전자원 중 원예적 형질이 뛰어나거나 적색 발현이 강한 고정된 보유 계통을 이용하여 각각 1-3차년도 10종류씩 F1조합을 작성 하였다(표 7). 배추의 자색형질은 중간형질로 유전되는 특징이 있어서 녹색배추와 진한자색배추를 교배하면 자색배추를 육성할 수 있다. 이러한 특징을 이용하여 자색과 녹색의 기 보유 계통을 이용하여 조합작성을 수행하였다.

표 7. 자색 소구형 배추 개발을 위한 F1조합 작성 및 우수조합 선발

(단위 mm)

년 도	B.N.	조 합	초 고	엽 장	옆 폭	중 륜 장	중 륜 폭	모 용	Core size	구 중 (g)	구 고	구 폭	선 발
1 차 년 도	5460	5239-54-51-51-51-51 x양상추형배추-51	280	360	285	150	55	무	50	2200	225	160	
	5461	5239-54-51-51-51-51 x5236-54-51-51-51-51-51	330	324	303	177	70	유	40	2000	225	150	
	5462	DHxAW-2-51-51-51-51 x787-17-2-1	290	403	253	176	45	유	25	700	185	100	
	5463	DHxAW-2-51-51-51-51 x787-17-3-4	290	380	242	160	40	유	25	600	190	97	
	5464	DHxAW-2-51-52-51-52 x787-17-2-1-2	360	388	245	185	53	유	18	700	230	110	○
	5465	AW-2-51-52-51-52-51 x787-17-2-1-2-1	360	395	240	175	45	유	18	800	235	120	○
	5466	AW-2-51-51-51-51 x787-17-3-2-1	380	405	240	190	45	유	18	600	145	90	
	5467	AW-2-51-51-51-51 x787-18-1-2-3	215	330	230	152	40	유	25	450	143	70	
	5468	5102-51-51-51-51 x435-51-51	350	412	277	193	43	무	40	1700	310	130	
	5469	5102-51-51-51-51 x5092-51-51	260	357	293	170	51	무	54	1100	210	100	

2 차 년 도	5161	MSBC1x341-1s-G8 x 787-17-8	350	435	345	245	55	유	45	1540	290	110	○
	5162	DHMSBC5xAW♀ x 787-17-8	350	405	230	250	50	유	40	1220	280	115	○
	5172	435-51-51 x 787-17-8-5	390	425	280	280	50	유	45	1480	210	110	
	5173	5087-52-51 x 787-17-16-7	390	460	305	275	65	유	50	2040	300	140	
	5174	5087-52-51 x 787-17-16-10	430	460	315	285	55	유	60	2040	300	115	
	5176	5105-53-51 x 787-17-16-7	320	395	230	235	50	유	40	1240	300	110	
	5177	5105-53-51 x 787-17-16-10	340	410	275	240	60	유	45	1580	340	120	
	5178	5105-53-51 x 787-17-8-5	370	440	320	250	60	유	45	1780	350	140	
	5179	787-17-16-7 x 5272-53-51-51-51-G6	430	540	320	310	65	유	45	2080	340	130	
	5180	787-17-16-7 x 5410-51-51-51-53-51	350	475	305	255	60	유	40	1480	350	125	

- 배추 조합능력 검정은 가을 작기에 포장 검정하여 선발하였으며, 봄 작기에 재포장 검정하여 봄 작기 재배 가능 여부도 조사하였다 검정기준으로 배추의 기본원예적 형질인 초고, 엽장, 엽폭, 중륵길이, 중륵너비, 엽색, 구중, 구고, 구폭 모용, 순도 등을 조사하였고, 조사 당시의 순도와 원예적 형질을 고려하여 1차년에 BN5464, BN5465 2조합, 2차년에 BN5161, BN5163 2조합을 각각 선발하였으며(표 7, 그림 18, 19), 3년차 봄에 작성한 조합은 2020년 가을 선발할 예정이다.
- 1차년도에 선발된 BN5464은 진한자색 계통과 녹색 월동배추계통간에 교배한 조합이며, BN5465는 결구력이 강한 진한자색 계통과 결구력이 조금 약한 봄배추계통을 교배한 조합이다. 따라서 BN5464는 우리나라 남해안지역에서 월동이 가능한 조합으로 추정되고 있으며, BN5065는 봄가을, 혹은 시설재배시 4계절 재배가 가능할 수도 있는 조합으로 추정되고 있다. 2차년도에 선발한 BN5161, BN5162는 양친이 모두 만추대 계통으로 비교적 이른 봄에 파종해도 재배가 가능한 품종으로 추정되고 있다. 조합은 동남아, 유럽, 호주, 중앙아시아지역의 바이어들로부터 좋은 반응을 얻고 있어 채종테스트 후 충분한 상업적 임성이 확보된다면 주요 수출유망 품종이 될 것으로 판단된다.



그림 18. 우수 F1 선발조합 BN5465, BN5464 자색 배추
(1차년도)



그림 19. 우수 F1 선발조합 BN5161, BN5162 자색 배추
(2차년도)

㉞ 우수선발조합의 종자생산성 검증 시험

- 우수선발 조합의 종자생산성 검증을 위해 1차년도에 선발된 BN5464, BN5465, 2차년도에 선발된 BN5161, BN5162에 대해서 벌을 이용한 망실6채종을 수행하였다. 이들은 모두 그림 20, 21과 같은 과정을 거쳐 종자생산성을 검증하기 위하여 각각 주당 생산량을 확인하였으며, 종자생산성 검정 후 생산종자의 순도검정, 지역적응성 시험을 거쳤다.

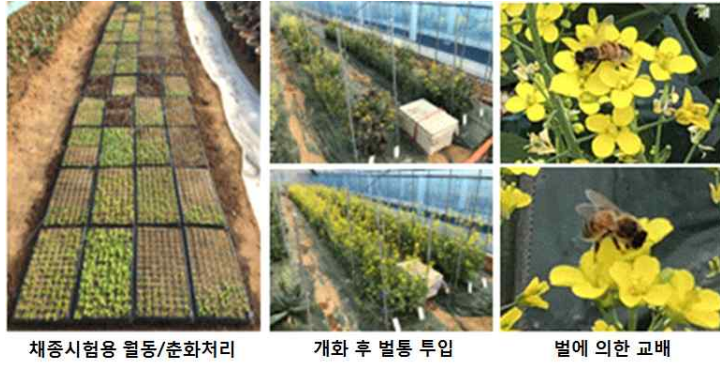


그림 20. 자색 배추 선발조합의 벌에 의한 소망실 시험채종 진행중 (1차년도)



그림 21. 자색 배추 선발조합의 벌에 의한 소망실 시험채종 진행 중 (2차년도)

⑧ 품종보호출원

- 조합능력검정, 채종시험, 및 지역적응성 시험을 거쳐 우수 품종으로 검증된 품종, 핑크 1호, 올레드, 골든박스를 품종보호출원을 하였으며 휘모리골드와 팔도장군 배추를 품종보호등록 완료하였다. (그림 22, 23)



그림 22. 핑크1호 품종보호출원, 휘모리골드 품종보호등록



그림 23. 올레드, 골든박스 배추 품종보호출원, 팔도장군 품종보호등록

○ 조합능력검정, 채종시험, 및 지역적응성 시험을 거쳐 우수 품종으로 검증된 품종, 올레드, 골든박스 및 팔도장군 배추를 품종보호출원 및 품종보호등록을 완료하였다(그림 23)

⑨ 지역 적응성 시험, 수출 상담 및 시교활동

○ 선발조합 BN5464, BN5465를 경기도 이천시 선읍리 박종하씨 농장에서 2018년 봄철 지역적응성 테스트를 수행하였으나 추대문제가 발생하여 봄철 재배는 어려운 것으로 판단하였다. 그후 BN5464를 2018년 가을 경남 사천 박만중씨 농가에 시교 및 지역적응성 시험을 완료하였으며 생식용 샐러드 및 김장배추 등으로 손색이 없었음을 확인할 수 있었고 이를 ‘올레드’ 배추로 명명 및 품종보호출원 하였다(그림 24). 또한 본 과제를 통해 개발한 다양한 자

색배추를 수출하기 위하여 일본, 태국, 중국, 호주, 유럽연합, 미국 등의 종자회사 바이어들에게 소개 및 시교를 수행하였다(그림 25).



그림 24. 올레드 배추 지역적응성 시험 (2018년) 및 사업화 완료(2019년)



그림 25. 다양한 종자회사 바이어대상으로 한 자색배추 홍보, 수출상담, 및 시교결과

⑪ 전통육종실습을 위한 인턴교육

- 2-3협동과제를 수행하고 있는 아시아종묘(주)에서는 3-3협동과제(충남대학교)와 연계하여 배추과 작물 육종인력 양성을 위해 2018년 4월 - 2020년 7월 사이에 채** LU**, 마**, 송**, 홍**, 문**, 최** 등이 참가하여 각각 1달간 경기 이천소재 아시아종묘 생명공학육종연구소에서 현장 인턴교육을 실시하였다.
- 아시아종묘(주) 생명공학육종연구소에서는 인턴교육을 성공적으로 수행하기 위해 임**(이학박사, 배추과, 부장), 김**(배추과, 과장), 오**(생명공학팀, 과장) 등 자체 강사진을 구성하여 ‘배추과 전통육종’, ‘배추 재배기술’, ‘분자표지를 이용한 육종’, ‘생물공학을 이용한 육종’, ‘배추과 육종실습’, ‘육종전략론’ 과목에 대해 강의를 각각 1시간씩 수행하였다.
- ‘배추과 전통육종’ 과목의 경우 CMS, SSD, 자식주 확보, 자가화합성, 타가화합성, 교배이론, 및 대량채종법에 대해서 강의 내용을 구성하였으며, ‘배추 재배기술’ 과목의 경우 배추의 파종, 육묘, 정식, 밭 만들기, 비료, 농약선택·제조와 같은 배추재배 전반에 대해 강의 하며, 이에 더해 계절별 어떤 품종의 배추를 재배하며 각종 생리장애와 방제법에 대해 강의 내용을 구성하였다. ‘분자표지를 이용한 육종’의 경우 순도검정을 위한 마커개발 및 활용, 형질마커를 이용한 품종육성 및 분자표지를 이용하여 HRM기로 실제 검정을 수행하여 분자표지를 이용한 육종법에 대해 실제 종자회사에서 어떻게 활용하는지에 대해 과목을 구성하였다.
- ‘생물공학을 이용한 육종’ 과목은 실제 고정된 계통확보에 가장 중요하게 활용되고 있는 소포자배양법에 대한 이론과 실습, 그리고 병리검정을 통한 내병성품종 육성에 대해 실제 종자회사에서 어떻게 생물공학을 이용하여 품종 육성하는지에 대해서 강의를 수행하였다. ‘육종전략론’은 종묘회사의 육종가가 영업팀, 해외영업팀, 농가, 채종팀, 바이어들과 어떻게 상호교류하며 시장상황분석, 품종육종전략수립 등을 수행하는지에 대해 강의를 수행하여 인턴쉽 학생들이 향후 육종가가 되어 어떤 업무를 수행하는지에 대한 지표를 제시하였다. ‘배추과 육종실습’ 과목의 경우 약 1달가량 아시아종묘 생명공학육종연구소에서 체제하면서 실제 어떤 업무를 수행하는지 직원들과 함께하며 실용적인 업무실습을 통해 종묘회사와 친숙해질 수 있게 과목을 구성하였다.

⑫ 전문인력 채용

- 아시아종묘 생명공학육종연구소에서는 충남대학교 임** 농학박사를 1년차에 양배추 연구팀 소속으로 채용하였다. 2년차에는 충북대학교 박**을 가지과 연구팀 소속으로 채용하였으며, 3년차에는 경북대학교 이**을 배추 연구팀소속으로 채용하였다.

⑬ 사업화에 따른 국내매출 및 해외수출 성과

○ 본 과제를 통해 개발한 품종인 휘모리골드, 팔도장군, 골든박스, 올레드 품종을 각각 사업화 완료 후 표 8과 같이 국내매출 191,898,100원, 해외수출 58,438,738원 (48,394 USD)의 성과를 달성하였다.

표 8. 사업화에 따른 국내매출 및 해외수출 성과

	매출구분	품종명	매출액 (원)	비 고
2017년(1년차)	국내매출	휘모리골드	20,911,000	
	수출	휘모리골드	1,244,000	1,155 USD
2018년(2년차)	국내매출	휘모리골드	73,915,100	
		팔도장군	8,370,000	
	수출	팔도장군	280,000	280 USD
2019년(3년차)	국내매출	휘모리골드	83,378,000	
		골든박스	3,816,000	
		올레드	1,508,000	
	수출	휘모리골드	3,036,847	2,558 USD
		올레드	1,237,064	1040 USD
		골든박스	52,640,827	43,361 USD
수출총액			58,438,738	48,394 USD
국내매출총액			191,898,100	
총매출액			250,336,838	

(나-5) 제 3 핵심연구과제 개요

(1) 연구과제 개요

과제구분	제 (3)핵심과제						
핵심 연구과제명	국문	종자산업 전문 인력양성 및 품종개발 지원					
	영문	Training field breeders and supporting variety development					
핵심 연구책임자	한글성명	박영훈	영문성명	Younghoon Park	과학기술인 등록번호		
	소속기관	부산대학교	부서명 (학과명)	원예생명과학과	직위	교수	
	전화번호		팩스번호		E-mail		
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)						
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계		
	정부출연금	295,000	295,000	480,000	1,070,000		
	기업부담금	17,875	17,875	30,250	66,000		
	기타						
	합계	312,875	312,875	510,250	1,136,000		
참여연구인력 (단위:명)	세부과제책임자	책임급		선임급		원급이하	합계
	3	6		17		18	41
세부 연구책임자	구분	성명	소속		전공		
	제3-2 협동과제	박영훈	부산대		식물 유전. 육종		
	제3-1 협동과제	강병철	서울대		식물유전육종		
	제3-1 협동과제 (공동연구)	이제민	경북대		식물분자유전		
	제3-3 협동과제	임용표	충남대		유전육종		

(3) 연구 내용

(가) 연구의 필요성

- 소비자의 다양한 기호도 증가로 인해 종자 시장이 점차 소비자 중심으로 변하고 있으며 이에 따라 여러 과색, 고기능성, 다양한 과피/과형 특성 등의 형질이 채소 종자 시장에서 중요시되고 있음. 그러나 국내 종자시장은 현재까지 이용용도, 재배 작형, 내병성 및 조숙성에만 육종 목표가 제한적으로 설정되어 크기, 과색, 과형, 기능성 물질에 대한 연구가 제한되어 있었고, 이로 인해 국내 육종회사의 시판품종과 보고된 과색 유전자좌 간에 연관성이 미흡한 사례 등이 관찰되었음. 따라서 국내 채소 종자가 세계 시장에 맞는 경쟁력을 갖기 위해서는 다양한 소비자 기호에 맞는 육종 목표를 설정하여 산업화할 필요가 있다.
- 내병성이나 배추의 깃무름을 방지하기 위한 long shelf-life 등의 특징은 생산자의 입장에서 매우 중요하게 여겨짐. 최근 갑작스런 기후 변화로 인해 수박의 경우 재배농가

수익이 불안정해졌으며, 무농약 친환경 품종 요구의 증가에 따라 이러한 수익 불안정 구조가 한층 심해졌다. 따라서 내병성 품종 재배를 통해 수박 재배농가의 불안정한 수익 구조를 해결할 수 있을 것으로 생각됨. 또한 더운 기후로 인해 배추의 운송과정에서 생기는 짓무름에 대한 피해와 가격 하락 피해가 월등히 크므로, 농가에서는 다른 품종보다 shelf-life가 긴 품종을 선호하고 있음. 따라서 이를 해결한다면 국내 시장의 선도 품종을 개발할 수 있으며, 운송 거리가 긴 중국 시장 등에서도 선도 품종을 개발할 수 있을 것이다.

(나) 연구의 필요성

■ 최종 목표

- 고품질 토마토 육종계통 육성 및 품종개발 지원
- 캡시에이트 고함유 신품종 육성 및 인력양성
- 분자마커를 이용한 내병성 및 기능성 수박 육종기술 산업화
- Long shelf-life 특성의 국내용 배추 신품종 육성 및 인력양성

■ 연차별 목표

○ 1차년도

- 기능성 라이코펜 고함유 계통 선발 및 분자표지 개발
- 다양한 과색 형질의 유전자원 수집 및 육종기반 확립
- 캡시에이트 신흥 A line 육성을 위한 집단 작성 및 선발
- 홍고추 색소 함량 QTL 연구 집단 작성
- 과실 안토시아닌 축적 유전자원 탐색 및 집단 작성
- 수박 고기능성 성분 분자마커 개발
- 배추 유용 유전자원 평가 및 분자마커 개발
- 교배육종 인력 인턴십 수행

○ 2차년도

- 토마토 살구색·노란색 과색형질 결정 분리집단 작성 및 유전분석
- 캡시에이트 신흥 F1 조합 시험
- 홍고추 색소 함량 집단 GBS 분석 및 QTL 탐색
- 과실 안토시아닌 함량 유전자 구명 및 분자마커 개발
- 수박 과형 연관 분자마커 개발

- 배추 선발 계통의 종자 증식 및 원예 형질 평가
- 교배육종 인력 인턴십 수행

○ 3차년도

- 토마토 살구색·노란색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발
- 캡시에이트 신흥 고추 F1 품종 특성 구명 및 기술 이전
- 다양한 카로티노이드 합성 유전자 분자마커 셋트 개발
- 고추 안토시아닌 생합성 조절 기전 구명
- 수박 MAS를 통한 고기능성, 과특성 계통 육성 및 산업화
- 배추 품종 중 우수 원예 특성 반복 평가 및 품종 출원
- 교배육종 인력 인턴십 수행

(다) 연구내용 및 방법

■ 분자마커를 이용한 내병성 및 기능성 수박 육종기술 산업화(부산대, 제 3-1 세부)

- 내병성 및 기능성 수박 육종기술 산업화를 위하여 오렌지색과 salmon yellow 과육 색의 성분 집적, 수박의 과형의 분자마커 개발을 목표로 한다. 이를 위해 분리집단 및 NIL 집단을 이용하여 유전양상을 밝히고, 유전자 지도 작성, candidate gene approach, genome sequencing, candidate gene-targeted sequencing 등의 기술을 통해 각 형질과 연관된 분자마커를 개발한다. 이러한 기술을 이용하여 개발된 마커를 기개발된 흰가루병 내병성 분자마커와 결합하여 내병성/고기능성 품종 육성 시스템을 구축하고 MABC 분자마커 세트와 함께 활용하여 신규 수박 계통육성 체계를 확립한다.

■ 고기능성 가지과 품종개발 지원 및 인력양성(서울대, 제 3-1 협동)

- 고추의 기능성 신품종 육성을 위하여 1, 2단계에서 MABC를 통해 개발된 ‘캡시에이트 신흥’의 경우 고품질의 웅성불임성·내병성을 도입하여 고품질의 F1 품종을 만들고자 한다. 또한 색소의 함량 정도에 영향을 미치는 유전인자를 구명하기 위해서 카로티노이드 저색소 계통과 고색소 계통을 교배한 집단을 작성하여 색소 함량 추이와 연관된 유전자좌를 GBS 기술을 이용하여 탐색하고 연관 마커를 개발한다. 안토시아닌에 대해서도 다양한 유전자원을 이용하여 미숙과색이 자색과 녹색인 고추를 교배한 분리집단을 작성한 후 GBS 기술을 이용해 연관 유전자좌를 탐색하여 연관 마커를 개발한다.

■ 고품질 토마토 육종계통 육성 및 품종개발 지원(경북대, 제 3-1 협동/공동)

- 고품질 토마토 육종계통 육성을 위해 기능성 라이코펜 고품종 육종계통을 수집하고 과실에서 카로티노이드 추출 및 HPLC분석을 통해 기능성 라이코펜인

polycopene을 정량하여 고함유 계통을 선발한다. 이후 후보유전자 간 변이를 기반으로 분자표지를 개발한다. 과색형질에 대해서는 신규 유전자원을 수집하고 교배조합을 작성한 후, BSA-GBS를 수행하여 형질과 연관된 SNP 후보를 탐색하고 이를 기반으로 유전자 지도를 작성하여 분자마커를 개발한다.

■ Long shelf-life 특성의 국내용 배추 신품종 육성 및 인력양성(충남대, 제 3-2 협동)

- Long shelf-life 특성의 국내용 배추 신품종 육성을 위하여 유용 유전자원을 평가하고 배추 유전체 정보를 활용하여 목표 형질에 대한 분자마커를 개발한다. 선발된 유용 유전자원에 대해 원예 형질을 평가하고 이후 특성 평가를 반복하여 신품종을 육성한다. 유용 유전자원 선발 및 육성 과정에서 육종 연한 단축을 위한 분자마커의 활용과 기반 기술을 확보한다.

(라) 세부과제간의 연관성

- 본 핵심과제는 총 1개의 세부과제와 2개의 협동과제로 구성되어 있음. 각 세부과제는 여러 가지 공통점을 가지고 있다. 먼저 유전체 정보를 기반의 첨단 육종 기술을 이용한 분자마커 개발 및 신품종 육성 및 개발을 지원하는 점, 이러한 분자육종 및 전통육종 시스템의 지원을 받아 고기능성 품종을 육성하는 점, 대학원 인력 공급 및 인력 양성을 통한 육종 인력의 이론 교육에 기여하는 점이 이에 해당된다. 핵심과제 내 각 세부·협동 과제는 각각 토마토, 고추, 수박, 배추 4가지 다른 작물을 담당하는데, 제 2 핵심과제와 협력함으로써 기능성 신품종 육성에 도움을 받을 뿐만 아니라 제 2 핵심과제의 품종 개발을 전폭적으로 지원함으로써 육종 과정의 전반적인 효율성을 향상시키고 분자육종과 전통육종 간의 긴밀한 협력 체계를 유도한다. 또한 제 1 협동과제는 제 2-1 협동과제의 주요 육종소재인 캡시에이트 고함유 고추를 제공함으로써 식품화를 지원한다. 이러한 산학 간 긴밀한 협력체계를 통해서 국내 종자산업의 국제경쟁력 강화를 유도할 수 있다.

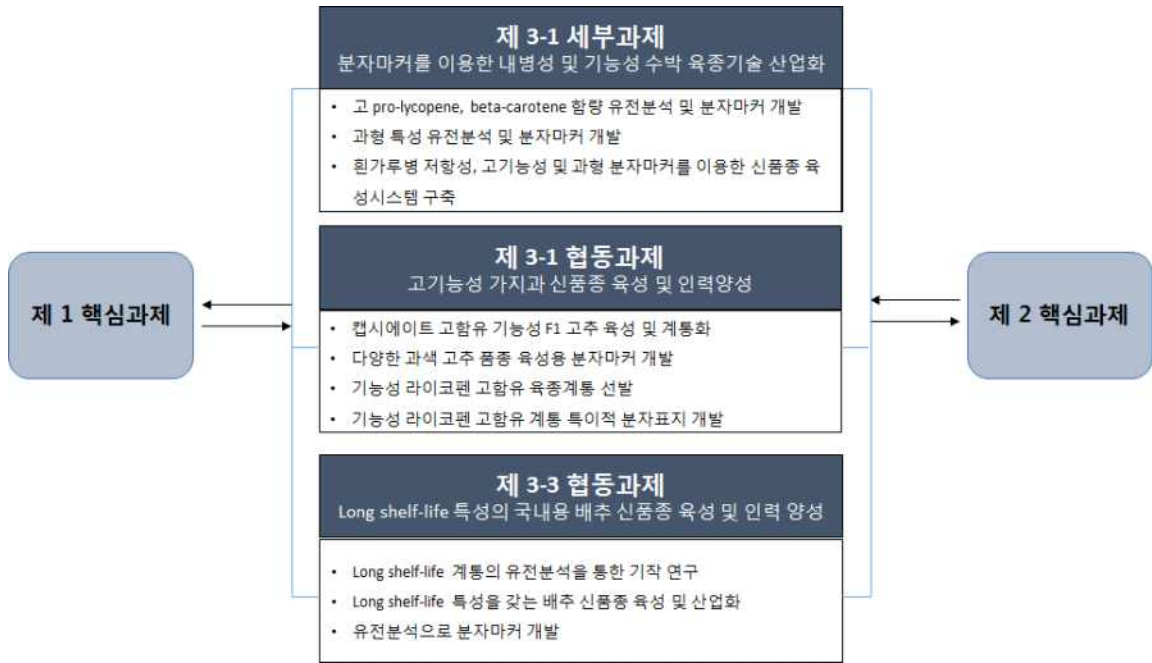


그림 1. 3핵심과제 추진체계도

(마) 기대효과

- 과색 형질과 연관된 분자마커 개발을 통한 과색 형질 연관 육종효율증진 및 기술보급
- 캡시에이트 등 기능성 신물질 활용으로 인한 고추 육종 시장 선도
- 기능성물질, 과색 연관 분자마커 개발을 통한 품종 개량으로 고추 시장 다양화 및 경쟁력 제고
- 국내 수박품종의 기능성과 내병성 개량으로 인한 과실 소비 확대 및 시장 증가
- 다양한 형질의 분자마커 개발을 통한 배추 품종 육종연한 단축 및 비용 절감
- 과제 참여 학생의 산학연계 인턴십을 통한 현장 육종 경험 및 취업 독려

(나-6) 제 3 핵심연구과제별 주요 성과

(1) 제 3-1 세부과제: 분자마커를 이용한 기능성 및 생력화 박과 품종 육성 기술 산업화 및 인력양성

과제번호	제 (3 - 2)협동과제					
세부 연구과제명	국문	분자마커를 이용한 기능성 및 생력화 박과 품종육성 기술 산업화 및 인력양성				
	영문	Industrialization of breeding technology for functional and labor saving cucurbit cultivars using molecular markers and training vegetable breeders				
세부 연구책임자	한글성명	박영훈	영문성명	Younghoon Park	과학기술인 등록번호	
	소속기관	부산대학교	부서명 (학과명)	원예생명과학과	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	65,000	65,000	110,000	240,000	
	기업부담금					
	기타					
	합계	65,000	65,000	110,000	240,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴 교육	
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용		홍보전시
												SCI	비SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	명	명				
가중치																				
최종목표	6	1		3	5							10			14	6	8			10
1단계	목표	1										2			3		1			3
	실적				1	3						4			2		2			9
2단계	목표	2										5			7	4	2			4
	실적	3	1									5			8	2	8			10
3단계	목표	3	1		2	5						3			4	2	5			3
	실적	1	2									3			5	2	6			3
최종	목표	6	1		3	5						10			14	6	8			10
	실적	4	3		1	3						12			15	4	16			22

① 논문게재 성과

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2018	Characterization of IQ Domain Gene Homologs as Common Candidate Genes for Elongated Fruit Shape in Cucurbits	Beingku Jin	Younghoo n Park	Joonyup Kim, Jaemin Jung, Daeun Kim	Horticultural Science & Technology	36	국내	SCI
2018	Genome-Wide Sequence Variation in Watermelon Inbred Lines and Its Implication for Marker-Assisted Breeding	Girim Park	Younghoo n Park	Joonyup Kim, Bingkui Jin, Hee-Bum Yang, Sung-Woo Park, Sun-Cheol Kang, Sang-Min Chung	Horticultural Science & Technology	38	국내	SCI
2019	Analysis of flesh color-related carotenoids and development of a CRTISO gene-based DNA marker for prolycopene accumulation in watermelon	Beingku Jin	Younghoo n Park	Junewoo Lee, Seungan Kweon, Youngwoo Cho, Youngmi Choi, Sung Joong Lee	Horticulture, Environment, and Biotechnology	60	국내	SCI

② 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2018	프로라이코펜 고함량 수박 개체 선발용 분자마커 및 이의 용도	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-2072-0040497	2017	수박 흰가루병 저항성 유전자 선발용 분자마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-1793042
						쥬빌리계 수박 호피 무늬 형질 선발용 DNA 마커	부산대학교 산학협력단	대한민국	10-1822995

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도 <ul style="list-style-type: none"> • 고 기능성 성분 분자마커 개발 • 채소육종 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 고 pro-lycopene, beta-carotene 함량 분석 기술 확립 및 육종소재 탐색 • 육성계통, 분리집단(F2), NIL을 이용한 pro-lycopene, beta-carotene 유전분석 • 후보유전자 발굴 및 유전자 기반 MAS용 분자마커 개발 • 회사 인턴쉽을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 • 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육 • 육종회사와 연계한 과특성/기능성 등의 표현형 분석 훈련
3단계	2차년도 <ul style="list-style-type: none"> • 무측지/단간장 분자마커 개발 • 채소육종 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 측지가 없고, 절간이 짧은 왜성형 유전자원 탐색 • F2 집단(측지수/절간장 분리집단) 확보 및 표현형 분석 • GBS 기반의 유전자지도 작성 및 QTL 분석 • 무측지/단간장 MAS용 분자마커 개발 • 회사 인턴쉽을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 • 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육 • 육종회사와 연계한 왜성/생력화 등의 표현형 분석 훈련
3단계	3차년도 <ul style="list-style-type: none"> • MAS를 통한 고 기능성 과특성 계통 및 품종육성 산업화 • 채소육종 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 개발된 마커 시스템의 특허출원/등록 및 종자회사/생명공학회사로 기술이전 (NH중요로 기술이전 진행 중) • 종자회사의 기능성(고라이코펜, 고베타카로텐) 및 생력형 (무측지/단간장) 품종육성 지원을 위한 MAS 시스템 구축 • MAS 및 MABC를 활용한 우수 계통/품종 육성 체계 구축 • 회사 인턴쉽을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 • 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육

(다) 기타 주요연구 성과 (자유 기술)

① Pro-lycopene 고함량 오렌지 과육색 수발 선발용 분자마커 개발

㉞ 연구방법

1) 식물재료

- Carotenoid계 성분분석을 위해 적육(red), 황육(canary yellow), 오렌지(orange), 연어색 황육(salmon yellow) 품종 14종을 표 1과 같이 확보하였다.

표 1. Carotenoid계 성분분석 및 고 기능성 선발용 분자마커 개발에 사용된 수발 유전자원과 주요 특성

Flesh color	Accession	Generation	Source
orange	NB-DAH NIL	NIL(NB5410 x DAH)	PNU
	NB5410	Inbred line	PNU
	Summer Orange	Inbred line	Sinnong
	Summer Orange B	Inbred line	Sinnong
	Golden Honey	Inbred line	RHSC
	Orange Flesh Tendersweet	Inbred line	RHSC
	Orangeglo	Inbred line	RHSC
	Thender Gold	Inbred line	RHSC
C a n a r y Yellow	OTO-DAH NIL	NIL(OTO9491 x DAH)	PNU
	ALDF	Inbred line	PNU
	OTO9491	Inbred line	PNU
Red	DAH	Inbred line	Partner
	JB11-3	Inbred line	PNU
	JB38-1	Inbred line	PNU

2) 재배 및 과샘플 수확

- 확보된 품종은 2017년도에 경남 창원 수박농가에서 위탁재배를 통해 접목 및 비가림재배로 각 품종당 3~5개체 반복으로 재배하여 수정후 40일째 과를 수확하였다.
- 수확한 과를 반으로 자르고 과육색을 육안으로 판단하여 기록한 후 과심을부터 양쪽으로 5g 정도의 큐빅형태로 잘라내어 동결건조하였다.

3) Carotenoid 성분분석

- 동결건조한 과육샘플을 잘게 마쇄한 후 1.0g을 2 mL MTBE:MeOH(1:1)의 용매를 이용하여 성분을 추출하였다. 추출된 성분은 0.45 um filter를 이용하여 HPLC 분석하였다.

- LC 분석은 1100 series HPLC system(Agilent)을 이용하였으며 5가지 carotenoid계성 (neoxanthin, pro-lycopene, lycopene, β -carotene)에 대한 표준물질(standard)는 sigma-SAldrich로부터 구입하였다.

4) Prolycopene isomerase(CRTISO) 유전자 분석

- 오렌지 과육 품종 5종('Goldenhoney' , 'Tendergold' , 'Orange Flesh Tendersweet' , 'Orangeglo' 'DAHORF') 적육 품종 1종('JB38-1'), 황육 1 품종 ('OTO9491') 유묘로부터 total RNA를 RNeasy[®]Plant Mini Kit (QIAGEN)을 이용하여 분리한 후 Hyperscript[™] RT premix kit(GeneAll, Seoul, Korea)을 이용하여 cDNA를 합성하였다.
- CRTISO cDNA를 염기서열분석하기 위해 International Cucurbit Genomics Initiative(ICuGI)로부터 CRTISO 유전자 서열(Cla017593)를 확보한 후 primer set 4 종(표 2)을 디자인하여 FastStartHigh Fidelity PCR System을 이용하여 PCR 한 후 유전자 전체 서열을 cloning 하였다.
- cDNA cloning은 pGEM[®]-TEasy Vector System I (Promega)을 이용하였으며, Exprep[™]Plasmid kit을 이용하여 miniprep한 후 Genotech에서 염기서열 분석하였다.

5) CRTISO gene-based CAPS 마커 개발

- 총 7 품종의 CRTISO cDNA로부터 분석된 염기서열을 ClustalX 1.83로 alignment 하고 탐색된 SNP로부터 CAPS 마커를 제작하였다(표 1-2).
- 개발된 CAPS 마커의 마커이용선발(MAS) 적용성을 검증하기 위하여 총 103개의 수박 accession (재배종 및 근연종)에 대해 marker genotyping하고 과육색 표현형과 비교분석하였다.

표 2. CRTISO 유전자 분석 실험에 사용된 PCR primer 정보

Type	Forward(5'-3')	Reverse(5'-3')	AT (°C)	Annotation
TA cloning	GCTCAACTACCGAACTCTCC	AATACCCGACCCAATAACAA	62	sequencing of CRTISO transcript, part 1
	AACAGGAGGTGGTGAGGAGA	TCAATAAAGGACAACAGACGG	62	sequencing of CRTISO transcript, part 2
	AGTACATCAAGGATCCCCGT	CCAACCTCCATAAAATCAATAG	62	sequencing of CRTISO transcript, part 3
	TGAGAATGATTGGAGAAGGTTA	ATTGCGGCACGACGGATATG	62	sequencing of CRTISO transcript, part 4
RT-PCR	GTTGGGTCTTCTGTAATGTTTGG	GATTCCTCTTTTCATGGGG	62	semi-quantitative analysis of CRTISO
β -Actin	CCATGTATGTTGCCATCCAG	GGATAGCATGGGGTAGAGCA	62	reference gene
gDNA-CAPS	CGGTGATAGTTGCTTTCCT	GTGGTTGTTACACGGCTGA	55	CRTISO gene SNP site
cDNA-SCAR	GTTGGGTCTTCTGTAATGTTTGG	GATTCCTCTTTTCATGGGG	62	verify insertion/deletion of CRTISO in cDNA
gDNA-SCAR	TTGGTTGATAGTTGCTCC	AAAAGTCTTACTCCGATTGC	55	verify insertion/deletion of CRTISO in gDNA

㉔ 연구결과

1) 과육색과 Carotenoid계 성분함량 간 비교

- 총 14개 수박 accession에 대한 5개 Carotenoid 성분의 함량을 각 품종당 3개체 (3반복) 분석한 결과는 표 3과 4와 같다.
- 적육과 품종의 경우 주성분은 lycopene (‘DAH’, 81.2%; ‘JB11-3, 69.9%; ‘JB38-1, 94.6%) 이었으며, neothathin, carotene은 매우 낮은 수준으로 함유된 반면 pro-lycopene은 검출되지 않았다.
- 오렌지 과육 품종의 경우 크게 두 가지 주성분으로 구분되었다. ‘NB-DHA NIL’ (63.9%), NB5410(89.3%), Summer Orange(93.1%), Summer Orange B(92.4%)에서는 베타 carotene이 가장 높이 함유되어 있고 pro-lycopene은 검출이 되지 않은 반면, Orange flesh Tendersweet(70.6%), Orangeglo(60.4%), Tender Gold(67.7%)에서는 pro-lycopene이 가장 높은 수준이고 베타 carotene은 5%이하의 매우 낮은 수준을 보였다. neoxanthin, lycopene, zeta-carotene은 모든 품종에서 매우 낮은 수준으로 함유되어 있거나 검출 되지 않았다.
- 연어색 황육(salmon yellow) 품종(Golden Honey)의 경우 pro-lycopene(62.0%)로 가장 높았으며, 다른 성분에 있어서도 pro-lycopene 함량이 가장 높은 오렌지 과육 타 3 품종과 크게 차이가 없었다(그림 1).
- 황육(canary yellow) 품종의 경우 ‘ALDF’ (63.8%)와 ‘OTO9491’ (58.7%)에서는 neothanthin 함량이 가장 높았으며, 베타와 제타 carotene은 소량 함유된 반면, lycopene과 pro-lycopene은 검출되지 않았다. ‘OTO9491’ 과 적육계인 ‘DAH’ 간 여교잡을 통해 고정된 근동질 황육계 계통인 ‘OTO-DAH NIL’ 의 경우 타 황육 품종과 비슷한 수준의 neothanthin 함량이 관찰되었으나 lycopene 성분이 54.5%를 차지 할 만큼 [타 적육계 품종의 lycopene 함량(69.9%~94.6%)과 비교시 낮은 수준] 검출되었는데, 이는 근동질계 육성과정에서 lycopene 생성 유전자 기작이 완전히 제거되지 않았기 때문으로 판단된다. 이와 유사한 사례가 ‘NB5410’ x ‘DAH’ 의 근동질계통인 오렌지 과육의 ‘NB-DAH NIL’ 에서도 발견되었는데, β -carotene 성분이 높은 타 오렌지 과육 품종에서는 lycopene이 검출되지 않은 반면 ‘NB-DAH NIL’에서는 29.8%의 함유량을 보였다. 이는 적육계 품종 과육내 lycopene 축적 관련 유전자가 기존 알려진 LCYB 유전자의 단일 돌연변이 뿐만 아니라 다른 소수 미동 유전자(들)의 영향이 존재할 수 있음을 시사한다(그림 2).
- 성분분석 결과 적육은 lycopene, 오렌지색 과육과 연어색 황육은 pro-lycopene 또는 beta-carotene, 황육은 이들 두 성분이 제외된 상태에서 neoxanthine의 축적에 기인하는 것으로 확인되어 기존 연구결과들과 일치함을 알 수 있었다.
- 본 연구에서 오렌지 과육색 중 pro-lycopene의 축적에 의한 것을 orange-P, β -carotene의 축적에 의한 것을 orange- β 라고 구분하여 표기 하였다.

표 3. 14개 수박품종에 대한 5 가지 Carotenoid계의 정량을 나타내는 성분분석

Flesh color	Accession	Plant rep	Compound (mg/kg)				
			Neoxanthin	Lycopene	Pro-lycopene	ζ-carotene	β-carotene
Orange-B	NB-DAH NIL	1	6.2	57.5	ND	2.3	107.0
		2	7.6	28.6	ND	2.8	90.9
		3	7.3	57.1	ND	2.5	99.7
		AV	7.0	47.7	ND	2.5	99.2
		SD	0.7	16.6	ND	0.3	8.0
	NB5410	1	7.0	ND	ND	2.4	71.7
		2	9.9	ND	ND	2.7	93.3
		3	6.8	ND	ND	2.8	102.4
		AV	7.9	ND	ND	2.6	89.1
		SD	1.7	ND	ND	0.2	15.8
	Summer Orange	1	6.7	ND	ND	2.5	102.1
		2	7.5	ND	ND	2.4	125.3
		3	7.0	ND	ND	2.7	175.5
		AV	7.1	ND	ND	2.5	134.3
		SD	0.4	ND	ND	0.2	37.5
	Summer Orange B	1	4.0	ND	ND	2.5	76.9
		2	8.1	ND	ND	2.6	99.2
		3	5.4	ND	ND	2.9	151.4
		AV	5.8	ND	ND	2.7	109.2
		SD	2.1	ND	ND	0.2	38.2
Orange-P	Golden Honey	1	1.8	39.0	91.7	3.8	7.8
		2	1.9	57.8	85.4	3.0	12.6
		3	3.7	21.4	82.0	4.2	7.3
		AV	2.5	39.4	86.4	3.7	9.2
		SD	1.0	18.2	4.9	0.6	2.9
	Orange Flesh Tendersweet	1	3.8	75.2	177.7	7.2	5.9
		2	3.7	42.4	141.7	5.2	4.0
		3	3.8	75.9	261.7	4.8	7.2
		AV	3.8	64.5	193.7	5.7	5.7
		SD	0.0	19.2	61.5	1.3	1.6
	Orangeglo	1	2.2	60.7	110.4	9.9	11.1
		2	1.9	66.3	106.5	11.6	10.0
		3	3.6	53.2	168.7	8.5	7.1
		AV	2.6	60.1	128.5	10.0	9.4
		SD	0.9	6.6	34.8	1.6	2.1
	Tender Gold	1	1.0	46.7	123.7	8.0	6.7
		2	1.8	61.6	153.9	4.8	4.8
		3	3.8	68.1	190.1	6.7	8.1
		AV	2.2	58.8	155.9	6.5	6.5
		SD	1.5	11.0	33.2	1.6	1.7
Canary yellow	OTO-DAH NIL	1	6.3	16.2	ND	2.3	7.0
		2	10.6	62.6	ND	2.9	20.5
		3	5.6	18.1	ND	2.4	11.9
		AV	7.5	32.3	ND	2.5	13.1
		SD	2.7	26.3	ND	0.3	6.8
	ALDF	1	10.6	ND	ND	2.3	4.5
		2	9.9	ND	ND	2.2	2.5
		3	8.1	ND	ND	2.2	2.6
		AV	9.5	ND	ND	2.2	3.2

	OTO9491	SD	1.3	ND	ND	0.1	1.1
		1	7.0	ND	ND	2.1	1.8
		2	8.7	ND	ND	2.2	2.5
		3	4.6	ND	ND	2.8	2.4
		AV	6.8	ND	ND	2.4	2.2
		SD	2.1	ND	ND	0.4	0.4
Red	DAH	1	2.5	195.0	ND	4.6	43.0
		2	2.4	345.0	ND	5.1	54.6
		3	2.4	196.8	ND	4.4	44.7
		AV	2.4	245.6	ND	4.7	47.4
		SD	0.1	86.1	ND	0.4	6.3
	JB11-3	1	2.0	181.1	ND	4.8	40.8
		2	1.9	143.5	ND	3.3	80.1
		3	1.9	139.5	ND	3.3	61.1
		AV	1.9	154.7	ND	3.8	60.7
		SD	0.1	23.0	ND	0.9	19.7
	JB38-1	1	1.0	364.7	ND	4.6	12.2
		2	1.0	399.3	ND	5.0	17.2
		3	0.7	407.2	ND	4.5	12.0
		AV	0.9	390.4	ND	4.7	13.8
		SD	0.2	22.6	ND	0.3	2.9

표 4. 14개 수박품종에 대한 5 가지 Carotenoid계의 정량(평균값)에 대한 품종간 유의성 분석

Flesh color	Accession	Neoxanthin		Lycopene		Pro-lycopene		ζ-carotene		β-carotene	
Orange-β	NB-DAH NIL	7.0 ± 0.7	d	47.7 ± 16.6	ab	ND	a	2.5 ± 0.3	ab	99.2 ± 8.0	c
	NB5410	7.9 ± 1.7	de	ND	a	ND	a	2.6 ± 0.2	ab	89.1 ± 15.8	c
	Summer orange	7.1 ± 0.4	d	ND	a	ND	a	2.5 ± 0.2	ab	134.3 ± 37.5	d
	Summer orange B	5.8 ± 2.1	cd	ND	a	ND	a	2.7 ± 0.2	ab	109.1 ± 38.2	cd
Orange-P	Golden Honey	2.5 ± 1.0	ab	39.4 ± 18.2	ab	86.4 ± 4.9	b	3.7 ± 0.6	abc	9.2 ± 2.9	a
	Orange Flesh Tendersweet	3.8 ± 0.0	bc	64.5 ± 19.2	b	193.7 ± 61.5	d	5.7 ± 1.3	de	5.7 ± 1.6	a
	Orangeglo	2.6 ± 0.9	ab	60.1 ± 6.6	b	128.5 ± 34.8	c	10.0 ± 1.6	f	9.4 ± 2.1	a
	Tender gold	2.2 ± 1.5	ab	58.8 ± 11.0	b	155.9 ± 33.2	c	6.5 ± 1.6	e	6.5 ± 1.7	a
Canary Yellow	OTO-DAH NIL	7.5 ± 2.7	de	32.3 ± 26.3	ab	ND	a	2.5 ± 0.3	ab	13.1 ± 6.8	a
	ALDF	9.5 ± 1.3	e	ND	a	ND	a	2.2 ± 0.1	a	3.2 ± 1.1	a
	OTO9491	6.8 ± 2.1	d	ND	a	ND	a	2.4 ± 0.4	ab	2.2 ± 0.4	a
Red	DAH	2.4 ± 0.1	ab	245.6 ± 86.1	d	ND	a	4.7 ± 0.4	cd	47.4 ± 6.3	b
	JB11-3	1.9 ± 0.1	ab	154.7 ± 23.0	c	ND	a	3.8 ± 0.9	bc	60.7 ± 19.7	b
	38-1	0.9 ± 0.2	a	390.4 ± 22.6	e	ND	a	4.7 ± 0.3	cd	13.8 ± 2.9	a

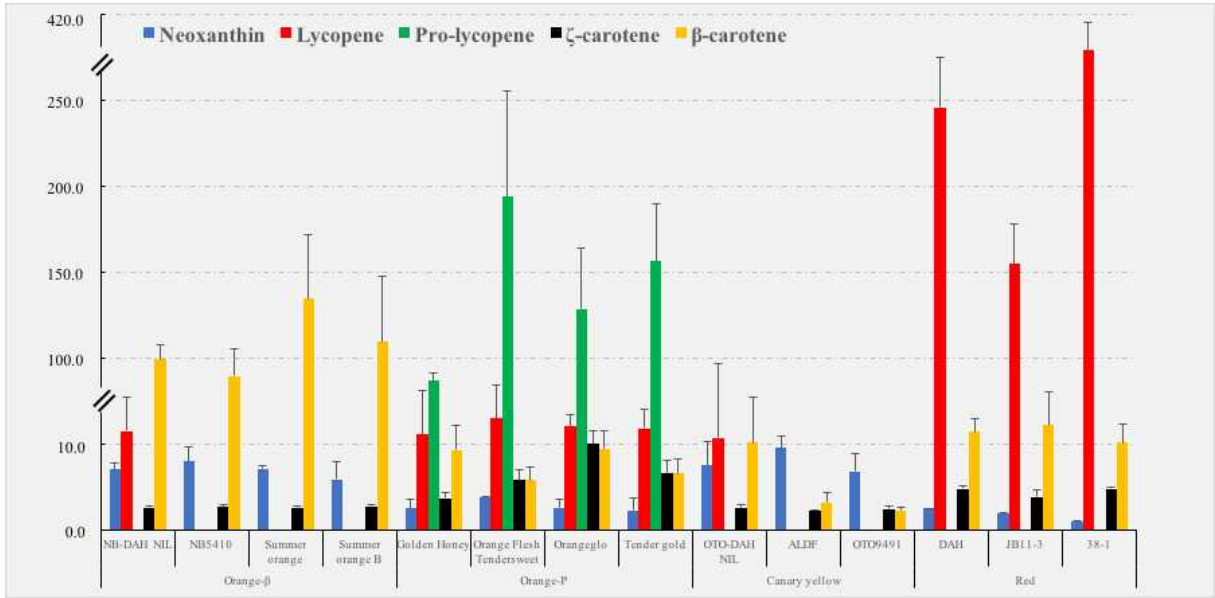


그림 1. 14개 수박품종에 대한 5 가지 Carotenoid계의 정량을 나타내는 성분분석 결과

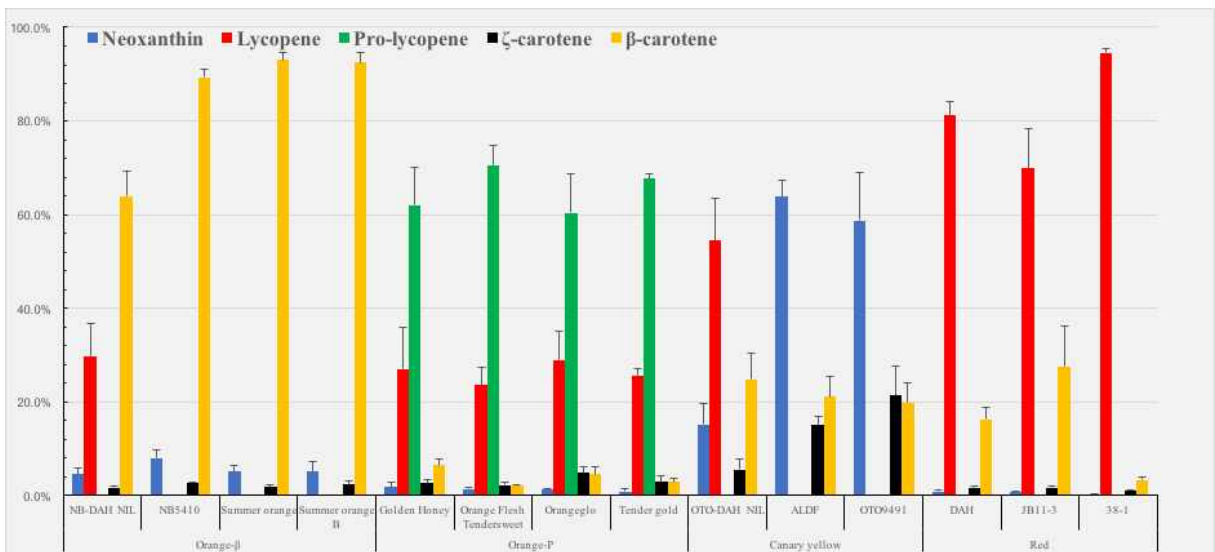


그림 2. 14개 수박품종에 대한 5 가지 Carotenoid계 각 성분의 총 carotenoid 성분에 대한 비율을 백분율로 비교한 결과

2) Prolycopene isomerase(CRTISO) 유전자 분석

○ CRTISO 유전자는 Carotenoid 생합성 경로에서 *tetra-cis*-lycopene (synonym pro-lycopene) 전구체를 *all-trans*-lycopene (synonym lycopene)으로 축재하는 것으로 알려져 있다. 따라서 prolycopene이 축적된 오렌지색 과육 품종은 CRTISO 유전자의 loss-of-function mutation을 지닐 것이라 가정하고 CRTISO 유전자를 red 품종 (JB38-1), salmon yellow 품종 (GH, TG), orange-P (OFT, OG), orange-β 품종 (NB-DAH), canary yellow 품종 (OTO)에서 cloning하여 염기서열을 비교분석 하였

다.

- 수박의 CRTISO 유전자는 염색체 10번에 존재하며 총 길이 5,103 bp로 13개 exon 을 가지며 666개 아미노산(amino acid)을 명명하는 것으로 확인 되었다. 품종간 CRTISO 유전자의 염기서열을 비교분석 한 결과 모든 염기서열에서 동일하였으나 13번째 exon에서 높은 pro-lycopene 함량의 품종(salmon yellow와 orange-P계 품종)과 pro-lycopene 함량이 검출되지 않은 타 품종(orange-β, canary yellow, red 계 품종)간 하나의 SNP 를 발견하였다. 이 SNP는 pro-lycopene 고함량의 품종들의 CRTISO CDS의 1976번째 염기가 T에서 C로 치환(C¹⁹⁷⁶으로 명명)됨으로서 아미노산 leucine(L, CTC)를 proline(P, CCC)으로 전환(non-synonymous) 시키는 것으로 분석되었다 (그림 3).

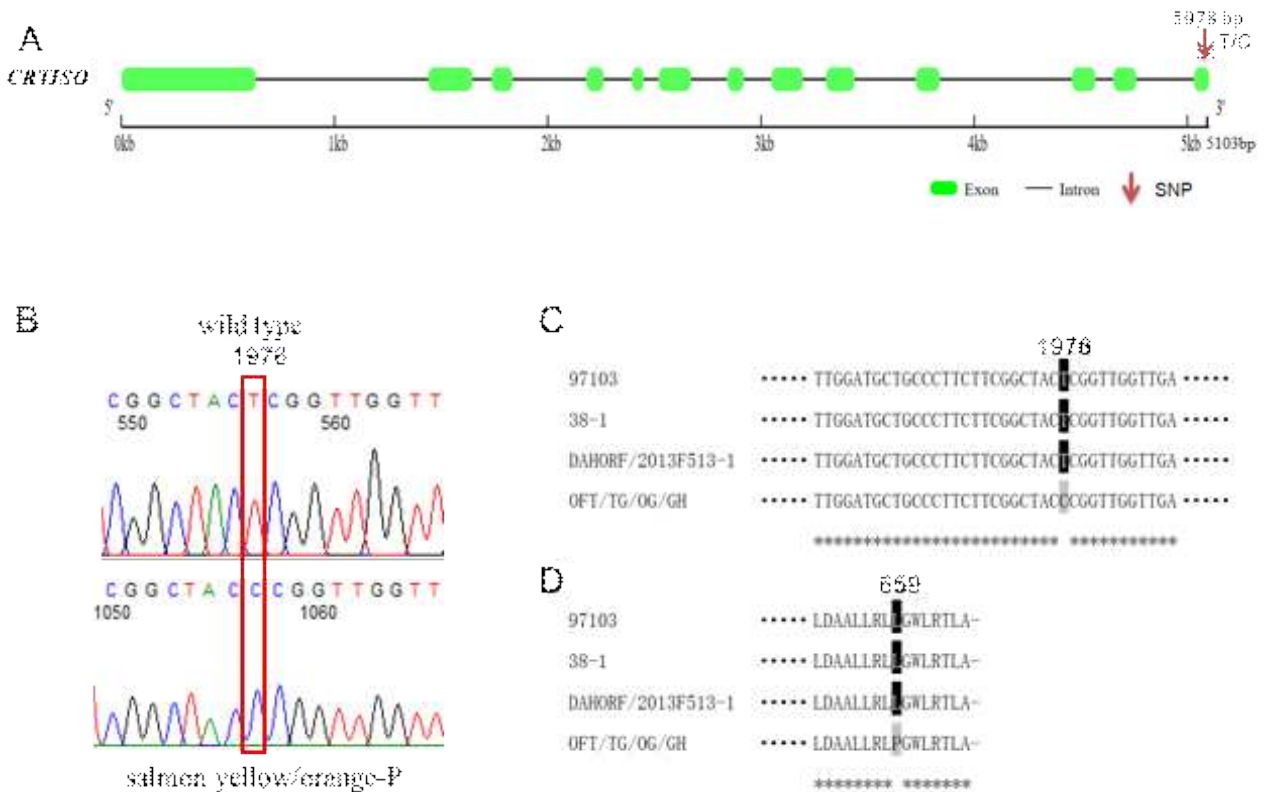


그림 3. The schematic structure and allelicvariation of CRTISO gene.

3) Prolycopene isomerase(CRTISO) gene-based CAPS 마커 개발

- Pro-lycopene 고함량 오렌지 과육 수박 선발용 분자마커를 개발하기 위하여 CRTISO의 SNP(T>C¹⁹⁷⁶)를 타겟으로 CAPS primer를 제작하였다. T>C¹⁹⁷⁶ SNP에 대한 제한효소 인식 서열 분석 결과 orange-P 품종에서는 *NciI* 제한효소에 의해 인식되나 타 품종들에서는 인식되지 않음을 확인하였다.

- 제작된 CAPS primer와 *Nci*I 제한효소를 사용하여 genotyping 할 경우 CRTISO wild-type allele에서는 513bp의 증폭산물이 얻어지고, mutant allele(orange-P)에서는 제한효소에 의해 404bp와 96bp 두 개의 산물이 얻어짐을 확인하였다 (그림 1-4).

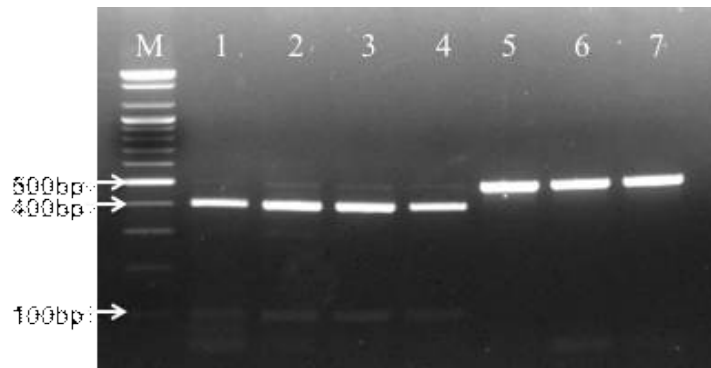


그림 4. Development of CAPS maker based onSNP C1976 of the CRTISOGene of salmon yellow/orange-P and red watermelon.

4) Prolycopene isomerase(CRTISO) gene-based CAPS 마커의 MAS 적용성 검증

- 개발된 마커의 MAS 적용성 검증을 위해 103개의 다양한 수박 품종에 대한 genotyping을 수행한 결과 orange-P 품종을 제외한 모든 품종에서 whild-type의 marker genotype(513bp) 보여 T>C¹⁹⁷⁶는 orange-P 품종에 특이적으로 존재하는 것으로 판단되었다. 따라서 본 연구에서 사용된 orange-P 품종을 이용한 고 pro-lycopene 함량 육성 MAS 프로그램 수행시 육종소재에 상관없이 마커의 높은 선발신뢰성을 활용하는 장점이 있으리라 판단된다 (그림 1-5, 표 1-5).

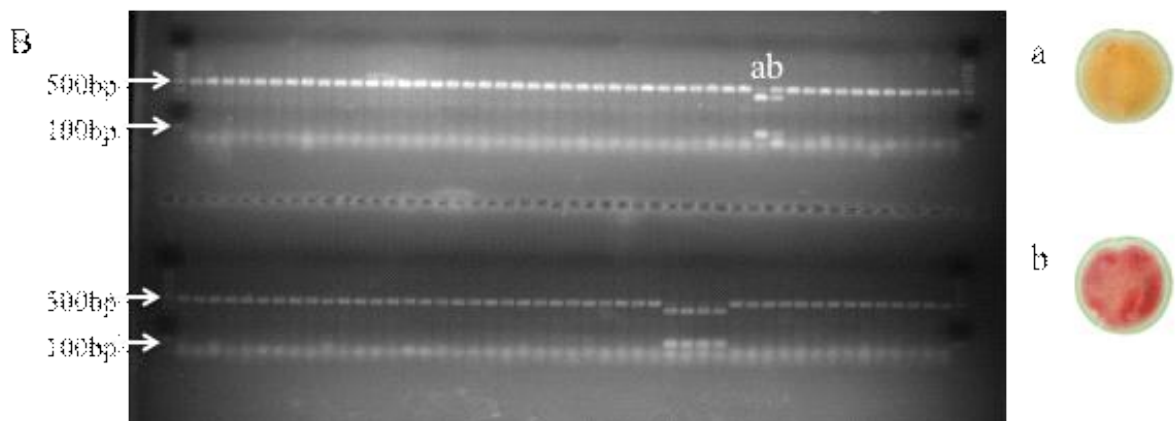


그림 5. Evaluation of applicability of the CRTISO gene-based CAPS marker for MAS of high pro-lycopene content by using 106 watermelon accessions showing diverse flesh colors.

Figure 5. Results of genotyping for 106 watermelon accessions using CRTISO gene-based CAPS marker. R, red; Y, yellow; W, white; P, pink; O, orange; OP, orange-P; H, Heterozygous

No.	Line	Phenotype ^z	Genotype ^x	No.	Line	Phenotype ^z	Genotype ^x
1	2013F524-1	Y	R	54	86-1	P	R
2	2013F527-1	Y	R	55	88-5	R	R
3	2013F528-4	Y	R	56	89-5	R	R
4	2012F531-1	Y	R	57	90-2	R	R
5	2012F551-1	Y	R	58	91-6	R	R
6	2-2	R	R	59	92-1	R	R
7	2-5	W	R	60	95-2	R	R
8	3-2	W	R	61	97-1	R	R
9	9-6	Y	R	62	98-7	R	R
10	9-7	R	R	63	99-3	R	R
11	10-1	W	R	64	102-2	R	R
12	10-2	W	R	65	103-1	R	R
13	11-3	R	R	66	104-4	R	R
14	12-7	P	R	67	105-1	P	R
15	13-1	R	R	68	107-5	R	R
16	14-2	R	R	69	allsweet	R	R
17	15-6	Y	R	70	garden leader monster	R	R
18	16-2	Y	R	71	sugar baby-1	R	R
19	17-2	R	R	72	sugar baby-2	R	R
20	18-3	R	R	73	crimson sweet-1	R	R
21	18-6	R	R	74	crimson sweet-2	R	R
22	19-3	R	R	75	congo	P	R
23	20-8	R	R	76	bush sugar baby	R	R
24	21-7	R	R	77	jubilee	R	R
25	22-5	P	R	78	charleston gray	R	R
26	23-4	W	R	79	orangeglo	O	OP
27	35-2	R	R	80	tendergold	O	OP
28	36-2	R	R	81	orange flesh tendersweet	O	OP
29	38-1	R	R	82	golden honey	O	OP
30	39-3	P	R	83	PI 244019	W	R
31	40-7	R	R	84	PI 271769	W	R
32	41-3	P	R	85	PI 296335	W	R
33	42-2	P	R	86	PI 388770	W	R
34	44-8	P	R	87	PI 482252	W	R
35	46-6	R	R	88	PI 482255	W	R
36	48-2-1	O	OP	89	PI 482261	W	R
37	48-2-2	R	H	90	PI 482282	W	R
38	49-7	R	R	91	PI 482342	W	R
39	50-2	R	R	92	PI 482362	W	R
40	51-4	P	R	93	Amphion	R	R
41	52-5	R	R	94	Crimson Giant	R	R
42	55-6	P	R	95	No B32	R	R
43	56-1	P	R	96	MinirossA	R	R
44	57-7	Y	R	97	Joemr/Carman	R	R
45	58-4	W	R	98	OBLA	R	R
46	59-3	W	R	99	Amphion	R	R
47	71-1	R	R	100	Aswan	R	R
48	72-3	P	R	101	Gung Jeon	R	R
49	73-1	R	R	102	Yellow Meat	Y	R
50	76-2	R	R	103	Summer Orange	O	R
51	77-1	R	R	104	Summer Orange B	O	R
52	78-2	R	R	105	Mrkk	R	R
53	85-3	R	R	106	7274/CD	R	R

② β -carotene 고함량 오렌지 과육색 수박 선발용 분자마커 개발

㉞ 연구배경

- β -carotene 축적에 관여하는 유전자를 발굴하고 이를 이용한 분자마커를 개발하기 위한 전략으로 동일 red 계통을 반복친으로 한 orange- β 근동질계통(NIL)과 canary yellow 근동질계통을 사용하였다. canary yellow가 orange- β 에 우성이고 red가 두 과육색에 열성임을 감안할 때 β -carotene 생성 관련 유전자의 mapping을 위해서는 canary yellow와 orange- β 계통간 분리집단이 필요하다고 판단하였다. 따라서 이들 NIL 간 교잡을 통하여 F2 집단을 만들고 BSA(bulked segregant analysis)-Resequencing 을 수행함으로써 후보유전자와 연관된 염색체 부위의 SNP들을 탐색하고자 하였다.

㉟ 연구방법

1) 식물재료

- β -carotene 성분분석 및 분리집단 표현형 분석을 위한 식물재료를 표 6과 그림 6과 같이 확보하였다.

표 6. β -carotene 고함량 오렌지 과육 선발용 분자마커 개발에 사용된 수박 유전자원과 주요 특성

Flesh color	Accession	Generation	Evaluation
Orange	NB-DAH NIL	BC2F3 NIL (NB5410 x DAH)	HPLC
	NB5410	high β -carotenin donor	HPLC
Canary Yellow	OTO-DAH NIL	BC2F3 NIL (OTO9491 x DAH)	HPLC
	OTO9491	low β -carotenin donor	HPLC
Red	DHA	NIL recurrent parent	HPLC
Orange x Canary Yellow	NB-DAH NIL x OTO-DAH NIL	F1, F2 of NILs	HPLC, color

베타카로틴 고함량 오렌지 과육 선발용 마커 개발을 위한 근동질 계통(NIL) 활용

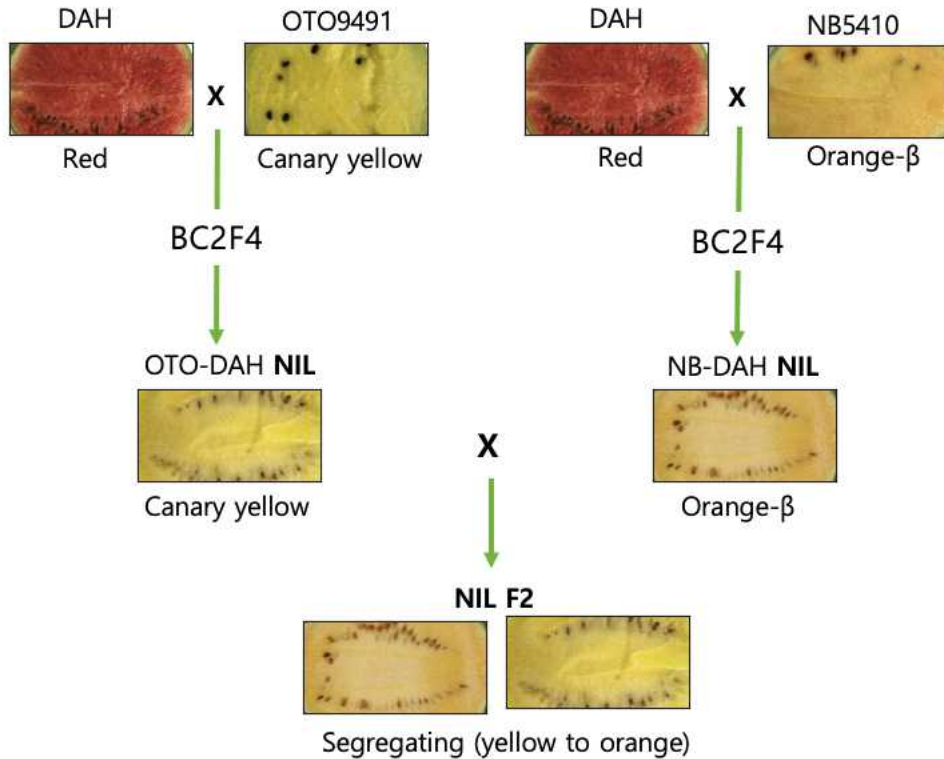


그림 6. β-carotene 고함량 오렌지 과육 선발용 분자마커 개발에 사용된 수박 유전자원과 NIL 개발 과정

2) 재배 및 과샘플 수확

- 확보된 재료는 2017년과 2018년 2차에 걸쳐 경남 창원 수박농가에서 위탁재배를 통해 접목 및 비가림재배로 각 품종당 3~5개체 반복으로 재배하여 수정후 40일째 과를 수확하였다.
- 수확한 과를 반으로 자르고 과육색을 육안으로 판단하여 기록한 후 과심을부터 양쪽으로 5g 정도의 큐빅형태로 잘라내어 동결건조하였다.

3) β-carotene 성분분석

- NIL의 부모계, NIL, NIL 간 F1 개체로부터 동결건조한 과육샘플을 잘게 마쇄한 후 1.0g을 2 mL MTBE:MeOH(1:1)의 용매를 이용하여 성분을 추출하였다. 추출된 성분은 0.45 um filter를 이용하여 HPLC 분석하였다.
- LC 분석은 1100 series HPLC system(Agilent)을 이용하였으며 β-carotene에 대한 표준물질(standard)는 sigma-SAlrich로부터 구입하였다.
- 수확한 95개 F2 개체의 과육은 HPLC를 이용하지 않고 육안을 통한 과육색 구별

(Orange/Canary yellow)을 통해 high β -carotene / low β -carotene을 판단하였다.

4) DNA 추출 및 QTL_seq.

- NIL의 부모계, NIL, NIL 간 F1, F2 개체의 동결건조한 과육샘플로부터 DNA추출 후 F2 샘플은 명확한 색을 보이는 orange (high β -carotene) 및 canary yellow (low β -carotene) 각 20개 개체에 대하여 DNA bulking을 하였으며 총 7개 샘플 (NIL부모계 3 계통, NIL 2 계통, F2 bulk 2종)에 대한 whole genome resequencing을 진행하였다.
- QTL-seq.은 whole-genome resequencing과 bulked-segregant analysis의 조합으로 NGS 기반 유전체 분석 방법 중 하나이다(Takagi et al., 2013).
- QTL 후보 영역을 확인하기 위하여 분리집단에서 표현 형질에 대하여 양극단의 표현형을 나타내는 개체의 DNA를 bulking 하고 whole genome resequencing을 진행한다. Bulk-DNA의 sequence는 Reference sequence와 비교를 통해 SNP를 선발하였고 해당 좌에서 depth 당 SNP의 수를 나타내는 SNP index를 계산하였다. 이후 유전체 전체 영역에서 각 bulked sequence의 SNP index값을 비교한 Δ SNP-index 값을 시각화하여 후보 QTL 영역을 추정하였다.

㉔ 연구결과

1) NIL에 대한 β -carotene 성분분석

- 2017년에는 두 NIL의 성분분석을 수행하여 마커개발을 위한 적절한 소재임을 확인하고자 하였으며, 사용된 NIL과 NIL의 부모본(donor, recurrent), NIL 간 F1의 β -carotene 성분분석 결과는 표 7와 같다.
- NIL의 β -carotene 함량이 현저한 차이를 보이고 과육색에서도 분명한 차이를 보여 이들로부터 작성된 F2는 유전자 탐색에 적절한 유전적 조성을 지니고 있었다.

표 7. Watermelon accessions used for the development of markers for β -carotene accumulation and their β -carotene contents.

Accession	Generation	Cross	β -carotene (mg/Kg)			
			Donor	Recurrent	NIL	NIL F1
NB-DAH NIL	BC2F4	NB5410(donor, orange) x DAH(recurrent, red)	89.1±15.8	47.4±6.3 (16.3%)	99.2±8.0	70.5 ± 11.3
OTO-DAH NIL	BC2F4	OTO9491(donor, yellow) X DAH(recurrent, red)	2.2 ± 0.4		13.1±6.8	

- 2018년 당해에는 NIL의 부모계 3종, NIL 2종, NIL 간 F1에 대해 β -carotene 성분

을 재분석하였으며 그 결과는 표 8과 같다. Year replication 분석 결과 매우 유사한 결과를 얻을 수 있었다.

표 8. Watermelon accessions used for the development of markers for β -carotene accumulation and their β -carotene contents.

Accession	Generation	Cross	β -carotene (mg/Kg)			
			Donor	Recurrent	NIL	NIL F1
NB-DAH NIL	BC2F4	NB5410(donor, orange) x DAH(recurrent, red)	NA	NA	135.4±20.2	44.2 ± 6.2
OTO-DAH NIL	BC2F4	OTO9491(donor, yellow) X DAH(recurrent, red)	NA		15 ± 2.5	

2) NIL 간 F2에 대한 과육색 분석

- 총 150개의 F2 개체를 전개하였으나, 양질의 과는 총 89개체에서 수확하여 이들에 대한 과육색 분석 및 유전양상 분석을 수행하였다(그림 7).
- NB-DAH NIL은 오렌지, OTO DAH NIL은 canary yellow의 과육을 보였으며, F1은 canary yellow에 가까운 과육색을 보여 orange가 열성인 경향을 보였다.
- F2의 경우 20 개체가 canary yellow, 23 개체가 orange, 46 개체가 F1 (hetero)에 근접한 과육색을 보여 본 집단에서의 canary yellow 과육색은 single incomplete dominant gene에 의해 조절되는 것으로 판단되었다.

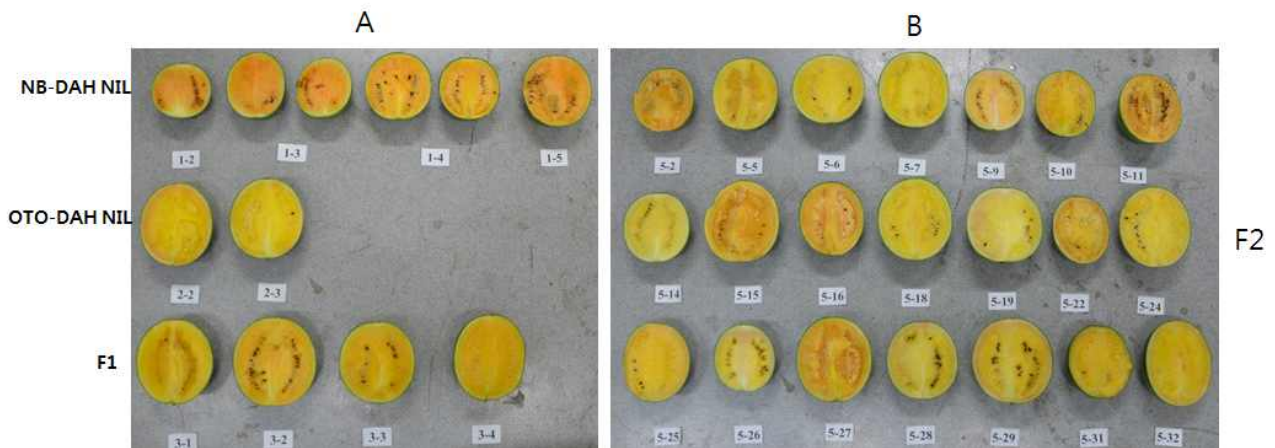


그림 7. investigation of fruit flesh color of two NILs and their F1 progeny(A) and F2 progeny(B).

3) BSA-resequencing

- 과육색 분석 후 모든 과육은 샘플링하여 동결 건조 후 DNA를 추출하였으며, NIL 과 F1은 HPLC을 이용해 β -carotene 성분분석 하였다.

- 추출된 F2의 DNA sample 중 orange 과육 20 개체와 cabary yellow 과육 20 개체를 각각 bulking 하였으며, NIL의 부모계 3종, NIL 2종과 함께 resequencing 분석을 하였다 (표 9).

표 9. BSA-resequencing 결과에 대한 통계자료

Samples	Sequencing file	No. of reads	Avg.length (bp)	Total length(bp)	Genome coverage
NB-DAH (O-NIL)	merged_TN1903L0479_1.fq	24,835,526	101	2,508,388,126	≈ 14.33X
	merged_TN1903L0479_2.fq	24,835,526	101	2,508,388,126	
DAH (Red)	TN1904L0930_1.fq	50,334,984	101	5,083,833,384	≈ 29.05X
	TN1904L0930_2.fq	50,334,984	101	5,083,833,384	
OTO-DAH (Y-NIL)	TN1904L0928_1.fq	63,957,398	101	6,459,697,198	≈ 36.91X
	TN1904L0928_2.fq	63,957,398	101	6,459,697,198	
NB5410 (Orange)	merged_TN1904L0931_1.fq	28,937,365	101	2,922,673,865	≈ 16.70X
	merged_TN1904L0931_2.fq	28,937,365	101	2,922,673,865	
OTO9491 (Yellow)	merged_TN1904L0929_1.fq	31,210,640	101	3,152,274,640	≈ 18.01X
	merged_TN1904L0929_2.fq	31,210,640	101	3,152,274,640	
Bulk_O-F2	TN1903L0480_1.fq	79,114,892	101	7,990,604,092	≈ 45.66X
	TN1903L0480_2.fq	79,114,892	101	7,990,604,092	
Bulk_Y-F2	TN1903L2291_1.fq	72,708,046	101	7,343,512,646	≈ 41.96X
	TN1903L2291_2.fq	72,708,046	101	7,343,512,646	
Total	7ea	636,201,274		64,256,328,674	

- Resequencing 결과를 바탕으로 NIL에서의 introgression 영역 파악과 QTL-seq.을 이용한 β -carotene 후보유전자 탐색을 진행하였다 (그림 8).
- 각각의 NIL로부터 Introgression 영역을 파악하기 위해, 부모 샘플 간의 염기서열 차이를 보이는 polymorphic SNP좌를 대상으로, NIL 샘플이 donor parent와 동일한 염기서열을 가지는 SNP좌를 선발하였다. depth ≥ 3 이며 homozygous 한 SNP만을 분석에 이용하였다.
- 부모 샘플 간 polymorphic 하며 NIL과 donor parent가 동일한 염기서열을 가지는 SNP를 선발하고, 염색체 별 SNP 분포를 확인한 결과, O-NIL의 경우 염색체 1번, 4번, 10번에 Introgression 후보 영역이 확인되었고, Y-NIL 샘플은 염색체 4번에서 introgression 후보 영역이 확인되었다 (그림 8)

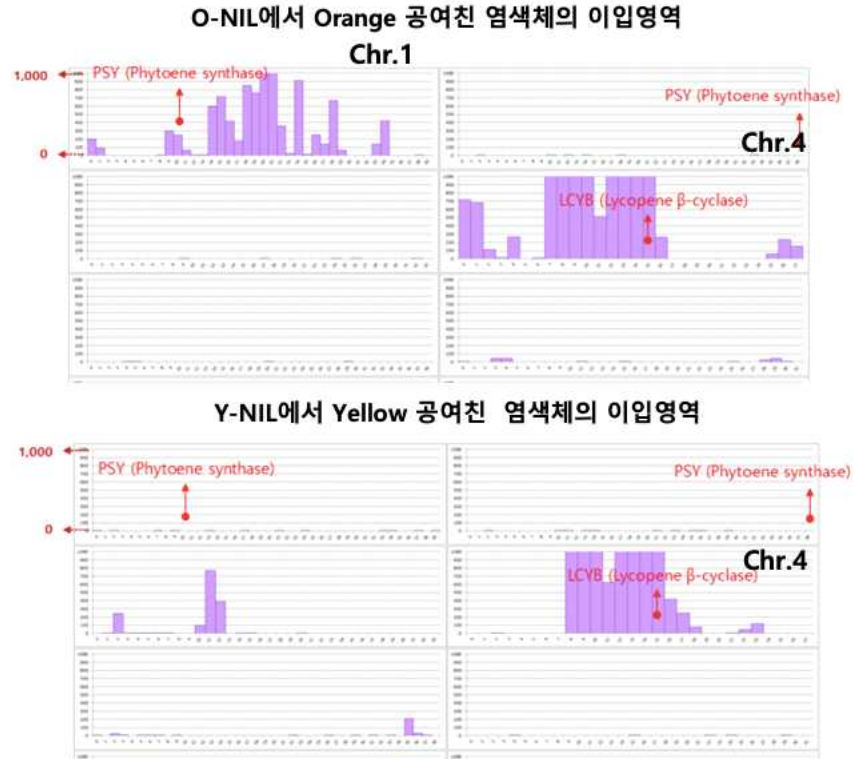
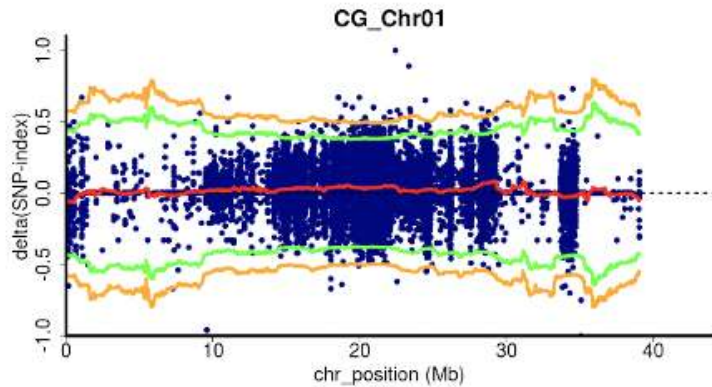


그림 8. 근동질계통(NIL)과 부모친 3계통의 genome resequencing을 통한 공여친 염색체 이입영역 분석

- NIL 샘플을 공개된 Reference 서열과 비교하여 SNP를 찾고 염기서열을 대체함으로써, O-NIL 샘플의 “reference saequence” 를 작성하였다.
- 각 bulked samples을 O-NIL reference genome 서열에 alignment하여 SNP를 탐색하였으며 그 중 기준 이상의 조건을 만족하는 SNP좌를 선발하여 SNP-index를 계산하였다.
- 두 bulked samples의 SNP-index를 비교하기 위해 비교 가능한 SNP position을 확보하고, 두 샘플의 SNP-index 값으로부터 deltaSNP-index 값을 계산하였다. 이후 Sliding window analysis 수행과 전체 염색체에 대한 scatterplots 작성을 통해 후보 영역을 탐색하였다 (그림 9).



Chr. 1의 QTL-seq. 분석 결과

그림 9. Extreme phenotype F2 개체의 BSA QTL-seq 분석 결과

- Introgression 영역으로 확인된 염색체 1번, 4번, 10번에 대하여 SNP를 확인하였으며 deltaSNP index와 각 샘플별 depth와 Consensus sequence를 고려하여 후보 SNP를 선발하였다.
- deltaSNP index < -0.5를 기준으로 하였으며 bulked sample에서의 depth가 10 이상인 후보 SNP를 선발하였다. 선발된 각 SNP에 대해 CAPS 마커를 디자인하여 부모본과 NIL에 대해 검정을 수행 중에 있다.

③ 생력형 (저축지/단간장) 왜성 특성 유전분석 및 분자마커 개발

㉞ 연구배경

- 수박의 축지수와 절간의 길이는 재배에 있어 노동력과 재배면적에 영향을 미치는 주요형질이다. 무축지/단간장과 같은 왜성형질은 축지제거에 소요되는 노동력을 절감할 수 있고 밀식재배를 통한 생산량 증대가 가능하여 주요한 육종목표 중 하나이다.
- 하지만 이러한 왜성형질은 과품질 및 과크기를 악화시키는 유전적 특성과 연관되어 있어, 정상형의 우량계통으로부터 과특성을 회복시키는 여교잡 과정을 요구한다. 무축지/단간장과 같은 왜성 연관 형질의 선발이 가능한 분자마커가 개발된다면 이러한 여교잡 과정의 효율을 높일 수 있다.
- 본 연구에서는 미국의 반왜성 icebox 타입의 재배종인 ‘Bush Sugar Baby’ 품종을 이용하여 반왜성 및 저축지 형질 조절 유전자를 탐색을 하고 이를 기반으로 왜성의 생력형 중/소과종 품종육성에 활용될 수 있는 분자마커 개발을 목표로 하였다.

㉔ 연구방법

1) 식물재료

- 왜성형 계통 ‘Bush Sugar Baby’ (BSB)와 정상형 계통 ‘Jubilee’, 이들 계통간 F1과 F2 192 개체를 표현형 분석하고 180 개체를 GBS 분석 및 SNP 기반 유전자 지도 작성에 사용하였다 (그림 10).
- 또한 왜성형을 보이는 타 계통인 ‘Dwf0228’ 을 이용하여 BSB의 왜성 유전자와의 allelism을 분석하기 위하여 이들 계통간 F1, BC, F2 세대를 작성하였다.

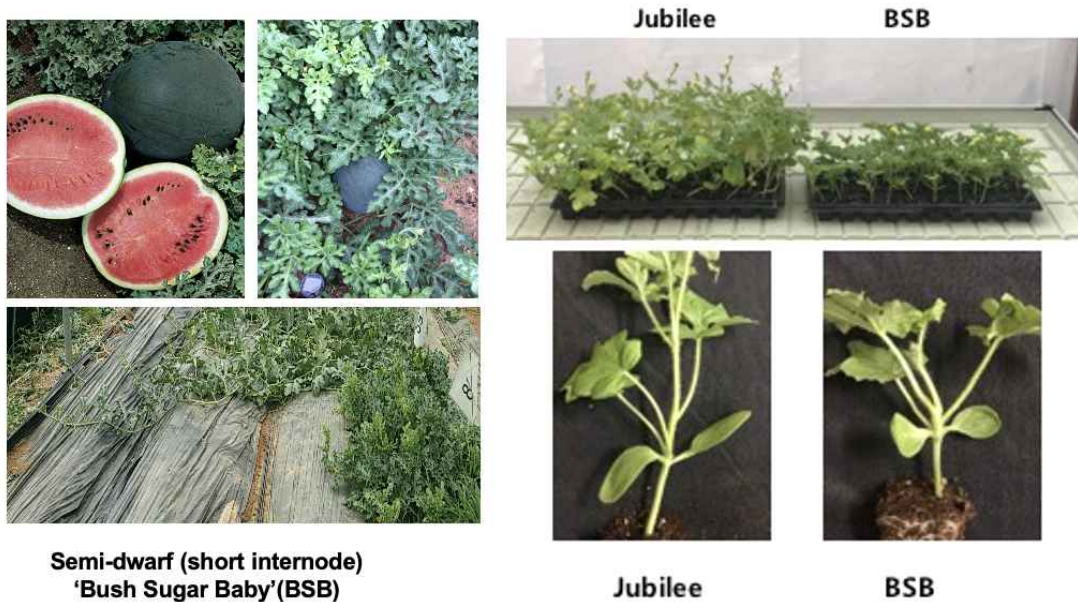


그림 10. 소재로 사용된 정상형 (Jubilee)와 왜성형 (BSB) 계통

2) 표현형 분석

- ‘Bush Sugar Baby’ (BSB)와 정상형 계통 ‘Jubilee’, 이들 계통간 F1과 F2 192 개체를 2017년 4~9월까지 안성 농협종묘의 비닐하우스에서 재배하였으며 석사생 (조영우) 장기 인턴십을 통해 재배(지주재배) 및 표현형 분석을 수행하였다.
- 표현형은 생력형 형질[절간장 (20마디까지 측정), 측지수(재배시 순제거 해야할 정도 길이의 측지)], 과형, 과중, 과피 등의 과품질 형질, 그리고 잎, 줄기 형질을 조사하여 그 결과를 유전분석에 사용하였다.

3) GBS 및 유전자지도 작성

- 부모계와 함께 표현형 분석이 완료된 F2 180 개체에 대해 DNA를 추출하고 GBS를 위한 library 제작 및 sequencing을 ‘바이오허브’에 의뢰하여 수행하였다.
- 유전자지도 작성은 ‘JoinMap’ 프로그램 v4.1 버전을 이용하여 수행하였다.

4) QTL-seq. 및 후보유전자 탐색

- F2 집단의 부모계인 ‘Bush Sugar Baby’ (BSB)와 ‘Jubilee’ 와 두 개의 F2 bulk(N-bulk, D-bulk)에 대한 Resequencing을 진행하였다. F2 bulk는 정상형을 보이는 25개의 F2와 왜성형질을 나타내는 25개의 F2 각각의 DNA를 bulk하였다.
- Paired-end sequencing(2x 100-150bp) 방식을 이용하였으며 Hiseq 2000과 Nextseq의 플랫폼을 활용하여 Sequencing을 진행하였으며 생성된 read는 수박 reference genome(‘97103 version 1’)과의 비교를 통하여 SNP를 선별하였다.
- 선별된 SNP의 SNP-index와 Δ (SNP-index)는 QTL-Seq pipeline(version 1.1.4)를 이용하여 계산하였으며 다음과 같은 기준을 적용하였다: 각 샘플 당 read depth \geq 3, 두 샘플의 SNP-index \geq 0.0, Δ (SNP-index) = (SNP-index of N-bulk) - (SNP-index of D-bulk)로 계산하였다.
- Sliding window analysis 수행 및 전체 염색체에 대한 scatterplots 작성을 통해 후보 영역을 탐색하였다.

㉔ 연구결과

1) 생력형 (저측지/단간장) 왜성 특성에 대한 유전분석

- 단절간장 유전양상을 확인하기 위해 F2 192개체에 대해 정상형과 왜성형에 대해 표현형을 조사한 결과 정상형 149개체, 왜성형 43개체로 $\chi^2 = 0.69$, $p = 0.40$ 으로 정상형과 왜성형간 3:1을 성립하는 것으로 단일열성의 유전양상을 확인하였다(표 10) (그림 11)
- 두 부모본의 F1 집단의 분석 결과 우성형질인 정상형 계통(Jubilee)과 유사함을 확인하였다. 왜성형질 모계인 BSB와 F2집단 중 왜성형의 개체들간 각 표현형에 대한 비교를 한 결과 두 집단의 각 형질에 대한 차이가 작은 것을 확인하였으며, 정상형 부분 Jubilee와 정상형 표현형의 F2 개체집단간의 비교 조사 결과 또한 두 집단간의 차이가 작은 것을 확인하였다.

표 10. ‘BSB’ x ‘Jubilee’ F2 집단의 표현형에 대한 전체 통계량 분석 결과

형질		BSB	Jubilee	F1	F2 (Dwarf)	F2 (Normal)
생력형	측지수	14.8±1.0	35.0±1.9	35.0±2.2	20.0±1.7	30.0±3.4
	절간길이	3.8±0.0	7.0±2.4	6.8±0.5	3.1±0.4	6.7±1.2
과품질	과중	1.3±0.2	2.0±0.3	1.9±0.3	1.4±0.3	1.7±0.5
	과장	13.4±1.1	21.0±1.8	18.2±1.5	15.1±1.8	16.4±3.2
	과폭	12.9±0.8	14.9±0.8	14.0±0.9	13.2±1.3	14.1±1.9
	과피두께	1.1±0.1	1.0±0.1	0.6±0.1	0.8±0.2	0.6±0.0
	과피색	흑피	질은호피	질은호피	분리	분리
	배꼽지름	0.5±0.1	0.4±0.0	0.4±0.2	0.4±0.1	0.4±0.1
	당도	10.4±0.7	7.8±1.7	8.4±1.3	9.2±0.9	8.9±1.1
잎	엽장	16.7±1.7	23.2±2.0	18.4±1.1	17.6±1.7	19.3±2.4
	엽폭	15.9±0.6	21.0±2.0	16.7±1.0	15.9±1.4	17.1±2.3
줄기	줄기수(절단시)	28.3±2.8	39.0±1.1	41.0±3.6	29.5±2.1	38.0±2.2

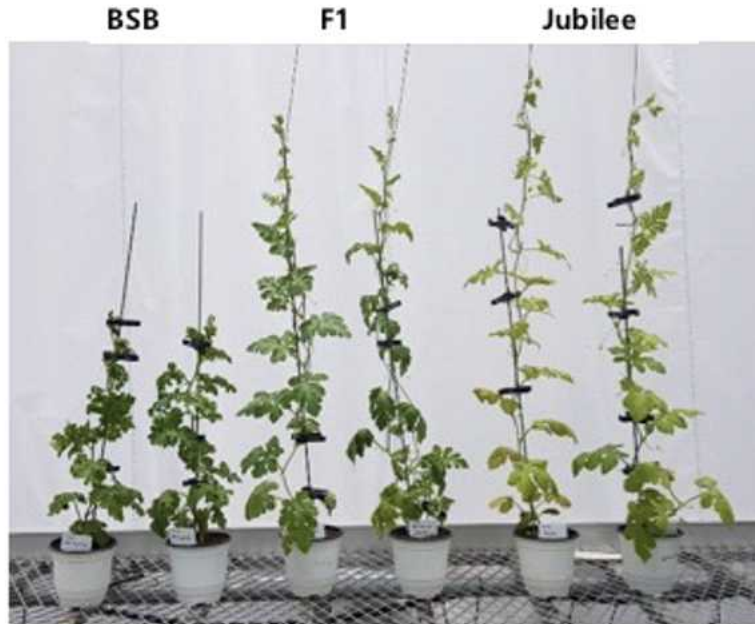


그림 11. 'BSB'의 왜성형질이 열성임을 보여주는 F1에서의 유전양상 분석

- 표현형 분석 자료를 기반으로 각 표현형 형질 간 상관분석을 진행하였다. 상관분석은 SPSS v23을 사용하여 분석하였다. 그 결과 절간장과 측지수는 pearson 상관계수가 0.81 높은 정의 관계가 존재한 반면, 절간장과 과중간에는 0.24로 상관계수가 높지는 않았다 (표 10). 따라서 단간장과 저측지는 연관되어 있어 동시선발이 가능하며, 왜성형질을 유지하면서도 과중을 증대시킬수 있는 가능성이 존재하는 것으로 보여졌다 (표 11).
- F2 집단 중 저측지/왜성 개체 중 과중이 상위 20%인 것을 선발하고 이들에 대한 F3 계통을 전개하여 계통선발과 개체선발을 이어감으로서 과피특성에 있어 Jubilee계 호피, 흑피무지의 왜성형 우량계통을 육성해 나갈 계획이다.

표 11. F2 집단에서 조사된 형질간 유전 상관계수 분석

Trait	Internode length	Branch number	Fruit weight	Fruit length	Fruit width	Fruit thickness	Sugar content	Leaf length	Leaf width
Internode length	1								
Branch number	.766**	1							
Fruit weight	.243**	.330**	1						
Fruit length	.163	.192*	.677**	1					
Fruit width	.207*	.288**	.805**	.357**	1				
Fruit thickness	-.288**	-.348**	.116	.050	.153	1			
Sugar content	-.183*	-.205*	-.062	-.024	.012	.257**	1		
Leaf length	.257**	.278**	.493**	.426**	.392**	.014	-.137	1	
Leaf width	.178*	.155	.520**	.357**	.441**	.076	-.163	.761**	1

N: 139, **: P < 0.01, *: P < 0.1

2) GBS를 통한 SNP 탐색 및 유전자지도 작성

- 표현형 조사가 완료된 부모계와 F2집단에 대해서 GBS 분석 결과 총 34,480 read 수를 획득하였고, 모본과 부분에서 각 9,365개와 9,981개의 SNP를 확보하였으며, 그 중 양부모본 간 polymorphic한 SNP 440개로 분석하였다. polymorphic 한 SNP 수가 매우 적은 이유는 표현형에서 보여지는 차이에도 불구하고 양친이 재배종으로서 유전적으로 매우 유사하며 수박 재배종간 유전적 다양성이 상당히 좁다는 것을 보여준다 (표 12).

표 12. GBS를 통해 얻어진 SNP 수

Total SNP	Trimmed SNP of SBS	Trimmed SNP of Jubilee	Polymorphic SNP
34,480	9,365	9,981	440

- 분석한 GBS 결과를 바탕으로 Joinmap v.4.1 이용하여 LOD 3.0 이상으로 유전자지도를 작성하였다. 그 결과 총 16개의 linkage group (LG)이 그려졌으며 각 LG당 맵핑된 SNP 수, LG 당 전체 map length, SNP 간 평균 거리는 표 12와 같다.
- Mapping 결과, ‘SBS’의 왜성형질 유전자위(sdw-1)는 염색체 9번 영역에 존재하며, 두 flanking 마커인 SNP S9_30005169과 1.6 cM, SNP S9_30996552과는 16.5 cM의 유전적 거리로 연관 되어있다는 것을 확인하였다 (그림 12).

- CIM에 기반한 QTL 분석에서도 동일한 영역에 가장 높은 LOD (32.06)의 peak가 발견되었으며, 타 유전자지도 영역에서는 유의성 있는 QTL이 발견되지 않았다 (그림. 3)
- 이 염색체 영역은 reference genome (97103 version 1)의 annotation으로 분석한 결과 물리적 거리로는 약 0.99Mb에 해당하며 총 81의 유전자가 존재하는 것으로 파악되었다.
- 이 외 염색체 9번 LG의 상단영역에서 일부 annotation 된 SNP들의 그룹(4-Mbp genomic block (24-27 Mbp))이 inverted 된 형태로 맵핑되어 physical map과 genetic map간 colinearity의 부재가 발견되었으며, 이는 ‘CG’ refernce genome 과 MCSscan dot으로 비교분석한 결과 97103 reference genome assembly에서 일어난 mis-scaffolding으로 추측되었다 (그림 3-3)

표 13. 유전자지도 작성 결과

	Chr. 1 (a/b)	Chr. 2	Chr. 3 (a/b)	Chr. 4	Chr. 5	Chr. 6 (a/b)	Chr. 7	Chr. 8	Chr. 9	Chr. 10 (a/b)	Chr. 11 (a/b)	Total
Mapped SNP(%)	8/12 (2.4/3.6)	44 (13.2)	13/5 (4.0/1.5)	4 (1.2)	35 (10.5)	9/47 (2.7/14.1)	20 (6.0)	15 (4.5)	39 (11.7)	44/7 (13.2/2.1)	19/12 (5.7/3.6)	333 (100.0)
Map length (cM)	43.2/95.1 (4.2/9.3)	187.6 (18.3)	65.7/23.6 (6.4/2.3)	32.2 (3.1)	163.2 (15.9)	26.7/5.3 (2.6/0.5)	128.8 (12.5)	43.2 (4.2)	45.6 (4.4)	47.5/35.5 (4.6/3.5)	56.5/27.7 (5.5/2.7)	1027.4 (100.0)
Average cM	5.4/7.9	4.3	5.1/4.7	8.1	4.7	3.0/0.1	6.4	2.9	3.7	1.1/5.1	3.0/2.3	4.2

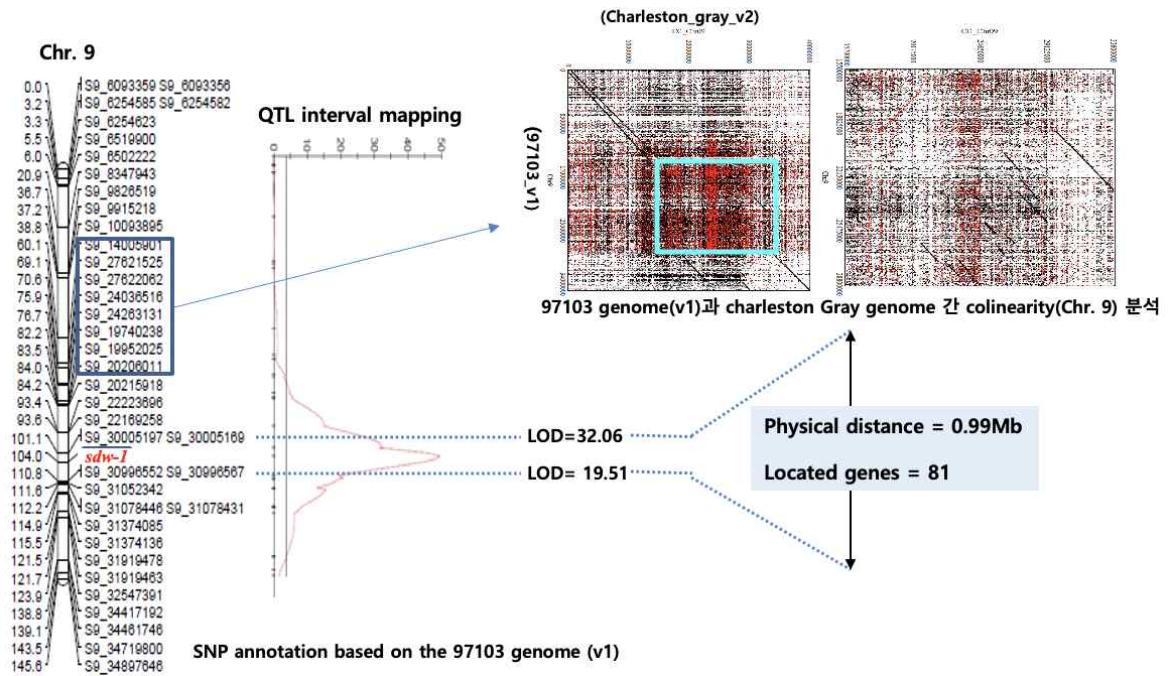


그림 12. 왜성형질 유전자지도 작성, QTL mapping, 및 MCScan dot

3) QTL(BSA)-seq.을 통한 fine mapping 및 후보유전자 탐색

- 왜성 유전자에 보다 근접한 SNP를 탐색하기 위하여 ‘CG’ reference genome을 기반으로 QTL(BSA)-seq.을 수행하였고, *sdw-1* flanking SNP 마커 영역 내에서 부가적인 SNP를 탐색하였다.
- F2 개체 중 왜성 동형접합체(D-bulk)와 정상형 동형접합체(N-bulk) 각 20여개씩을 bulking하여 resequencing한 결과, 총 230,572개의 high quality SNP를 발굴하였으며 이를 이용하여 QTL-seq 분석을 수행하였다.
- N-, D-bulk의 SNP index plot과 Δ (SNP-index) plot을 분석한 결과 mapping에서와 동일하게 ‘CG’ 염색체 9번 30.39–38.79Mb 영역(97103 reference로 mapping된 *sdw-1* flanking 영역(30.00Mb–30.99Mb)은 ‘CG’ reference에서 34.81Mb–35.87Mb 영역과 일치)에서 유의성($P < 0.01$)이 발견되었다(그림 12).
- 따라서 이 1Mb 영역내에 존재하는 annotated 된 유전자의 SNP를 탐색한 결과 총 31개의 SNP를 찾았으며, CICG09G018180(Cla010325 in ‘97103’ reference), CICG09G018320 (Cla010337), CICG09G018490(Cla010355), CICG09G018630 (Cla010376) 4개의 유전자의 CDS 영역에 존재하는 SNP로부터 CAPS 마커를 제작하여 F2 집단을 이용하여 mapping을 재수행 하였다.
- 그 결과 CICG09G018320 유전자의 SNP가 F2 집단에서 표현형과 공동분리됨을 확인하였다.

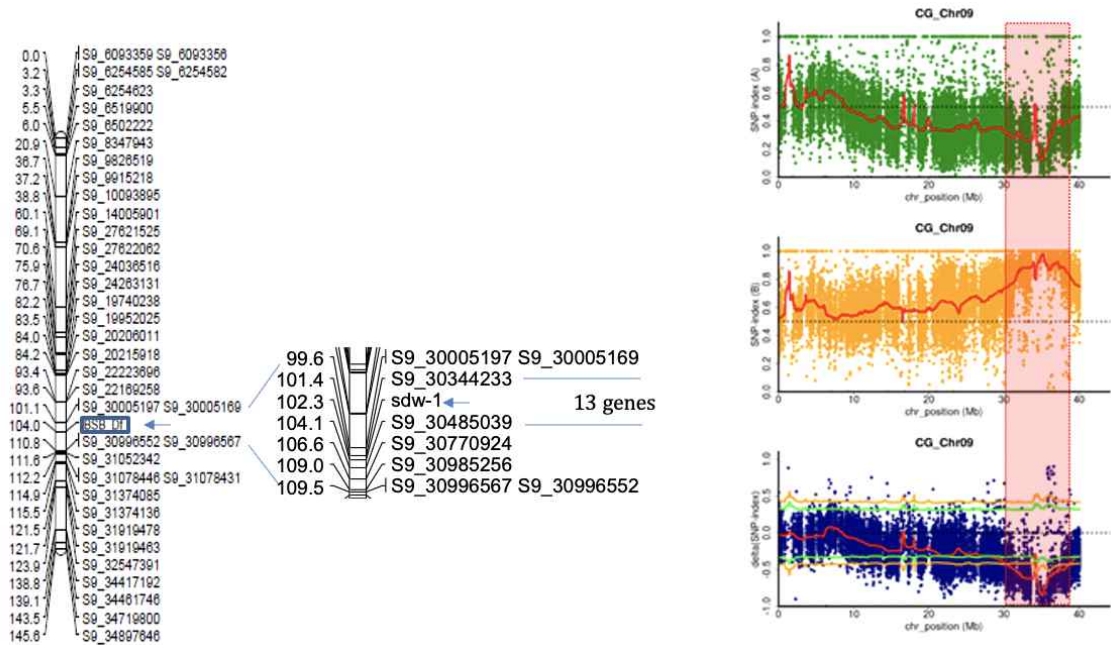
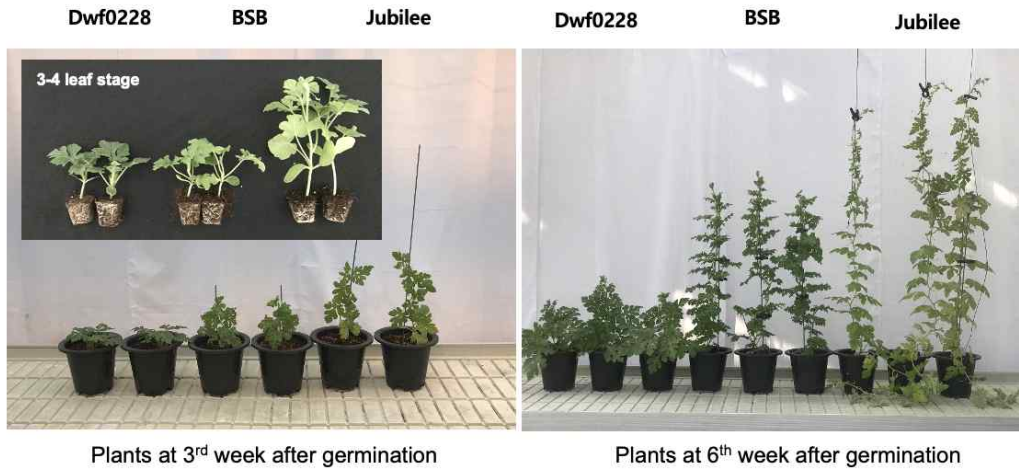


그림 13. BSB X Jubilee F2 집단을 이용한 SNP 기반 유전자 지도 작성

- C1CG09G018320 유전자는 ABC transporter B family protein (ABCB19) homolog으로서 ABCB19 유전자는 식물체내 auxin translocation을 조절하는 efflux-facilitating transmembrane protein으로 알려져 있다.

4) 왜성 형질 계통간 allelism 분석

- 수박 유전자원 중 왜성 자원들을 4 계통 수집하고 이들의 왜성 형질을 조절하는 유전자위에 있어 대립유전자 관계(allelism)를 분석해 보고자 하였다.
- 유전자지도 작성에 사용한 왜성계통 ‘BSB’와 또 다른 왜성 계통인 ‘Dwf0228’, ‘Tie B’, ‘Tiger B’, ‘Black B’ 간 F1 세대 및 BC1 세대를 생산하여 표현형을 분석하였다.
- ‘Dwf0228’은 절간이 ‘BSB’보다 짧아 왜성 수준에 차이가 있었으며, 정역교배를 통한 F1에서는 모두 정상형이 관찰되어 두 계통은 서로 다른 왜성 유전자에 의해 조절되는 것으로 판단되었다(그림 14).
- 반면 ‘Tie B’, ‘Tiger B’, ‘Black B’를 이용한 교배조합에서는 분리비가 동일유전자위의 대립유전자로 추측되었다.
- 따라서 C1CG09G018320 유전자의 SNP는 ‘BSB’뿐만 아니라 ‘Tie B’, ‘Tiger B’, ‘Black B’를 이용한 왜성품종 육성에 효과적인 분자마커로 활용될 수 있음을 보여주었다.



Plants at 3rd week after germination

Plants at 6th week after germination



F1 plants from the cross 'Dwf0228' x 'Bush Sugar Baby'(BSB) showed normal phenotype indicating that the dwarfism of these two cultivars are conferred by different genes (not allelic).

Germplasm	Generation	Wild : Dwarf
(Tie B x Jubilee) x Jubilee	BC1F1	All wild
(Tiger B x Jubilee) x Jubilee	BC1F1	All wild
BSB x Black B	F2	All dwarf
BSB x Tie B	F2	All dwarf
BSB x Tiger B	F2	All Dwarf
Black B x Jubilee	F2	52:18
Tie B x Jubilee	F2	57:21
Tiger B x Jubilee	F2	51:17
BSB x Dwf0228	F2	10:58
(BSB x Tiger B) x BSB	BC1F1	All dwarf
(BSB x Tie B) x BSB	BC1F1	All dwarf
(BSB x Black B) x BSB	BC1F1	All dwarf
(BSB x Dwf0228) x BSB	BC1F1	21:51
(Dwf0228 x BSB) x Dwf0228	BC1F1	30:39

Dwarf germplasm is indicated in red

그림 14. 두 왜성 수박 계통('BSB' x Dwf0228) 간 왜성 유전자의 allelism 분석

(2) 제 3-1 협동과제: 고기능성 가지과 품종 개발 지원 및 인력 양성

과제번호	제 (3 - 1) 협동과제					
세부 연구과제명	국문	고기능성 가지과 품종 개발 지원 및 인력 양성				
	영문	Support for the development of high functional pepper and tomato varieties and training field vegetable breeders				
세부 연구책임자	한글성명	강병철	영문성명	Byoung-Cheorl Kang	과학기술인 등록번호	
	소속기관	서울대학교	부서명 (학과명)	식물생산과학부	직위	
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	100,000	165,000	270,000	535,000	
	기업부담금		17,875	30,250	48,125	
	기타					
	합계	100,000	182,875	300,250	583,125	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표											연구기반지표								
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용 홍보		인턴교육	
	특허출원	특허등록	품종	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용		홍보전시
												SCI	비SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건		명	명	명			
가중치	10	10	10	10		10									10	20	10			10
최종목표																				
1단계	목표	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	6	3	1	0	0	6
	실적	3	6	2	0	0	0	0	0	0	0	11	1	9	4	4	6	0	0	10
2단계	목표	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4	3	0	8	4	3	0	0	8
	실적	5	5	2	4	76.58	0	0	0	0	0	12	2	8	11	4	12	0	1	11
3단계	목표	1	1	2	1		2					4	1		7	5	3			3
	실적	4	3	2	3	21.1						15		8	14	5	15			5
최종	목표	4	1	4	1		2					10	6		21	12	7			17
	실적	12	14	6	7	97.68						38		25	29	13	33			26

① 논문게재 성과

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol. (No.)	국내외 구분	SCI 구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2017	Identification and molecular genetic mapping of <i>Chili veinal mottle virus</i> (ChiVMV) resistance genes in pepper (<i>Capsicum annuum</i>).	Joung-Ho Lee	강병철	Jeong-Tak An, Muhammad Irfan Siddique, Koeun Han, Seula Choi, Jin-Kyung Kwon,	Mol. Breeding	37:121	국외	SCI
2017	Development of a Genetic Map for Onion (<i>Allium cepa</i> L.) Using Reference-Free Genotyping-by-Sequencing and SNP Assays	Jinkwan Jo	강병철	Preethi M. Purushotham, Koeun Han, Heung-Ryul Lee, Gyoungju Nah	Front. Plant Sci.	8:1606	국외	SCI
2017	Molecular Mapping of <i>PMR1</i> , a Novel Locus Conferring Resistance to Powdery Mildew in Pepper (<i>Capsicum annuum</i>).	Jinkwan Jo	강병철	Jelli Venkatesh, Koeun Han, Hea-Young Lee, Gyung Ja Choi, Hee Jae Lee, Doil Choi,	Front. Plant Sci.	8: 2090	국외	SCI
2018	QTL mapping and GWAS reveal candidate genes controlling capsaicinoid content in <i>Capsicum</i>	Koeun Han	강병철	Hea-Young Lee, Na-Young Ro, On-Sook Hur, Joung-Ho Lee, Jin-Kyung Kwon,	Plant Biotechnol. J.	16(9)	국외	SCI
2018	Development of <i>Bi</i> gene-based SNP markers for genotyping for bitter-free cucumber lines	Jelli Venkatesh	강병철	Kihwan Song, Joung-Ho Lee, Jin-Kyung Kwon	Horticulture, Environment, and Biotechnology	59	국내	SCIE
2018	Single-molecule real-time sequencing reveals diverse allelic variations in carotenoid biosynthetic genes in pepper (<i>Capsicum</i> spp.)	Hyo-Bong Jeong	강병철	Min-Young Kang, Ayoung Jung, Koeun Han, Joung-Ho Lee, Jinkwan Jo, Hea-Young Lee, Jong-Wook An, Suna Kim,	Plant Biotechnology Journal	17(6)	국외	SCI
2018	Identification of Cucumber mosaic resistance 2 (<i>cmr2</i>) That Confers Resistance to a New <i>Cucumber mosaic virus</i> Isolate P1 (CMV-P1) in Pepper (<i>Capsicum</i> spp.)	Seula Choi	강병철	Joung-Ho Lee, Won-Hee Kang, Joonyup Kim, Hoang N. Huy, Sung-Woo Park, Eun-Ho Son, Jin-Kyung Kwon,	Front Plant Sci.	9:1106	국외	SCI
2018	A major QTL and candidate genes for capsaicinoid biosynthesis in the pericarp of <i>Capsicum chinense</i> revealed using QTL-seq and RNA-seq	Minjeong Park	강병철	Joung-Ho Lee, Koeun Han, Siyoung Jang, Jiwoong Han, Jung-Hyun Lim, Ji-Won Jung,	Theoretical and Applied Genetics	132(2): 515	국외	SCI
2019	A MYB transcription factor is a candidate to control pungency in <i>Capsicum annuum</i>	한고은	강병철	Siyoung Jang, Joung-Ho Lee, Do-Gyeong Lee, Jin-Kyung Kwon	Theoretical and Applied Genetics	132	국외	SCI

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol. (No.)	국내외 구분	SCI 구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2019	Current views on temperature-modulated R gene-mediated plant defense responses and tradeoffs between plant growth and immunity	Jelli Venkatesh	강병철		Current Opinion in Plant Biology	50	국외	SCI
2019	Genetic diversity and population structure of Ethiopian <i>Capsicum</i> germplasms	Abate Mekonnen Solomon	강병철	Koeun Han, Joung-Ho Lee, Hea-Young Lee, Siyoung Jang	PLOS ONE	14	국외	SCI
2019	Physical localization of the root-knot nematode (meloidogyne incognita) resistance locus <i>Me7</i> in pepper (<i>Capsicum annuum</i>)	Amornrat Changkwian	강병철	Jelli Venkatesh, Joung-Ho Lee, Ji-Woong Han, Jin-Kyung Kwon, Muhammad Irfan Siddique, Abate Mekonnen Solomon, Gyung-Ja Choi, Eunji Kim, Yunhee Seo, Young-Ho Kim	Frontiers in Plant Science	10	국외	SCI
2019	A Non-LTR retrotransposon activates anthocyanin biosynthesis by regulating a MYB transcription factor in <i>Capsicum annuum</i>	Soyoung Jung	강병철	Jelli Venkatesh, Min-Young Kang, Jin-Kyung Kwon,	Plant Science	287	국외	SCI
2020	<i>Phytoene Synthase 2</i> Can Compensate for the Absence of <i>Psy1</i> in <i>Capsicum</i> Fruit	So-Jeong Jang	강병철	Hyo-Bong Jeong, , Ayoung Jung , Min-Young Kang , Suna Kim , Sun-Hwa Ha, Jin-Kyung Kwon	Journal of Experimental Botany	71	국외	SCI
2020	Candidate Gene Analysis Reveals That the Fruit Color Locus <i>CI</i> Corresponds to <i>PRR2</i> in Pepper (<i>Capsicum frutescens</i>)	Hyo-Bong Jeong	강병철	So-Jeong Jang, Min-Young Kang, Suna Kim, Jin-Kyung Kwon	Frontiers in Plant Science	11	국외	SCI
2020	Development and Characterization of an Ethyl Methane Sulfonate (EMS) Induced Mutant Population in <i>Capsicum annuum</i> L	Siddique, MI	강병철	Seungki Back, Joung-Ho Lee, Jinkwan Jo, Siyoung Jang, Koeun Han, Jelli Venkatesh, , Jin-Kyung Kwon , Yeong Deuk Jo	Plants	9(3)	국외	SCI

② 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허			
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국
2019	고추 ChiVMV 저항성 유전자 <i>Cvr1</i> 완전 연관 마커 및 이의 용도	서울대 산학협력단	대한민국	10-2019-0039659	2017	토마토반점위조바이러스 저항성 관련 유전자 및 분자마커 및 이의 용도	서울대 산학협력단	대한민국
2019	캡시쿰 속 유전자원의 완속과색 예측용 조성물 및 이의 용도	서울대 산학협력단	대한민국	10-2019-0103645	2019	고추의 응성불임 회복과 관련된 핵산 분자, 프라이머 세트, 및 그의 용도	서울대 산학협력단	대한민국
2019	CMV-P1 저항성 고추 품종 판별을 위한 SNP 마커 및 이의 용도	서울대 산학협력단	대한민국	10-2019-0064674	2020	고추 ChiVMV 저항성 유전자 <i>Cvr1</i> 완전 연관 마커 및 이의 용도	서울대 산학협력단	대한민국
2019	매운맛 고추 품종 판별을 위한 CAPS 마커 및 이의 용도	서울대 산학협력단	대한민국	10-2019-0116739				

② 품종출원등록 성과

출원된 품종					등록된 품종			
출원연도	품종명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국
2018	스누윈더 에이치오 (스윗하바네로1호)	서울대 산학협력단	대한민국	2018-702				
2020	스누윈더 에이치알 (스윗하바네로2호)	서울대 산학협력단	대한민국	2020-251				

③ 기술료징수 현황

기 징수액	당해연도 징수액	향후 징수액	합계
	21,100,000원		

구분	기술이전 유형	기술실시계약명	기술실시 대상기관	기술실시 발생일자	기술료 (당해연도 발생액)	누적 징수현황
1	기술이전/라이선싱	ChiVMV 관련 특허 및 종자 - 네덜란드 Rijk Zwaan	Rijk Zwaan	2018-08-21	16,600,000	
2	기술이전/라이선싱	고추 응성불임회복유전자형 판별용 분자표지	농업기술실용화재단	2018-11-27	3,000,000	
3	기술이전/라이선싱	고추의 여교배 육종을 위한 단일염기다형성 마커 세트 및 이의 용도	국립종자원	2019-01-09	1,500,000	

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	<p>1차년도</p> <ul style="list-style-type: none"> • 캡시에이트 신흥 모계 육성을 위한 MABC 및 선발 • 카로티노이드 생합성 과정 유전자 분석 • 과실 특이적 안토시아닌 축적 유전자원 탐색 및 집단 작성 • 채소육종인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ SNU11-001 x 신흥 B집단 BC3F1 세대 진전 및 MABC 진행 ▪ SNU11-001 x 신흥 C집단 BC3F2 세대 <i>pamt/pamt</i> 개체 선발 및 캡시노이드 함량 평가 ▪ 비적색 고추에서 <i>PSY1</i>, <i>CCS</i>, <i>Lcyb</i>, <i>CrtZ-2</i> 유전자 변이를 확인하고 카로티노이드 함량이 <i>PSY1</i>과 <i>CCS</i> 유전형에 따라 영향을 받는다는 것을 확인 ▪ 3501 x 3509 RIL 집단 구축 및 고춧가루로 색소 함량 표현형 분석 ▪ MAB1 x MAB2 F2 집단의 유전자 지도 작성 및 <i>CaAN3</i> 위치 탐색 ▪ 석사과정 박** 학생이 한국생명공학연구원 식물시스템 공학연구센터에서 고추의 CRISPR-Cas9 도입을 위한 형질 전환 조건을 확립하는 실험 수행
	<p>2차년도</p> <ul style="list-style-type: none"> • 캡시에이트 고탐유 품종 출원 • 캡시에이트 신흥 고추 부모계통 고정 • 카로티노이드 생합성 과정의 유전자 분석 • 과실 특이적 안토시아닌 합성 유전자 <i>CaAN3</i> Fine-mapping • 채소육종인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 스윗하바네로(스누원더HO) 오렌지 품종 출원 ▪ SNU11-001 x 신흥 B BC3F2 세대 진전하여 <i>pamt/pamt</i> 개체 선발 ▪ SNU11-001 x 신흥 C BC3F3 계통으로 고정 ▪ PCR분석으로 <i>PSY1</i>, <i>PSY2</i>, <i>Lcyb</i>, <i>CrtZ-2</i>, <i>ZEP</i>, <i>CCS</i>에서 유전자 변이를 추가 확인하고 카로티노이드 함량간의 상관관계를 확인 ▪ 3501 x 3509 RIL에서 GBS로 유전자 지도를 작성하고 ASTA 및 카로티노이드 함량에 대한 QTL 분석 ▪ MAB1 x MAB2 집단 유전자지도로 <i>CaAN3</i> Fine-mapping 및 안토시아닌 생합성 연관 분자마커 작성 ▪ 석사과정 강** 학생이 농우바이오 R&D 육종연구소에서 박과작물의 재배 및 특성평가 수행
	<p>3차년도</p> <ul style="list-style-type: none"> • 캡시에이트 고탐유 품종 출원 • 캡시에이트 신흥 고추 F1을 위한 부모계통 육성 • 일본 자색 파프리카 집단을 활용한 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 스윗하바네로 2호 (스누원더HR) 레드 품종 출원 ▪ 캡시에이트 신흥 부계 특허 출원 및 캡시에이트 신흥 모계 BC3F3세대로

		<p><i>CaAN3</i> Fine-mapping</p> <ul style="list-style-type: none"> • 채소육종인력 인턴십 수행 	<p>진전하여 캡시에이트 함량 평가로 계 통 고정</p> <ul style="list-style-type: none"> ▪ 일본 자색 파프리카 집단으로 염색체 10번 <i>CaAN3</i> 유전자 위치의 recombinant 선발하여 Fine-mapping ▪ 석사과정 장**, 이**, 김** 학생이 팜 한농 R&D 육종연구소에서 다양한 작 물의 재배 및 특성평가를 수행
--	--	--	--

(다) 기타 주요연구 성과

① 캡시에이트 고함유 감미 고추 신품종 사업화

㉞ 스위트 하바네로 오렌지와 레드 품종 출원

1) 스위트 하바네로 두 품종 특성 평가 (1차년도)

- ARC 1, 2단계에서 캡시에이트 함량이 높은 ‘SNU11-001’ 과 매운 고추 ‘하바네로’ 로 작성한 분리 집단에서 캡시에이트 함량이 높은 오렌지 계통 124-6-15과 레드 계통 18-1-3을 선발하였고, 8차년도에는 F6세대의 두 계통을 서울대 수원 농장 노지와 군산 파프리카 육종 연구소 등지에서 재배하여 생산력 검정을 시험하였다 (그림 1).

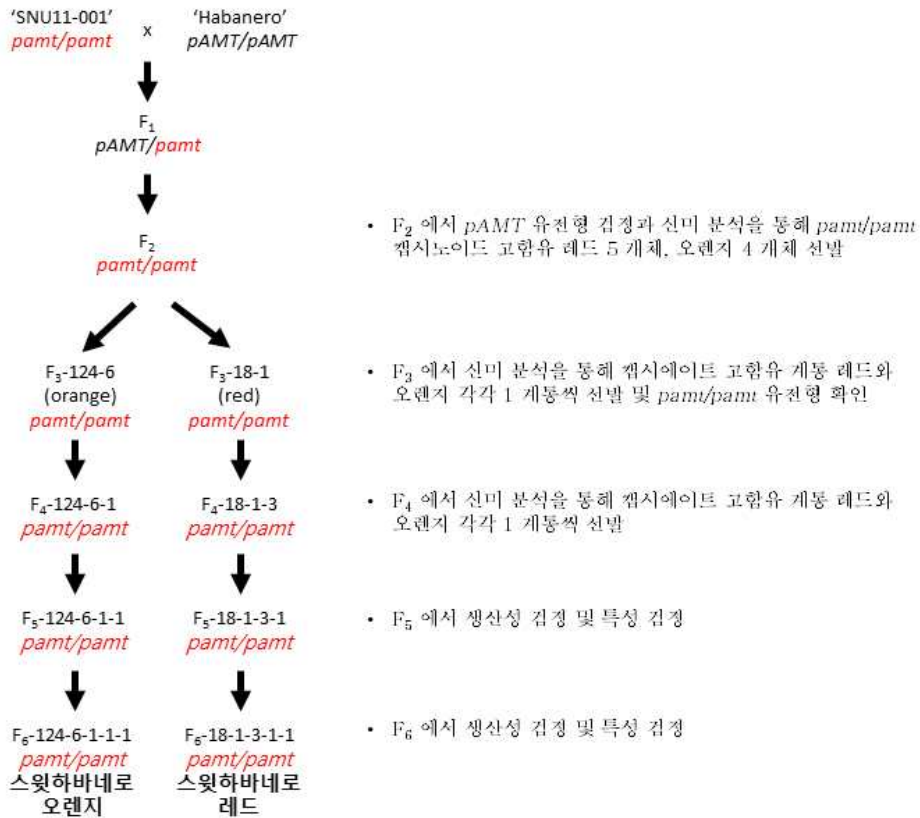


그림 1. 스위트하바네로 1호와 2호(스누원더 HO, 스누원더 HR)의 육성 계통도. 오렌지 품종이 스위트하바네로 1호(스누원더 에이치오)이고, 레드 품종이 스위트하바네로 2호(스누원더 에이치알)이다.

2) 스위트 하바네로 1호 (오렌지) 출원 (2차년도)

- SNU11-001 x Habanero 집단에서 캡시에이트 함량이 높은 오렌지 계통 124-6-15-1-1를 스위트 하바네로 1호로 명명하여 품종 출원 하였다.
- ‘스윗하바네로 1호(스누원더HO)’ 의 숙과색은 주황색이며 미숙과색은 중간정도의 녹색이고 안토시아닌 착색이 없다. 과실의 모양은 심장형이며, 심실의 수가 3개 내

지 4개이다. 과실 길이와 직경은 3~4 cm 정도로 비율은 1:1 정도이다. 과피의 굴곡과 과실 표면의 질감은 약하게 주름이 져있다 (그림 3).

- ‘스윗하바네로 1호(스누원더HO)’ 가 대조품중 하바네로와 구별되는 특징은 ‘스윗하바네로 1호(스누원더HO)’ 는 캡사이신이 거의 없고 캡시에이트 함량이 높으나 (캡사이신 0.4 mg/gDW; 캡시에이트 15.6 mg/gDW) 하바네로는 캡시에이트 함량 (0.6 mg/gDW)보다 캡사이신 함량 (9 mg/gDW)이 높아 맵다 (그림 2).

3) 스윗하바네로 2호(스누원더HR) (레드) 출원 (3차년도)

- SNU11-001 x Habanero 집단에서 캡시에이트 함량이 높은 레드 계통 18-1-3-1-1를 스윗하바네로 2호(스누원더HR)로 명명하여 품종 출원 하였다.
- ‘스윗하바네로 2호(스누원더HR)’ 의 숙과색은 적색이며 미숙과색은 중간정도의 녹색이고 안토시아닌 착색이 없다. 과실의 모양은 심장형이며, 심실의 수가 3개 내지 4개이다. 과실 길이와 직경은 3~4 cm 정도로 비율은 1:1 정도이다. 과피의 굴곡과 과실 표면의 질감은 약하게 주름이 져있다 (그림 3).
- ‘스윗하바네로 2호(스누원더HR)’ 가 대조품중 하바네로와 구별되는 특징은 ‘스윗하바네로 2호(스누원더HR)’ 는 캡사이신이 거의 없고 캡시에이트 함량이 높으나 (캡사이신 0.2 mg/gDW; 캡시에이트 15.5 mg/gDW) 하바네로는 캡시에이트 함량 (0.6 mg/gDW)보다 캡사이신 함량 (9 mg/gDW)이 높아 맵다 (그림 2).

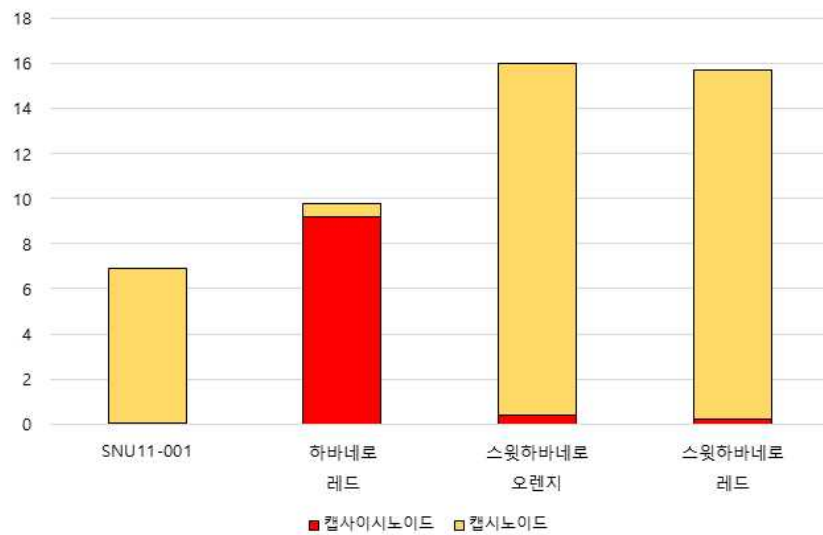


그림 2. 스윗하바네로 1호(스누원더 HO)와 2호(스누원더 HR)의 캡시노이드 함량.



그림 3. 스위트하바네로 1호(스누윈더HO)와 2호의 과실특성. 왼쪽 사진이 스위트 하바네로 1호(오렌지)이고, 가운데 사진이 스위트하바네로 2호(레드), 오른쪽 사진이 하바네로 레드이다.

㉔ 캡시에이트 신흥 F1 품종 육성

1) 캡시에이트 신흥 고추 모, 부계 육성

- 캡시에이트 고탐유 계통인 SNU11-001과 신흥 고추를 이용하여 맵지 않으면서도 신흥 고추의 특성인 감미를 유지하는 고추 품종을 육성하고자 하였다. 이전 단계에서 신흥 고추 모, 부계통에 SNU11-001의 특성을 도입하고자 MABC를 활용한 육성 방법을 구축하였으며, 3단계에서는 이를 통해 캡시에이트 신흥 F1 품종을 개발하고자 하였다 (그림 4).

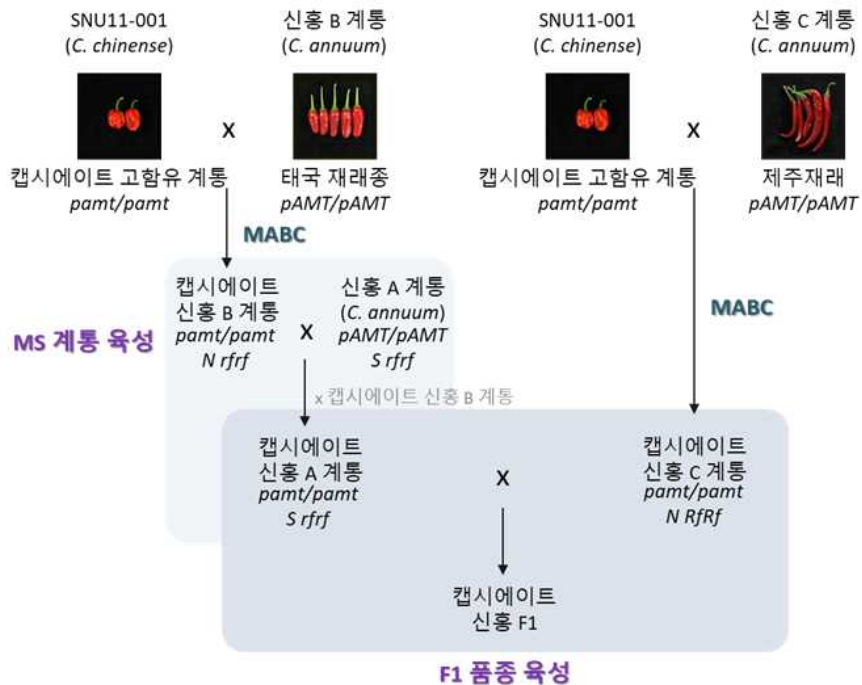


그림 4. 캡시에이트 신흥 F1 육성을 위한 육종 모식도

2) 캡시에이트 신흥 부계 육성

- [1차년도] ‘SNU11-001 x 신흥 C’ 집단의 BC3F2세대에서 캡시에이트 함량이 높

은 두 계통을 선발하여 BC3F3 세대로 진전시켜 고정하였다(그림 5). BC3F2-8-40-23-17 계통의 풋고추 캡시에이트 함량은 $5296.6 \pm 4884 \mu\text{g/gDW}$ 과 홍고추의 함량은 $2178.4 \pm 2243 \mu\text{g/gDW}$ 이고, BC3F2-8-40-17-14 계통의 홍고추의 캡시에이트 함량은 $2864.4 \mu\text{g/gDW}$ 이다 (그림 6).

- [2차년도] 8차년도에 선발한 계통 중 BC3F2-8-40-23-17은 BC3F4세대로 내려서 고정하고, BC3F2-8-40-17-14 계통은 신흥 C와 여교배하여 BC4F1 집단을 만들었다.
- [3차년도] 8-40-23-17 계통은 고정하여 캡시에이트 신흥 부계로 특허 출원을 준비 중이며, BC4F2-8-40-17-14 계통에서 *pAMT* 유전자 돌연변이를 가진 *pamt/pamt* 동형접합 개체를 선발하여 특성 조사를 하고 있다(그림 5).

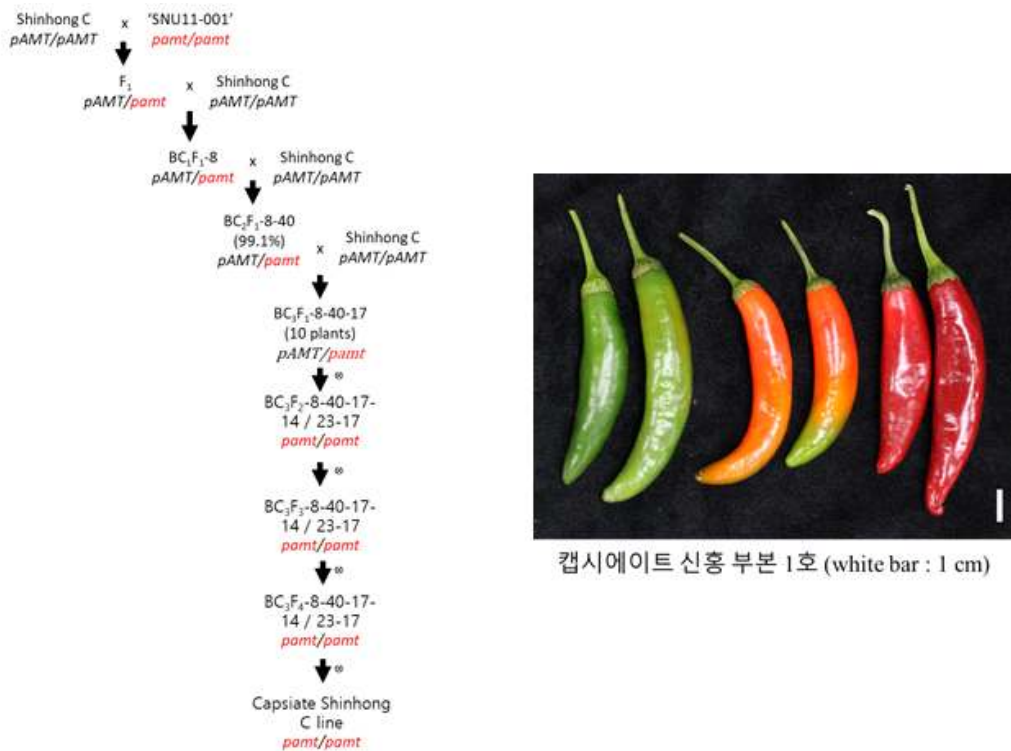


그림 5. 캡시에이트 신흥 부계 육성과정 및 부분 1호의 과실 사진

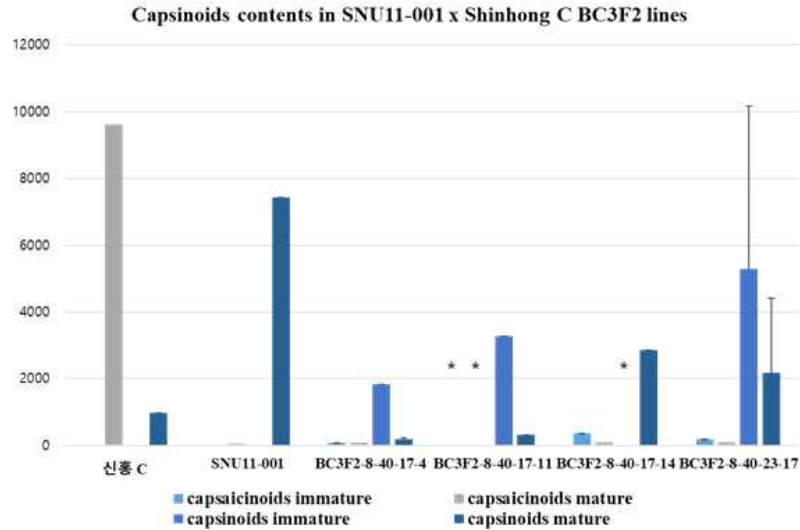


그림 6. SNU11-001 x 신홍 C BC3F2 세대에서 선발된 개체의 캡시노이드 함량. *는 측정하지 못한 개체이다.

3) 캡시에이트 신홍 모계 육성

- [1차년도] ‘SNU11-001 x 신홍 B’ 집단을 BC3F1 세대로 진전하였다. 이전 단계에서 KASP 타입으로 전환해놓은 MABC용 Fluidigm SNP 마커 5개를 사용하여 신홍 B의 유전형 회복률이 가장 높은 개체를 선발하였다. BC2F1에서 신홍 B의 유전형 회복률이 93.64%이었던 1-29-7과 92.78%이었던 1-29-8을 BC3F1세대로 진전 후 염색체 3번의 *pAMT* 유전자의 위치가 가까운 SNP 마커를 제외하고 나머지 3번, 6번, 7번 염색체에서 신홍 B의 유전형으로 회복한 개체 5개를 선발하였다(그림 7, 표 1).
- [2차년도] 신홍 B의 유전형 회복률이 높은 5개체 BC3F1-1-29-7-7, BC3F1-1-29-7-20, BC3F1-1-29-7-31, BC3F1-1-29-8-8, BC3F1-1-29-8-22를 자가교배하여 BC3F2로 세대 진전하여 *pAMT* 돌연변이를 가진 *pamt/pamt* 유전형의 동형 접합 개체를 선발하였다. 또한, 이 5개체와 신홍 A를 교배한 F1 세대를 작성하였다.
- [3차년도] BC3F1-1-29-7-7에서 유래한 BC3F2 4개체를 BC3F3 세대로 진전하여 캡시에이트 신홍 부계와 같이 계통 특허 출원하기 위하여 캡시에이트 함량 및 특성 조사를 준비하고 있다.

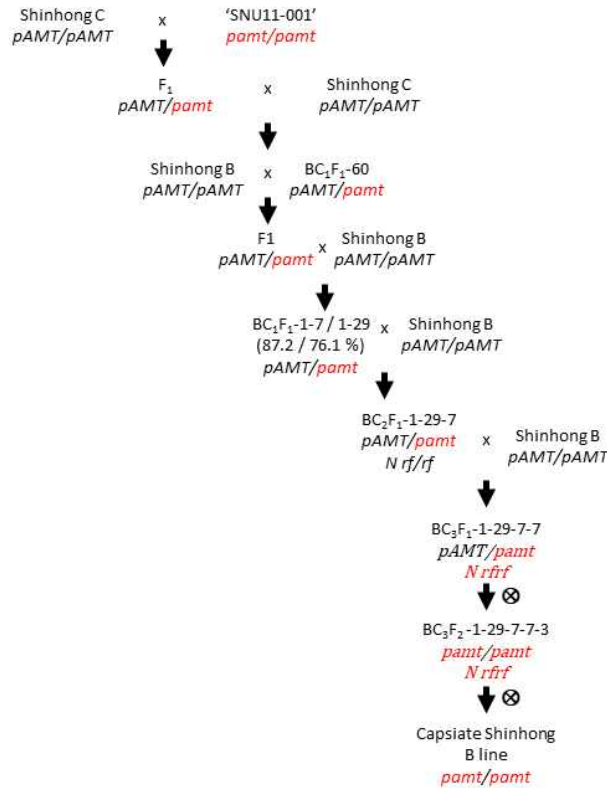


그림 7. 캡시에이트 신흥 모계 육성과정

표 1. 신흥 B x SNU11-001 BC3F1 선발 개체의 유전형

Marker	CAPS_CONTIG .9537	ANOK.CO910343	CAPS_CONTIG.5 99	CAPS_CONTIG .3597	CAPS_CONTIG .9705
chromosome	P3	P3	P6	P7	P7
Genetic distance (cM)	42.2	56.312	16.798	6.827	31.698
SNU11-001	SNU type	SNU type	SNU type	SNU type	SNU type
신흥B	B type	B type	SNU type	B type	SNU type
신흥C	B type	SNU type	C type	SNU type	C type
BC2F1-1-29-7	Hetero	Hetero	Hetero	Hetero	Hetero
BC3F1-1-29-7-7	Hetero	B type	B type	B type	B type
BC3F1-1-29-7-20	Hetero	B type	B type	B type	B type
BC3F1-1-29-7-31	Hetero	B type	B type	B type	B type
BC3F1-1-29-8-8	Hetero	B type	B type	B type	B type
BC3F1-1-29-8-22	Hetero	B type	B type	B type	B type

② 다양한 과색의 고추 품종 육성을 위한 분자마커 개발

㉞ 카로테노이드 생합성 과정에 관여하는 유전자 분석

1) 유전자원을 이용한 카로티노이드 합성 관련 유전자 염기서열 분석 및 함량 측정 (1차년도)

○ 2단계 연구로 빨간색부터 주황, 노랑, 아이보리까지 6가지 색으로 구분하여 유전자원에서 101개의 계통을 선발하여 카로티노이드 합성 관련 유전자 *PSYL*, *Lcyb*,

CrtZ-2, *CCS*에서 SMRT sequencing을 실시하였다. 빨간 고추가 아닌 고추의 coding region 내의 중요한 돌연변이를 파악하고, 카로티노이드 함량 간의 상관관계를 분석하였다.

- SMRT sequencing으로 발견하였던 많은 SNP와 indel 중 coding region에서 아미노산 서열 변화를 일으키는 SNP를 찾았다. *PSYI*에서는 missense mutation 7개, nonsense mutation 2개, frameshift mutation 2개를 찾았고, *Lcyb*에서는 7개의 missense mutation과 1개의 frameshift mutation을, *CrtZ-2*에서는 8개의 missense mutation을 찾았다. *CCS*에서도 missense mutation 6개, nonsense mutation 5개, frameshift mutation 6개를 찾았으며 추가적으로 프로모터 지역에서 3개의 구조적 돌연변이를 발견하였다 (그림 8).
- Coding region에서 mutation을 일으키는 계통들에 대해 4개의 유전자에서 여러 유전형의 조합별로 각각 다른 색을 나타내는 계통 43개를 선발하여 UPLC로 카로티노이드를 분석하고, 그 상관관계를 알아보려고 하였다. 우선, 카로티노이드 색소 함량에 따라 네 가지 그룹으로 나누었다. 그룹 I은 capsanthin이 제일 많고 lutein을 함유하고 있지 않으며 주로 붉은 고추들이 이에 속했다. 그룹 II는 capsanthin을 제외한 모든 카로티노이드 색소를 가지고 있는 군으로 lutein과 antheraxanthin, violaxanthin을 많이 함유하고 있다. 주로 주황빛의 고추가 이에 속한다. 그룹 III는 대부분의 카로티노이드 색소 함량이 낮지만, lutein의 함량이 제일 높은 군이다. 노란 계열 고추들이 이에 속한다. 그룹 IV는 α -cryptoxanthin과 antheraxanthin을 많이 함유하고 있으며, lutein과 capsanthin은 보이지 않았다. 짙은 주황 혹은 주황색 고추가 이와 같은 양상을 보였다. 이 네 가지 군에 속하는 계통들과 제가지 유전자에 돌연변이를 가지고 있어 기능을 하지 못하는 유전형들과의 상관관계를 알아보려고 하였다. *Lcyb*와 *CrtZ-2*의 돌연변이는 큰 영향을 미치지 않는 것으로 보여 *PSYI*와 *CCS*의 유전형과 카로티노이드 색소 함량 간의 Heat-map으로 연관성을 비교해보았다. 그 결과 2 계통을 제외한 그룹 I과 III가 *PSYI*와 *CCS*의 유전형과 상관관계가 있다는 것을 알 수 있었다 (그림 9).

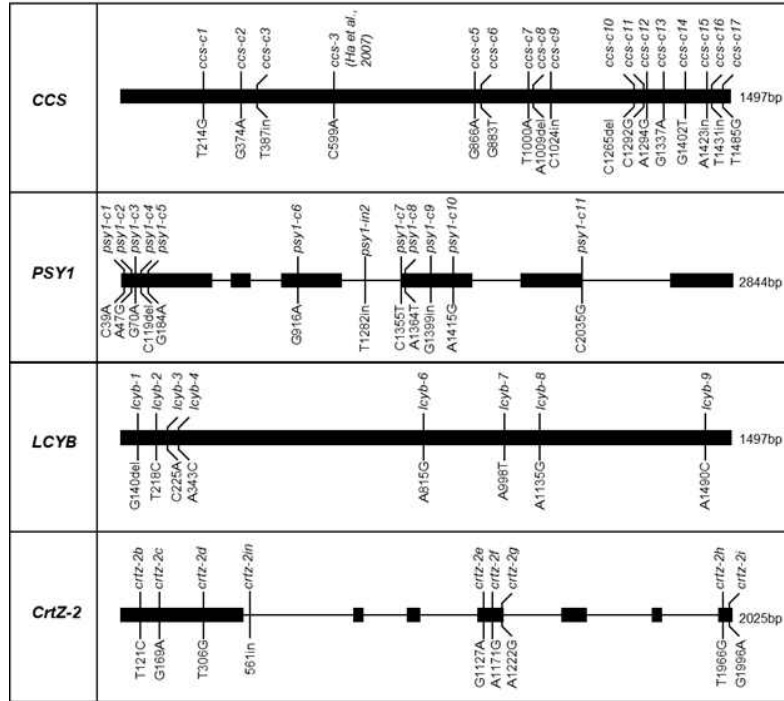


그림 8. 빨간 고추가 아닌 고추에서 아미노산 서열 변화를 일으키는 SNP와 구조적 돌연변이

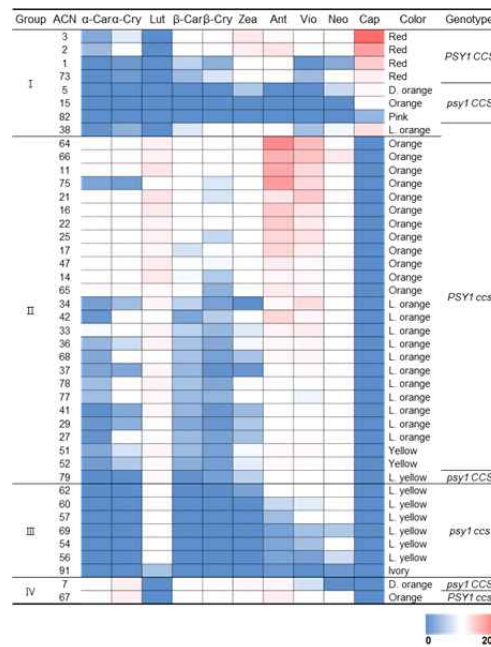


그림 9. 43개 Capsicum 계통에서 10개의 카로티노이드 물질에 대한 heat-map

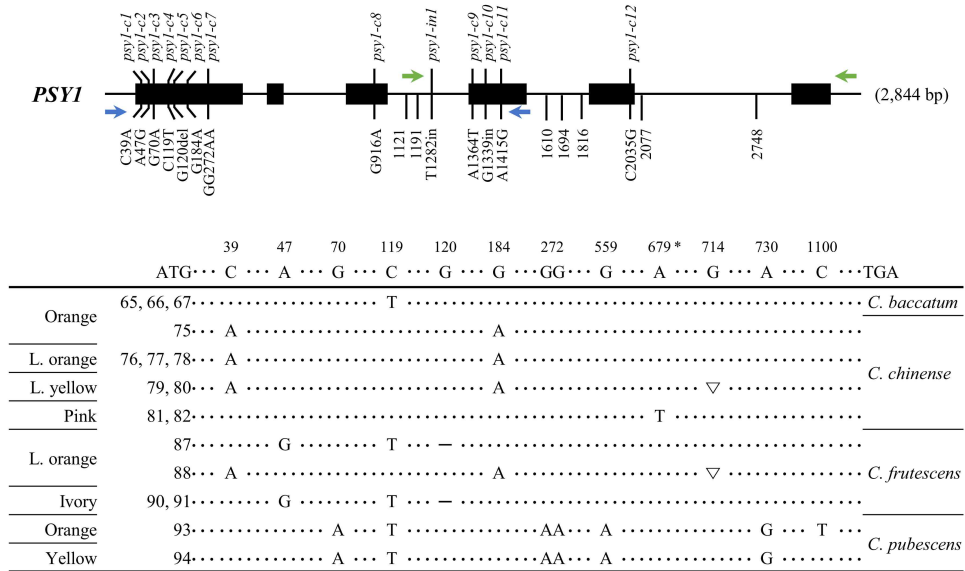
2) 카로테노이드 생합성 관련 유전자 염기서열 분석 (2차년도)

○ 총 94종의 유전자원 중에서 *PSY1* N-말단, *PSY1* C-말단, *Lcyb*, *CCS* 에서 SMRT

library 구축 시 각각 18, 19, 4, 32종의 유전자원에서 비정상적인 증폭양상을 나타내어 증폭산물을 얻을 수 없었다. 그 대안으로서 조건을 달리하여 PCR을 진행하였다. 동시에 일부 유전자를 대상으로는 유전자의 다른 부위 (프로모터 등)에 결합하는 프라이머를 이용하여 증폭을 시도해 보았다. *PSY2*와 *ZEP*의 경우에는 모든 유전자원에서 예상대로의 증폭이 이루어졌었다.

- *PSY1*, *PSY2*, *Lcyb*, *CrtZ-2*, *ZEP*, *CCS*에서 해당 유전자의 기능을 손상시킬 것으로 예측되는 knockout 돌연변이를 선별하였다. 이러한 변이들은 정지돌연변이와 암호화 부위에 발생한 삽입/결실에 따른 구조이동돌연변이를 포함하며, *CCS*의 경우 promoter 부분에 발생한 대규모 결실까지를 포함한다. 한편 위의 기준을 충족시키는 유전자가 오직 *PSY1*과 *CCS*에서만 발견되었기 때문에, 카로티노이드 성분을 바탕으로 heatmap을 작성한 뒤 *PSY1/CCS* 유전형과 대조해 보았다.
- 그룹 I 에 속하는 유전자원은 *C. annuum* ACN 38을 제외하고 모두 정상 기능의 *CCS*를 가지고 있었다. 한편, 그룹 I 은 *PSY1*의 유전형에 따라 소그룹 2개로 세분화될 수 있었다. 정상 기능의 *PSY1*을 보유한 그룹은 많은 양의 capsanthin이 축적되었으나, 비정상 기능의 *PSY1*을 보유한 그룹은 capsanthin의 양이 감소함에 따라 비적색 과색을 나타내었다. 해당 소그룹에 속하는 유전자원들의 과색은 진주황 (ACN 5), 주황 (ACN 15), 분홍 (ACN 82)이었다.
- 그룹 II 에 속하는 유전자원은 *C. chinense* ACN 79를 제외하고 정상의 *PSY1*과 돌연변이형 *CCS*를 보유하였다. 이들의 과색은 노랑부터 주황에 이르기까지의 과색을 나타내었다. 그룹 III의 유전자원은 *PSY1*과 *CCS* 모두의 기능이 손상되었으며, 상아부터 연노랑까지의 과색을 나타내었다. 끝으로 그룹 IV에 속하는 *C. annuum* ACN 7과 *C. baccatum* ACN 67은 각각 *psy1/CCS*와 *PSY1/ccs* 유전형을 나타내었다. 이 경우에는 시료의 개수가 제한적이어서 카로티노이드 함량과 유전형 간의 상관관계를 논하기는 어려웠다. 종합해보면, 크로마토그램 그룹 I 부터 III까지는 (ACN 38, 79 제외) *PSY1*과 *CCS*로 나타난 유전형과 밀접한 관련이 있음을 알 수 있었다.

(A)



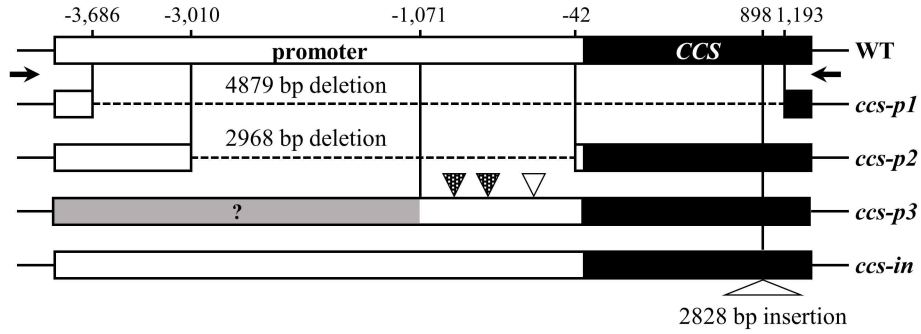
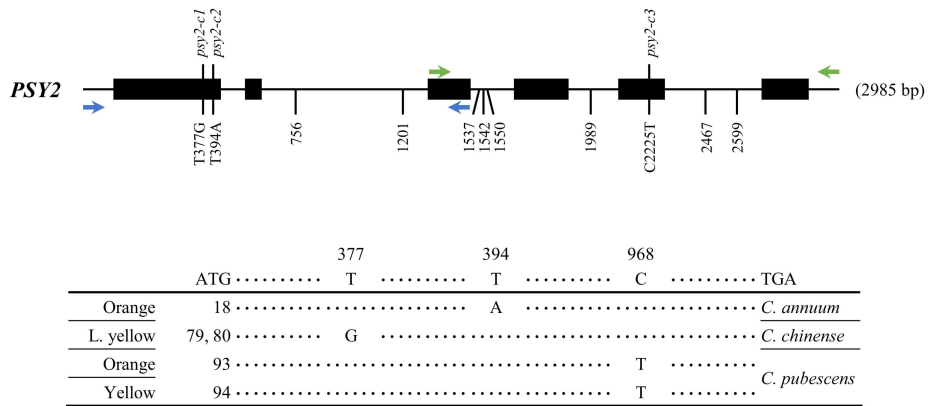
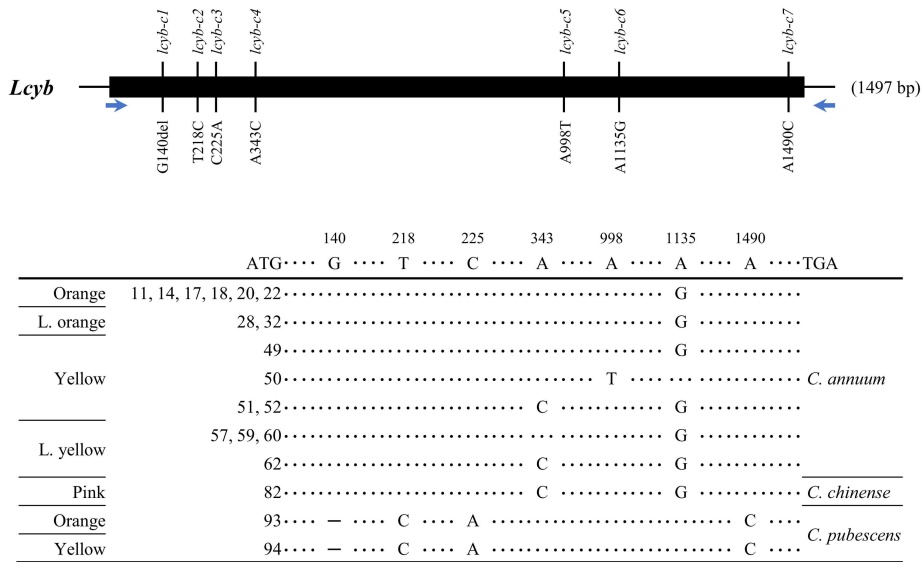


그림 11. Capsicum 유전자원에서 발견된 CCS 구조적 돌연변이.

(a)



(b)



3) 카로티노이드 합성 연관 양적형질유전자좌 분석

- 홍고추의 붉은 정도에 영향을 미치는 유전인자를 고색소 고추 3501과 저색소 고추 3509를 교배하여 구축한 집단의 QTL 분석을 통해 알아내고자 하였다. 2단계에서 F2 집단으로 ASTA 분석을 반복 실시한 결과 카로티노이드 붉은 색소의 함량은 QTL 유전양식을 따를 것으로 예상되었다. 3단계에서 활용한 집단은 F7:9 세대의 176 RIL이다.
- F5:7세대에서 붉은 색소인 capsorubin, capsanthin, 그리고 이들의 전구체인 β -carotene까지 세 물질을 HPLC 분석으로 표현형을 검정하였다. 이 결과를 ASTA 분석 결과와 비교해보니 pearson 상관관계수 값이 0.405으로 뚜렷한 양적 선형관계를 보였다. 17년 하반기까지 RIL 집단을 F7:9 세대로 진전시키면서 2016년과 2017년 재배 집단의 고춧가루를 확보하였고, ASTA 분석을 통해 양적 형질 표현형을 조사하고자 하였다. 17년 재배 고춧가루는 178 계통에서 얻었다. 각 계통 당 최대 3반복의 식물체로부터 총 510개의 샘플 중 343개를 분석하였다. 고색소인 3501의 ASTA 색소 지수는 144 ± 23 , 저색소인 3509는 45 ± 4 이고, 343개체의 분포는 11에서 103 사이인 것으로 나타났다 (그림 13, 표 2).

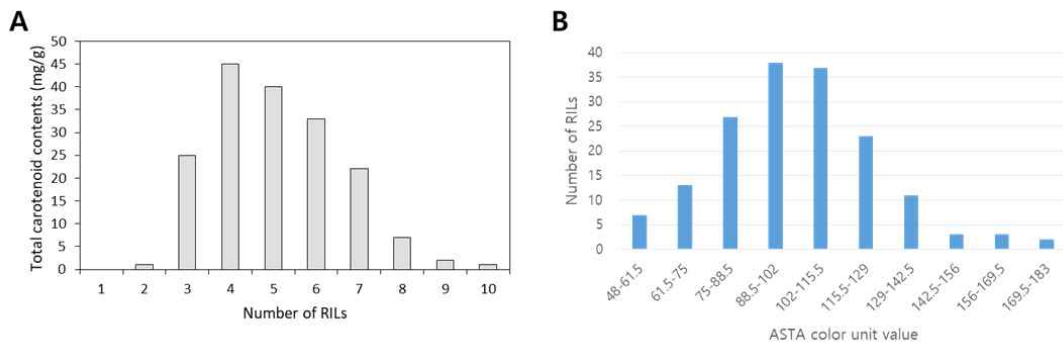


그림 13. 3501 x 3509 F5:7에서 HPLC와 ASTA로 분석한 카로티노이드 함량 분포도
A. HPLC로 분석한 카로티노이드 함량 분포도, B. ASTA 색소 지수 분포도

4) 홍고추의 색소함량 QTL 분석 (9차년도)

- ASTA 색소 지수는 RIL 집단에서 각 계통 당 최대 3반복의 식물체로부터 얻었다. F5:7 세대에서 분석한 ASTA 값은 최소 48에서 최대 184의 분포를 보였고, F7:9 세대 에서 분석한 ASTA 값은 11에서 136의 분포를 보인다. 분포도가 세대별로 차이가 나는데 이는 세대별로 재배지가 다르고, 과실 수확 후 분석 시기가 다르기 때문일 것 이라 추정한다. F5:7 세대의 고춧가루로 카로티노이드 색소 분석도 실시하였는데, 총 카로티노이드 함량은 붉은 색소인 capsorubin, capsanthin과 β -carotene의 함량을 합한 값을 사용하였다. 총 카로티노이드 함량은 1.70에서 9.23 mg/gDW의 분포도를 보인다 (표 2).

표 2. 3501 x 3509 집단의 카로티노이드 함량

Generation	ASTA color value					Total carotenoids (mg/g)				
	#lines	min.	max.	Avg.	Stdev.	#lines	min.	max.	Avg.	Stdev.
3501				235					7.45	
3509				113					4.38	
F2	185	94.73	239.71	162.4	26.28					
F5:7	165	48	184	103	24.6	176	1.7	9.23	4.51	1.42
F7:9	173	11.54	136.17	53.18	23.57					

- GBS 데이터로 얻은 539개의 SNP으로 유전자 지도를 작성하였는데, SNP 간의 유전적 거리는 평균 3.7 cM이고, 유전자 지도의 총 길이는 1,972 cM이다. raw SNP의 개수는 1,024,104개인데 3501과 3509의 다형성을 보이는 SNP의 수가 많지 않아 유전자 지도에 사용할 수 있는 SNP이 제한적이었다. QTL 탐색 결과 F7:9세대의 ASTA 지수, capsanthin, 총 카로티노이드 함량에서 QTL이 탐지되었다. ASTA 색소 지수는 카로티노이드 함량과의 관계와 양적으로 유의하다 할 수 있으며, QTL 분석에 표현형 자료로 사용하였다.
- ASTA 지수의 QTL은 4번과 8번 염색체에서 각각 1개와 2개의 QTL이 나타났고, capsanthin의 QTL은 10번 염색체, 총 카로티노이드 함량에 대한 QTL은 8번과 10번 염색체에 있었다 (그림 14, 표 3). 카로티노이드 생합성 관련 유전자 중 전구체 geranylgeranyl diphosphate (GGPP)를 합성하는 효소 GGPPs가 염색체 4번의 6.2Mb (Zunla 유전체 기준)에 위치한다고 알려져 있는데, FC17-ASTA4가 *C. annuum* 유전체 2.6 - 4.3 Mb에 있어 제일 가깝다. 다른 표준 유전체에서의 QTL 위치와 관련 유전체 위치를 확인해볼 필요가 있다.

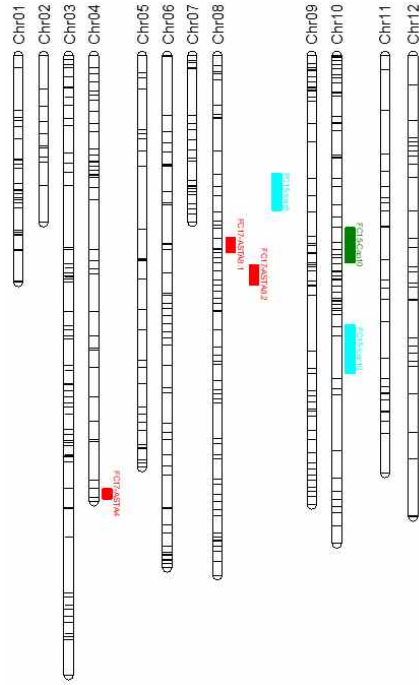


그림 14. 3501 x 3509 집단의 유전자 지도. 빨간색 사각형은 ASTA 지수에 대한 QTL 위치. 하늘색은 총 카로티노이드 함량에 대한 QTL의 위치. 초록색은 Capsanthin 함량에 대한 QTL 위치이다.

표 3. 카로티노이드 색소 함량과 ASTA 지수 QTL 분석 결과

Trait	QTL	Chr.	Location (cM)	LOD	R2 (%)	Additive effect
ASTA(F7:9)	<i>FC17-ASTA4</i>	4	172.7-176.9	3.1	6	-5.9
	<i>FC17-ASTA8.1</i>	8	72.5-78.4	3.3	6.6	6.2
	<i>FC17-ASTA8.2</i>	8	83.4-91.5	4.5	8.9	7.2
Capsanthin	<i>FC15-Cap10</i>	10	68.6-82.7	3.2	7.4	0.2
Total carotenoids	<i>FC15-tcar8</i>	8	47-61.8	3.5	7.7	0.4
	<i>FC15-tcar10</i>	10	107.2-126.9	3.5	8.1	0.4

㉠ 안토시아닌 생합성 조절 기전 구명

1) 과실 안토시아닌 축적 유전자원의 탐색 및 집단 작성

- 안토시아닌은 보라색 색소로써 식물의 여러 조직에서 발현이 된다. 2004년 Borovsky 등의 연구에 의하면 고추의 안토시아닌 합성은 MYB 전사인자인 A 유전자가 관여한다고 알려져 있다. 그러나 보라색 고추 유전자원 중 잎은 녹색이면서 과실에서만 보라색을 보이는 계통 3개를 발견하였다 (그림 15). 보라색 과실을 가진 고추 MAB2 (*C. annuum*)에서 A 유전자가 관여하는지 유전분석을 실시하였다. 미숙과가 녹색인 계통 칠복과 일반 보라색 계통 KC00134, 녹색 계통 MAB1과 보라색 계통인 MAB2에 대해 A 유전자 유전형 검정을 한 결과 KC00134를 제외한 모든 고추에서 녹색 고추의 유전형을 보였다. 이들에 대해 A 유전자의 발현을 보았는데, KC00134만 발현하고, MAB2에서는 발현하지 않는 것을 확인하였다. 따라서 MAB2에서는 A 유전자 이

외 다른 유전인자가 관여하여 안토시아닌 생합성에 영향을 줄 것이라 가정하였다 (그림 16).

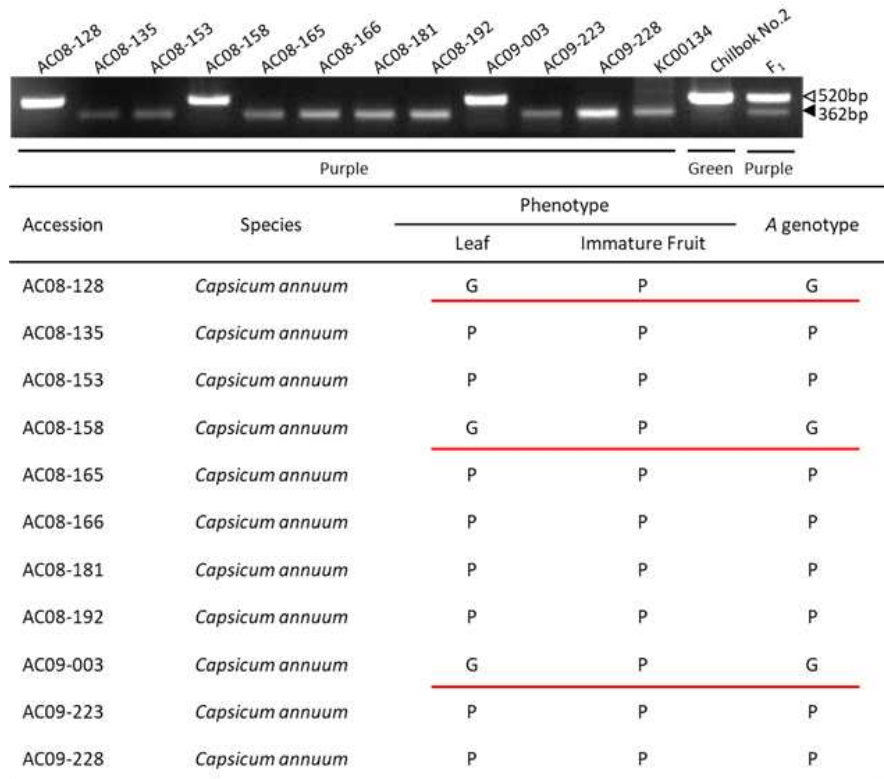


그림 15. 잎은 녹색이면서 과실만 보라색인 고추의 A 유전형 검정

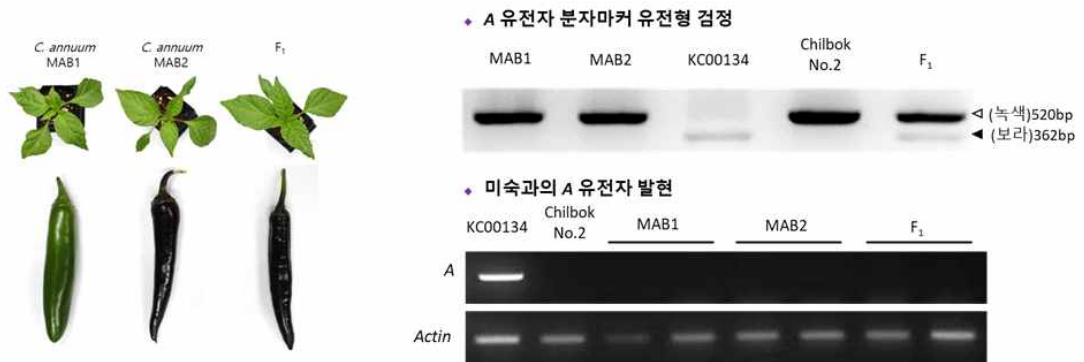


그림 16. 잎은 녹색이면서 과실만 보라색인 MAB2의 A 유전 분석

- 녹색 고추인 MAB1과 보라색 고추인 MAB2를 교배하여 F₂ 집단을 구축하여 연관 지도를 작성하고, 연관 유전자좌를 탐색하였다. GBS로 유전분석을 실시한 결과 총 18342개의 SNP으로 1.2 cM 간격의 1513개의 bin으로 이뤄진 유전자 지도를 작성하였다. 그 결과 10번 염색체에서 연관 유전자좌를 확인하였고, *CaAN3*라 부르기로 하였다.

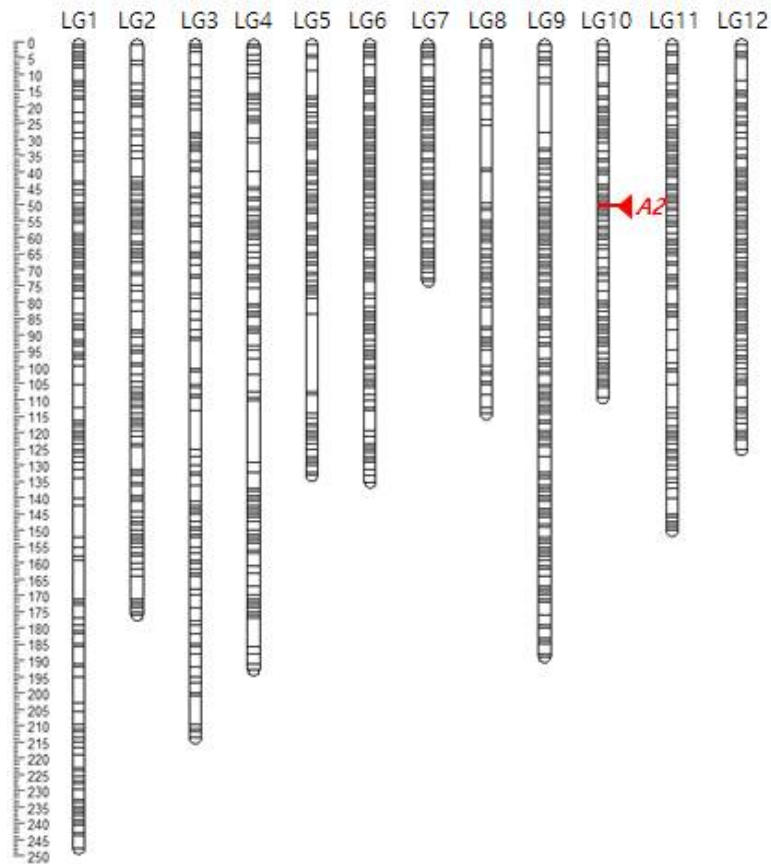


그림 17. MAB1 x MAB2 F2 집단에서 GBS 분석으로 만든 연관지도와 CaAN3의 위치

2) *CaAN3* Fine-mapping 및 연관 분자마커 개발

- 유전자 지도에 ‘MAB1 X MAB2’ F2 분리집단에서의 표현형 정보를 적용하여 과실 특이적 안토시아닌 합성 조절 유전자좌를 탐색하였다. 표현형 결과와 함께 분석한 결과, 과실 특이적 안토시아닌 합성 조절 유전자좌 (*CaAN3*)는 고추의 염색체 10번에 49.6-50.7 cM (MAB_bin55 and MAB_bin39)에 존재함을 알 수 있었다. bin마커를 이용하여 작성한 유전자지도에서 *CaAN3*의 물리적 위치는 29.7-143.4 Mbp로 확인되었다. 이는 기존에 알려져 있던 *CaAN2*가 염색체 10번의 183.0Mbp에 위치하는 것과 약 40Mbp 떨어진 위치이다.

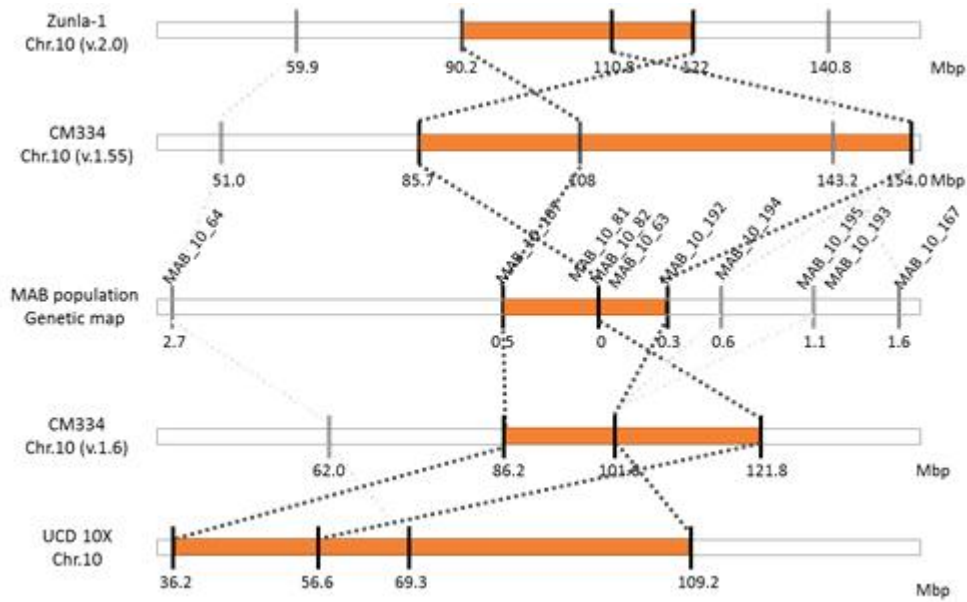


그림 18. 다양한 reference genome을 이용한 CaAn3의 염색체 10번 유전자 지도 및 물리적 위치

- *CaAn3*의 target 지역을 줄이기 위하여 bin마커가 아닌 GBS로 detection한 SNP로 유전자 지도를 다시 작성해보았다. GBS를 이용하여 얻은 SNP들 중 *p-value*가 0.01이상, 모든 개체들에서 얻어진 SNP들만을 이용하여 유전자지도를 다시 작성한 결과, *CaAn3*는 224.0-224.5 cM 지역에 위치함을 알 수 있었다. 이의 물리적 위치를 보면, CM334 v.1.55.를 기반으로 하였을 때, 85.7-154.0 Mbp 지역에 *CaAn3*가 존재함을 알 수 있었다. 다른 고추의 reference 유전체를 이용하였을 때, Zunla-1에서는 90.2-122Mbp, CM334 v.1.6.에서는 101.6-121.8Mbp, UCD 10X에서는 56.6-109.2Mbp에 *CaAn3*가 존재함을 알 수 있었다.
- 유전자 지도 작성에 사용했던 *p-value*가 0.01이상, 모든 개체들에서 얻어진 SNP들 중 *CaAn3*와 유전적 거리가 가깝게 위치한 SNP들을 이용하여 1개의 CAPS 마커와 2개의 HRM 마커를 제작하였다.

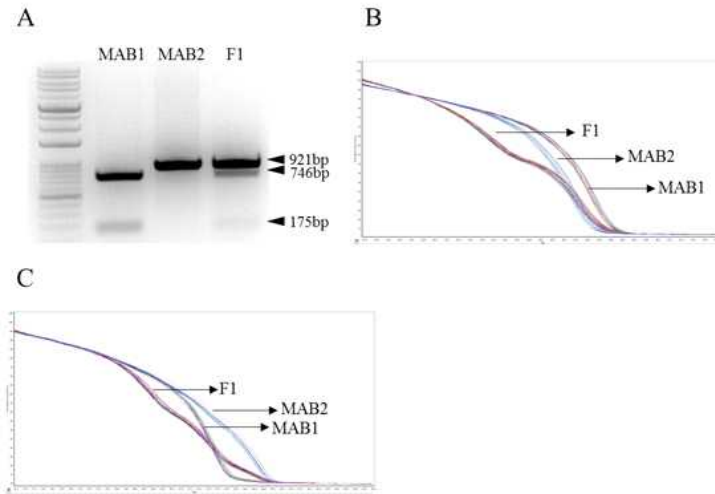


그림 19. MAB_CAPS_10_192 및 MAB_HRM_10_81, MAB_HRM_10_63 마커 다형성 확인 실험

3) *CaAN3* Fine-mapping 위한 일본 자색 고추 집단 활용

- MAB1 x MAB2 F2 집단의 유전자 지도와 함께 일본 자색 파프리카 고추의 F2 집단을 사용하여 *CaAn3* 지역에 유전적으로 가까운 연관 분자마커를 제작하였으며 이를 통해 재조합 개체를 찾았다.



그림 20 일본 자색 파프리카 과실의 표현형 분리

③ 채소육종인력 양성

㉞ 박** - 한국생명공학연구소 (8차년도)

- 2018년 2월부터 8월까지 약 7개월 동안 한국생명공학연구원에서 *BABY BOOM(BBM)* 전사인자의 과발현 고추를 이용한 유전자 편집 기술 도입을 위한 실습을 수행하였다. 네덜란드 종자 기업인 Enza Zaden로부터 *BBM* 형질전환 고추 품종 Ferrari의 종자를 제공 받았고 이를 활용하여 유전자 편집 기술 도입을 위한 형질전환 시스템을 확립하고자 하였다.

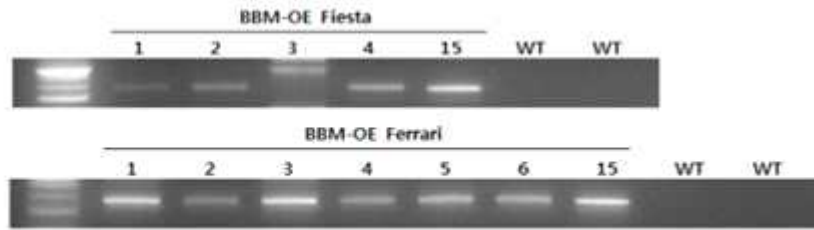


그림 20. *BBM* OE 식물체 및 PCR을 통한 *BBM* 유전자 삽입 확인

- *BBM* 삽입이 된 개체에 형질전환을 통해 CRISPR 관련 유전자를 도입하고자 여러 조건 하에서 형질전환을 시도해보았다.



그림 21 Cas9 유전자 도입을 위한 vector construct

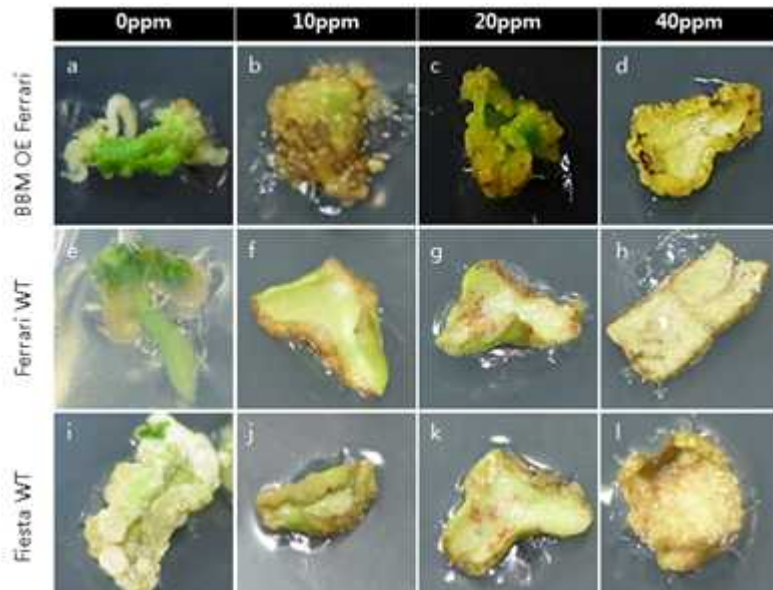


그림 22 농도 별 Hygromycin 배지에 치상 3주 후의 잎 절편

㉞ 강** - 농우바이오 (9차년도)

- 2018년 7월부터 10월까지 약 4개월 동안 농우바이오 박과육종팀에서 현장 인턴교육을 받았다. 호박과 오이를 직접 재배하여 유전자원 탐색, 특성 조사 등을 이론과 병행하여 실습하였다. 유전자원 센터로부터 분양받은 호박 160 계통과 오이 45 계통에 대하여 암꽃 착생 유도를 관찰하였으며, 이외에도 과형, 과색, 흰가루병 저항성 등의 특성을 조사하였다.

㉔ 장**, 김**, 이** - 팜한농 (10차년도)

- 2020년 7월 둘째 주부터 셋째 주까지 세 명의 석사과정 학생들이 팜한농에서 양배추, 토마토, 무, 배추 등의 여러 작물의 생리를 이해하고 품종 개발 실무를 경험하였으며 더불어 병저항성 마커나 약배양 등을 활용하여 생명공학 기술을 적용한 육종 과정을 인턴교육을 진행하였다.



그림 23. Round 형 양배추를 관찰하는 모습

㉕ 염** - 농우바이오 (10차년도)

- 2020년 8월부터 10월까지 약 3개월 동안 농우바이오 토마토육종팀에서 현장 인턴교육을 진행 중이다. 농우바이오 채용 방법의 변화로 인하여 취업 희망자를 우선 인턴교육을 실시하여 인적성 테스트를 현장 업무와 연계하는 프로그램을 진행하였다. 이에 본 센터 사업 관련 학생이 3개월 동안 현장 업무를 인턴교육으로 진행하였다.

(3) 제 3-1 협동과제 : 고품질 가지과 과채류 육종계통 육성, 품종개발 지원 및 인력양성

과제번호	제 (3-1)세부과제					
세부 연구과제명	국문	고품질 가지과 과채류 육종계통 육성, 품종개발 지원 및 인력양성				
	영문	Development of high quality breeding lines by molecular breeding in Solanaceae fruits and Education				
세부 연구책임자	한글성명	이제민	영문성명	Lee, Je Min	과학기술인 등록번호	
	소속기관	경북대학교	부서명 (학과명)	원예과학과	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도(공동연구)	3차년도(공동연구)	합계	
	정부출연금	65,000			65,000	
	기업부담금	17,875			17,875	
	기타					
	합계	82,875			82,875	
참여연구인력 (단위:명)	세부과제책임자	책임급		선임급	원급이하	합계
	1	1		2	11	15

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표									
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과			인력양성			정책활용·홍보		인턴교육
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용	홍보전시	
												SCI	비SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	명	명				
가중치																				
최종목표	3	1	6	3	0							3	6	6	17	4	7			11
1단계	목표			2	1							0	3	0	6	0	0			3
	실적			2	0							3	0	2	6	1	3			6
2단계	목표	1		4	2							1	3	3	4	3	3			5
	실적	2		4	2	8						6	0	21	7	2	18			10
3단계	목표	2	1		1	1						2		3	7	1	4			3
	실적	2	2		0	0						2		0	9	1	7			3
최종	목표	3	1	6	3	0						3	6	6	17	4	7			11
	실적	4	2	6	2	8						11	0	24	22	4	28			19

① 논문게재 성과

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2019	Genetic variations underlying anthocyanin accumulation in tomato fruits	Anh Thang Vu	Je Min Lee		EUPHYTICA	215	국외	SCI
2017	Resistance to <i>Phytophthora capsici</i> , Restorer-of-fertility Genotype for Cytoplasmic Male Sterility and Chemical Quality Components of Breeding Lines Developed for Improvement of Subicho, a Land Race of Pepper in Yeongyang	Muhammad Irfan Siddique	김병수	Khin Pa Pa Wai, Hwang-Sung Mo, Hee-Ju Yoo, Kil-Su Jang, Su-Gyeong Jeon, Ji-Eun Hwang, Byung-Soo Kim	HORTICULTURAL SCIENCE and TECHNOLOGY	35(6)	국내	SCI
2020	First Report of Phytophthora Leaf Blight and Vine Rot of Kudzu (<i>Puerarialobata</i>) in Korea	Byung-Soo Kim	김병수	Khin Pa Pa Wai, Muhammad Irfan Siddique, Hwang-Sung Mo, HeeJu Yoo, HeeSuk Kim, and Seung-Beom Hong	식물병연구 Res. Plant Dis.	26(2): 109-115 (2020)	국내	비SCI

② 특허 성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2018.01.29	프로라이코펜 고함유 토마토 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대산학협력단	대한민국	10-2018-0010538	2019.08.05	프로라이코펜 고함유 토마토 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대산학협력단	대한민국	10-2008607-00-00
2017.11.29	갈색 고추 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대산학협력단	대한민국	10-2017-0161313	2019.05.23	갈색 고추 판별용 분자표지 및 이의 용도	경북대산학협력단	대한민국	10-1983907-00-00

(나) 정성적 성과

구분		연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도	<ul style="list-style-type: none"> - 기능성 라이코펜 고함유 육종계통 선발 및 계통 특이적 분자표지 개발 - 다양한 과색 형질 유전자원 수집 - 신규 과색 형질 육종기반 확립 - 고추 대목 품종 산업화 탐색 	<ul style="list-style-type: none"> - 기능성 라이코펜 육종계통 수집 - HPLC를 통한 기능성 라이코펜 고함유 계통 선발 - 기능성 라이코펜 계통 특이적 분자표지 개발 - 토마토 신규 과색 계통 유전자원 수집, 선발, 분리집단 작성
	2차년도	<ul style="list-style-type: none"> - 노란색 과색형질 결정 분리 집단 작성 및 유전 분석 - 줄무늬색 과색형질 결정 분리 집단 작성 및 유전 분석 	<ul style="list-style-type: none"> - 과색 형질 분리 F2 집단 작성 및 관련 형질 유전 분석 - 분리집단 무부분의 HPLC를 통한 색소 분석 및 기타 정밀 형질 분석
	3차년도	<ul style="list-style-type: none"> - 노란색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발 - 줄무늬색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발 	<ul style="list-style-type: none"> - 분리집단에서의 유전체 기반 형질 연관 분자표지 선발 - 분자표지를 이용하여 분리집단에서 연관지도 작성 - 연관지도 및 유전체 기반 형질 결정 후보유전자 탐색

(다) 기타 주요연구 성과 (자유 기술)

① 기능성 라이코펜 고함유 육종계통 선발 및 계통 특이적 분자표지 개발

- 기능성 라이코펜 고함유 계통으로써 prolycopene 고함유 9 계통(그림 1)을 수집하여 5 계통에서 이들의 carotenoid 함량을 분석한 결과 모든 계통에서 prolycopene의 함량이 많은 것을 확인하였다(표 1).



그림 1. Prolycopene 고함유 토마토 계통

표 1. 기능성 라이코펜 고함유 계통의 카로티노이드 함량

	Phytoene	Phytofluene	Lutein	Prolycopene	<i>trans</i> -Lycopene
tangerine 1	19.94 ± 2.33	11.11 ± 1.17	1.20 ± 0.08	42.36 ± 4.03	2.92 ± 0.49
A	37.88 ± 3.15	20.75 ± 1.73	1.15 ± 0.05	52.12 ± 3.99	1.82 ± 0.14
B	40.81 ± 2.45	23.53 ± 1.47	0.95 ± 0.07	42.83 ± 3.08	0.28 ± 0.28
tangerine 2	25.13 ± 1.69	15.19 ± 1.14	3.76 ± 0.07	53.44 ± 3.53	2.48 ± 0.07
tangerine 3	63.84 ± 2.30	36.82 ± 1.56	3.61 ± 0.08	73.91 ± 3.07	7.08 ± 0.51

- 기존에 보고된 논문에서 prolycopene은 *CRTISO*에서 promoter 지역과 첫 번째 엑손부터 첫 번째 인트론에걸치는 지역의 deletion에 의해 조절됨을 보고하였으며 이를 판별할 수 있는 INDEL 분자표지를 개발하여 9 계통에 적용해 본 결과 7 계통에선 promoter 지역의 deletion이 관찰 된 반면 2 계통에서는 대조구와 같은 양상을 보여 *CRTISO*에 deletion이 존재하지 않을 것으로 예상된다(그림 2). 시판품중 cispene의 경우 *CRTISO*의 promoter 지역에 deletion이 있음을 확인하였다.

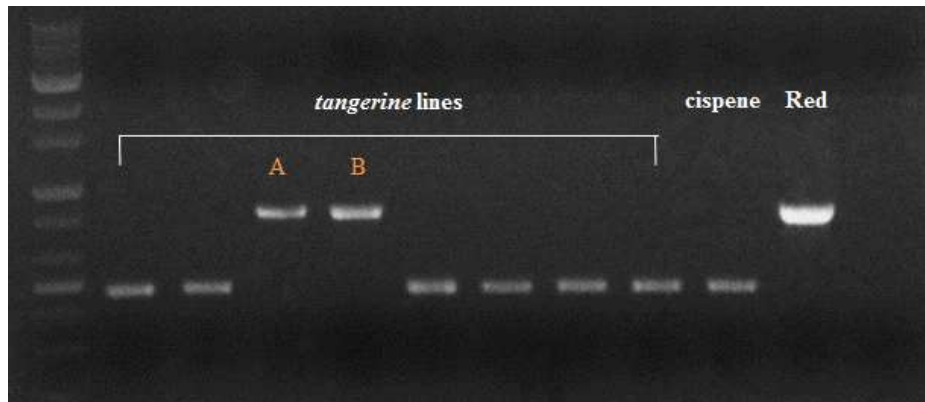


그림 2. *CRTISO* 유전자의 promoter 내 deletion 확인

- 이 3 계통의 *CRTISO* 유전자 염기서열을 분석 한 결과 각 계통마다 다른 계통 특이적인 SNP가 발견되었다(그림 3).

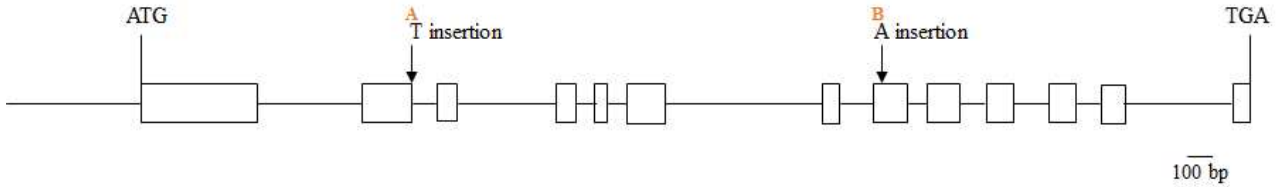


그림 3. 계통 A와 B의 *CRTISO* 내 새로운 염기서열 변이 및 위치

- A 계통의 경우 2번 엑손의 198 bp에 nucleotide (Thymine, T) 하나가 이입되어 아미노산 서열의 frame-shift로 인해 총 616 개의 아미노산 중 231 번째 아미노산에서 조기종결 코돈이 형성되는 것이 확인되었다.
- B 계통의 경우 *CRTISO*의 여덟 번째 엑손 34 bp 위치에서 nucleotide(Adenine, A) 하나가 이입되어 아미노산 서열의 frame-shift로 인해 419 번째 아미노산 서열에서 조기종결 코돈이 형성된다.
- 이를 바탕으로 A 계통과 B 계통을 각각 판별할 수 있는 dCAPS 분자표지를 개발하였고, 다른 계통들과 함께 적용하여 이용가능성을 확인하였다(그림 4, 그림 5).
- A 계통과 B 계통의 *CRTISO* 아미노산 서열을 비교했을 때 조기종결 코돈이 생기는 것을 확인할 수 있었으며 이는 *CRTISO* 유전자의 발현이나 효소의 활성화에 영향을 주어 prolycopene 합성에 밀접한 연관이 있을 것으로 예상된다(그림 6).

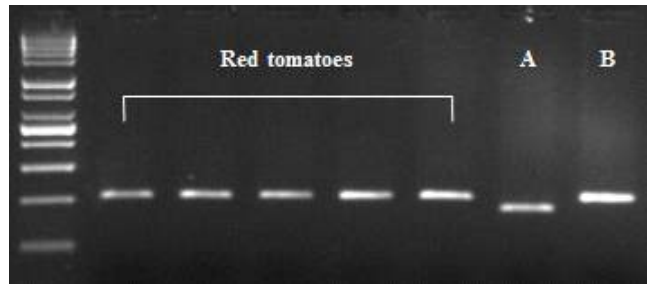


그림 4. A 계통 특이적 dCAPS 마커 개발

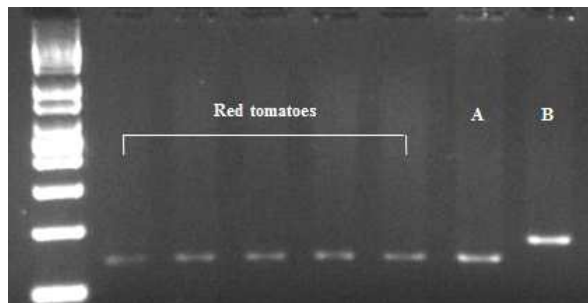


그림 5. B 계통 특이적 dCAPS 마커 개발

```

      *      20      *      40      *      60      *      80      *     100
CRTISO : MCTLSMFNSLLDGTCTVALGDSRPRYNKQSSCFDPLIIGNCTDQQQLCGLSWGVDKAKRRGGTVSNLKAUVVDKRVESYGSSDVEGNSGSYDA
A : MCTLSMFNSLLDGTCTVALGDSRPRYNKQSSCFDPLIIGNCTDQQQLCGLSWGVDKAKRRGGTVSNLKAUVVDKRVESYGSSDVEGNSGSYDA
B : MCTLSMFNSLLDGTCTVALGDSRPRYNKQSSCFDPLIIGNCTDQQQLCGLSWGVDKAKRRGGTVSNLKAUVVDKRVESYGSSDVEGNSGSYDA

      *      120     *      140     *      160     *      180     *     200
CRTISO : IVIGSGIGGLVAATQLAVGAKVVLVLEKYVIPGSSGFYERDGYKFDVSSVMFSGDKGNLITCALAAVGRKLEVIPDPTTVHFLPNLQVRIHRE
A : IVIGSGIGGLVAATQLAVGAKVVLVLEKYVIPGSSGFYERDGYKFDVSSVMFSGDKGNLITCALAAVGRKLEVIPDPTTVHFLPNLQVRIHRE
B : IVIGSGIGGLVAATQLAVGAKVVLVLEKYVIPGSSGFYERDGYKFDVSSVMFSGDKGNLITCALAAVGRKLEVIPDPTTVHFLPNLQVRIHRE

      *      220     *      240     *      260     *      280     *     300
CRTISO : YDDFIEELVSKFPHEKEGIIKPYSDWETFNLSLSTKQSLSEPTIYLEGQFFRPLECLTAYLPCNAGSIARXYRDRGLLQFDIAEGFIVTQVNALC
A : YDDFIEELVSKFPHEKEGIIKPYSDWETFNLSLSTKQSLSEPTIYLEGQFFRPLECLTAYLPCNAGSIARXYRDRGLLQFDIAEGFIVTQVNALC
B : YDDFIEELVSKFPHEKEGIIKPYSDWETFNLSLSTKQSLSEPTIYLEGQFFRPLECLTAYLPCNAGSIARXYRDRGLLQFDIAEGFIVTQVNALC

      *      320     *      340     *      360     *      380     *     400
CRTISO : FEMINASVLCDRHFGGIIYFVGGVGEIARSEANGLEDHGGQILYRANVTSEILGCKAVGVKESGGRFYAKTIVSNATRWOTFORLLKAENLPPQREN
A : FEMINASVLCDRHFGGIIYFVGGVGEIARSEANGLEDHGGQILYRANVTSEILGCKAVGVKESGGRFYAKTIVSNATRWOTFORLLKAENLPPQREN
B : FEMINASVLCDRHFGGIIYFVGGVGEIARSEANGLEDHGGQILYRANVTSEILGCKAVGVKESGGRFYAKTIVSNATRWOTFORLLKAENLPPQREN

      *      420     *      440     *      460     *      480     *     500
CRTISO : QKRAYVAPSLSIKQVKAQVLPDPTDCHHFVLEDWNLKPYGSIPLSIPTVLDSSLAPEGRHILHIFTTSSIEDWGLSPKRYEARKEVVAEIIIS
A : QKRAYVAPSLSIKQVKAQVLPDPTDCHHFVLEDWNLKPYGSIPLSIPTVLDSSLAPEGRHILHIFTTSSIEDWGLSPKRYEARKEVVAEIIIS
B : QKRAYVAPSLSIKQVKAQVLPDPTDCHHFVLEDWNLKPYGSIPLSIPTVLDSSLAPEGRHILHIFTTSSIEDWGLSPKRYEARKEVVAEIIIS

      *      520     *      540     *      560     *      580     *     600
CRTISO : BLENTLFPGLRSSILFVEVGTPKTHRRYLARDSTYGMPRGTPRGLLGMFNTTAIDGLYCVGDCSCFPGGQVIAVAFSGVMCAHRVAALGFERRKSDVL
A : BLENTLFPGLRSSILFVEVGTPKTHRRYLARDSTYGMPRGTPRGLLGMFNTTAIDGLYCVGDCSCFPGGQVIAVAFSGVMCAHRVAALGFERRKSDVL
B : BLENTLFPGLRSSILFVEVGTPKTHRRYLARDSTYGMPRGTPRGLLGMFNTTAIDGLYCVGDCSCFPGGQVIAVAFSGVMCAHRVAALGFERRKSDVL

      *
CRTISO : DSALLRLGLWLRTLA : 615
A : ----- : -
B : ----- : -

```

그림 6. A, B 계통의 *CRTISO* 아미노산 서열 비교

② 노란 과색형질 결정 분리집단 작성, 유전분석 및 분자표지 개발

○ 숙과에서 노란색 표현형을 갖는 토마토 신규 과색 계통을 수집 (그림 7), 카로티노이드 함량을 분석한 결과 전체 카로티노이드 함량이 빨간색 토마토보다 적은 것을 확인하였다(표 2). 노란색의 신규 과색 계통이 노란색 숙과를 가지는 *yellow-flesh*와 카로티노이드 함량이 유사한 것을 확인하였으며, 이를 통해 노란색의 신규 과색 계통은 *yellow-flesh*의 과색을 조절한다고 알려진 *PSY1*의 변이를 가질 것이라고 예상된다.



그림 7. 숙과에서 노란색 표현형을 갖는 토마토 신규 과색 계통

표 2. 노란색 수집 계통의 카로티노이드 함량

	Total carotenoids	Phytoene	Phytofluene	<i>trans</i> -lycopene	γ -Carotene	β -Carotene	Lutein
Yellow	4.48 \pm 0.90	N.D.	N.D.	0.24 \pm 0.24	N.D.	3.54 \pm 0.59	0.70 \pm 0.06
Red	188.68 \pm 32.68	7.90 \pm 1.18	5.44 \pm 1.20	148.95 \pm 26.68	8.50 \pm 1.77	7.86 \pm 0.80	5.39 \pm 0.56

- 카로티노이드 생합성 경로에 관여하는 유전자뿐만 아니라 토마토 과실의 성숙에 관여하는 전사인자의 변이에 의해서도 토마토의 과색이 조절되는데, 이러한 전사인자의 변이를 가지는 토마토는 경도가 강한 숙과를 가진다고 보고되었다. 노란색 신규 계통의 과색이 성숙에 관여하는 전사인자에 의해 조절되는지 확인하기 위해 노란색의 신규 계통과 빨간색 계통의 경도를 확인한 결과, 차이가 없음을 확인하였다(그림 8). 이를 통해 노란색 신규 계통은 성숙 과정의 결함이 아니라 카로티노이드 축적의 결함을 가질 것으로 예상된다.

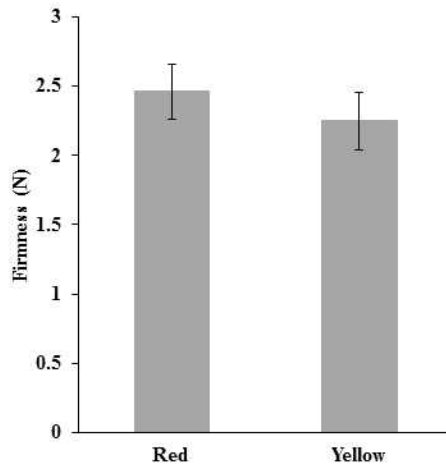


그림 8. 빨간색 계통과 노란색 계통의 경도 비교

- 수집한 노란색 토마토에서 대표적인 노란색 토마토인 *yellow-flesh*의 과색을 조절한다고 알려진 *PSY1*의 염기서열 분석을 실시하였으나, 변이가 존재하지 않는 것을 확인하였다(그림 9). 프로모터 2 kb 지역에서의 염기서열 분석 결과 마찬가지로 변이가 존재하지 않았다(그림 10).

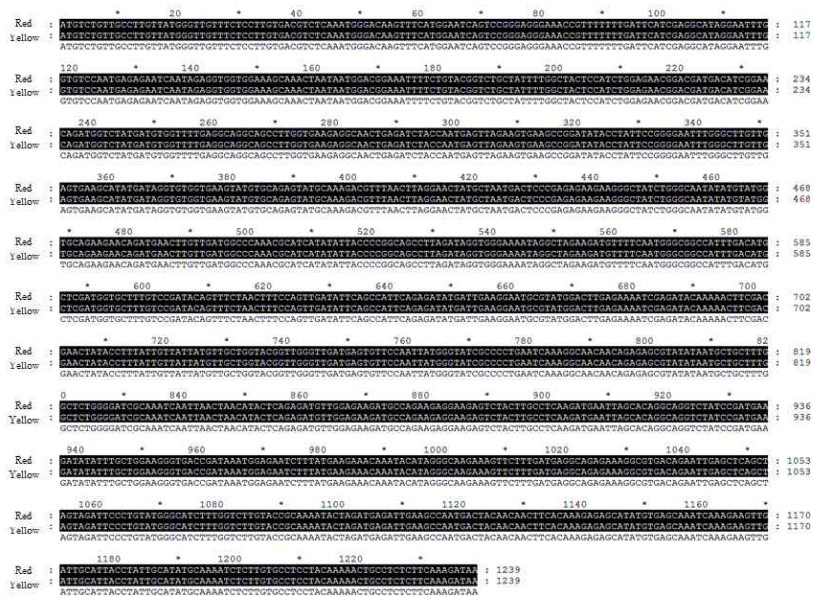


그림 9. 빨간색 계통과 노란색 신규 계통의 *PSY1* 암호 영역의 염기서열 분석

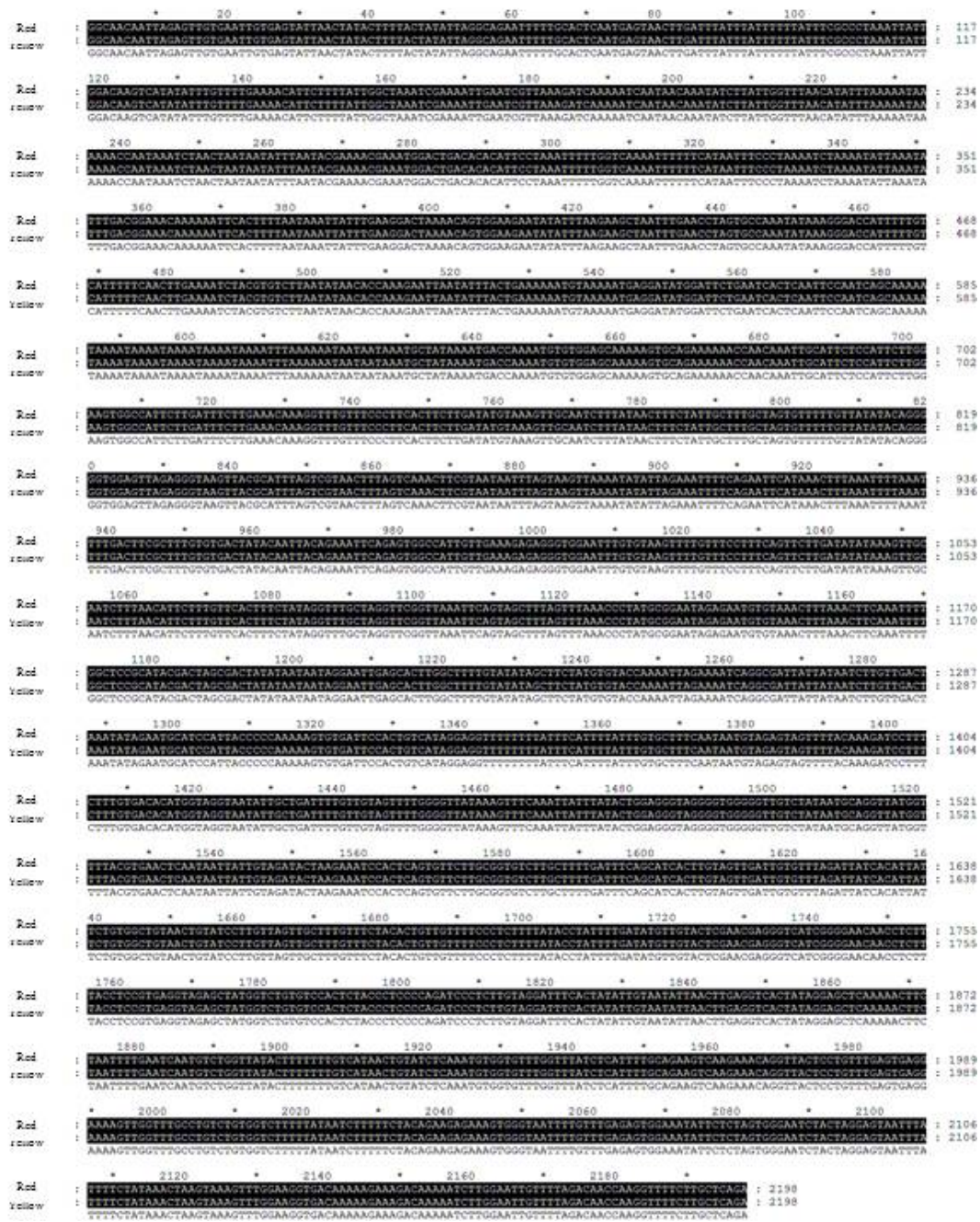


그림 10. 빨간색 계통과 노란색 신규 계통의 PSY1 프로모터 지역의 염기서열 분석

- *S. pimpellifolium*과 다형성을 보이는 InDel 마커 30여 개를 신규 개발하여 노란색 형질과 연관분석을 실시하여 유전자 지도를 작성하고, 연관 마커를 개발하였다. 연관 마커는 *PSY1*과 연관된 결과를 보였으며, 고밀도 유전자 지도 작성을 위해 추가적으로 *PSY1*에 특이적인 dCAPS 마커를 개발하고, 유전자 지도를 작성한 결과, 노란색 형질은 *PSY1*과 공동분리 되는 것을 확인하였다(그림 11).
- *PSY1*에 특이적인 마커를 *S. pimpellifolium*과 교배하여 얻은 F2 집단(그림 12)에 적용한 결과, 1:2:1의 비율로 분리하는 것을 확인하였으며, F2 집단에서 빨간색과 노란색이 3:1의 비율로 분리하는 것을 확인하였다(표 3). 이에 따라 노란색은 열성 형질로 확인되었으며, 이전 실험 결과에서 노란색 신규 계통에서 *PSY1*의 변이가 없

있던 것과 다르게, 노란 과색 형질은 *PSY1*과 공동분리 되었으며, *PSY1*의 분석되지 않은 3'-UTR의 염기서열 부분을 분석하였다.

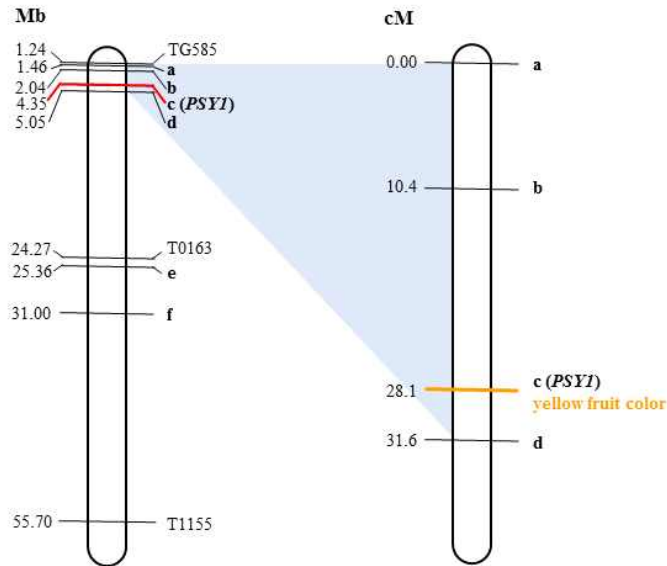


그림 11. 노란색 과실 형질의 연관지도 작성

표 3. 노란 과실 형질분리 F2 집단 내 유전분석

	Expected ratio	Observed frequency	χ^2 -test	<i>p</i> -value
Phenotype	3 : 1	179 (red) : 56 (yellow)	0.17 ^{ns}	0.9178
Genotype	1:2:1	69 (-/-):110 (-/):56 (//)	2.40 ^{ns}	0.3018

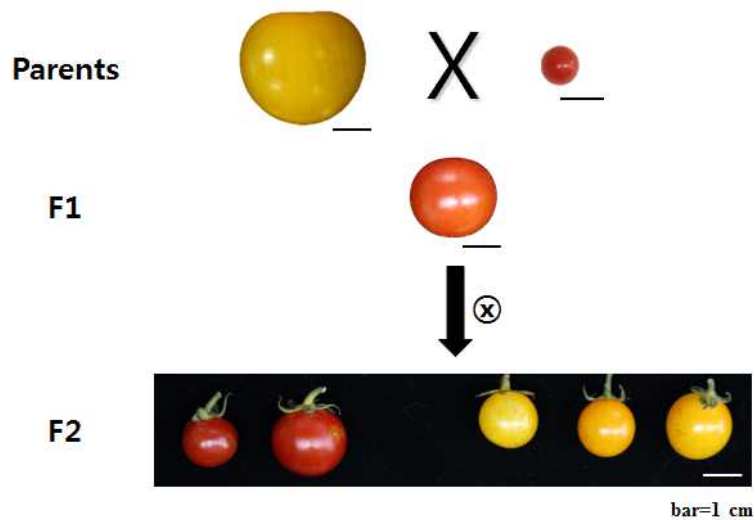


그림 12. 수집한 노란색 계통과 *S. pimpinellifolium*을 양친으로 한 분리집단

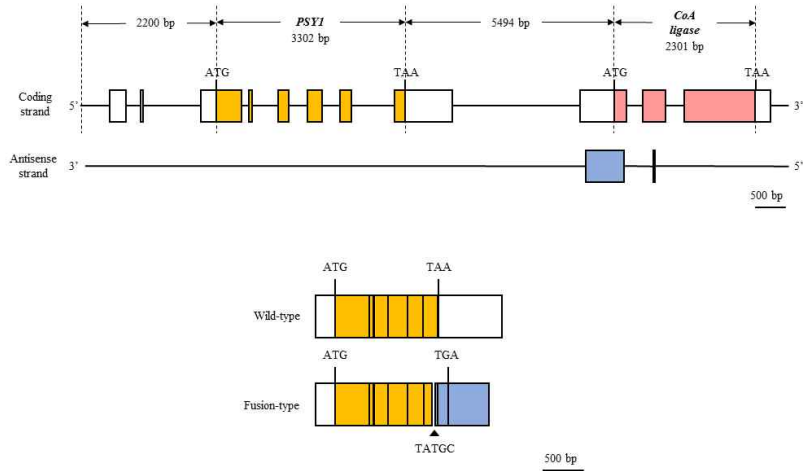


그림 13. 노란색 과실 계통의 두 종류의 PSY1 전사물 구조

- *PSY1*의 변이를 확인하기 위해 3'-UTR의 염기서열을 분석한 결과, 두 종류의 전사물 (Wild-type, Fusion-type)을 확인하였다. Wild-type은 빨간색 토마토의 *PSY1* 전사물과 염기서열이 일치한 반면에, Fusion-type은 3'-end에 *CoA ligase*의 주형가닥 염기서열이 결합하고 새로운 염기서열 (TATGC)이 삽입되어 빨간색 토마토 계통과 다른 염기서열을 나타냈다(그림 13). Fusion-type은 *PSY1* DNA 가닥과 *CoA ligase* 주형 가닥의 *trans*-splicing에 의해 발생한 것으로 예상된다.
- 노란색 토마토 계통에서 두 종류의 *PSY1* 전사물 염기서열을 분석한 결과 3'-말단에서 염기서열의 차이를 보였으며, 이에 따라 *PSY1* C-말단에서 아미노산 서열의 차이가 나타났다. Wild-type과 Fusion-type은 각각 412, 432개의 아미노산을 가지는 것을 확인하였으며, Fusion-type은 C-말단의 25개의 아미노산이 45개로 치환되었으며, *PSY1*의 *trans*-isoprenyl diphosphate (*trans*-IPP-HH) 도메인에서 두 개의 라이신이 아스파라진과 메티오닌으로 치환된 것을 확인하였다(그림 14).

Wild-type	GAATTGAGCTCAGCTAGTAGATTCCCTGTATGGGCATCTTTGGTCTTGTACCGCAAAATACTAGATGAGATTGAAGCCAATGACTACAACAACCTTCACAAAGAGAGCATATGTGAGCAAA	1157
	E L S S A S R F P V W A S L V L Y R K I L D E I E A N D Y N N F T K R A Y V S K	386
Fusion-type	GAATTGAGCTCAGCTAGTAGATTCCCTGTATGGGCATCTTTGGTCTTGTACCGCAAAATACTAGATGAGATTGAAGCCAATGACTACAACAACCTTCACAAAGAGAGCATATGTGAGCAAA	1157
	E L S S A S R F P V W A S L V L Y R K I L D E I E A N D Y N N F T K R A Y V S K	386
	↓	
Wild-type	TCAAAAGAAGTTGATTGCATTACCTATTGCATATGCAAAATCTCTTGTGCCTCCTACAAAACCTGCCTCTCTTCAAAGTTAAAGCATGAAATGAAGATATATATATATATATATAGCAA	1277
	S K K L I A L P I A Y A K S L V P P T K T A S L Q R +	412
Fusion-type	TCAAAATAGCTCAAGGGACTTTTAGCAATTTCAAGGGATCGAAGAGAGGAAGCAACGCGACAACAACGCTCGTAGGTTGGCTCCATGTGAAACGTACATTGCCATAGATGATAGAGGT	1277
	S N M L K G L F S N F K G S K R G S N A T T T L V G L A P C E T Y I A I D D R G	426
Wild-type	TATACATTAGAAGAAAAAAGGAAGAAATGTTGTTGATTGATATAAATGTATATCATAAATATTAGGTTGTAGTAACATTCATATAATTATCTCTGTAGTGTGTATCTTCAC	1397
Fusion-type	CCTATTGGCATAACATTTTGAAGGCTCTTGTAAAGAGGTAAGAGGAGTTAAAGACACATAATTTGCTCCACATTTTGGTAAATTATCCATAGGATTATTAAGTAAAAAGTTGTGTTTTT	1397
	P I G I T F +	432

그림 14. 노란 과색 계통의 두 종류의 PSY1 전사물 아미노산 서열

- 노란색 토마토 계통에서 발견된 두 종류의 *PSY1* 전사물 (Wild-type, Fusion-type)과 14개의 다른 식물 종의 *PSY* 아미노산 서열을 비교한 결과, *PSY*의 *trans*-isoprenyl diphosphate (*trans*-IPP-HH) 도메인에서 *PSY1*의 Wild-type과 14 종의 식물은 두 개의 라이신을 가지는 반면에 Fusion-type은 두 개의 라이신이 각각 아스파라진과 메티오닌으로 치환된 것을 확인하였다(그림 15). 이를 통해, *trans*-IPP-HH 도메인에 위치한 두 개의 라이신 잔기가 *PSY1*의 기능에 중요할 것으로 예상되며, 이 부분에 변이를 가지고 있는 Fusion-type은 *PSY1*의 활성을 가질 수 없을 것으로 추측된다.

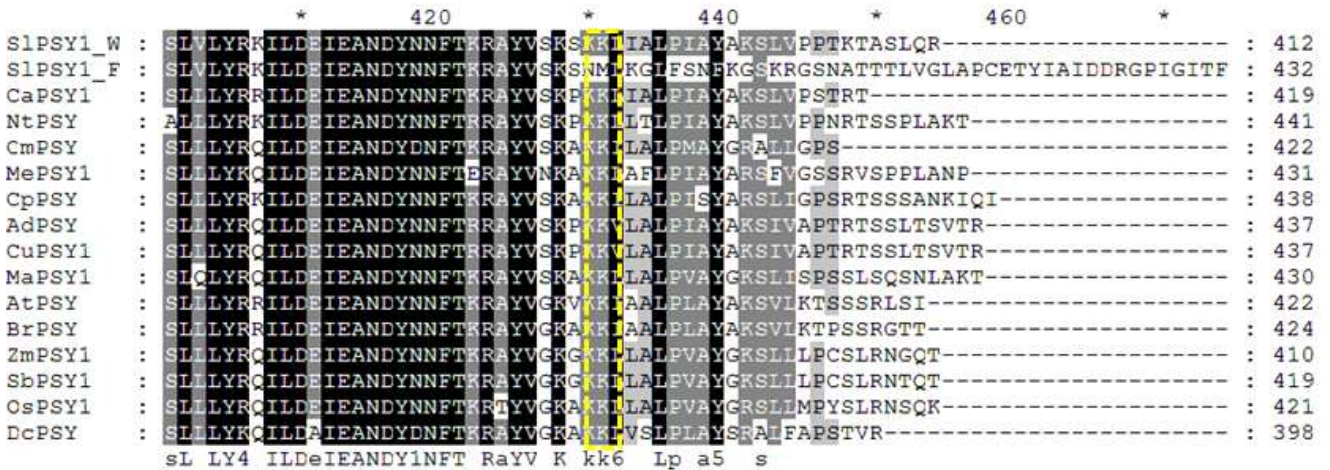


그림 15. 노란색의 토마토 계통과 다른 식물 종의 *PSY* 아미노산 염기서열 비교

- 노란색 토마토 계통에서 발견된 두 종류의 *PSY1* 전사물 (Wild-type, Fusion-type)의 발현을 qRT-PCR을 통해 빨간색 계통과 노란색 계통의 토마토에서 확인함. Wild-type은 빨간색 계통에서 보다 노란색 계통에서 발현이 유의하게 낮은 것을 확인하였다. 반면에, Fusion-type은 노란색 형질의 신규 계통 (Y-2)에서만 발현하고, 다른 노란색 계통과 빨간색 토마토 계통에서는 발현하지 않았다. 이를 통해 Fusion-type은 노란색의 신규 계통에서만 발견되는 *PSY1* 전사물일 것으로 예상됨. 또한 노란색 형질의 신규 계통 (Y-2)에서 Fusion-type이 Wild-type보다 더 높게 발현하였으며, Fusion-type과 Wild-type은 *PSY1* 염기서열의 일부분을 공유하기 때문에 노란색 형질의 신규 계통 (Y-2)의 변이가 Wild-type의 발현에 영향을 미칠 것으로 예상된다(그림 16).

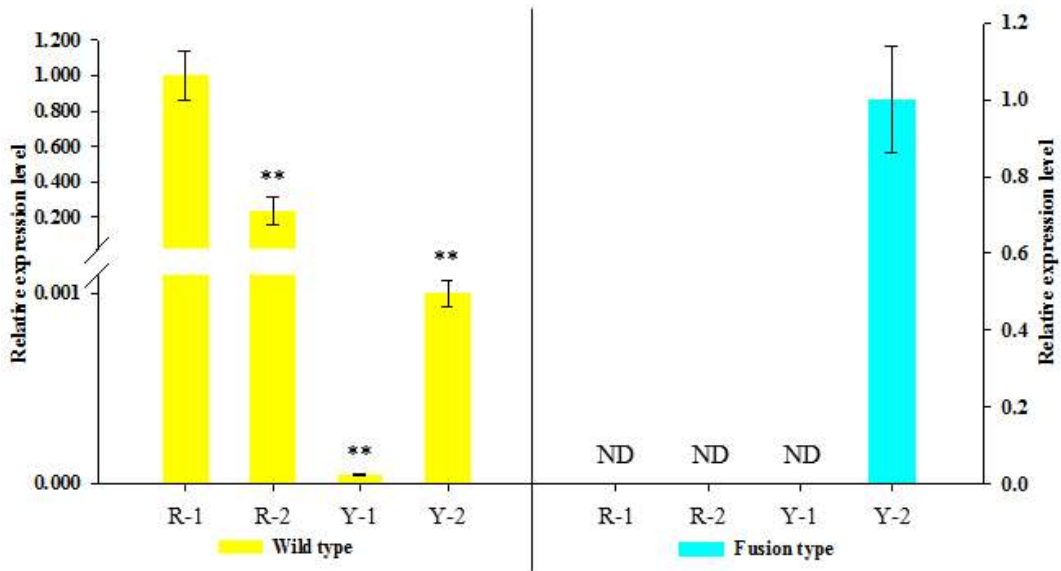


그림 16. 빨간색 계통과 노란색 신규 계통의 PSY1 두 전사물의 발현 비교

- A간색 계통과 노란색 신규 계통에서 *PSY1*을 제외한 카로티노이드 생합성 유전자의 발현을 분석하였다. *β-carotene hydroxylase 2 (CrtRb)* 유전자를 제외한 모든 유전자가 빨간색 계통 보다 노란색 형질의 신규 계통에서 유의하게 낮게 발현함을 확인하였다. 이를 통해, *PSY1*의 변이에 의해 Wild-type의 발현이 낮아지면서 카로티노이드 생합성 경로의 흐름에 영향을 미치고, 노란색 신규 계통에서 카로티노이드 함량이 낮은 노란색 과실 형질을 보일 것으로 추측된다(그림 17).

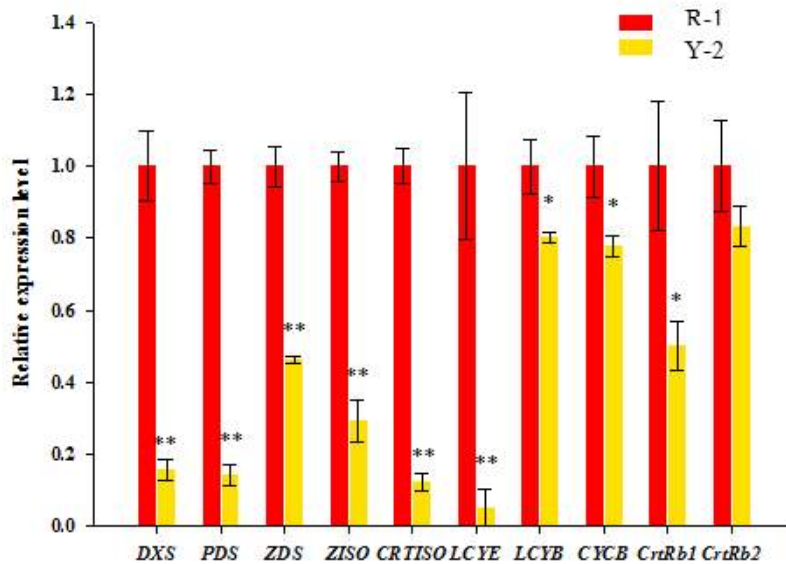


그림 17. 빨간색 계통과 노란 신규 과색 계통의 카로티노이드 생합성 유전자의 발현 비교

③ 줄무늬 과색 형질 결정 분리 집단 작성, 유전 분석 및 분자표지 개발

㉞ 줄무늬 과색 형질 유전자원 수집 및 형질 조사

- 줄무늬 과색 (*green stripe, gs*) 형질은 시판 F1 품종에 관련 형질이 도입되고 있으나 선발에 사용되는 분자 표지가 다른 과색 형질들과 달리 개발되고 있지 않으므로 시급한 연구가 필요한 형질이다. 이에 줄무늬 과색을 갖는 LA3682 계통(그림 18)을 재료로 유전 분석 및 분자 표지개발에 사용하였다.

LA3682



그림 18. 줄무늬 과색 유전자원 LA3682

- 줄무늬 과색을 보이는 품종인 유전자원들을 수집하여 과실에서 형질조사를 실시하였다. 미숙과에서 진녹색의 세로 방향 줄무늬가 불규칙적으로 나타나고 숙과에서는 계통에 따라 줄무늬가 녹색 혹은 노란색으로 관찰되었다. 과실의 peel에서만 줄무늬가 나타나며(그림 19), pericarp 등에서는 줄무늬가 나타나지 않았다. 줄무늬는 과실 개체마다 발생 빈도의 차이를 보이거나 불규칙적으로 나타났다. 현재 좀 더 많은 유전자원을 수집중에 있으며, UC Davis의 TGRC와 농촌진흥청 유전자원센터에서 과색 형질 유전자원 계통들을 분양받았다(그림 20).

미니흑수(아시아)



캐딜락(아시아)



IT265305



IT2034507



그림 19. peel 특이적 줄무늬 과색 형질



Schimmeig creg

Tigrovyi

Huang wucai

Hei fei

Wucai fanqie



Nanshan hua
piqiu

Huang Xiang Jiao
Fan Qie



그림 20. 줄무늬 과색 유전자원 수집 및 형질 확인

㉔ 줄무늬 형질 연관 지도 작성 및 유전자좌 위치 특정

- 문헌상으로 7번 염색체 short arm에 *gs* 유전자좌가 위치한다고 보고되었으므로, *S. pimpinellifolium*과 교배하여 F2 집단을 작성하여 유전분석 및 연관지도 작성에 사용함 (그림21). 예상대로 줄무늬 과색 형질은 열성으로 나타났다(표 4).
- *S. pimpinellifolium*과 다형성을 보이는 INDEL 혹은 dCAPS 분자 마커들을 제작하여 줄무늬 형질 유전자원 *S. lycopersicu*, ‘LA3682’ 와 *S. pimpinellifolium* 계통인 ‘LA1589’ 를 교배한 F2 집단에서 연관분석을 실시한 결과 이 유전자좌는 문헌상과 다르게 7번 염색체 short arm이 아닌 long arm에 위치하며, 한 개의 분자 표지가 줄무늬 형질과 아주 가깝게 연관되어 있음을 확인하였다. 이에 따라 줄무늬 형질 연관 분자 마커를 중심으로 연관 지도를 작성하였다(그림 22, 23)

표 4. 줄무늬 과색 형질 F2 집단 내 유전분석

	Expected ratio	Observed frequency	χ^2 -test	p-value
Genotype	1:2:1	37(-/-) : 51(-/gs) : 24(gs/gs)	3.91 ^{ns}	0.1415
Phenotype	3:1	88 : 24 (gs)	0.76 ^{ns}	0.6832



S. lycopersicum 'LA3682'



S. pimpinellifolium 'LA1589'



F2 개체 대표 과실

그림 21. F2 집단 모부분과 F2 개체 형질별 대표 과실

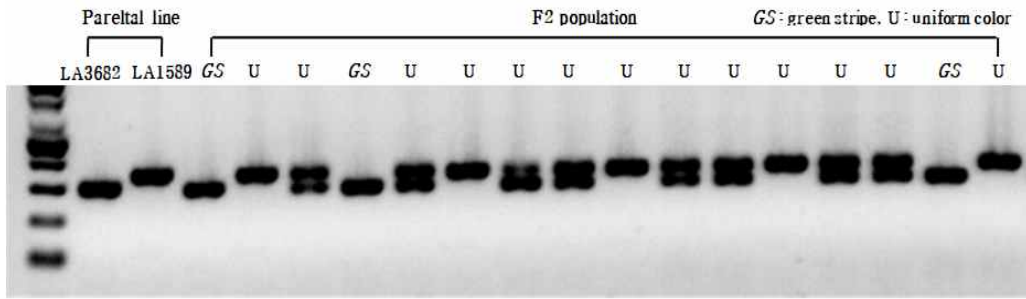


그림 22. 형질유전자지도 작성을 위한 F2 집단내 분자표지 분석

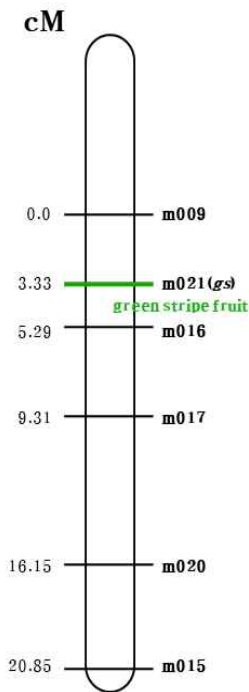


그림 23. 줄무늬 과색 유전자 연관지도 작성

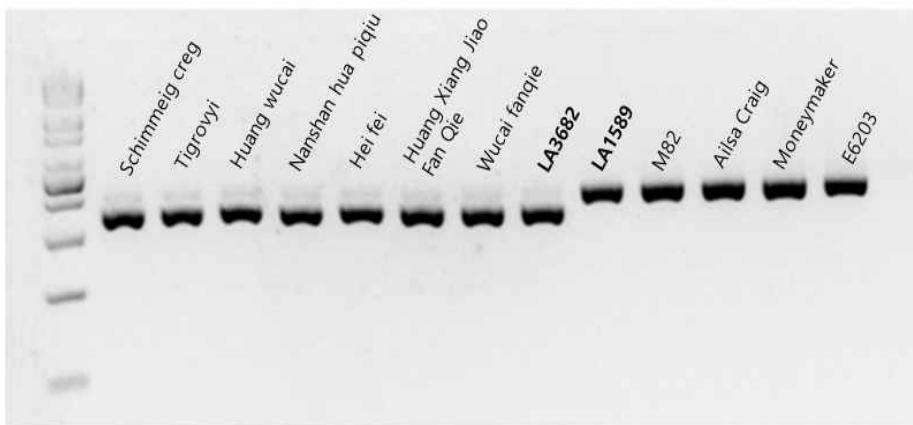


그림 24. 줄무늬 과색 유전자원내 연관 분자 표지

○ 수집한 줄무늬 과색 유전자원들에 줄무늬 형질 연관 마커로 분자표지의 다형성

양상을 확인한 결과 모든 줄무늬 형질 유전자원들에 대해 공통으로 일치한 유전자형을 나타냈다. 줄무늬 형질을 갖지 않는 다른 계통들에서는 유전자형이 줄무늬 계통과 모두 상이하게 나타났다(그림 24).

(4) 제 3-2 협동과제 : Long shelf-life 특성의 유용 유전자원을 활용한
신품종 육성 및 인력 양성

과제번호	제 (3 - 2)협동과제					
세부 연구과제명	국문	Long shelf-life 특성의 유용 유전자원을 활용한 신품종 육성 및 인력 양성				
	영문	Breeding of long shelf-life chinese cabbage cultivars using conventional breeding				
세부 연구책임자	한글성명	임용표	영문성명	Yong Pyo Lim	과학기술인 등록번호	
	소속기관	충남대학교	부서명 (학과명)	원예학과	직위	교수
	전화번호		팩스번호		E-mail	
연구기간	2017년 9월 1일 부터 ~ 2020년 8월 31일 까지 (3년)					
신청 연구개발비 (단위:천원)	구분	1차년도	2차년도	3차년도	합계	
	정부출연금	65,000	65,000	90,000	220,000	
	기업부담금					
	기타					
	합계	65,000	65,000	90,000	220,000	

(가) 정량적 성과

성과지표	사업화지표										연구기반지표										
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술 인증	학술성과			인력양성			정책 활용 홍보		인턴 교육	
	특허 출원	특허 등록	품종 등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문 SCI	비 SCI	학술 발표	석사	박사	취업 인력	정책 활용	홍보 전시		
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건		명	명	명				
가중치																					
최종목표	2	3	1	2								7		1	16	8	5				10
1단계	목표	1										2			5	3	1				3
	실적	3										2			5	3	2				4
2단계	목표	1	2	1								3			8	4	1				4
	실적	1	4									3			10	4	5				8
3단계	목표		1		2	0						2		1	3	1	3				3
	실적	1		1	2	6						1		2	7	3	9				8
최종	목표	2	3	1	2	0						7		1	16	8	5				10
	실적	5	4	1	2	6						6		2	22	10	16				20

① 논문게재 성과

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2018	Comprehensive analysis of CCCH zinc-finger transcription factors in the genome of <i>Brassica rapa</i>	Rameneeni Jana Jeevan	Yong Pyo Lim	Vignesh Dhandapani, Parameswari Paul, Sangeeth Prasath Devaraj, Su Ryun Choi, So Young Yi, Man-Sun Kim, Seongmin Hong, Sang Heon Oh, Man-Ho Oh	Horticulture, Environment, and Biotechnology volume	59	국내	SCI

② 품종출원등록성과

출원된 특허					등록된 특허				
출원연도	특허명	출원인	출원국	출원번호	등록연도	특허명	등록인	등록국	등록번호
2018	원교20049	농촌진흥청	대한민국	출원2018-681					

③ 기술료징수 현황

	기 징수액	당해연도 징수액(원)	향후 징수액	합계(원)
3단계(3년)		3,000,000		3,000,000
3단계(3년)		3,000,000		3,000,000
합계		6,000,000		6,000,000

- 기술이전 및 기술지도 내용

년도	기술이전 내용	대상	기술료(원)
2020	우수 원예형질을 가진 내흔계 계통의 배추류 종자	아시아종묘	3,000,000
2020	우수 원예형질을 가진 내흔계 계통의 배추류 종자	한국종묘	3,000,000

(나) 정성적 성과

구분	연구목표	주요 연구 성과
3단계	1차년도 <ul style="list-style-type: none"> • Long shelf-life 특성의 유용 유전자원 평가 및 유전체 정보를 활용한 분자마커 개발 • 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • Long shelf-life 특성의 유용 유전자원에 대하여 개발된 정량화 평가 방법을 통하여 계통별 성적 산출 • 고득점 계통을 원예 특성 평가 계통으로 선정 • RNAseq 및 Genome Resequencing을 통해 얻은 유전체 정보를 활용하여 계통간의 차이를 확인 • Long shelf-life 특성에 연관된 분자마커를 개발 • 교배육종 인력 인턴십 수행
	2차년도 <ul style="list-style-type: none"> • 고득점 선발 계통의 종자 증식 및 원예 형질 평가 • 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • 정량화 평가 방법을 통해 선정된 고득점 선발 계통의 종자 증식을 수행 • 품종출원을 위해 필요한 종자 생산을 위해 생육 개체를 선정, 재배 • 정량화로 선발된 고득점 선발 계통의 원예 형질을 평가 • 결구포함형 및 잎 자세, 구 중, 구 내부색 등 대비종을 활용한 비교 평가를 수행 • 교배육종 인력 인턴십 수행
	3차년도 <ul style="list-style-type: none"> • 우수 원예 특성 반복 평가 및 품종 출원 • 교배육종 인력 인턴십 수행 	<ul style="list-style-type: none"> • 고득점 선발 계통의 연차 및 지역별 생육 특성을 확인 • 우수 원예 특성의 반복성 확인을 진행하고 품종 출원 • 개발된 분자 마커를 이용하여 관련 업체 및 기관에 필요한 검정 서비스 제공 • 교배육종 인력 인턴십 수행

(다) 기타 주요연구 성과

① Long shelf-life 특성의 유용 유전자원 평가 및 유전체 정보를 이용한 후보유전자 탐색

㉞ 잎의 황화 평가 방법 개발(1차년도)

- 육묘 완료 단계인 4~8 주 개체의 전개 완료된 본엽을 이용하여 상온 조건인 25℃ 에서 암 조건으로 고정된 용기 내에 10 일간 저장하며 잎의 황화를 이미지를 통해 평가하는 것으로 선정하게 되었다. 지름 80 mm 의 페트리 디쉬를 이용하였다. 이때 잎 시료와 함께 여과지 1 매를 삽입하여 시료가 흔들리는 것을 방지하고, 잎의 증산 등으로 발생한 수증기가 잎에 응결되지 않도록 하였다.
- 스캐너를 이용한 이미지 획득이 있다. RGB 수치화 정규화를 진행하게 된다. 수식 ($r = R/(R+G+B)$, $g = G/(R+G+B)$, $b = B/(R+G+B)$) 을 이용하여 색상 정보만을 추출하고 이를 이용하게 된다. RGB 색 공간 모델은 색의 정보를 공간 내의 좌표로 나타낼 수 있는데, 이를 활용하여 두 색 (r_1, g_1, b_1), (r_2, g_2, b_2) 사이의 차이를 유클리드 거리 (Euclidean distance) 를 이용해서 계산할 수 있다. 각각의 R, G, B 성분의 차이를 Distance ($d = \sqrt{(r_1-r_2)^2 + (g_1-g_2)^2 + (b_1-b_2)^2}$) 의식으로 계산하여 거리로 정량화 할 수 있다(그림 1).



그림 1. Pictorial representation of leaf color transition. (A) Mimics of leaf yellowing stages. (B) 3-dimensional movements of leaf color in color space (D1, mimic of non-yellowing; D2, mimic of about 25% yellowing; D3, mimic of about 90% yellowing; D4, mimic of 100% yellowing plus drying).

㉟ 배추의 노화관련 QTL 및 GWAS 분석(1단계)

- 배추의 노화관련 QTL 분석을 위하여 황화가 느리게 나타나는 계통인 27142 계통과 황화가 빠르게 나타나는 계통인 27160 계통을 선발하여 180개의 F₂ 매핑집단을 양성하였다. 본 연구에서 개발한 RGB 를 이용한 황화 검정을 수행하였다.
- 총 10개의 연관지도가 그룹핑 되었다. 마커 수는 총 101개이며 총 길이는 850,853cM이다. 마커당 평균 길이는 8.30cM이다. WinQTL cartographer v2.5을 이용하여 QTL 매핑 결과 총 10개의 염색체상에서 1번 염색체에 1개의 주동

유전자좌를 확인하였다. LOD 값은 9.15, R^2 은 20.36이다. 범위내의 총 물리적 거리는 약 6Mb의 거리이다. 이를 전체 유전체 염기서열과의 비교를 통해 해당 지역에는 총 972 개의 유전자가 존재하는 것으로 확인되었다(그림 2).

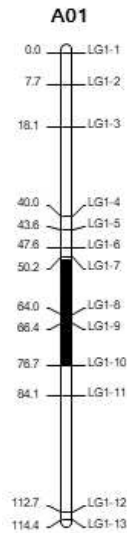


그림 2. Delaying-leaf yellowing QTLs position in linkage group A01 of Brassica rapa.

- 유전체 염기서열을 확보한 191 계통의 황화 표현형 조사를 수행하였다. 황화 평가는 개발된 방법을 통하여 진행하였고, Index로 전환하여 분석에 사용하였다. 표현형 데이터를 활용하여 Genome Wide Association Study (GWAS) 분석을 수행하였다.
- Sequence 정보와 표현형 검정 결과를 통합하여 최종 156 계통이 분석에 사용되었다. Tassel 5.0 프로그램을 통해 Mixed Linear Model (MLM) 방법으로 분석을 진행하였다. Threshold 값은 5 로 나타났으며 이를 초과하는 연관 SNP peak 은 총 27 개로, 7 번 염색체를 제외하고, 1 번 염색체 : 1 개, 2 번 염색체 : 1 개, 3 번 염색체 : 2 개, 4 번 염색체 : 6 개, 5 번 염색체 : 6 개, 8 번 염색체 : 5 개, 9 번 염색체 : 2 개, 10 번 염색체 : 3 개가 존재하고 있다(그림 3).

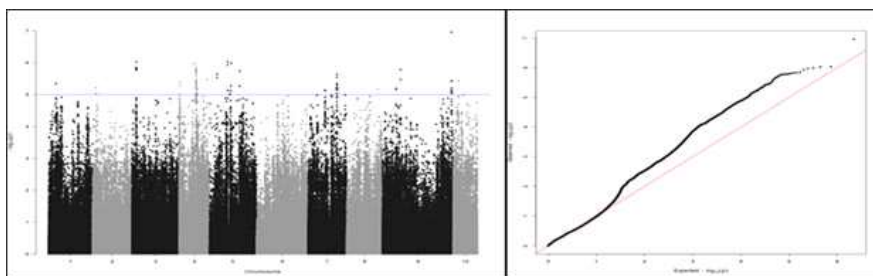


그림 3. Manhattan plot and QQ-plot analysis of SNP locus in GWAS.

- GWAS 분석을 통해 가장 많은 SNP 좌가 집적되어 나타난 4 번 염색체의 결과에서 53,247 bp의 물리적 위치 내에 33 개의 SNP 좌가 나타났으며, 이 지역에는 세 유전자들이 애기장대와의 상동성을 나타냈다. 이 세 유전자는 unknown / HAT9 / ACS4 (ACC synthase) 으로 확인되었고, 특히 ACS4 유전자는 에틸렌의 전구 물질인 ACC를 합성하는 효소이다. 이를 통해 배추 잎의 황화는 에틸렌 반응과 연관이 있음을 추정할 수 있다.

㉔ 노화 관련 기작 생리 분석(1차년도)

- 알려진 식물 노화 관련 기작은 다양하게 존재하고 있고, 특히 식물 호르몬과 관련된 노화 기작들이 분석되어 보고되고 있다. 에틸렌, 자스몬산, ABA, methyl viologen(MeV)에 대한 생리 분석이 진행 되었다. 각각의 처리 실험은 1 차와 2 차로 나누어 1 차는 처리할 호르몬의 적정 농도를 확인 하는 실험으로, 2 차는 해당 농도의 호르몬을 처리하여 계통별 표현형을 확인하는 과정으로 진행하였다.
- 계통별 Ethylene 및 MeJA 처리 실험을 진행하였으며, 1차 실험을 통하여 ACC; 100 μ M ACC, MeJA; 50 μ M MeJA, Ag⁺ + MeJA; 10 μ M AgNO₃ + 50 μ M MeJA 농도 조건을 기준으로 진행하였다.
- MeJA 처리는 황화 진행을 나타내었다. 반면 Ag⁺ 이온의 처리를 통하여 에틸렌의 작용을 저해하였을 경우 각 호르몬 단독의 처리구에 비하여 황화가 더 느리게 진행되는 것을 확인 할 수 있었다(그림 4).

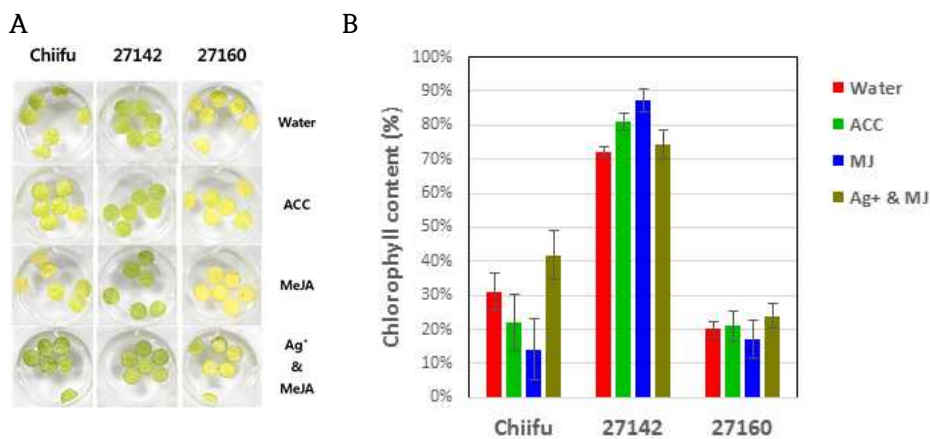


그림 4. Changes in the external shape of the leaf discs by ACC , MeJA and both Ag⁺ and MeJA treatment (A) and chlorophyll reduction (B). Water, ACC; 100 μ M ACC, MeJA; 50 μ M MeJA, Ag + MeJA; 10 μ M AgNO₃ + 50 μ M MeJA using three different lines Chiifu, 27142, 27160.

- 계통별 ABA 처리 실험 결과 20 μ M 및 50 μ M 의 처리구에서 모두 황화가 나타나는 것이 확인되었다(그림. 5).

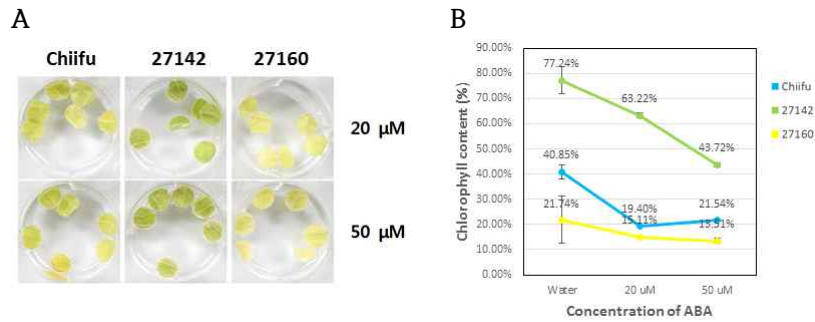


그림 5. Appearance of the leaf discs by abscisic acid treatment (A) and chlorophyll reduction (B) using three different lines Chiifu, 27142, 27160.

- 계통별 MeV처리 결과 다른 두 계통과 비교하였을 때 27142 는 외형이 유지되고 있었다. 하지만 엽록소의 경우 남아 있는 총량은 Chiifu 대비 11.91%, 27160 대비 22.83% 더 많게 나타났으나, 감소의 비율을 계산하였을 때 Chiifu 대비 95.15%, 27160 대비 99.61% 로 유사함을 알 수 있다(그림 6).

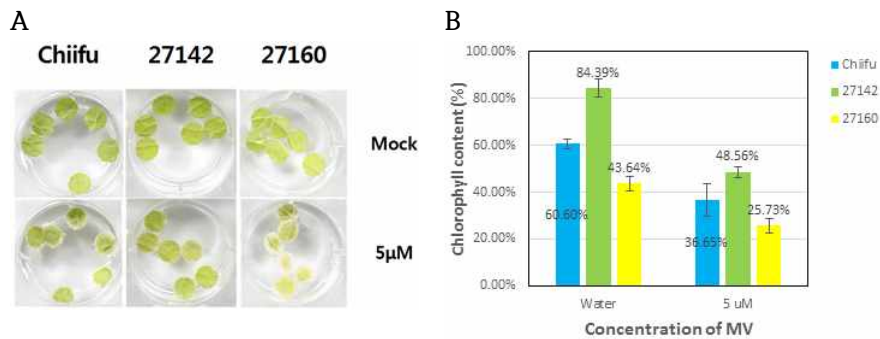


그림 6. Changes in appearance of the leaf discs by 5 μM MeV treatment (A) and chlorophyll reduction (B).

㉠ 선발 계통의 황화 지연 표현형 분석(1차년도)

- Ion leakage 측정을 통해 각 계통의 황화를 비교하였을 때 저장 5 일차에 모든 계통에서 95% 이상의 ion leakage 수치를 보이며 세포 사멸을 나타내고 있으며, Chiifu > 27160 > 27142 의 순서로 ion leakage 가 빠른 것을 알 수 있었다. (그림 7).

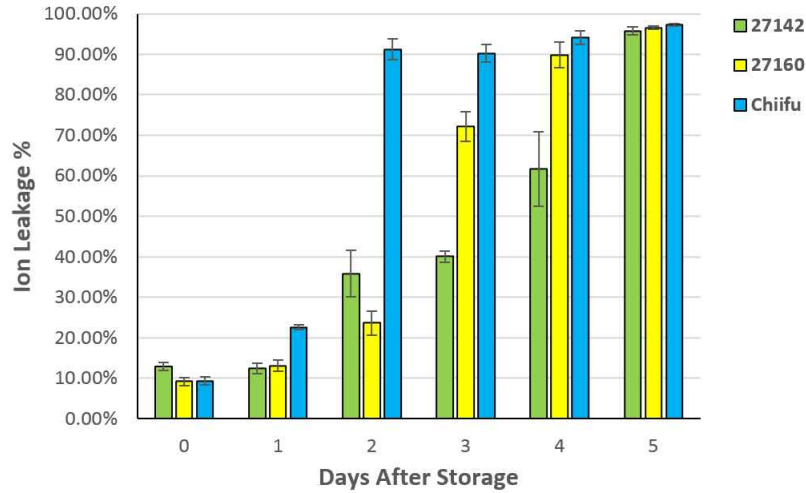


그림 7. Ion leakage variations based on storage days. Each value is the mean of three replicates, and vertical bars indicate the standard errors (SE).

- 각 계통의 생체중의 변화는 외형 변화와 동일하게 Chiifu 계통이 가장 빠르고, 27160, 27142 계통의 순으로 느리게 나타났다(그림 8).

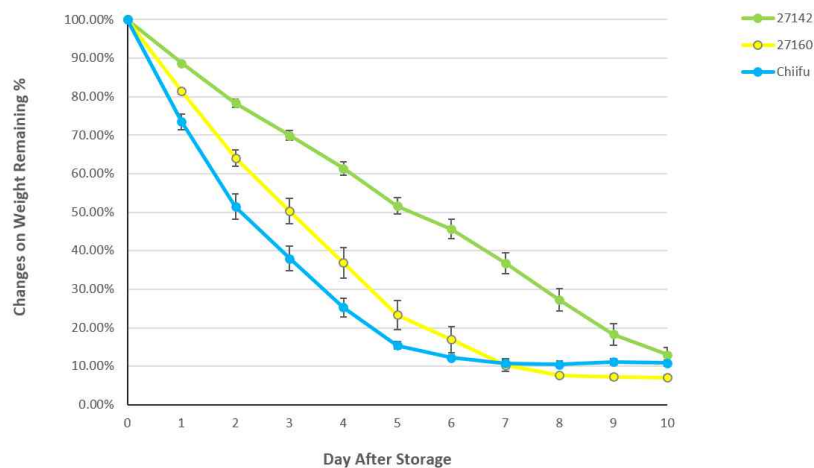


그림 8. Weight changes according to storage period. Each value is the mean of six replicates, and vertical bars indicate the standard errors (SE).

㉞ 황화 표현형 관련 유전자 발현 확인(1차년도)

- 계통별 황화 표현형 관련 유전자의 발현량을 비교하기 위해 각 계통에서 암 조건 저장을 수행하며 0, 3, 7 일에 시료를 채취하여 total RNA를 추출하였다. 에틸렌 관련 노화 기작 유전자로 EIN3-2, Ore1-1, NAP, ANAC079-1 유전자를 선정하여 사용하였다(그림 9).

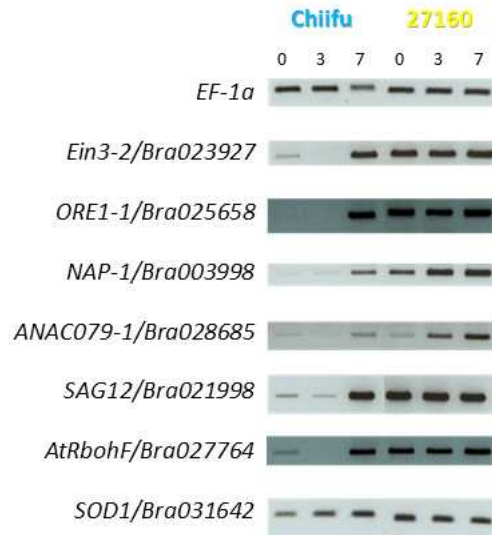


그림 9. Expression difference with Chiifu and 27160 by semi RT-PCR using related pathway genes.

- Chiifu 및 27142 계통의 유전자 발현 비교를 하였다. 저장 기간의 진행에 따라 SAG12 유전자의 발현양이 증대되며, 27142 계통과 Chiifu 계통이 모두 노화되고 있음을 확인할 수 있었다(그림 10).

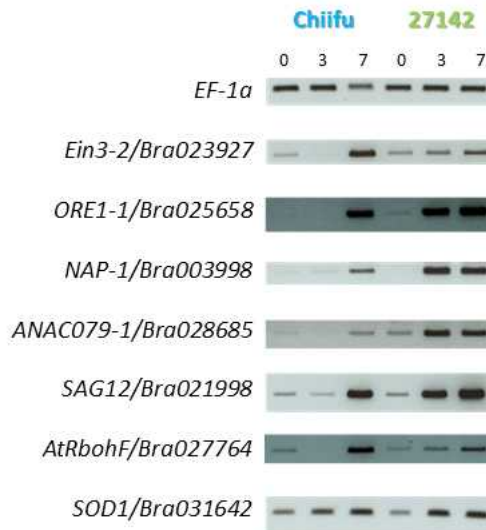


그림 10. Expression difference with Chiifu and 27142 by semi RT-PCR using related pathway genes.

㉞ 노화 지연 표현형 평가 방법 최종 선정 (2차년도)

- Long shelf-life 특성 평가에 적합한 방법을 찾기 위하여 사전 실험이 진행되었다.

감모을, 건물중, 에틸렌, 자스몬산, ABA, methyl viologen(MeV), Chlorophyll에 대한 분석을 진행 하였다. Chlorophyll 함량은 국내외 연구진들의 노화관련 지표로 사용되고 있으며, 측정 장비의 요구도와 기술 또는 분석 시간이 다른 평가 방법에 비해 용이하다. 따라서 Long shelf-life 특성 평가는 엽록소 함량 비교를 기반으로 선정하였다.

- 수분스트레스에도 노화가 영향을 받을 수 있다. 암 조건에서 노화를 유도하는 동안 물에 적신 floral foam 및 zipper-bag을 이용하여 수분을 공급하고 수분 손실을 막았다.
- 개선된 노화 유도 방법으로 실험실 내에 보유하고 있는 Inbred line 178개의 계통을 screening 하였다. Inbred line는 각 계통 별로 10립씩 파종하여 상온 23℃, 65~70% 상대 습도, long day(16h light/8h dark) 조건에서 4주간 생육 후 4번째 잎을 분리하여 노화 평가에 사용하였다 (그림 11).

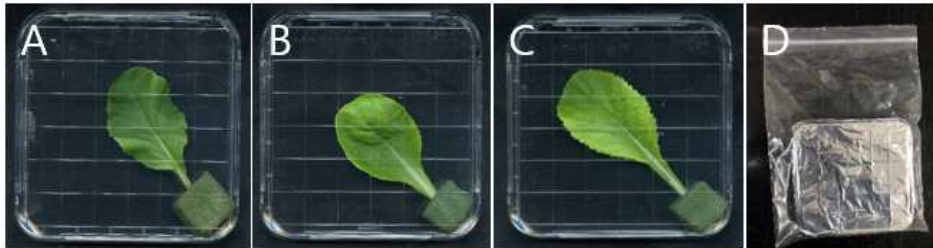


그림 11. Sample preparation.

- 노화 평가를 위해 잎의 엽록소 함량을 측정 하였다. 엽록소 분해는 황화 현상의 직접적인 원인이 되므로 노화 평가의 대표적인 지표 수단으로 사용된다. 178개 계통을 느린 노화 특성을 지닌 집단, 보통의 특성을 지닌 집단, 빠른 노화 특성을 지닌 집단으로 구별 하였다.
- 암 처리한 잎으로부터 leaf disc를 분리하여 엽록소 함량을 측정하였다. 엽록소 추출은 95% ethanol에 담가 4℃ 암 조건에서 17h 처리하였다. 처리된 시료는 5분 동안 4℃에서 12,000 g 원심분리 후 상층액을 가지고 측정하였다. 추출된 상층액은 spectrophotometer를 사용하여 흡광도 649 nm, 664 nm에서 각각 측정하였다 (그림 12). chlorophyll content는 $(20.23 \cdot A_{649} + 8.023 \cdot A_{664})g^{-1}$ 로 계산하였다.

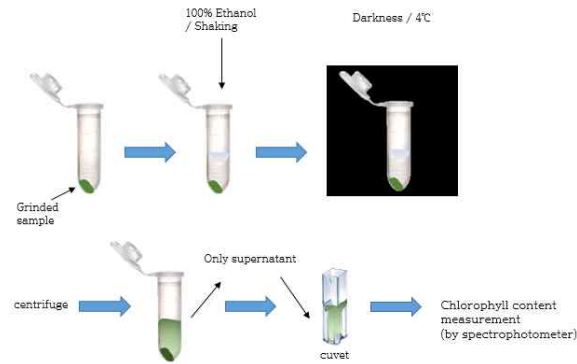


그림 12. Analysis of the chlorophyll content in the *B. rapa* leaves.

- 암 처리에 의해 유도된 노화는 엽록소 손실 비율로 표현 될 수 있다. 암 처리 0일차 대비 3일차, 7일차에 감소된 엽록소 함량을 계산 하였다. 엽록소 함량에 따라 57% 이상의 accession이 포함되어 있는 그룹의 배추들은 7일간의 암 처리 후 60 ~ 80 %의 엽록소가 감소되었다. 이 그룹을 보통의 노화 표현형을 보이는 배추들로 간주 하고, 여기 포함된 DLS-42를 본 시스템의 control 식물로 결정하였다(그림 13).

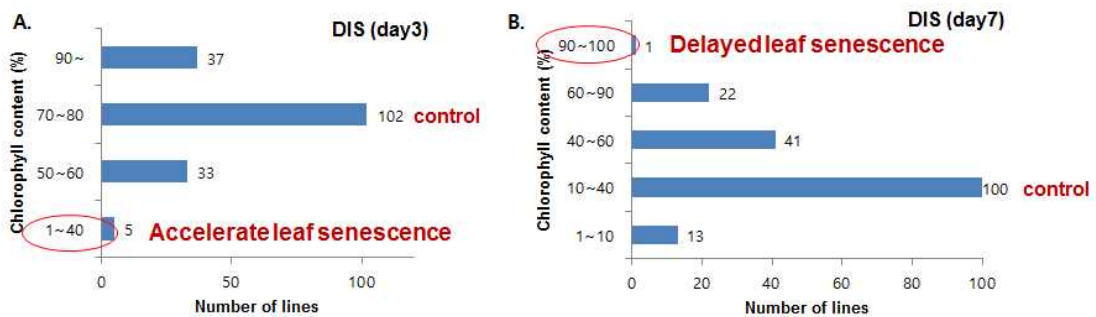


그림 13. Analysis of chlorophyll contents during dark-induced leaf senescence.

- 빠른 노화 특성을 보이는 개체는 암 처리 3일 후에도 60% 이상의 엽록소가 손실되었고, 느린 노화특성을 보이는 개체는 암처리 7일 후에도 90%의 엽록소를 보유 하고 있었다. 3일차, 7일차 각각 엽록소 함량 비율 수치에 따라 정렬하여 빠른 노화 개체 8개의 계통과 느린 노화 6개의 계통을 선발하였다 (표 1).

표 1. Yellowing phenotype cluster according to chlorophyll reduction rate.

Label no.	Chlorophyll reduction rate after 3day (%)	Chlorophyll reduction rate after 7day (%)	Type of Aging
DSL-177	99.7	96.2	Slow
DSL-137	93.5	89.2	
DSL-010	102.1	88.9	
DSL-014	98.7	86.8	
DSL-155	90.8	85.5	
DSL-028	89.3	85.0	
DSL-042	80.4	11.1	Control
DSL-107	57.9	9.0	Rapid
DSL-077	66.0	8.9	
DSL-080	77.7	8.9	
DSL-130	47.1	8.4	
DSL-053	45.9	6.9	
DSL-070	57.9	5.1	
DSL-091	63.1	3.5	

○ 선발 계통의 반복 실험 결과를 통해 고득점 계통을 선발하였다. 가장 느린 노화를 보인 DLS-177 계통과 가장 빠른 노화를 보인 DLS-91 계통이 최종적으로 선발되었다.

㉔ 선발 계통들의 특성 분석(2차년도)

○ 최종 선발된 DLS-177, DLS-42, DLS-130, DLS-90 계통에서 노화관련 표현형에 관여하는 유전자를 결정하기 위한 연구가 수행되었다. 각 선발 계통은 22℃ 장일 조건에서 4주간 생육 후 내엽으로부터 4번째 잎을 분리하여 암 유도 노화 실험을 수행 하였다.

○ 암 처리 후 10일간 표현형 관찰 (그림 14).



그림 14. Dark-induced senescence in excised leaves of *B. rapa*

- control의 경우 암 처리 5일 후 부터 황화 현상이 눈에 띄게 일어나기 시작했다. 그에 비해 느린 노화 특성을 지닌 DLS-177의 경우 암 처리 후 10일째가 되어도 황화현상이 일어나지 않았음을 확인되었다. 빠른 노화의 경우 엽록소 함량 측정 결과 가장 노화가 빨리 일어났던 DLS-130의 외형 분석으로 진행되었다. 빠른 노화 특성을 지닌 계통의 경우 암 처리 후 3일째부터 황화 현상이 일어남을 확인할 수 있었다.

㉔ 선발 계통에서 노화 관련 마커 유전자들의 발현유형 분석 (2차년도)

- *SAG12*와 *ORE1*은 애기장대에서 노화의 positive marker로 사용 된다. *B. rapa*에서 *SAG12*와 *ORE1*의 ortholog gene을 선발하였고, DLS-130, DLS-177, DLS-42 계통에서 노화에 따른 발현 패턴을 비교 분석 하였다 (표 2).

표 2. Leaf senescence associated primers used in RT-PCR.

<i>A. thaliana</i> Gene	ID	<i>B. rapa</i> homolog gene ID	Biological process
<i>Oresara1-2</i>	AT3G29035	Bra025374, Bra036223	Leaf senescence, multicellular organismal development
<i>SAG12</i>	AT5G45890	Bra025046, Bra021998	Aging, leaf senescence

- 잎 노화관련 *SAG12*와 *ORE1*의 발현 패턴을 비교하기 위해 선발된 계통을 대상으로 암 처리를 하고, 정해진 시간에 시료를 채취하여 total RNA를 추출하였다.
- *SAG12* 및 *ORE1* 유전자는 control 계통인 DLS-042에서 노화가 진행될수록 점차 증가하였다. *SAG12*의 경우 발현 유도가 2일차에 나타나기 시작하여 3일차에 크게 증가한 것을 확인할 수 있었다. 그에 비해 느린 노화 특징을 나타낸 DLS-177의 경우 하루 늦게, 3일차에 유전자 유도 발현이 나타나기 시작하여 점점 증가하는 추세를 보였다. *ORE1* 유전자는 빠른 노화 특징을 나타낸 DLS-130에서 control 계통보다 빠르고 강하게 발현이 유도 되었다. 본 실험을 통해 ortholog gene *SAG12* 및 *ORE1* 유전자들은 배추에서도 암 처리에 의해 유도되는 노화반응의 마커로서 특징을 보임을 알 수 있었다. 즉 DLS-177 또는 DLS-130에서 보이는 늦거나 빠른 황화반응이 *SAG12* 및 *ORE1* 유전자의 발현 유형과 연관 관계가 있었다 (그림 15).

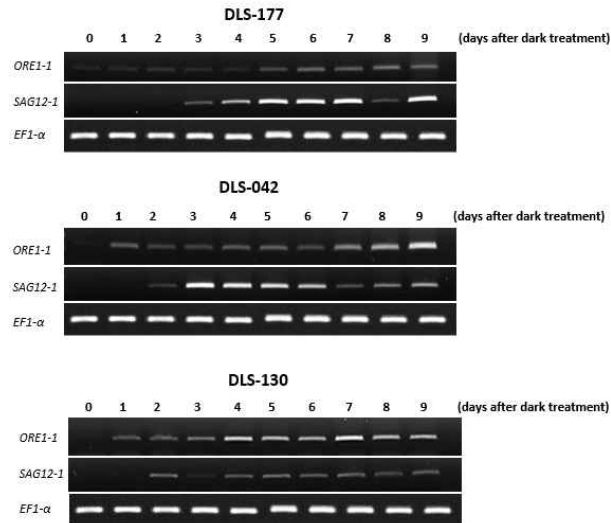


그림 15. Expression patterns of marker genes for dark-induced leaf senescence in *B. rapa*.

- 엽록소 함량 비교 실험에서 DLS-130을 빠른 노화 계통으로 선발되었지만, 계통 특성상 생활사가 다른 계통들에 비해 빨라서 DLS-130 계통 다음으로 황변 현상이 빠른 DLS-091을 빠른 노화 계통으로 교체 하였다.
- 배추에서 *ORE1*과 *SAG12*의 발현 유형을 분석 한 결과 암 처리 1일 후 부터 계통별 변이를 보였다 (그림 16).

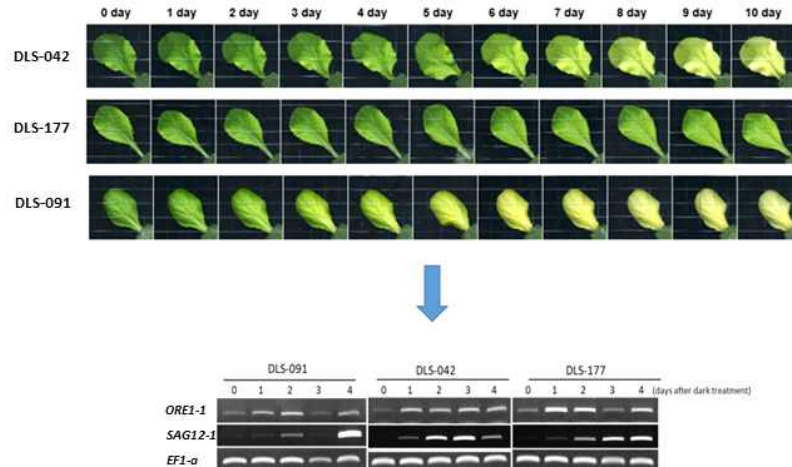


그림 16. Different senescence stages of leaves from 4-week-old Col-0 plants.

Phenotypes of the leaves from 4-week-old *B. rapa* plants and after dark treatment for indicated day(s). The expressions of senescence marker genes *ORE1* or *SAG12* in dark-induced senescing leaves of *B. rapa* plants.

㉔ 선발 계통별 특성 분석(3차년도)

1) 배추의 빠른 노화를 조절하는 유전자 탐색을 위한 RNA seq 분석

- 빠른 또는 늦은 노화를 보이는 계통 특이적 DEGs 선발: 설계된 분석 시간에 따라 수행된 RNA-sequencing을 통해 암 처리 전 0일 대비 암 처리 후 1일과 4일에 DLS-042와 DLS-091 계통에서의 발현 차이를 보인 유전자들의 변화를 확인하였다. 그 결과 총 3,496개의 유전자가 두 계통에서 0일 대비 암 처리 후 1일과 4일에 발현의 차이를 보였다. 전체적으로 up-regulation된 유전자는 1,358개이고, down-regulation된 유전자는 2,138개였다. 분석 결과 계통 별 0일 대비 암 처리 후 1일과 4일에 발현 변화를 보인 유전자중 상향 조절된 유전자의 수보다 하향 조절된 유전자의 수가 더 많았다. 또한 DLS-042계통에서와 달리 DLS-091계통에서만 발현의 차이를 보인 유전자들의 수가 훨씬 더 많다는 것을 확인할 수 있었다. 이는 DLS-091계통에서 발현 차이를 보이는 유전자들이 DLS-042계통에 비해 더 빠른 노화 표현형과 관련 있음 추측할 수 있다.
- Leaf color change related genes (LCRGs) : 배추의 노화 동안 전체 유전자의 발현 변화를 확인하기에는 그 범위가 너무 광범위하기 때문에 본 연구에서는 모델 식물인 애기장대에서 잎 색 변화에 관련되었다고 보고된 유전자들을 활용하였다. 이 유전자들은 leaf senescence database에서 애기장대 노화 연구에서 노화 동안 잎 색 변화에 관련되었다고 잘 연구된 유전자들로, 배추 노화의 가장 대표적인 증상인 잎 색 변화 표현형과 관련된 유전자들의 발현 변화를 추적하는데 사용하였다. 애기장대에서 잎 색 변화에 관련되었다고 보고된 유전자는 157개로 배추에서 매칭되는 유전자의 수는 289개가 동정 되었다. 289개의 유전자 중 DLS-042계통 대비 DLS-091계통에서 각 time point별로 2배이상의 발현 차이를 보이고, $FDR \leq 0.01$ 의 값을 갖는 유전자를 DEGs로 선발하였다. 선발된 유전자들은 대부분 MADS transcription factor와 NAC transcription factor가 많았다. 그 외 WRKY transcription factor와 호르몬반응과정과 물질대사과정에 관련된 유전자가 분리되었다.

2) 배추의 빠른 노화를 조절하는 후보유전자 탐색

- 후보 유전자의 발현 분석 : 잎 색 변화에 관련 되었다고 보고된 LCRGs 중 DEGs로 분리된 유전자들을 생물학적으로 확인하였다. DEGs로 분리된 유전자들은 생물학적으로 확인하기 위해 DLS-042와 DLS-091인 두 계통에서 암 처리 전 0일부터 암 처리 후 1일, 2일, 3일, 4일의 발현을 semi qRT-PCR을 사용하여 비교분석 하였다(그림 17).

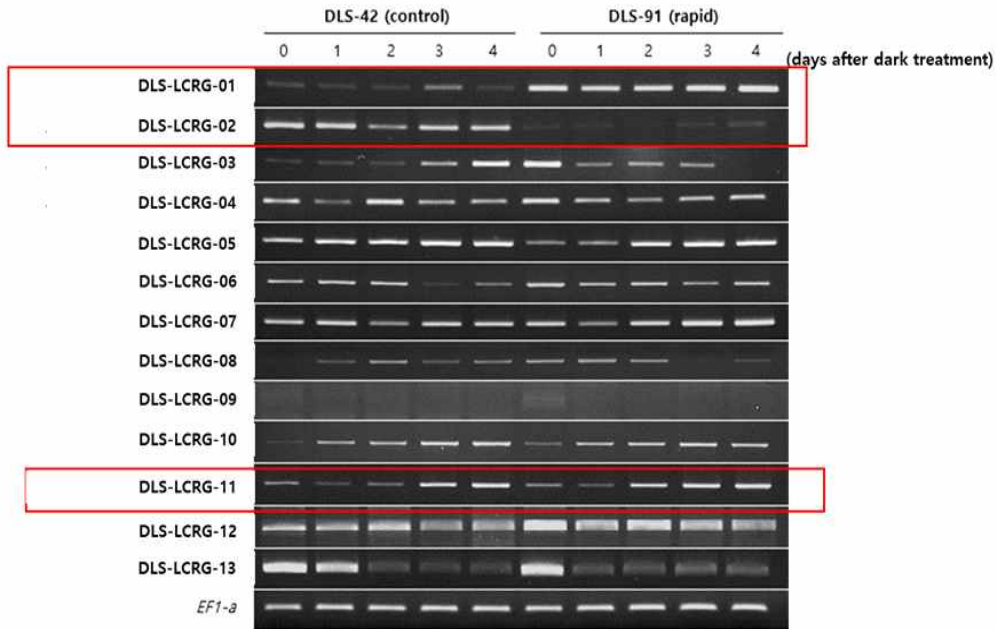


그림 17. The expressions of the selected LCRGs in dark-induced leaves from 4-week-old *B. rapa* plants.

○ 후보 유전자의 발현 결과 분석 : LCRGs 유전자 중 선발된 DEGs는 MADS-box transcription factor가 많았다. DEGs로 선발된 MADS-box transcription factor, DLS-LCRG-1과 DLS-LCRG-2의 mutant는 자연 노화 조건에서 잎 색 변화가 일어나지 않는 것이 애기장대에서 보고된 바 있다 melzer et al., 2008). 하지만 최근에 DLS-LCRG-2의 overexpression line은 암 조건 매개된 노화에서 분리된 잎의 황화현상이 지연된다고 보고되었다. 본 실험에서 DLS-LCRG-1과 DLS-LCRG-2 유전자는 qRT-PCR을 통해 흥미로운 발현 패턴을 보였다 (그림 18).

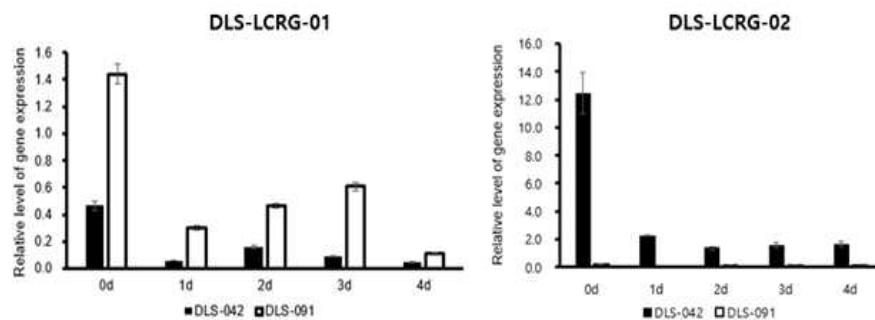


그림 18. Relative expressions of the selected LCRGs in dark-induced leaves from 4-week-old *B. rapa* plants.

○ DLS-LCRG-1 유전자의 경우 암 처리 후 전과 달리 발현 양이 줄었지만, 두 계통 사이에 확연한 발현 차이를 보였다. DLS-042계통과 달리 DLS-091계통에서 모든

time points에 발현 양이 더 많았다. 반대로 DLS-LCRG-2 유전자의 경우 모든 time points에 DLS-091계통에서 거의 발현되지 않았다. 이러한 결과는 MADS transcription factor에 속하는 두 후보 유전자가 두 계통 사이에서 모든 time points에 확연한 발현 차이를 보인 것으로 보아 DLS-091계통의 빠른 노화와 관련하여 중요한 조절 인자라고 추측된다.

3) 배추의 느린 노화를 조절하는 유전자 탐색을 위한 QTL 분석 및 RNA seq 분석

- QTL 범위에 속하는 범위에서 DEGs identified in RNA sequencing analysis : 빠른 노화 표현형을 보이는 DLS-91 계통과는 달리, 느린 노화 표현형을 보인 DLS-177 계통의 경우, QTL 분석을 수행하였다. RNA-sequencing 실험 설계는 앞의 빠른 노화계통에서와 같다. RNA-sequencing을 통해 암 처리 전 0일 대비 암 처리 후 1일과 4일에 DLS-042와 DLS-177 계통 사이 발현 차이를 보인 유전자들을 선별하였으며, 그 유전자들 중에서 QTL 영역에 속하는 유전자들을 선별하였다. 그 결과 up-regulation된 유전자 16개와 down-regulation된 유전자는 13개가 선별되었다. 선별된 유전자들은 DLS-177과 DLS-042계통사이 유의미한 발현 차이를 보이는 유전자들로 느린 노화 표현형과 관련 있음 추측할 수 있다.

4) 배추의 느린 노화를 조절하는 후보유전자의 발현 분석

- QTL 분석과 DEGs로 분리된 유전자들은 생물학적으로 확인하기 위해 DLS-042와 DLS-177인 두 계통에서 암 처리 전 0일부터 암 처리 후 1일, 2일, 3일, 4일의 발현을 semi qRT-PCR을 사용하여 비교분석 하였다 (그림 19).
- 선별된 up-regulation된 유전자 16개와 down-regulation된 유전자는 13개의 semi qRT-PCR결과, DLS-042와 DLS-177인 두 계통사이, 뚜렷한 발현차이를 보이는 유전자들을 선별하여 qRT-PCR을 수행하였다 (그림 20).

5) 느린 노화계통의 생리학적 표현형 관찰

- 후보유전자들의 기능들을 애기장대의 연구결과를 바탕으로 분석한 결과 중요한 영양성분인 질소에 관련 유전자들이 있었다. 그래서 DLS-042와 DLS-177인 두 계통을 질소가 함유된 정상 배지와 함유되어있지 않은 성장배지에 과중하여 두 계통간의 표현형을 비교,관찰하였다. 이 때 Inbred line 178개의 계통의 암처리 결과, 가장 노화가 지연된 DLS-177계통 이외 노화가 지연되는 표현형을 보인 4개의 계통들도 표현형 관찰시 포함하였다. 질소가 있는 정상배지와 질소가 없는 배지에서 식물을 3주동안 키운 후, 질소가 있는 배지에서 자란 식물들은 노화에 관련된 표현형 차이를 관찰할 수 없었다. 반면에 질소가 없는 배지에서 3주동안 자란 식물들은 DSL-177 계통을 제외한 나머지 계통들은 노화가 진행된 반면, DLS-177은 노화가 진행되지 않았다. 이 결과, DSL-177 계통이 질소가 없는 상태에 내성이 강함을 확인할 수 있었다

(그림 21).

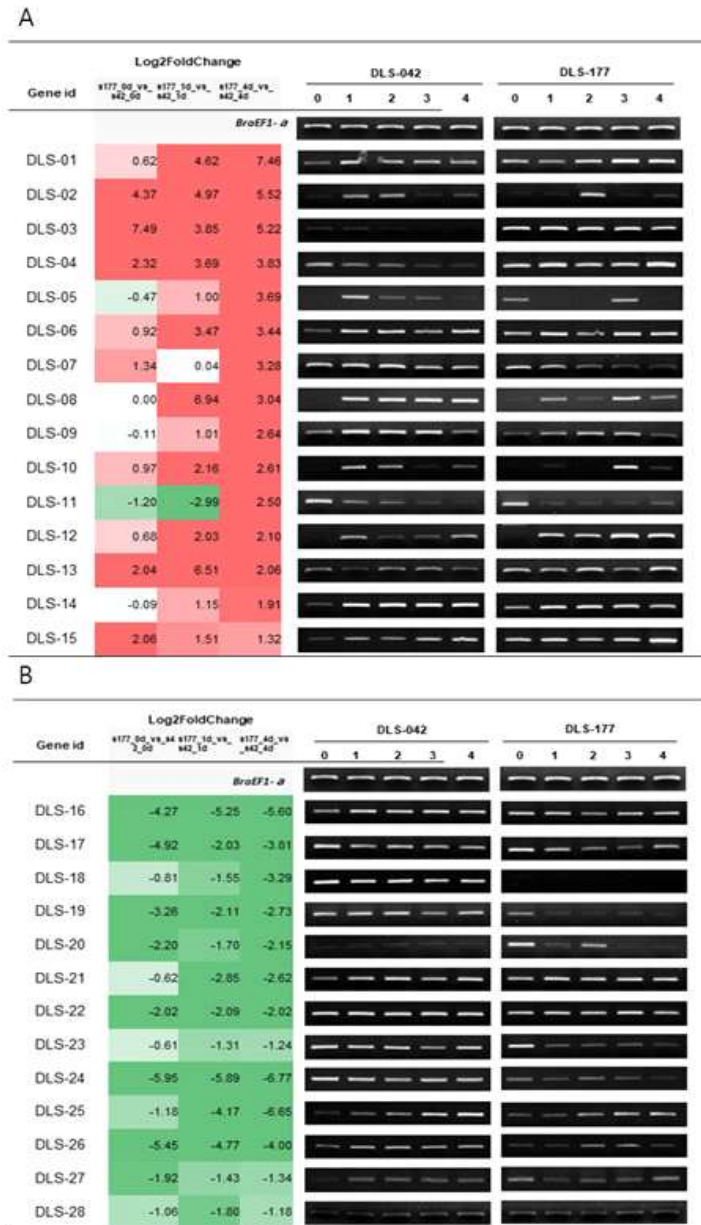


그림 19. The expressions of the candidate genes in dark-induced leaves from 4-week-old *B. rapa* plants.

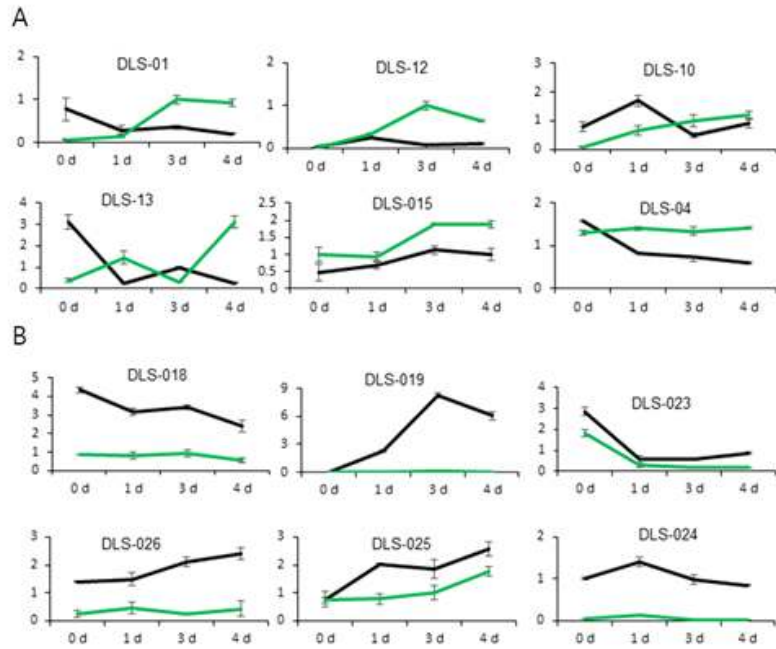


그림 20. Relative expressions of the candidate genes in dark-induced leaves from 4-week-old *B. rapa* plants.

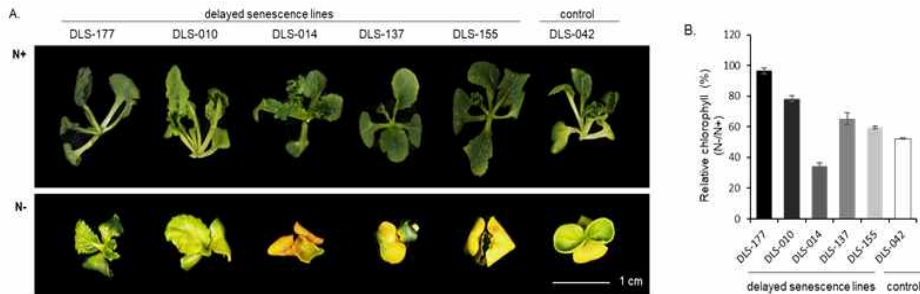


그림 21. Leaf senescence phenotype in various genotypes under nitrogen-deficient condition.

- 느린 노화계통에서 선택된 후보 유전자들의 질소와 노화 상태에 따라 발현 변이 관찰 : QTL 분석과 RNA sequencing 분석 결과, 선택된 후보 유전자들을 대상으로 질소 변화에 관여하는 유전자를 탐색하기 위하여 22°C 장일 조건에서 질소가 있는 정상배지에서 자엽까지 성장시킨 후, 동일한 성장조건에서 질소가 없는 배지로 옮겨서 키운 후 노화가 진행되는 시점에 다시 질소가 있는 배지로 옮긴 후, 후보 유전자들의 발현을 분석하였다. 노화 관련 유전자들을 통해 노화가 진행됨을 확인할 수 있었으며, 노화 진행되는 동안 후보유전자들의 발현경향도 확인 할 수 있었다. 노화가 진행되는 동안 후보 유전자들의 발현은 암처리로 노화를 유도했을 때와 같은 패턴으로 DLS-042와 DLS-177 차이를 보였다. 또한 5개의 후보 유전자들의 발현을 분석한 결과 질소 유무에 따라 발현이 변화를 보이는

유전자도 확인할 수 있었다(그림 22).

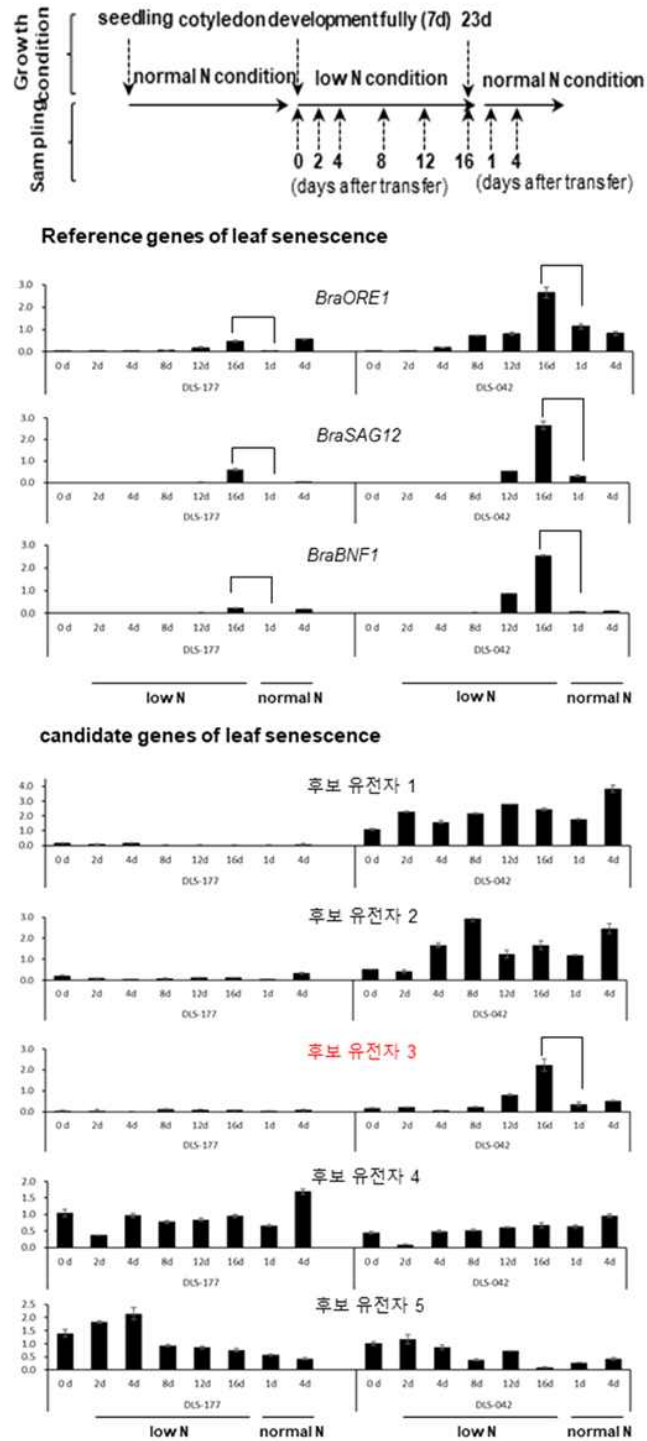


그림 22. Relative expressions of the candidate genes in *B. rapa* under nitrogen-sufficient or -deficient condition.

6) 후보유전자를 통한 노화지연 마커 개발 (3차년도)

- 후보유전자 4, 후보유전자 5를 통하여 노화지연 특성과 관련된 SNP 마커를 개발하였다. 마커 개발에 의하여 황화지연 6개 라인(DLS-010, DLS-014, DLS-130, DLS-137, DLS-155, DLS-177), 황화촉진 4개 라인(DLS-053, DLS-080, DLS-091, DLS-107) 그리고 대조구 라인으로 DLS-042를 사용하였다. 각각의 유전자에 존재하는 SNP 데이터를 이용하여 HRM 분석을 진행하였다. HRM 분석결과 황화지연 특성과 황화 촉진특성을 가진 계통들의 분류가 가능하였으며, 대조구인 DSL-042의 경우 황화 촉진라인에 속하였다(그림 23).

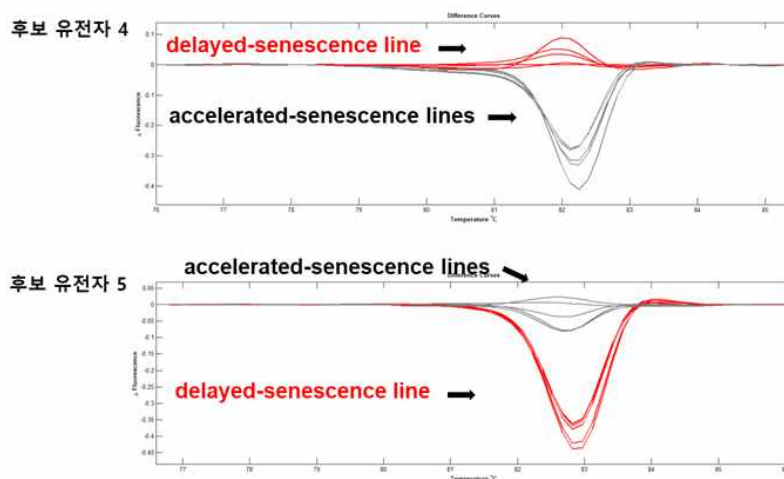


그림 23. Germplasm screening for the selection of delayed-senescence line

② 고득점 선발 계통의 종자 증식 및 원예 형질 평가

㉠ 정량화 평가 방법을 통해 선정된 고득점 선발 계통의 원예형질 평가(2년차)

- Long shel-life 특성의 정량화 방법을 통하여 선발된 고득점 자원 DLS-010, DLS-014, DLS-155, DLS-028와 중간형질 DLS-042 그리고 저득점 DLS-107, DLS-070, DLS-091의 원예형질 평가를 하였다. 원예형질 평가는 total weight, head weight, head length, head width, head shape in longitudinal section, heading habit의 질적 형질 2개, 양적형질 4개 그리고 이미지 자료로 평가하였다. head shape in longitudinal section은 총 8개의 형태로 나뉘며, 삼각형, 끝이 좁은 타원형, 끝이 넓은 타원형, 타원형, 원형, 원통형, 편원형, 장원통형으로 나뉜다. heading habit은 비결구, 반결구, 결구(약한), 결구(강한)로 나뉜다. 대조구로 실험실에서 보유하고 있는 수집자원을 이용하였다(표 3).

표 3. Evaluation of horticultural traits of selected lines.

Sample	Chlorophyll contents (%)	Total weight (g)	Heading habit	Head weight(g)	Head shape	Head length(cm)	Head width(cm)
DLS-010	88.85	2,161	weak	1,171	long cylinder	43	8
DLS-014	86.79	2,277	weak	1,384	long cylinder	41	9
DLS-155	85.53	1,830	hard	1,009	long cylinder	39	8
DLS-028	84.96	2,708	weak	1,597	cylindrical	26	15
DLS-042	11.12	1,458	hard	1,087	circle	15	13
DLS-107	9.03	3,272	weak	1,587	narrow oval	29	13
DLS-070	5.08	2,000	weak	915	cylindrical	27	12
DLS-091	3.49	2,252	weak	1,282	oval	26	13

㉔ 고득점 선발 계통의 원예형질 반복 평가(3차년도)

○ 고득점 자원 DLS-010, DLS-014, DLS-028, DLS-130, DLS-137, DLS-155, DLS-177과 중간형질 DLS-042 그리고 저득점 DLS-053, DLS-070, DLS-080, DLS-091, DLS-107, DLS-178의 원예형질 평가를 하였으며, 평가 방법은 2년도 원예 형질 평가와 동일하다(표 4).

표 4. Evaluation of horticultural traits of selected lines.

Sample	Chlorophyll contents(%)	Total weight (g)	Heading habit	Head weight(g)	Head shape	Head length(cm)	Head width(cm)
DLS-010	34.2	2,714	normal	1,215	long cylinder	43	13
DLS-014	61.8	3,883	normal	1,653	long cylinder	45	10
DLS-028	39.3	3,265	normal	1,368	wide oval	30	22
DLS-042	45.2	1,119	normal	812	circle	21	14
DLS-053	35.7	1,940	hard	1,537	Cylindrical	22	19
DLS-070	41.2	3,298	hard	1,738	narrow oval	43	19
DLS-077	39.6	484	-	-	-	-	-
DLS-080	51.9	2,640	-	-	-	-	-
DLS-091	43.3	4,482	hard	2,975	Cylindrical	28	21
DLS-107	39.3	4,005	normal	2,288	narrow oval	34	21
DLS-130	45.4	910	-	-	-	-	-
DLS-137	46.3	3,062	normal	1,732	long cylinder	45	14
DLS-155	49.2	2,796	normal	1,641	long cylinder	44	14
DLS-177	30.3	7,140	hard	3,468	long cylinder	52	13
DLS-178	41.7	4,753	hard	3,039	Oval	31	22
불암3호	38.3	5,773	hard	2,569	Cylindrical	27	19
회과람	35.8	6,379	hard	3,482	Cylindrical	30	22

③ 교배육종 인력 인턴교육 수행

㉞ 전통육종법 교육 및 우수 인력 양성(1~3차년도)

- (주)아시아종묘와 (주)농협종묘가 연계하여 진행하는 인턴쉽 프로그램에 8명의 석사과정 학생과 2명의 박사과정 학생이 참여 하였다. 석사과정2명 학생은 2018년 4월 9일부터 5월 4일까지, 박사과정 1명과 석사과정 1명 학생은 2018년 7월 2일부터 7월 31일까지, 박사과정 마** 학생은 2018년 8월 1일부터 8월 31일까지, 석사과정 문** 학생은 2019년 7월 1일부터 7월31일까지, 석사과정 이** 학생은 2019년 7월 8일부터 8월 2일까지, 석사과정 최** 학생은 8월 1일부터 8월 30일까지 총 4주 기간으로 진행하였다. 인턴과정은 종자 파종 및 생육관리, 영양관리 등 식물 재배 및 생육관리 방법에 대하여 교육을 진행하고, 실습을 수행하고 있다. 종자 교배 방법 및 파종 후 발아율 조사 등 실질적으로 종묘회사에서 수행하는 모든 기초 과정에 대하여 인턴쉽 프로그램으로 진행하고 있다.
- **국내·국제 학술회의 참석(1~3차년도):** 본 과제를 통한 지원으로 참여 연구원들은 한국유전체학회, 한국육종학회, 식물생명공학회, 한국원예학회, 국립원예특작과학원 무, 배추 현장 품평회, 배추과채소연구회 등 학술회의 및 세미나를 통한 최신 연구 동향 및 육종 관련 기술 교육에 참여하였다.
- **학사, 석사 및 박사 인력 양성(1~3차년도):** 석사 과정 전**, 김** 학생은 2018년 2월 석사 학위를 취득하였으며, 전** 학생은 배추의 교배방법 및 재배 방법, 저장 관리 방법에 대한 연구를 수행하였다. 김** 학생은 유전 정보를 활용한 분자 마커 개발 및 검정, 유전자 발현양 평가에 대하여 수학하였다. 임** 학생은 배추의 유전 분석을 위한 집단 확립과 교배 및 표현형 조사 등 육종의 전반적인 내용을 수학하였으며, 2018년 2월 박사학위를 취득하였다. 석사과정 Lu** 학생은 무의 위황병 유전자 탐색에 대한 연구를 수행하였으며, 석사 학위를 2018년 6월에 취득하여 2018년 3월에 본교 박사과정으로 입학하였다. 최** 학생은 토종 배추의 효과적인 배가반수체 조건 확립에 대한 연구를 수행하여 2019년 2월에 석사 학위를 취득하였다. 박사과정 R. J. J. 학생은 빨간 배추에서의 안토시아닌 합성에 관여하는 유전적 특성을 연구하여 2018년 2월에 박사 학위를 취득하였다. 송** 학생은 배추의 암조건에서 빠른노화에관련된 유전 기작을 연구하였으며, 2019년 2월 석사학위를 취득하였다. 마** 학생은 2020년 2월 박사학위를 취득하였으며, 무의 병저항성 및 개화에 시기에 대한 QTL 연구를 하였다. 이** 학생과 문**학생은 2020년 2월 석사학위를 취득하였으며, 각각 순계집단에서의 마커검정을 통한 뿌리혹병 저항성 검정에 관한연구와 배추에 브라시놀라이드의 처리에 따른 글루코시놀레이트 성분 함량의 변화에 대한 연구를 하였다.
- **전문 인력 취업(1~3차년도):** 석사 과정 전** 학생과 김** 학생은 학위 취득과 함께 (주)사카타코리아, (주)바이오니아에서 근무를 시작하였다. 박사 과정 임** 학생은 학위 취득과 함께 (주)아시아종묘에서 근무를 시작하였다. 석사 최**학생은 학위

취득과 함께 2월 1일부로 (주)다나에 취업하였다. 박사 과정 R. J. J. 학생은 학위 취득과 함께 본교 3월에 박사 후 연구원으로 활동할 것이다. 석사 송**학생은 지역농협네트워크 협동조합에 취업하였다. 박사 마** 학생은 학위 취득과 함께 본교 9월에 박사 후 연구원으로 활동할 것이다. 석사 문** 학생은 서울 삼성병원 유전체 연구소로 취업하였다. 석사 이** 학생은 (주)대일종묘에 취업하였다.

4-2. 인력양성 및 활용성과

가. 창의인재양성 주요 성과

(1) 전문인력 양성(석사 124명, 박사 50명)

- 본 연구센터는 육종교육 프로그램을 개발하고 지속적인 육종 교육 프로그램 진행하여 서울대 등 참여 5개 대학의 대학원생들이 1-2단계에서는 석사 81명, 박사 38명의 성과를 달성하였다.
- 3단계에서는 박사 11명, 석사 31명 목표 대비 **박사 12명, 석사 43명**을 배출하였다. 이로서 총 10년간 사업을 통해 석박사 우수 인력을 174명 배출하였다.

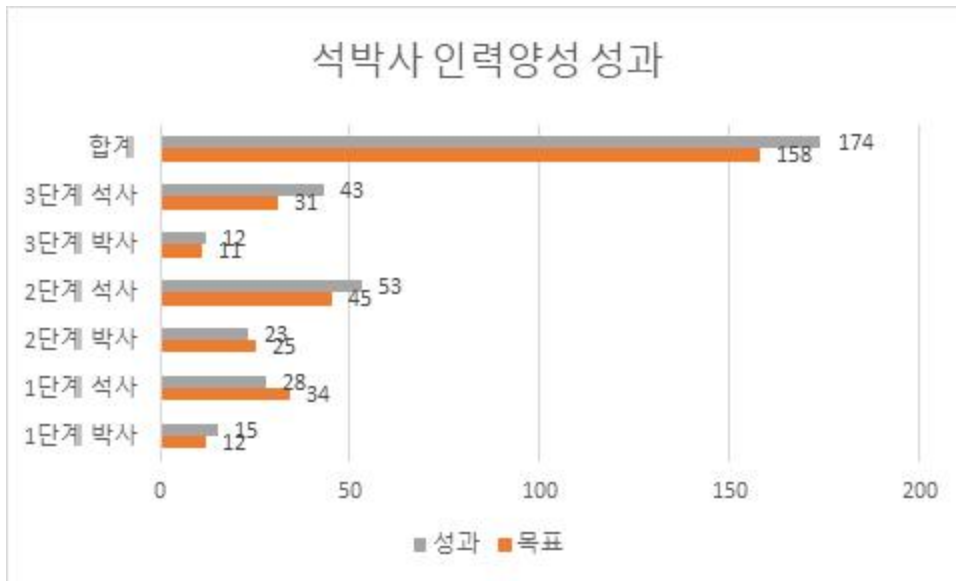


그림 1. 1-3단계별 석·박사 인력양성 성과

표 104. 박사학위 취득자 명단(총 50명)

순번	연차	구분	성명	비고	취득년월
1	1	1-1세부	강**	서울대	2011. 8
2	1	1-2세부	박**	서울대	2011. 8
3	1	1-2세부	염**	서울대	2011. 8
4	1	2-5세부	뉴**	충남대	2011. 2
5	2	1-1세부	황**	서울대	2012. 2
6	2	1-3세부	박**	서울대	2012. 2
7	2	1-3세부	조**	서울대	2012. 2
8	2	2-2세부	김**	서울대	2012. 8
9	2	2-5세부	이**	충남대	2012. 2
10	2	2-1세부	최**	경북대	2012. 2

순번	연차	구분	성명	비고	취득년월
11	3	1-2세부	배**	서울대	2013. 8
12	3	2-2세부	조**	서울대	2013. 8
13	3	2-2세부	H. N. H	서울대	2013. 8
14	3	2-2세부	김**	서울대	2013. 8
15	3	2-5세부	V. D.	충남대	2013. 2
16	4	2-1세부	모**	경북대	2014. 2
17	4	2-1세부	K. P. W.	경북대	2014. 8
18	4	2-2세부	정**	서울대	2014. 2
19	4	2-2세부	양**	서울대	2014. 2
20	4	1-3세부	박**	서울대	2014. 8
21	4	1-3세부	리**	서울대	2014. 8
22	4	2-2세부	박**	서울대	2014. 8
23	4	2-5세부	우**	충남대	2014. 8
24	5	2-3세부	김**	부산대	2015. 8
25	5	1-3세부	손**	서울대	2015. 2
26	5	1-3세부	한**	서울대	2015. 8
27	5	1-2세부	김**	서울대	2015. 8
28	5	1-2세부	김**	서울대	2015. 8
29	5	1-3세부	유**	서울대	2015. 2
30	5	2-5세부	방**	충남대	2015. 2
31	6	2-3세부	이**	부산대	2016. 8
32	6	1-2세부	이**	서울대	2016. 2
33	6	2-2세부	리**	서울대	2016. 8
34	6	1-2세부	서**	서울대	2016. 8
35	6	1-3세부	최**	서울대	2016. 8
36	6	2-7협동	P. W.	충남대	2016. 2
37	7	1-1세부	허**	서울대	2017. 2
38	7	2-7협동	Md. J. H.	충남대	2017. 2
39	8	3-1협동	한**	서울대	2018.02
40	8	3-3협동	임**	충남대	2018.02
41	9	3-1협동	이**	서울대	2018.08
42	9	3-2협동	J. J.	충남대	2019.02
43	9	3-1세부	김**	부산대	2019.02
44	9	3-2세부	김**	부산대	2019.02
45	10	3-1협동	A. C.	서울대	2019.08
46	10	3-1협동	M. S. I.	서울대	2019.08
47	10	3-1협동	S. A.	서울대	2020.02
48	10	1-1협동	김**	전남대	2020.02
49	10	3-1협동	유**	경북대	2020.02
50	10	3-2협동	마**	충남대	2020.08

표 2. 석사학위 취득자 명단(총 124명)

순번	연차	구분	성명	비고	취득년월
1	1	2-1협동	김**	서울대	2011. 2
2	1	2-5협동	이**	경북대	2011. 2
3	1	2-5협동	박**	경북대	2011. 2
4	1	2-5협동	안**	경북대	2011. 2
5	1	2-5협동	김**	경북대	2011. 2
6	1	2-7협동	박**	충남대	2011. 2
7	1	2-1세부	김**	전남대	2011. 2
8	1	2-3협동	김**	부산대	2011. 2
9	1	1-2세부	이**	서울대	2011. 8
10	1	1-2세부	서**	서울대	2011. 8
11	1	2-1협동	배**	서울대	2011. 8
12	1	2-7협동	축**	충남대	2011. 8
13	1	2-7협동	방**	충남대	2011. 8
14	2	1-2세부	김**	서울대	2012. 2
15	2	1-3세부	김**	서울대	2012. 2
16	2	1-3세부	송**	서울대	2012. 2
17	2	2-1세부	조**	전남대	2012. 2
18	2	2-1세부	남**	전남대	2012. 8
19	3	1-2세부	김**	서울대	2013. 2
20	3	1-3세부	조**	서울대	2013. 8
21	3	2-5협동	김**	경북대	2013. 8
22	3	2-5협동	남**	경북대	2012. 8
23	3	2-1협동	최**	서울대	2013. 2
24	3	2-1협동	이**	서울대	2013. 8
25	3	2-3협동	황**	부산대	2013. 2
26	3	2-1세부	박**	전남대	2013. 8
27	3	2-7협동	김**	충남대	2013. 2
28	3	2-7협동	묘**	충남대	2013. 8
29	4	1-3세부	강**	서울대	2014. 2
30	4	2-1협동	장**	서울대	2014. 2
31	4	2-1협동	황**	서울대	2014. 2
32	4	2-1협동	한**	서울대	2014. 2
33	4	2-1세부	송**	전남대	2014. 2
34	4	2-5협동	M. I. S	경북대	2014. 8
35	4	2-7협동	J. J	충남대	2014. 8
36	4	2-1협동	최**	서울대	2014. 8
37	4	2-3협동	여**	부산대	2014. 2
38	5	1-2세부	서**	서울대	2015. 2
39	5	1-3세부	박**	서울대	2015. 2
40	5	1-3세부	강**	서울대	2015. 2
41	5	2-5협동	유**	경북대	2015. 2
42	5	2-1협동	안**	서울대	2015. 2

순번	연차	구분	성명	비고	취득년월
43	5	2-3협동	김**	부산대	2015. 2
44	5	2-1세부	원**	전남대	2015. 2
45	5	2-7협동	김**	충남대	2015. 2
46	5	2-1협동	정**	서울대	2015. 8
47	5	2-1협동	이**	서울대	2015. 8
48	5	2-3협동	김**	부산대	2015. 8
49	5	2-3협동	김**	부산대	2015. 8
50	6	1-2세부	이**	서울대	2016. 2
51	6	1-3세부	김**	서울대	2016. 2
52	6	2-5협동	제**	경북대	2016. 2
53	6	2-5협동	A. L.	경북대	2016. 2
54	6	2-1협동	한**	서울대	2016. 2
55	6	2-1세부	김**	전남대	2016. 2
56	6	2-1세부	김**	전남대	2016. 2
57	6	2-1세부	김**	전남대	2016. 2
58	6	2-7협동	이**	충남대	2016. 2
59	6	2-7협동	오**	충남대	2016. 2
60	6	2-7협동	김**	충남대	2016. 8
61	6	2-1협동	조**	서울대	2016. 8
62	6	2-5협동	변**	경북대	2016. 8
63	7	1-2세부	박**	서울대	2017. 2
64	7	1-2세부	최**	서울대	2017. 2
65	7	1-2세부	최**	서울대	2017. 2
66	7	1-2세부	오**	서울대	2017. 2
67	7	2-1세부	김**	전남대	2017. 2
68	7	2-1세부	김**	전남대	2017. 2
69	7	2-1협동	정**	서울대	2017. 2
70	7	2-1협동	하**	서울대	2017. 2
71	7	2-3협동	박**	부산대	2017. 2
72	7	2-3협동	권**	부산대	2017. 2
73	7	2-5협동	진**	경북대	2017. 2
74	7	2-7협동	정**	충남대	2017. 2
75	7	2-7협동	강**	충남대	2017. 2
76	7	2-7협동	홍**	충남대	2017. 2
77	7	2-5협동	이**	경북대	2017. 8
78	7	1-2세부	김**	서울대	2017. 8
79	7	2-3협동	한**	부산대	2017. 8
80	7	2-7협동	박**	충남대	2017. 8
81	7	2-7협동	S. P.	충남대	2017. 8
82	8	1-1협동	김**	전남대	2018.02
83	8	1-1협동	백**	전남대	2018.02
84	8	3-1 세부	정**	경북대	2018.02

순번	연차	구분	성명	비고	취득년월
85	8	3-1 세부	김**	경북대	2018.02
86	8	3-1 세부	신**	경북대	2018.02
87	8	3-1협동	최**	서울대	2018.02
88	8	3-1협동	이**	서울대	2018.02
89	8	3-2 협동	김**	부산대	2018.02
90	8	3-2 협동	정**	부산대	2018.02
91	8	3-2 협동	신**	부산대	2018.02
92	8	3-3 협동	김**	충남대	2018.02
93	8	3-3 협동	전**	충남대	2018.02
94	9	3-1 협동(경북대)	안*	경북대	2018.08
95	9	3-1 협동(서울대)	박**	서울대	2018.08
96	9	1-2세부	배**	서울대	2018.08
97	9	1-2세부	박**	서울대	2019.02
98	9	3-2협동	최**	충남대	2019.02
99	9	3-3협동	Lu**	충남대	2019.02
100	9	3-1세부	이**	부산대	2019.02
101	9	3-1 협동	정**	서울대	2019.02
102	9	3-1 협동	강**	서울대	2019.02
103	9	3-1 협동	정**	서울대	2019.02
104	10	3-1 협동(서울대)	김**	서울대	2019.08
105	10	3-1 협동(서울대)	안**	서울대	2019.08
106	10	3-1 협동(서울대)	박**	서울대	2019.08
107	10	3-1세부	조**	부산대	2019.08
108	10	1-1협동(전남대)	조**	전남대	2020.02
109	10	1-1협동(전남대)	서**	전남대	2020.02
110	10	3-1 협동(경북대)	정**	경북대	2020.02
111	10	3-1 협동(경북대)	최**	경북대	2020.02
112	10	3-1 협동(경북대)	이**	경북대	2020.02
113	10	3-1 협동(경북대)	강**	경북대	2020.02
114	10	3-1 협동(경북대)	박**	경북대	2020.02
115	10	3-1 협동(서울대)	홍**	서울대	2020.02
116	10	3-1 협동(서울대)	윤**	서울대	2020.02
117	10	3-1 협동(서울대)	이**	서울대	2020.02
118	10	1-2세부(서울대)	정**	서울대	2020.02
119	10	3-2협동(충남대)	송**	충남대	2020.02
120	10	3-1 협동(서울대)	백**	서울대	2020.08
121	10	3-1 협동(서울대)	염**	서울대	2020.08

순번	연차	구분	성명	비고	취득년월
122	10	1-2세부(서울대)	허**	서울대	2020.08
123	10	3-2협동(충남대)	이**	충남대	2020.08
124	10	3-2협동(충남대)	문**	충남대	2020.08

(2) 현장 실무형 창의 인재 양성 - 인턴교육(177명)

- 본 센터는 1단계 사업을 통해 현장 실무형 창의 인재 양성을 위한 인턴교육 체계 확립하였다. 인턴교육을 국내와 국외(글로벌)로 구분하고 대상은 학부인턴, 석사인턴, 박사과정으로 각 시기에 적합한 현장교육을 실시하였다. 1-2단계 총 132명이 참석하였으며 목표 대비 112% 달성하였다.
- 3단계에는 국내인턴 교육 및 글로벌 인턴교육의 지역, 회사를 확대하고 진행하여 글로벌 10명, 국내회사 35명으로 총 45명이 현장 중심의 인턴교육을 실시하였다. 특히 20년도에는 코로나19 펜데믹으로 인해 글로벌 회사에 인턴교육을 실시할 수 없어 단기로 국내 중자회사 인턴교육 실시하였다. 10년차에는 국내 인턴교육이 현저히 늘어 총 17명이 진행하였다.
- 총 10년의 연구사업을 통해 국내인턴 교육은 134명, 해외 인턴교육은 43명 진행하였다.



그림 2. 1~3단계 별 인턴교육 목표 및 성과

- 인턴 연수학생은 교육 참여 기업에서 제시하는 일정에 따라 고품질, 기능성, 내병성 품종육성과정상의 인턴과정을 통해, 파종, 교배, 선발 등 전통육종의 전 과정에 대한 훈련기회를 제공받았으며. 또한 해외 농장을 활용한 세대진전사업, 해외 시험포 운영에 대한 정보 및 관리 노하우를 습득하고자 하였다.
- 해외 인턴 교육은 중자회사 및 대학교에서 진행하였으며 1단계에서는 주로 박사과정 학생이 참여하였고 2단계에서는 태국의 East West Seed사가 인턴교육을 진행하면서 석사 과정생들에게 기회를 제공하였다. 3단계에서는 제 1-1세부에서 Axia Vegetable

Seed사, 이스라엘의 Danziger, 일본의 Kazusa DNA Research Institute, 인도네시아의 East West INDO 등의 종자회사 및 연구소에 글로벌 인턴교육의 기회가 제공되었었다.

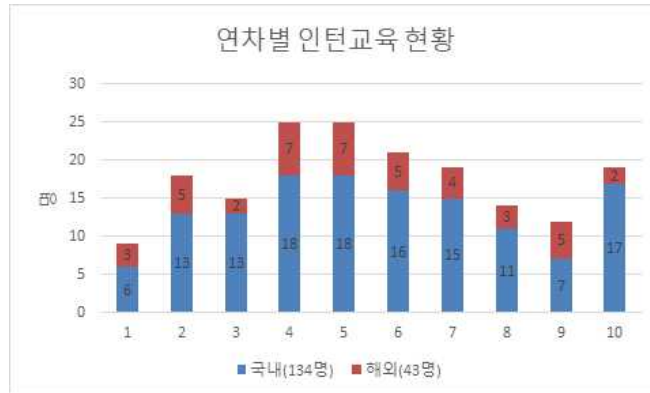


그림 3. 연도별 국내/해외 인턴교육생 수



그림 4. 제 1-1세부에서 진행한 글로벌 인턴교육

표 3. 인턴교육 성과 명단

순번	연차	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
1	1	조**	서울대	KeyGene	박사	2011.2~2011.7
2	1	양**	서울대	Enza Zaden	박사	2011.3~2011.8
3	1	이**	서울대	Cornell Univ.	박사	2011.7~2012.7
4	1	김**	전남대	농우바이오	석사	2010.9.1~9.30
5	1	김**	충남대	현대종묘	석사	2011.3.21~2011.4.30
6	1	배**	서울대	동부팜한농	석사	2011.4~2011.9
7	1	박**	서울대	농협종묘센터	박사	2011.7~2012.6
8	1	여**	부산대	농협종묘센터	학사	2011.7~2011.8

순번	연차	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
9	1	김**	부산대	농협종묘센터	학사	2011.7~2011.8
10	2	조**	전남대	동부팜한농	석사	2011.9~2011.12.31
11	2	장**	서울대	동부팜한농	석사	2011.9~2011.12.31
12	2	박**	서울대	농협종묘센터	박사	2011.9~2012.6.30
13	2	김**	경북대	서울대	석사	2012.1.15~2012.2.28
14	2	유**	경북대	영양고추시험장	학사	2012.1.1~2012.8.31
15	2	강**	서울대	KeyGene	Post. Doc.	2012.3.1~2013.2.28
16	2	정**	서울대	Enza Zaden	박사	2012.5.1~2012.8.31
17	2	김**	충남대	한국종묘	석사	2012.6
18	2	김**	부산대	농협종묘센터	학사	2012.7~2012.8
19	2	황**	부산대	농협종묘센터	석사	2012.7~2012.8
20	2	한**	부산대	농협종묘센터	학사	2012.7.21~2012.8.30
21	2	배**	부산대	농우바이오	학사	2012.8
22	2	김**	부산대	동부팜한농	학사	2012.7.21~2012.8.30
23	2	이**	서울대	AVRDC	석사	2012.7.21~2012.8.30
24	2	김**	경북대	AVRDC	석사	2012.7.5~2013.1.6
25	2	김**	충남대	Univ. of Warwick	석사	2012.4.18~2012.7.18
26	2	안**	서울시립대	농우바이오	학사	2012.6.25~2012.8.24
27	2	최**	서울대	아시아종묘	석사	2012.2~2012.6
28	3	한**	서울대	Enza Zaden	석사	2013.3.1~2013.8.31
29	3	박**	서울대	농협종묘센터	박사	2012.9.1~2012.9.30
30	3	양**	서울대	농협종묘센터	박사	2012.10.1~2012.12.30
31	3	최**	경희대	농협종묘센터	박사	2013.4.1~2013.8.30
32	3	김**	부산대	농협종묘센터	석사	2013.8
33	3	최**	경북대	동부팜한농	학사	2012.11.1~2013.2.8
34	3	권**	부산대	동부팜한농	학사	2012.11.1~2013.4.30
35	3	황**	서울대	동부팜한농	석사	2013.7.15~2013.8.30
36	3	서**	서울대	UC Davis	박사	2013.6~2014.6
37	3	박**	경북대	부산 시설원예시험장	학사	2012.01~2012.02
38	3	진**	경북대	밀양 국립종자원	학사	2012.01~2012.02
39	3	안**	서울대	농우바이오	석사	2013.7~2013.8
40	3	정**	서울대	농우바이오	학사	2013.7~2013.8
41	3	임**	서울대	농우바이오	학사	2013.7~2013.8
42	3	김**	충남대	아시아종묘	석사	2014.8
43	4	이**	서울대	Enza Zaden	박사	2014.3.10~2014.8.31
44	4	이**	서울대	East West Seed	석사	2014.7~2014.8
45	4	김**	부산대	East West Seed	석사	2014.7~2014.8
46	4	동**	청도대학	서울대	석사	2014.3.1~2015.2.28
47	4	M. R.	카이로대학	서울대	석사	2014.7.7~2014.7.11
48	4	최**	서울대	볼리비아	학사	2014.3.1~2014. 8.31

순번	연차	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
49	4	진**	경북대	글로벌인턴교육	학사	2014.6.22~2014.8.1
50	4	하**	서울대	동부팜한농	학사	2014.8
51	4	정**	부산대	농협종묘센터	학사	2014.7~2014.8
52	4	박**	부산대	동부팜한농	학사	2014.7~2014.8
53	4	이**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.1~2014.2.
54	4	이**	충남대	아시아종묘	석사	2014.7
55	4	오**	충남대	아시아종묘	석사	2014.8
56	4	김**	한국농수산대	농우바이오	학사	2014.1~2014.7
57	4	간**	한국농수산대	농우바이오	학사	2014.2~2014.7
58	4	오**	충북대	농우바이오	학사	2014.7~2014.8
59	4	한**	충북대	농우바이오	학사	2014.7~2014.8
60	4	박**	충북대	농우바이오	학사	2014.7~2014.8
61	4	정**	충북대	농우바이오	학사	2014.7~2014.8
62	4	김**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.6~2014.7
63	4	문**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.6~2014.7
64	4	박**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.6~2014.7
65	4	송**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.6~2014.7
66	4	이**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.6~2014.7
67	4	최**	경희대	농협종묘센터	학사	2014.6~2014.7
68	5	한**	서울대	Enza Zaden	석사	2014.6~2014.7
69	5	이**	서울대	KeyGene	석사	2015.6.15~2015.7.20
70	5	정**	서울대	East West Seed	석사	2015.1.3~2015.3.12
71	5	김**	전남대	East West Seed	석사	2015.1.3~2015.3.12
72	5	제**	경북대	East West Seed	석사	2015.7.1~2015.8.30
73	5	강**	충남대	East West Seed	석사	2015.7.1~2015.8.30
74	5	N.C.	East West Seed	서울대	연구원	2015.4.27~2015.5.22
75	5	이**	서울대	UC Davis	박사	2015.3.27~2016.3.26
76	5	강**	경북대	농우바이오	학사	2015.3~2015.6
77	5	김**	경북대	농우바이오	학사	2015.3~2015.6
78	5	길**	한국농수산대	농우바이오	학사	2015.1~2015.10
79	5	김**	한국농수산대	농우바이오	학사	2015.1~2015.10
80	5	조**	한국농수산대	농우바이오	학사	2015.1~2015.10
81	5	전**	충북대	농우바이오	학사	2015.7
82	5	윤**	충북대	농우바이오	학사	2015.7
83	5	황**	충북대	농우바이오	학사	2015.7
84	5	김**	충북대	농우바이오	학사	2015.7
85	5	박**	서울대	서울대	학사	2015.7~2015.8
86	5	정**	서울대	동부팜한농	학사	2015.7~2015.8
87	5	최**	서울시립대	동부팜한농	학사	2015.7~2015.8
88	5	권**	부산대	농협종묘센터	석사	2015.7.7~2015.8.6
89	5	고**	단국대	농협종묘센터	학사	2015.6.22~2015.7.17

순번	연차	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
90	5	김**	단국대	농협종묘센터	학사	2015.6.22~2015.7.17
91	5	정**	충남대	아시아종묘	석사	2015.7.1~2015.7.31
92	5	김**	충남대	아시아종묘	석사	2015.8.1~2015.8.31
93	6	한**	서울대	이스라엘/히브리 대학	박사	2015.9.9~2015.9.19
94	6	김**	전남대	East West Seed	석사	2016.1.7~2016.3.2
95	6	조**	서울대	East West Seed	석사	2016.1.7~2016.3.2
96	6	장**	서울대	Enza Zaden	박사	2016.4.15~2016.8.31
97	6	정**	서울대	East West Seed	석사	2016.8.1~2016.9.30
98	6	박**	부산대	인실리코젠(생물 정보)	석사	2016.1~2016.2
99	6	김**	부산대	동부팜한농	석사	2016.1~2016.2
100	6	T. J.	East West Seed	서울대	연구원	2016.4.24~2016.5.20
101	6	J. L.	East West Seed	서울대	연구원	2016.4.24~2016.5.20
102	6	조**	부산대	농협종묘센터	학사	2016.7~2016.8
103	6	안**	서울대	동부팜한농	학사	2016.7~2016.8
104	6	김**	충남대	아시아종묘	석사	2016.7
105	6	전**	충남대	아시아종묘	석사	2016.8
106	6	유**	경북대	영양고추시험장	학사	2016.7.4~2016.8.26
107	6	장**	경북대	영양고추시험장	학사	2016.7.4~2016.8.26
108	6	김**	한국농수산대	농우바이오	학사	2016.1~2016.11
109	6	김**	한국농수산대	농우바이오	학사	2016.1~2016.11
110	6	원**	한국농수산대	농우바이오	학사	2016.1~2016.11
111	6	이**	부산대	농협종묘센터	석사	2016.7~2016.8
112	6	이**	서울대	농협종묘센터	석사	2016.7~2016.8
113	7	강**	서울대	주식회사 바이오큐브시스템	학사	2017.1.2~2017.1.31
114	7	주**	서울대	주식회사 바이오큐브시스템	학사	2017.1.2~2017.1.31
115	7	최**	서울대	East West Seed	석사	2016.1~2016.2
116	7	김**	전남대	East West Seed	석사	2016.1~2016.2
117	7	김**	경북대	국립종자원	학사	2017.2~2017.11
118	7	이**	서울대	Cornell Univ.	박사	2017.1.19~2017.2.3
119	7	정**	한국농수산대	농우바이오	학사	2017.1.1~2017.10.31
120	7	정**	한국농수산대	농우바이오	학사	2017.1.1~2017.10.31
121	7	정**	한국농수산대	농우바이오	학사	2017.1.1~2017.10.31

순번	연차	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
122	7	김**	한국농수산대	농우바이오	학사	2017.1.1~2017.10.31
123	7	D.W. B.	World Vegetable Center	서울대	박사	2016.11.09~201.11.16
124	7	T. C.	East West Seed	서울대	연구원	2016.10.4~2016.11.2
125	7	최**	경북대	농우바이오	학사	2017.3~2017.6
126	7	정**	경북대	농우바이오	학사	2017.3~2017.6
127	7	장**	경북대	영양고추시험장	학사	2017.03.13~2017.09
128	6	정**	부산대	농협회사법인 신농 유한회사	석사	2016.7~2016.8
129	7	A. C.	서울대	Enza Zaden	박사	2017.4.18~2017.8.31
130	7	권**	부산대	농협종묘센터	학사	2017.08
131	7	김**	부산대	농협종묘센터	학사	2017.08
132	7	최**	충남대	아시아종묘	석사	2017. 08(4주)
133	8	전**	경북대	태국 Chia Tai Co., Ltd.	석사	2018.01.14. ~
134	8	최**	서울대	Axia(네덜란드)	석사	2018.02.20~5.20(3개월)
135	8	조**	서울대	Enza Zaden	박사	2018. 03.19~5.30(5개월)
136	9	김**	서울대	East West Seed	석사	2018.07.02~08.25
137	9	I. S.	서울대	East West Seed 인도네시아	박사	2018.07.19~09.13
138	9	조**	서울대	Cornell Univ.	박사	2019. 01.18~02.02
139	9	홍**	서울대	Kazusa DNA research Institute	석사	2019.01.21~25
140	9	윤**	서울대	Danziger-innovations	석사	2019.02.09~02.23
141	10	S. AB	서울대	East West Seed	박사	2019.07.01~08.25
142	10	박**	서울대	Enza Zaden	석사	2019. 06.03~10.25
143	8	A. Y.	East West Seed	서울대	석사	2017.10.12~11.12 (1개월)
144	8	조**	부산대	농협종묘센터	석사	2018.03.~07.(5개월)
145	8	김**	전남대	(주)제농	박사	2018.6.11~6.14
146	8	조**	전남대	(주)제농	석사	2018.6.11~6.14
147	8	서**	전남대	(주)제농	석사	2018.6.11~6.14
148	8	김**	전남대	(주)제농	석사	2018.6.11~6.14
149	8	LU**	충남대	아시아종묘	석사	2018.04~05(1개월)
150	8	채**	충남대	아시아종묘	석사	2018.04~05(1개월)
151	8	박**	서울대	KRIBB	석사	2018.03~08(6개월)
152	9	강**	서울대	농우바이오	석사	2018.07~10(4개월)

순번	연차	이름	소속	인턴교육기관	학위과정	인턴교육시기
153	9	송**	충남대	아시아종묘	석사	2018.07.02~07.31
154	9	홍**	충남대	아시아종묘	석사	2018.07.02~07.31
155	9	마**	충남대	아시아종묘	석사	2018.08.01~08.31
156	9	정**	경북대	농우바이오	석사	2018.07-10(4개월)
157	9	조**	전남대	(주)제농	석사	2018.08
158	9	서**	전남대	(주)제농	석사	2018.08
159	10	조**	전남대	(주)제농	석사	2019.06.24~28
160	10	조**	전남대	(주)제농	석사	2019.06.24~28
161	10	조**	전남대	(주)제농	석사	2019.08.05~09
162	10	권**	부산대	농협	석사	2019.07~08
163	10	문**	충남대	아시아종묘	석사	2019.07.01~07.31
164	10	최**	충남대	아시아종묘	석사	2019.07.08~08.04
165	10	이**	충남대	농협	석사	2019.08.01~08.30
166	10	조**	전남대	농우바이오	석사	2019.09.01~12.31
167	10	정**	경북대	농우바이오	석사	2019.09.01~12.31
168	10	염**	서울대	농우바이오	석사	2020.07.06~07.10
169	10	백**	서울대	농우바이오	석사	2020.07.06~07.10
170	10	변**	서울대	(주)팜한농	석사	2020.07.06~07.10
171	10	김**	서울대	(주)팜한농	석사	2020.07.06~07.10
172	10	김**	서울대	(주)팜한농	석사	2020.07.06~07.10
173	10	장**	서울대	(주)팜한농	석사	2020.07.13~07.17
174	10	강**	서울대	(주)팜한농	석사	2020.07.13~07.17
175	10	이**	서울대	(주)팜한농	석사	2020.07.13~07.17
176	10	김**	중앙대	(주)팜한농	석사	2020.05.19~05.21
177	10	최**	중앙대	(주)팜한농	석사	2020.05.19~05.21

(3) 종자회사 및 종자산업 분야 취업

- 육종 전문 교육 과정 및 인턴교육을 통한 전문 능력과 자질을 갖춘 졸업생들에 대해 종자산업 분야의 취업을 유도하였다.
- 센터의 최종 목표의 1단계 24명, 2단계 42명, 3단계는 46명으로 총 147명이 취업을 하였다. 이는 참여기업인 종자회사에서는 고용창출을 통한 인력공급을 수여 받았으며, 학생들은 종자회사 및 관련 업계로 취업이 유도된 성과로 볼 수 있다. 이는 432% 초과 달성이라는 우수한 성과를 달성하였으며 종자회사 취업을 유도하여 전문 육종가의 고령화로 문제를 해소하는 육종가 세대 교체에 기여하였다.
- 3단계 석박사 학위별 취업 결과를 비교 분석한 결과 박사 졸업 후 종자회사는 3명, 연구소 취업자는 7명으로 나타났으며, 석사의 경우 박사와 달리 종자회사 취업률이 52%로 절

반을 넘은 비율로 종자회사에 취업을 하였다. 박사 졸업한 학생들의 경우 연구소나 대학교의 박사후연구원으로 취업을 선호하였다. 반면 석사를 졸업한 학생들의 경우 2명은 국외 종자회사에 취업하여 pre-breeder 및 전문 육종가로 활약을 하고 있으며 국내 종자회사의 취업률로 남학생의 비율이 높게 나타났다. 대부분의 석사를 졸업한 여학생의 경우 병원 등 연구소 취업을 선호한 것으로 나타났다.



그림 5. 1-3단계별 전문인력 취업 목표 및 성과

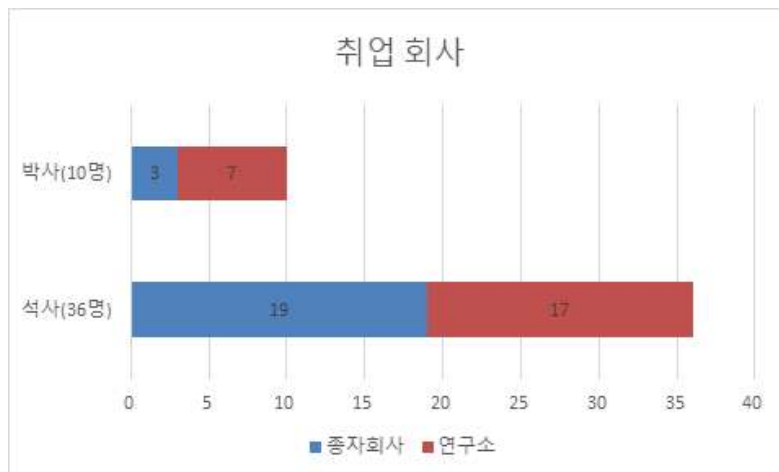


그림 6. 졸업생별 취업회사 비율

표 4. 전문인력 취업성과 명단

순번	연차	이름	소속	취직 회사	취업년월	학위
1	1	김**	서울대	몬산토 코리아	2010. 11	석사
2	1	이**	경북대	농우바이오	2011. 2	석사
3	1	김**	전남대	농우바이오	2011. 3	석사
4	1	김**	부산대	고령지 농업연구소	2011. 2	석사
5	1	이**	서울대	팜한농	2011. 6	석사수료
6	2	여**	부산대	농우바이오	2011. 9	학사
7	2	배**	서울대	팜한농	2011. 12	석사
8	2	송**	서울대	삼성 바이오 에피스	2012. 7	석사
9	2	최**	서울대	아시아종묘	2012. 2	석사수료
10	2	김**	서울대	NICEM	2012. 3	석사
11	2	조**	전남대	팜한농	2012. 7	석사
12	2	장**	서울대	농협종묘센터	2012. 1	학사
13	2	전**	서울시립대	농협종묘센터	2012. 1	석사
14	3	김**	서울대	팜한농	2012. 3	석사
15	3	조**	서울대	농촌진흥청	2013. 1	박사
16	3	박**	서울대	차병원 차암연구소	2103. 1	박사
17	3	김**	서울대	Seegene	2013. 3	석사
18	3	박**	서울대	농협종묘센터	2013. 1	박사과정
19	3	최**	경희대	농협종묘센터	2013. 1	박사과정
20	3	박**	전남대	양파나라	2013. 2	석사
21	3	김**	충남대	바이오브리딩	2012. 9	석사과정
22	3	김**	충남대	농우바이오	2013. 2	석사
23	3	박**	경북대	사카타코리아(주)	2013. 3	석사
24	3	김**	경북대	장춘종묘(주)	2013. 6	석사
25	3	최**	서울대	다카라코리아	2013. 2	석사
26	3	류**	서울대	원예과학기술원	2013. 1	학사
27	4	김**	경북대	프락셀(주)	2013.10	석사
28	4	김**	서울대	썬트리온(주)	2013.11	석사
29	4	강**	서울대	국립농업과학원	2014. 2	석사
30	4	안**	경북대	아시아종묘	2014. 2	석사
31	4	모**	경북대	농촌진흥청	2014 .3	박사
32	4	김**	경북대	합천농기센	2014 .1	학사
33	4	황**	부산대	농우바이오	2013. 12	석사
34	4	정**	경북대	고령농기센	2014. 7	학사
35	4	조**	고졸	농우바이오	2013. 9	고졸
36	4	김**	고졸	농우바이오	2013. 9	고졸
37	4	안**	서울대	농우바이오	2013. 10	석사
38	4	조**	서울대	한국원자력연구원 방사선육종연구센터	2014. 1	박사
39	4	장**	서울대	농우바이오	2013. 12	석사
40	4	정**	서울대	농우바이오	2014. 2	박사
41	4	양**	서울대	농협종묘센터	2014. 3	박사

순번	연차	이름	소속	취직 회사	취업년월	학위
42	4	황**	서울대	농우바이오	2014. 2	석사
43	4	김**	부산대	그린시드	2014. 3	석사
44	4	김**	서울대	농촌진흥청	2014. 7	박사
45	4	김**	연세대	농협종묘센터	2014. 2	석사
46	4	이**	서울대	농협종묘센터	2014. 2	박사
47	4	송**	전남대	국립원예특작과학원	2014. 4	석사
48	4	정**	충남대	에버랜드	2014. 3	학사
49	5	강**	서울대	바이엘크롭사이언스	2014. 9	석사
50	5	박**	서울대	정식품	2015. 2	석사
51	5	이**	고졸	농우바이오	2014. 11	고졸
52	5	안**	서울대	농우바이오	2014. 11	석사
53	5	정**	서울대	농우바이오	2015. 7	석사
54	5	김**	부산대	코레곤	2014. 11	석사
55	5	김**	부산대	충남대	2015. 8	석사
56	5	한**	부산대	선진농업법인	2015. 4	학사
57	5	김**	충남대	아시아종묘	2015. 1	석사
58	5	유**	경희대	아시아종묘	2015. 1	박사
59	5	이**	경북대	경산시농기센	2015. 1	학사
60	5	이**	경북대	상주감시험장	2015. 1	학사
61	5	배**	경북대	상주감시험장	2015. 1	학사
62	6	유**	서울대	PGBI	2015. 2	박사
63	6	손**	서울대	농생명과학연구원/NIH	2015. 2	박사
64	6	한**	서울대	PGBI	2015. 9	박사
65	6	김**	전남대	농우바이오	2015. 7	석사
66	6	김**	전남대	전남농업기술원	2015. 9	석사
67	6	제**	경북대	농우바이오	2015. 12	석사
68	6	박**	경북대	농우바이오	2016. 4	석사
69	6	한**	서울대	팜한농	2015. 12	석사
70	6	김**	부산대	팜한농	2015. 12	석사
71	6	이**	충남대	농협종묘센터	2015. 12	석사
72	6	이**	경북대	라이프사이언스	2015. 12	박사과정
73	6	김**	경북대	다끼이종묘	2015. 10	학사
74	6	구**	서울대	삼성웰리스	2016. 2	학사
75	6	김**	전남대	양파나라	2017. 1	석사
76	6	강**	경북대	사천시농업기술센터	2015. 12	학사
77	6	김**	서울대	서울대 농업생명과학연구원	2016. 3	석사
78	6	이**	부산대	농업회사운영	2016. 8	박사
79	7	최**	서울대	채소육종연구센터	2016. 9	박사
80	7	하**	서울대	바이오니아	2017. 1	석사
81	7	정**	서울대	East West Seed	2017. 3	석사
82	7	박**	경북대	한미프러그	2016	학사

순번	연차	이름	소속	취직 회사	취업년월	학위
83	7	오**	경북대	국립농산물품질관리원 경북지원	2016. 10	학사
84	7	진**	경북대	팜한농	2017. 1	석사
85	7	김**	충남대	대일바이오	2016. 9	석사
86	7	강**	충남대	사카타코리아	2017. 4	석사
87	7	박**	부산대	(주)씨더스	2016. 12	석사
88	7	권**	부산대	신농	2016. 9	석사
89	7	오**	중앙대	아시아종묘	2017. 2	박사수료
90	7	박**	전남대	양파나라	2017. 3	학사
91	7	김**	충북대	농우바이오	2017. 1	학사
92	7	이**	전남대	농우바이오	2017. 1	학사
93	7	박**	전남대	농우바이오	2017. 1	학사
94	7	조**	충북대	농우바이오	2016. 10	박사
95	7	김**	과학기술연합 대학원대학교	농우바이오	2017. 1	석사
96	7	최**	경희대 대학원	농우바이오	2017. 1	석사
97	7	김**	경북대	농우바이오	2017. 1	학사
98	7	박**	경북대	한미종묘	2017. 2	학사
99	7	이**	서울대	연암대학교	2017. 2	박사
100	7	이**	연암대	팜한농	2016. 12	학사
101	7	이**	연암대	팜한농	2016. 12	학사
102	8	김**	전남대	국립원예특작과학원	2017.11.13	석사
103	8	이**	서울대	더기반	2017.12.01	석사
104	8	김**	충남대	(주)바이오니아	2017.12.18	석사
105	8	김**	전남대	(주)팜한농	2018.01.01	석사
106	8	김**	경북대	사카타코리아(주)	2018.01.02	석사
107	8	전**	충남대	사카타코리아(주)	2018.01.02	석사
108	8	이**	경북대	동오시드(18.01.15)/조엔김 지노믹스(18.09.04)	2018.01.15	석사
109	8	임**	충남대	아시아종묘(주)	2018.02.01	박사
110	8	한**	서울대	(주)팜한농	2018.02.01	박사
111	8	정**	경북대	국립원예특작과학원/농우바 이오	2018.04.01/20 18.07.01	석사
112	8	김**	경북대	더기반	2018.05.01	석사수료
113	8	정**	부산대	더기반	2018.05.01	석사
114	9	박**	서울대	LG화학	2018.07.01	석사
115	9	신**	경북대	경북대학교사과연구소	2018.09.01	석사
116	9	이**	서울대	농생명공학연구원	2018.09.01	박사
117	9	V. A. T.	경북대	경북대학교농업과학기술연구 소	2018.09.06	석사
118	9	조**	부산대	부농종묘	2018.12.01	석사
119	9	김**	부산대	생명산업융합연구원	2019.01.01	석사
120	9	최**	서울대	Axia vegetable Seeds	2019.01.09	석사
121	9	최**	충남대	다나동묘	2019.02.01	석사
122	9	S. J.	충남대	충남대 연구소	2019.02.01	박사

순번	연차	이름	소속	취직 회사	취업년월	학위
123	9	김**	부산대	Unell Biological Technology	2019.03.20	박사
124	9	김**	전남대	제농	2019.05.02	박사
125	10	이**	부산대	농우바이오	2019.05.27	석사
126	10	안**	서울대	농우바이오	2019.06.01	석사
127	10	홍**	충남대	한국생명공학연구원	2019.06.01	석사
128	10	배**	서울대	서울대 의대 치의학연구소	2019.07.01	석사
129	10	강**	서울대	조은종묘	2019.07.05	석사
130	10	김**	서울대	East West Seed(태국)	2019.07.25	석사
131	10	M. S. I.	서울대	서울대 식물유전체육종연구소	2019.09.05	박사
132	10	정**	서울대	농촌진흥청	2019.09.10	석사
133	10	정**	서울대	서울대 농생명공학연구원	2019.10.01	석사
134	10	A. C.	서울대	Rajamangala University of Technology	2019.11.14	박사
135	10	홍**	서울대	사카타코리아	2020.01.02	석사
136	10	조**	전남대	농우바이오	2020.01.06	석사
137	10	정**	경북대	농우바이오	2020.01.06	석사
138	10	박**	서울대	국립종자원 국제종자생명교육센터	2020.03.01	석사
139	10	정**	서울대	고려대학교 의료원	2020.03.01	석사
140	10	강**	경북대	경북대학교농업과학기술연구소	2020.03.01	석사
141	10	최**	경북대	경북대학교농업과학기술연구소	2020.03.01	석사
142	10	유**	경북대	경북대학교농업과학기술연구소	2020.03.01	박사
143	10	박**	경북대	국립농업과학원	2020.03.02	석사
144	10	송**	충남대	지역농업네트워크협동조합연합회	2020.04.01	석사
145	10	이**	충남대	농업회사법인 대일국제종묘(주)	2020.06.15	석사
146	10	마**	충남대	충남대 농업과학연구소	2020.09.01	박사
147	10	문**	충남대	삼성병원 유전체 연구소(4대보험 미지급)	2020.09.01	석사

(2) 정량적 성과(1-3단계 총괄)

구 분		목표	실 적										
			1차 년도	2차 년도	3차 년도	4차 년도	5차 년도	6차 년도	7차 년도	8차 년도	9차 년도	10차 년도	합계
우수연 구 인력	박사(명)	48	4	6	5	8	7	6	2	2	4	6	50
	석사(명)	110	13	5	10	9	12	13	19	12	10	21	124
	취업(명)	34	5	8	13	22	13	17	23	13	10	23	147

(2-1)정량적 성과(3 단계)

분 류	지원 총인 원	현 황										
		학위별			성별		지역별					
		박사	석사	학사	남	여	수도권	충청권	영남권	호남권	기타	
1-2세부 (서울대)	4		4			4	4					
1-1협동 (전남대)	5	1	4		4	1				5		
3-1협동 (서울대)	19	5	14		9	10	19					
3-1세부 (부산대)	7	2	5		5	2			7			
3-1협동 (경북대)	10	1	9		4	6			11			
3-2협동 (충남대)	10	3	7		5	5		10				
합계	55	12	43		27	28	23	10	18	5		

(3) 장·단기 인력양성 프로그램 활용성과

구분	장기 (2월 이상)		단기 (2월 미만)	
	국내	국외	국내	국외
3단계 인턴교육	4	6	31	4

(4) 산업기술인력 양성 성과

년도 년차	프로그램명	프로그램 내용	교육기관	교육 개최회수	총 교육시간	총 교육인원
2010년 1차년도	2010 식물분자마커이용육 종기술workshop	분자마커 이론 및 실습	채소육종연구센터	1	40	21
2010년 1차년도	2011 유전체 시대 채소육종 전문가 과정	분자마커 개발 과정 교육	채소육종연구센터	1	40	25
2011년 2차년도	식물분자마커이용육 종기술워크숍	분자마커 이론 및 실습	채소육종연구센터	1	40	20
2012년 3차년도	식물내병성육종기술 워크숍	식물병 관련 진단 및 내병성 육종	채소육종연구센터	1	40	15
2012년 3차년도	육종보조원인력양성 과정	교배 육종, 종자 처리 기술 등	채소육종연구센터	1	100	13
2013년 3-4차년도	2013 종자산업전문가교육 과정	육종, 종자산업, 마케팅	채소육종연구센터	1	100	10
2013년 3-4차년도	미래인력양성교육과 정	글로벌, 국내 인턴교육	채소육종연구센터	1	100	18
2013년 4차년도	첨단육종기술전문가 과정워크숍	유전체 정보 활용 육종 기술 교육	채소육종연구센터	1	40	13
2015년 5차년도	종자산업전문가교육 과정	육종, 종자산업, 마케팅	채소육종연구센터	1	40	15
2015년 5차년도	농업생명공학의이해	농업생명공학- 교사 및 고등학생	채소육종연구센터	2	40	25
2015년 5차년도	GBS라이브러리제작 및 데이터분석 교육 워크숍	GBS라이브러리제작 및 데이터분석 교육	채소육종연구센터	1	16	14
2016년 6차년도	2015종자관리전문가 과정 워크숍(1회,2회)	종자 관리 교육 및 실습	채소육종연구센터	1	40	14
2016년 6차년도	2016 종자관리전문가과정 워크숍	종자 관리 교육 및 실습	채소육종연구센터	1	40	17
2016년 6차년도	2016농업생명공학의 이해	농업생명공학- 교사 및 고등학생	채소육종연구센터	2	40	30
2017년 7차년도	2017 종자산업전문가교육 과정	육종, 종자산업, 마케팅	채소육종연구센터	1	40	20
2018년 9차년도	2018 여름육종학교	식물육종, 종자산업 비전	채소육종연구센터	1	8	20
2019년 10차년도	최신 분자육종기술 워크숍	NGS를 이용한 분자육종기술 및 실습	채소육종연구센터	1	8	30
합계				19	772	320

5. 목표달성도 및 관련분야 기여도

5-1. 목표 달성도

○ 제 1-1 세부: 전문인력 양성 교육 및 육종기반 연구 지원(강병철, 서울대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 글로벌 종자 전문 인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 대학원생 해외인턴교육 확대 • 학부생/대학원생 종자산업 비전 교육 • 식물 육종 여름 학교 운영 • 분자마커 개발 및 분석 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 종자산업 전문가 재교육 	<ul style="list-style-type: none"> • 육묘업 등록 교육 진행 • 첨단 육종기술에 대한 맞춤형 교육 및 종자산업 워크숍 진행 • NGS 기반 분자마커 개발 맞춤형 교육 및 컨설팅 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 분자마커 서비스 사업화 	<ul style="list-style-type: none"> • 유전육종 교재 kit 개발 및 상품화 • 분자마커 개발 및 분석 	100

○ 제 1-2 세부: 기주의 병 진전 및 저항성 관련 유전자 활용 바이러스 저항성 소재 개발(김국형, 서울대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 토마토 및 감자의 식물 바이러스 병원성 및 저항성 검정 	<ul style="list-style-type: none"> • 고추 모틀 바이러스 저항성 유전자 Pvr9 돌연변이체를 이용한 세포 괴사 반응 결정 인자 구명 및 NIa 단백질 기반의 세포 괴사 반응 유도 벡터 제작 • PepMoV 감염성 DNA 클론을 제작하고 형광단백질 유전자를 도입하여 감염성 확인 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 바이러스 병 저항성 관련 유전자의 유전자 편집 기술 벡터 시스템 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • Pvr9과 관련 변형체 유전자를 이용한 식물 과발현 벡터를 제작하고 이를 이용한 식물형질전환용 벡터 개발 완료 • 유전자 editing 기술 기반의 TALEN 이용 벡터 개발 완료 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 식물 바이러스 병리 검정 지원 및 관련 전문 연구 인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 주요 식물바이러스 검정 매뉴얼 작성 및 관련 전문 연구 인력 배출 	100

○ 제 1-1 협동: 옹성불임성을 활용한 *Allium*속 식물 F₁품종 육종기술 개발 및 인력양성 (김성길, 전남대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 양파 정상과 CMS-T 옹성불임 세포질 미토콘드리아 유전체 확보 및 옹성불임 유기 유전자 탐색 	<ul style="list-style-type: none"> • Normal 세포질을 가지는 양파의 미토콘드리아와 CMS-T 세포질을 가지는 양파의 미토콘드리아를 Next Generation Sequencing을 이용하여 Whole Genome Sequence를 확보하고 비교를 통해 양파의 옹성불임 후보유전자 orf725가 유력함을 확인 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 양파에서 cytotype Y 세포질에 의한 옹성불임의 회복에 따른 유전양상과 옹성불임 불안정성 확인 	<ul style="list-style-type: none"> • cytotype Y 의 유전양상을 파악하기 위해 S1, OP1 집단을 육성하여 분리양상을 분석(CMS-Y 세포질로 명명). • RF31446의 genotype과 표현형이 일치하지 않는 불안정한 옹성불임 개체를 확인. • OP2 집단을 육성하여 10개체의 추가적인 불안정한 옹성불임 개체를 확인하였고, 2개체는 안정적인 옹성불임개체와 교배하고 4개체는 자가수정을 진행하여 종자가 형성됨을 확인. • 결과적으로 불안정한 옹성불임 개체의 꽃가루는 임성을 가지는 것을 확인 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 양파와 대파를 구별할 수 있는 분자표지 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • 파와 대파의 mitochondrial genome에 존재하는 atp9 유전자 주변 서열을 분석하였고 양파와 대파 사이에서 유사성이 없는 5' UTR부분을확인. • atp9의 5'UTR 부분을 이용하여 대파에 specific primer(Bunching-F1), 양파에 specific primer(Onion-F1), 그리고 공통 primer(Con-R1)를 개발하였고 양파와 대파를 완벽하게 구별하는 결과를 확인하였음. • atp9의 3'UTR 서열을 비교했을 때 1개의 InDel과 2개의 SNP를 확인하였고 1개의 SNP를 대상으로 양파와 대파를 구별하는 HRM 분자표지를 개발하였음. 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 대파의 옹성불임 유기 후보유전자 탐색 	<ul style="list-style-type: none"> • 주요 유전자(<i>atp1, atp4, atp6, atp9, cox1, cox2, cox3</i>)에 대해 Genome walking을 수행 • atp9 유전자의 3' 부분에 정상세포질과 옹성불임 세포질 사이에 차이를 보임 • atp9유전자의 146bp 부분과 알려지지 않은 서열의 구조를 가진 대파의 옹성불임 후보 유전자 orf224 확인 	80

○ 제 2-1 세부: 과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합 내병성인 고추 품종 개발(민웅기, 팜한농)

목 표	연구개발 수행내용	달성도(%)
<ul style="list-style-type: none"> 고추 바이러스 저항성 품종 선발을 위한 SNP 마커 전환 	<ul style="list-style-type: none"> 고추 바이러스 CMV, PepMoV, TSWV 저항성 유전자 선발 마커의 SNP 마커 전환 3건 	100
<ul style="list-style-type: none"> MABC용 SNP 마커 선발 및 기술 셋업 	<ul style="list-style-type: none"> 염색체 2번, 8번 선발 92개 SNP 마커 선발로 1차 set 구축 278개 SNP 마커 스크리닝 및 전체 12개 염색체 포함하는 96개 마커 set 선발 완료 	100
<ul style="list-style-type: none"> MABC를 이용한 계통 선발 	<ul style="list-style-type: none"> 염색체 2번, 8번 선발 92개 SNP 마커 이용 8개 조합 분석 전체 12개 염색체 포함 96개 마커 set 이용 3개 조합 분석 	100
<ul style="list-style-type: none"> 과색/신미 우수 역병 /바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발 	<ul style="list-style-type: none"> 농가 연락시험으로 역병/흰가루병 복합저항성 무신미 풋고추 1 품종 선발(PEDG8520) 역병/TSWV 복합 저항성 고추 'PEDF8245' 품종보호 출원 1건 탄저병중도/역병 복합저항성 고추 'PEDF5511' 품종보호 등록 1건 	100
<ul style="list-style-type: none"> 채소육종 현장 교육 수행 3건 	<ul style="list-style-type: none"> 채소육종 현장 교육 수행 8건 	100

○ 제 2-1 협동: Capsiate함유 고추를 활용한 소재 및 상품개발(정지원, CJ제일제당)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> Capsiate 고추 소재의 표준화 및 체지방 감소 비임상 예비 연구 	<ul style="list-style-type: none"> 소재표준화: capsiate 고추 생산 및 수확 시기별 성분 분석, 소재 가공 최적화, 소재 원가 분석 효능검정: Capsiate 추출물의 동물모델 체지방 감소 효능 연구 (1차: 용량 설정 실험) 	100
<ul style="list-style-type: none"> Capsiate 고추의 소재개발/상품화 및 효능 작용기전 비임상 연구 	<ul style="list-style-type: none"> 소재표준화: capsiate 고추 원료 생산 및 추출물 제조 SOP 확립, 소재 유통기간 설정 효능검정: Capsiate 추출물의 동물모델 체지방 감소 효능 연구 (2차: 작용기전 실험), 임상연구 착수 제품개발: 제품 프로토 개발 	100
<ul style="list-style-type: none"> Capsiate 고추의 상품 출시 및 인체 효능 작용 기전 임상 연구 	<ul style="list-style-type: none"> 소재표준화: 표준화완료 및 원료생산 스케일업 효능검정 <ul style="list-style-type: none"> : 2주 이하의 단기 동물모델실험 재시행 : 에너지대사량 증진에 따른 체지방 감소조절 작용기전 인체시험 (COVID-19 이슈로 일정 지연) 제품개발: 양산 테스트, 상품 유통 기간 설정, 제품 출시 	50

○ 제 2-2 협동: 소비자 기호성 및 내병성 수박품종육성 및 인력 양성
(김성훈, 농우바이오)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 계통 육성 및 우수계통 선발 	<ul style="list-style-type: none"> • 칼라수박, 고당도 호피, 3배체수박 보유계통 공시 • 대사성분 분석을 통한 고당도 호피수박 육성 및 선발 • 종자생산성 및 발아력이 우수한 4배체 계통 육성 • 콜히친 처리 및 유세포 분석을 통한 우수 4배체 계통 선발 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 수박 주산지 지역적응성 시험 	<ul style="list-style-type: none"> • 수박 주산지 선도품종 및 신조합의 특성평가 수행 • 지역적응성 시험을 통한 F1조합 선발 및 품종화 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 우수조합 품종 출원 	<ul style="list-style-type: none"> • 까마쿰 외 흑피 3품종, 3배체 수박 씨업수 1품종 총 4건의 품종출원/등록 완료 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 채소육종 전문인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 학부, 석사생의 인턴십을 통한 육종현장 재배 실습 • 수박 기본형질의 표현형 조사 및 분석 훈련 • 계통 선발 방법 습득 • 유용형질의 집단작성을 통한 유전양상 조사 및 마커개발의 재료로 활용 	115

○ 제 2-3 협동: 자색배추 품종육성 및 교배인력 양성(임찬주, 아시아종묘)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
▪ 재배정보 및 유전자 원수집	• 국내영업부, 해외영업부를 통하여 국내외 배추소비시장의 트렌드에 따라 1년차 20점, 2년차 20점, 3년차 20점, 총 60점의 배추 유전자원을 수집하였음	100
▪ 유전자원 특성 조사 및 평가	• 국내외 영업부를 통해 수집한 유전자원 60점의 유전자원 특성 조사 및 평가를 수행하였음	100
▪ 우수계통 육성	• 도입 및 기보유 유전자원 중 자색배추개발에 유용한 유전 자원을 선발하였으며 이를 본연구기간동안 세대진전을 수 행하면서 우수계통으로 육성하였음	100
▪ 소포자 배양 및 CMS모본 육성	• 우수계통 중 일부는 CMS모본으로 육성하였으며, 계통고정 촉진을 위하여 소포자배양을 수행하여 다양한 계통을 확보 하였음	100
▪ 교배조합작성 및 조 합선발	• 자색배추품종개발을 위하여 다양한 조합을 작성하였으며 이들 중 가능성이 있는 조합을 선발하였음	100
▪ 선발품종 지역적응성 시험 및 종자생산성 시험	• 선발조합/품종의 국내외 지역 시교활동을 통하여 지역적응 성 시험을 수행하였으며 각각의 소망실종자생산성테스트를 통해 품종선발을 할 수 있었음.	100
▪ 선발품종의 품종보호 출원, 등록, 및 기술 이전	• 올레드, 골든박스, 핑크1호를 품종보호출원, 핑크웨이브, 휘 모리골드, 팔도장군 배추품종을 각각 품종보호등록 완료하 였음. 이들 중 올레드, 골든박스 배추품종은 각각 자체 기 술이전을 완료하였음	100
▪ 국내 수입대체 및 수출확대	• 국내매출 191,898,100원, 수출 4,585USD, 총 197,142,130원 매출액 달성하였음	100
▪ 교배육종 인력양성	• 2-3협동(충남대)과제와의 연계를 통해 채탄, 루루, 송슬기, 흥성민, 마은파, 문지애, 최한검, 총7명의 인턴교육을 완료 하였으며, 임수빈, 박상익, 이규명, 총3명의 전문인력을 채용하였다.	100

○ 제 3-1 세부: 분자마커를 이용한 기능성 및 생력화 박과 품종육성 기술 산업화 및 인력양성(박영훈, 부산대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
▪ 고 기능성 성분 분자마커 개발	<ul style="list-style-type: none"> Pro-lycopene, beta-carotene 함량 분석 기술 확립 및 고함량 육종소재 탐색 육성계통, 분리집단(F2), NIL을 이용한 pro-lycopene, beta-carotene 유전분석 후보유전자 발굴 및 유전자 기반 MAS용 분자마커 개발 	100
▪ 생력형(단간장/저측지) 분자마커 개발	<ul style="list-style-type: none"> 측지가 없고, 절간이 짧은 왜성형 유전자원 탐색 F2 집단(측지수/절간장 분리집단) 확보 및 표현형 분석 GBS 기반의 유전자지도 작성 및 QTL 분석 무측지/단간장 MAS용 SNP 분자마커 개발 	100
▪ 채소육종 전문인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> 회사 인턴ships을 통한 현장 중심의 전통육종 실습/이론 교육 연구과제를 통한 유전체분석, 분자마커 개발 및 MAS 기술 교육 육종회사와 연계한 과특성/기능성 등의 표현형 분석 훈련 학위과정 후 육종관련 회사 취업 지도 	100

○ 제 3-1 협동: 고기능성 가지과 품종 개발 지원 및 인력 양성(강병철, 서울대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
▪ 채소육종 인력 양성	<ul style="list-style-type: none"> 인턴십 프로그램 박사 및 석사 학위 취득 후 국내외 종자회사, 농촌진흥청, 생명과학 회사 등으로 취업하여 직, 간접적으로 채소육종에 활용할 수 있는 인재를 배출함 	100
▪ 캡시노이드 고함유 고추 품종 사업화	<ul style="list-style-type: none"> 캡시노이드 고함유 계통 SNU11-001과 하바네로를 교배하여 육성한 스위트하바네로 오렌지와 레드 2 품종 출원 매운 감미 고추 신품종 부모 계통에 캡시노이드 생합성 형질을 MABC를 통해 도입하여 캡시노이드 신품종 부모계통을 육성하였으며 특허 출원 진행 중 	100
▪ 다양한 과색의 고추 품종 육성을 위한 분자마커 제작	<ul style="list-style-type: none"> 카로테노이드 생합성 과정에 관여하는 유전자 <i>PSY1</i>, <i>PSY2</i>, <i>CCS</i>, <i>Lcyb</i>, <i>CrtZ-2</i>, <i>ZEP</i>의 염기서열을 분석하고 유전자 변이 양상과 카로티노이드 함량간의 상관관계를 구명함 홍고추 집단 3501 x 3509 RIL을 활용하여 카로티노이드 함량에 영향을 미치는 양적형질유전자좌를 탐색함 보라색 집단 MAB1 x MAB2 F2와 일본 자색 파프리카 집단을 활용하여 과실 특이적으로 안토시아닌을 합성하는 <i>CaAN3</i> 유전자의 위치를 탐색하고 이와 연관된 분자마커 3개를 작성하여 육종에 활용할 수 있도록 함 	100

○ 제 3-1 협동(공동): 고기능성 가지과 품종 개발 지원 및 인력 양성(이제민, 경북대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 기능성 라이코펜 고품유 육종계통 선발 및 계통 특이적 분자표지 개발 ▪ 다양한 과색 형질 유전자원 수집 ▪ 신규 과색 형질 육종 기반 확립 ▪ 고추 대목 품종 산업화 탐색 	<ul style="list-style-type: none"> • 기능성 라이코펜 육종계통 수집 • HPLC를 통한 기능성 라이코펜 고품유 계통 선발 • 기능성 라이코펜 계통 특이적 분자표지 개발 • 토마토 신규 과색 계통 유전자원 수집, 선발, 분리집단 작성 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 노란색 과색형질 결정 분리 집단 작성 및 유전 분석 ▪ 줄무늬색 과색형질 결정 분리 집단 작성 및 유전 분석 	<ul style="list-style-type: none"> • 과색 형질 분리 F2 집단 작성 및 관련 형질 유전 분석 • 분리집단 무부분의 HPLC를 통한 색소 분석 및 기타 정밀 형질 분석 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 노란색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발 ▪ 줄무늬색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발 	<ul style="list-style-type: none"> • 분리집단에서의 유전체 기반 분자표지 개발을 통한 형질 연관 분자표지 선발 • 개발된 분자표지를 이용하여 분리집단에서 연관지도 작성 • 연관지도 및 유전체 기반 형질 결정 후보유전자 탐색 • 개발된 분자표지 실용화 기술 확립 	100

○ 제 3-2 협동: Long shelf-life 특성의 유용 유전자원을 활용한 신제품 육성 및 인력 양성 (임용표, 충남대)

목 표	연구개발 수행내용	달 성 도(%)
<ul style="list-style-type: none"> ▪ 육종인력 양성 	<ul style="list-style-type: none"> • 교배육종 인력 교육을 통한 산업기술 인력 양성 	100
<ul style="list-style-type: none"> ▪ Long shelf-life 특성의 국내용 배추 신제품 육성 	<ul style="list-style-type: none"> • Long shelf-life 특성의 유용 유전자원 평가 및 유전체 정보를 활용한 분자 마커 개발 • 고득점 선발 계통의 종자 증식 및 원예 형질 평가 • 우수 원예 특성 반복 평가 및 품종 출원 	100

5-2. 관련분야 기여도

가. 종자산업 분야 전문 인력 취업

(1) 종자산업 전문 우수인력 양성(석사 43명, 박사 12명) 및 전문 분야 취업 유도

- 1,2 단계를 통해 체계화된 교육 프로그램을 개선하고, 서울대, 전남대, 부산대, 경북대, 충남대 5개 대학의 각 채소 작물별 종자산업분야 전문 인력 석사 43명, 박사 12명을 양성하였다. 본 센터 사업은 종자산업 분야 전문인력을 양성하고 같은 분야로의 취업을 유도를 목표로 하였다. 1-2단계 박사 졸업생의 취업률의 경우 95%로 나타났으나 3단계의 박사 졸업생의 취업 성과는 12명으로 100%를 달성하였다. 석사의 경우 1-2단계의 경우 대학원 진학 비율이 높은 반면 3단계에서는 대학원 진학률이 많이 하락한 것으로 나타났다. 반면 석사 졸업 후 취업률은 1-2단계에서는 69%에서 3단계에서 79% 상승한 것으로 나타났다. 이는 학생들이 취업을 목적으로 대학원 진학을 하는 비율이 높아졌다고 분석할 수 있다.
- 본 연구를 통해 양성된 우수한 인력들이 종자 산업 종사를 유도함으로써 이들에 의한 우수 품종 개발을 통해 국제적 농업 경쟁력을 확보하고 종자 수출을 증대시킬 수 있을 것으로 기대된다.



(2) 글로벌 종자회사 취업 성과(3명)

- 대학원생들의 글로벌 경쟁력을 높이기 위한 글로벌 인턴십 프로그램을 진행한 결과 글로벌 종자회사의 채용 정보를 공유하고 인턴교육을 실시한 글로벌 종자회사에서 우수인력을 채용하기 위해 추천 등을 통해 취업을 유도하였다. 태국의 East West Seed 사에서는 3단계에 채용과 관련하여 회사 소개를 대학원생에게 세미나를 통해 진행하였으며, 2016년 정** 석사졸업생이 East West Seed사에 글로벌 인턴교육을 다녀 온 후 2017년도에 취업하였으며 18년도 인턴교육을 진행한 김**의 경우 2019년도 졸업 후 East West Seed사에 취업하는 성과를 달성하였다.
- 3단계에는 유럽 네덜란드의 Axia Vegetable Seed에서도 MOU를 체결하고 2018년도에

최** 학생이 인턴교육을 실시하였으며 이후 채용절차를 통해 19년도에 Axia Vegetable Seed사에 취업하였다.

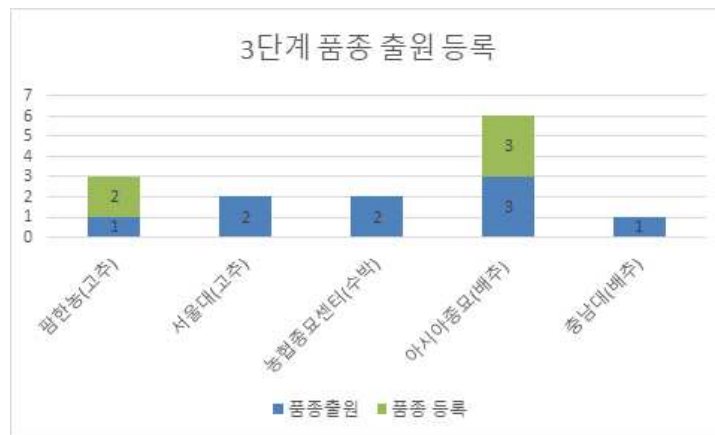
- 1-2단계 뿐만 아니라 3단계 글로벌 인턴십 프로그램을 통하여 글로벌 종자회사와 대학간의 교육 프로그램을 진행하고 이후 채용으로 유도함으로써 글로벌 경쟁력을 키울 수 있을 것으로 기대된다.

나. 종자산업 전문 인력 양성을 위한 종자회사 자체 교육 프로그램 확립

- 본 사업을 통하여 현장실습 중심의 국내외 인턴교육을 실시하여 졸업 후 취업을 유도하였다. 참여기업은 인턴교육을 통해 인력 채용 수급 효과를 가져왔으며 인력확보를 통한 종자회사 성장에 밑거름이 되었다.
- 또한 인턴교육이 매년 진행됨에 따라 회사-대학과의 협의를 통해 인턴교육 프로그램을 개발하고 인턴교육 기간 동안 참여기업 자체의 교육 프로그램을 개발하였다.
- 팜한농(주)는 8명의 대학원생 대상으로 무, 배추, 양배추, 토마토, 수박 등 다양한 작물에 대한 육종 이론 교육 및 교배 등의 기초 실습 프로그램을 개발하였다. 기초 이론 교육을 받은 학생들에게 다양한 작물별로 상업 육종 과정을 이해할 수 있는 기회, 실험용 집단 육성을 위한 지식을 제공하였다.
- 농협종묘센터는 부산대와 협력하면서 부산대 학생에 대한 교육을 실시하였다. 주요 수행 연구 내용으로는 수박 단간성 형질에 대한 집단 작성 및 유전양상 조사를 통한 마커 개발 연계, 수박 계통에 대한 이해와 선발요령, 기본적인 수박 재배의 이해 및 요령 습득 등 전통 육종을 이어갈 전문 인력으로서 필요한 역량을 교육하였다.
- 아시아종묘는 3단계 과제를 수행하면서 총 7명의 인턴교육을 현장실습/이론교육을 통해 각각 1달간 수행하였으며 이들은 현재 농생명부분의 각계 각층에서 유능한 인재로 활약하고 있다. 또한 전문인력으로 채용한 3명은 현재 차세대 육종인력으로 본인의 전문성을 키우며 성장하고 있다.
- 농우바이오는 3단계에 인턴교육과 인턴사원을 접목한 교육 프로그램을 개발하였다. 대학원 졸업예정자 또는 졸업생에게 3개월 동안 회사의 업무를 수행하게 하여 본인의 적성과 육종분야에 대한 이해를 좀 더 적극적으로 현실화하여 회사 및 취업 희망자의 만족도를 높이도록 체계화하고 있다.
- 본 센터의 참여기업은 적극적으로 인턴교육에 참여하였으며 이후 취업을 유도하고 전문 인력 채용함으로써 부족한 인력을 확보하였다. 참여기업은 인턴교육이 인력 채용 수급 효과를 가져왔으며 인력확보를 통한 종자회사 성장에 밑거름이 되었다.

다. 채소종자산업분야 기여도

- 3단계 후속 산업화를 통하여 고기능성, 복합내병성 등을 포함한 품종을 개발하였으며 품종출원 고추 3건, 배추 4건, 수박 2건으로 총 9품종에 대해 출원하였으며, 품종등록으로 고추 2건, 수박 1건, 배추 1건을 달성하였다. 특히 배추의 경우 제품화를 통하여 사업화를 실시하였으며 국내뿐 만 아니라 국외 수출 성과를 달성하였다. 또한 서울대 및 충남대에서도 연구 과정에서 개발된 고추 및 배추 품종에 대해 출원을 진행하였다.



■ 과색 신미 우수 역병 및 바이러스 복합 내병성 고추 품종 개발(품종 출원 1건, 등록 2건)

- 팜한농은 과색 및 복합 내병성 고추 품종을 개발하였다. 역병 저항성은 기본 병 저항성으로 정착되었으며, 현재 가장 큰 피해를 주는 TSWV와 탄저병에 병 저항성 품종 개발을 진행하였다. 또한 풋고추 품종 재배에 중요한 흰가루병에 저항성인 무신미계 풋고추 품종을 개발하였다.

■ 고기능성 고추 품종 개발(출원 2건)

- 서울대 강병철 교수는 고기능성 캡시에이트 고함유 고추에 대해 2개의 품종을 출원하였다. 이 소재를 CJ제일제당에서 활용하여 동물 및 인체에 다이어트 효능 연구를 진행하였고 소재 표준화를 통한 상품화 연구를 진행하였다. 해외 다이어트 소재들의 수입 대체로 인한 국내 제품개발 및 산업화에 경쟁력을 증진할 수 있을 것으로 기대된다. 또한 캡시에이트 고추의 국내 재배를 통한 농가 신규 부가 가치를 창출할 수 있을 것으로 기대된다.

■ 고기능성 및 자색 배추 품종 개발(출원 3건, 등록 3건)

- 아시아종묘에서는 기존목표인 기능성의 자색소구형배추를 개발 성공하였으며 현재는 국내판매에 국한되고 있지만 일본, 호주, 미국, EU등에서 좋은 시교결과를 얻고 있어 점차 수출이 확대될 것으로 추정되고 있다. 또한 본 과제를 통해 확보한 다양한 기반 계통을 통해서 향후 만추대, 월동형, 내병성 품종개발이 가능할 것으로 판단되어 아시아종묘가 자색소구형배추의 세계적 선도주자로 발돋움 할 수 있을 것으로 판단된다.



■ 고기능성 수박 품종 개발(출원 2건, 등록 2건)

- 농협종묘센터에서는 고기능성 및 씨 없는 수박의 종자 시장 규모가 증가하는 추세를 보이고 있고 점차 기능성수박, 고품질 수박에 대한 요구도가 높아지고 있기 때문에 품종의 다변화, 기능성화 고급화에 따른 시장 진입을 위하여 기능성 흑피 수박인 ‘흑강’ 수박을 2016년 출원하였으며 2018년 5월에 품종보호 등록을 완료하였다. 성능검정 결과 기존의 흑피 우점 품종에 비해 엽질의 수가 많고 초세가 안정적으로 재배안정성이 뛰어났으며 과피 경도가 강해 수송 안정성에 유리한 장점을 가지고 있다. 3배체 수박인 ‘씨업수’ 수박을 2019.11월 품종보호 출원하였다. 대조품종에 비해 과육색이 진하며 절간의 길이가 짧고 원형에 가까운 품종으로 과육이 아삭하여 식감이 우수한 장점이 있다. 흑피 2배체 수박인 ‘까마쿰’ 수박은 2019.11월 품종보호 출원하였다. 대조품종에 비하여 녹흑색에 가까우며 호피가 보이는 흑피로 광택이 우수하며 햇빛 백과가 적은 특성이 있다. 타원형 흑피 수박인 ‘흑수’ 수박을 2017.07월 품종보호 출원하여 2020.2월에 품종보호 등록을 완료 하였다. 흑수 수박의 경우 중타원형 수박으로 과피색이 진하며 과육과 당도가 우수한 품종이다. 대조품종과 비교했을 때 과피의 두께가 얇은 특성을 가지고 있다.

■ 채소 작물 육종을 위한 유전체 기반 체계 확립

- 서울대 강병철 교수 연구팀은 genotype-by-sequencing (GBS) 기술을 이용하여 양파, 장미, 딸기, 벼, 고추, 토마토 등의 작물을 대상으로 SNP 마커 개발 서비스를 진행하였다. 본 연구진은 다양한 NGS 기반 분자마커 개발 기술에 대한 노하우를 확보하고 있어 3단계 후속산업화를 통해 NGS 분자마커 서비스를 위한 분자마커 서비스 체계를 구축하였다. 서비스 시스템 체계를 구축하고 고추, 호박, 오이, 콜리플라워 등 다양한 다양한 채소 작물의 유전체 정보를 확보하고 기확보된 파이프라인을 통해 고도의 SNP 분자마커를 개발하였다. 특히 병저항성, 기능성 관련 마커 개발을 위한 Marker Assisted Selection (MAS) 서비스를 위한 SNP 분자마커를 구축하고 Marker Assisted Backcrossing (MAB) 서비스를 진행하기 위해 GT-seq, GBS, Fluidigm 방법 등을 활용하여 서비스를 진행하였다. NGS 기반 서비스를 제공함으로써 국내외 종자회사 및 연구소에 작물별 유전체 기반 육종을 체계화 하였으며 육종연안을 단축시킬 수 있는 기회를 제공하였다.

- 서울대 김국형 교수 연구팀은 고추모들 바이러스 저항성 유전자 Pvr9의 기능 분석 및 세포 반응 중요 결정인자를 구명하였고 해당 바이러스의 저항성 작물 개발 소재로 활용할 수 있을 것이다. 또한 TALEN 기반의 유전자 editing 벡터를 개발하여 이것을 이용한 바이러스 벡터 제작 및 향후 저항성 작물 개발 소재로 이용이 가능하다.
- 전남대 김성길 교수 연구팀은 양파 및 대파의 유전체 기반 육종 체계를 확립하였다. 양파는 한 개의 화구(umbel)에서 1000개 이상의 꽃이 피기 때문에 F1채종 시에 옹성불임이 필수적으로 필요하다. ARC 연구기간동안 개발된 세포질 구별 분자표지와 회복유전자 연관 분자표지를 이용한다면 효율적인 F1채종에 유용한 도구로 사용될 것이다. 또한 2가지 elite 계통사이에 polymorphism을 이용하여 양파 유전자지도를 완성하였다. 해상도는 꾸준히 연구를 수행하여 높여갈 계획이다. 해상도가 높은 유전자지도가 완성된다면 많은 육종회사에서 MAB (Marker Assisted Backcrossing) 기술에 이용할 수 있고 육종 주요 형질을 연구하는데 활용도가 높은 것으로 생각된다.
- 부산대 박영훈 교수 연구팀은 수박 품종 및 소비 다변화를 통한 종자시장 확대에 필요한 기능성 성분 고함량 과육 및 재배 생력형 신품종 개발에 활용될 수 있는 분자마커를 개발하였으며, 향후 기술이전 및 산업화를 통해 육종현장에 활용가치를 높일 수 있을 것이다. 수박 분자마커 개발의 국제 경쟁력 확보와 박과 채소 품종육성 전문인력 양성을 통해 종자산업 발전에 기여하였다.
- 경북대 이제민 교수 연구팀은 소비자들의 다양한 기호도 증가로 인해 여러 과색을 지니는 토마토 소비가 증가추세이기 때문에 토마토의 과색 관련 형질 분자마커를 개발하였다. 여러 과기능성 라이코펜 고함유 육종계통 선발하고 계통 특이적 분자마커를 개발하였다. 또한 노란색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발하고 줄무늬색 과색형질 유전자지도 기반 분자표지 개발하였다. 토마토 시판 품종에 대한 과색 형질 관련 유전자가 제한되어 있어 새로운 유전자원 도입, 관련 형질 판별 분자마커 개발을 통한 신품종 육성에 기여할 것으로 기대한다.
- 충남대 임용표 교수 연구팀은 배추에 대한 다수의 채소 작물 육종을 수행하였으며 Long-Shelf life 특성에 유용한 자원 선발을 이용하여 유전 기작 연구 수행하였다. 특히 Marker-assisted selection 기법을 이용 가능한 Long-Shelf life 특성 관련 연관 분자 마커의 개발하였다.

■ 종자산업법 육묘업 등록 시행 조기 정착 기여

- 2013년 본 센터가 농림축산식품부로부터 [전문인력 양성 기관]으로 지정됨에 따라 종자산업법 시행령·시행규칙 개정 시행('17.12.28.)에 따른 육묘업 등록 시 필요로 하는 육묘 교육과정을 실시하였다. 2017년도부터 2020년도까지 총 12회차, 3,599명의 수료생을 배출하였다. 육묘업등록교육에 대한 종자산업법 시행으로 인해 전국의 육묘업 관련자가 교육 신청하여 교육을 16시간 동안 진행하고 수료증을 배부하였다. 수료생은 이후 시군에 육묘업 등록을 함으로써 종자산업법의 육묘업 등록 시행이 조기에 정착할 수 있도록 기여하였다.

6. 연구성과의 활용계획

가. 채소육종연구센터 존속

- 채소육종연구센터는 농림축산식품부로부터 “채소육종인력 양성 및 연구” 과제를 수주하여 2010년 9월부터 2020년 8월까지 10년간 서울대학교 국가지원연구센터로서 연구를 수행하였다. 지속적인 자립화 및 사업화를 진행하기 위해 독자적인 기관으로 존속하고자 식물유전체육종연구소 산하 센터로 설치할 예정이다(2020. 12.01).

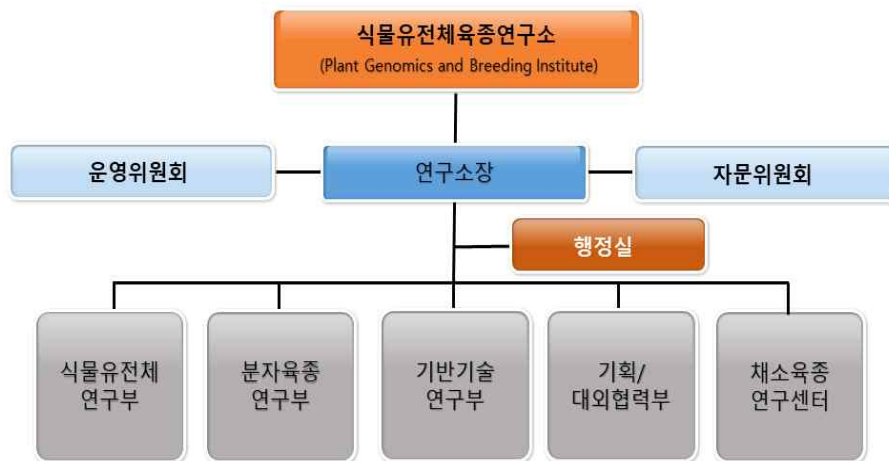


그림 1. 식물유전체육종연구소 산하 채소육종연구센터 존속

- 채소육종연구센터는 전문인력 양성기관으로서의 교육과 NGS 기반 마커 서비스 등을 실시하여 지속적인 사업화를 진행한다. 센터가 존속하기 위해서는 참여연구원의 연구 과제를 추가하여 식물유전체육종연구소 내 독립된 기관으로 연구비 및 사업을 진행한다.

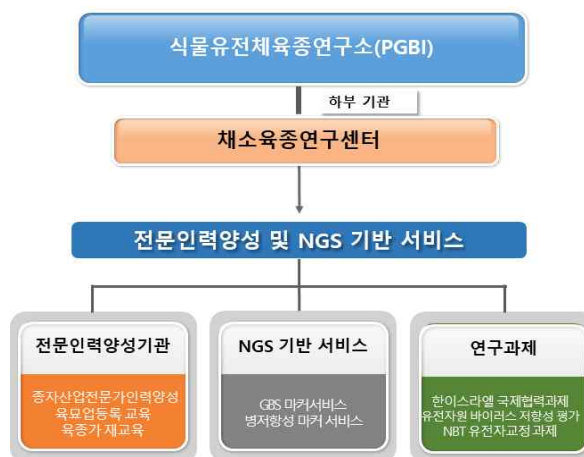


그림 2. 센터 조직도 및 사업 분야

나. 사업화 관련 품종 개발 및 상품화 진행

- 본 센터의 1-2단계의 사업화 실적은 총 157.2백만원으로 팜한농의 복합내병성 고추 품종, 농협종묘센터의 흑보 등 고라이코펜 수박 품종, 농우바이오 바이러스 저항성 단고추 사업화 실적을 이뤘다. 또한 3단계에서는 복합내병성 고추 품종, 고기능성 수박 품종, 자색 배추 등 기능성 배추 품종에 대한 국내매출액으로 377백만원 달성하였으며, 고기능성 배추 품종에 대한 해외 수출로 58백만원 성과를 달성하였다. 사업 종료 후 지속적인 품종 제품화를 통해 상품화 하고 매출 실적을 달성할 계획이다.



그림 4. 단계 후속 산업화 품종개발 및 사업화

- 팜한농은 본 사업을 통해 복합내병성 고추 품종 육성을 진행하여 고추의 전체 12개 염색체를 포함하는 MABC용 SNP 마커 set를 개발하였으며 이를 이용하여 매년 여교배 세대 선발 과정에 적용하면서 우수한 계통을 육성하는 과정에 활용 할 계획이다. 후속 3단계 과정에서 개발한 흰가루병 저항성 무신미계 풋고추는 2020년 시교사업을 거쳐 품종 출시를 하고, 2021년 판매를 진행 할 계획이다. 또한 역병/TSWV 복합저항성 국내용 건고추는 2020년 조합 선발 이후 ' 21년 시교사업을 거쳐 최종 선발 조합은 품종으로 출시하고 2021년 하반기 판매를 진행 할 계획이다.
- 서울대 강병철 교수 연구팀은 캡시노이드 고함유 품종으로 *Capsicum chinense*의 스위트 하바네로 오렌지(스누원더 HO)와 레드(스누원더 HR)의 두 계통을 품종 출원하였고, 신홍 고추에 캡시노이드 합성 형질을 도입한 캡시노이드 신홍 고추의 부모 계통을 고정하여 특허로 출원 준비 중이다. 다양한 캡시노이드 고추를 육성함으로써 소비자가 고기능성 품종을 섭취할 수 있도록 기여할 수 있을 것이다.

- CJ제일제당과 서울대 강병철 교수 연구팀은 캡시노이드 고함유 품종으로부터 추출한 캡시에이트 물질을 이용하여 인체시험 및 효능에 대해 검증하였으며 이를 활용하여 개별인정 기능성 소재 등록로 하고 다이어트 관련 국내 소재로 다이어트 건강기능성 제품으로 상품화 할 계획이다.

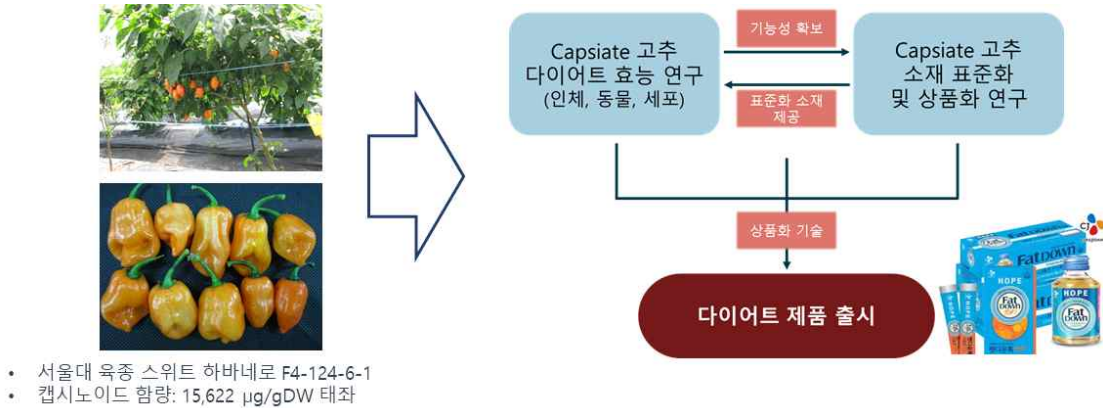


그림 5. 서울대학교 및 씨제이제일제당 다이어트 제품 출시 예정

- 또한 최근 들어 다양한 과색의 고추 품종들이 출시되어 소비자가 선택할 수 있는 시장이 넓어진 만큼 다양한 과색 고추를 효율적으로 육성할 필요가 있다. 과실 특이적으로 안토시아닌을 합성하는 유전자 *CaAN3*에 연관된 분자마커를 작성하여 특허 출원을 하였으며, 이를 활용한 자색고추 고추 품종 육성에 활용될 수 있을 것이다.
- 아시아중묘는 본 과제를 통해 자색소구형배추 개발을 성공적으로 완료하였으며 개발된 배추 품종인 레드스타일, 퍼플스타일, 핑크웨이브, 골든박스 배추 등에 대해 국내 및 해외시장에 지속적으로 시교 및 품평회를 개최하여 판매할 예정이다. 전 세계는 지속적인 기후/환경변화에 직면해 재배환경이 악화되고 있으며 여기에 더해 고령화와 웰빙에 대한 열망으로 기능성채소에 대한 요구도는 날로 올라가고 있다. 따라서 내재해성(만추대, 내서성, 내한성)이면서 내병성(뿌리혹병, 노균병, 바이러스 저항성)이며, 복합기능성(안토시아닌, 베타카로틴, 에피카테킨 등)을 모두 갖춘 미래형 꿈의 품종개발이 절실히 필요하며 이에 대한 향후 정부의 적극적인 지원이 필요할 것으로 사료된다.
- 경제적 수준의 향상과 더불어 웰빙(well being)에 대한 소비자의 관심이 높아지면서, 다양한 기능성 물질이 각광을 받기 시작했다. 라이코펜은 대표적인 항산화물질의 하나로 품종에 따라서는 토마토보다 함량이 더 높다. 앞으로 건강에 관심이 있는 소비자들의 관심을 이끌어 다국적 기업과의 비교 경쟁 우위를 점할 수 있는 형질이 될 수 있으며, 이를 통해 외국의 국내 수박 종자 점유율을 향상시킬 수 있다. 농협중묘센터 및 농우바이오에서 개발된 고라이코펜, 칼라수박, 씨없는 수박 등 다양한 품종에 대해 지속적인 사업화를 진행할 것이다.

다. 지식재산권 활용

- 본 센터의 연구(1~3단계)를 통해 개발된 특허 출원으로 45건, 등록으로 35건을 달성하였다. 본 연구에서 만들어진 연구 결과물은 기업, 연구소, 대학 등에 요구에 따라 제공되고, 각각의 목적에 맞게 이를 활용하면 신품종 육성에 드는 비용과 시간을 줄일 수 있다. 또한 기후변화, 소비자 기호 변화 등 다양한 품종에 대한 유전체 정보를 활용하여 소비자가 원하는 품종을 보다 정밀하게 개발하여 해당 품종의 경제적 가치를 높이는데 기여할 수 있다.
- 서울대 강병철 교수와 전남대 김성길 교수는 개발된 마커 정보를 농업기술실용화재단에 기술이전함으로써 종자산업 분야의 종자회사에 마커 서비스를 진행하고 있다. 본 연구를 통해 개발된 유용 마커를 기술이전하여 종자회사, 또는 농업기술실용화재단에서 활용할 수 있도록 한다.
- 서울대 김국형 교수는 연구기간 동안 확보한 지식재산권을 이용하여 오이모자이크 바이러스, 콩 모자이크 바이러스, 감자바이러스 X와 같은 식물 바이러스의 저항성과 관련된 식물의 유전자 발굴 및 기능 분석 연구를 수행하였으며 이를 통하여 도출되는 연구 결과는 새로운 지식재산권을 확보하였다. 주요 작물 바이러스(PVX, CMV, PVY, PepMoV, PMMoV, TSWV, TYLCV 등) 검정 매뉴얼 및 검정 기술에 대한 정보 전달가 능하며 TALEN 기반 유전자 editing 바이러스 벡터를 이용한 저항성 작물 제작이 가능하다.
- 전남대 김성길 교수는 양파와 대파 관련 품종 육성을 위한 분자마커를 개발하였다. 양파는 한 개의 화구(umbel)에서 1000개 이상의 꽃이 피기 때문에 F1채종 시에 웅성불임이 필수적으로 필요하다. 이번 연구에서 개발된 세포질 구별 분자표지와 보고된 회복 유전자 연관 분자표지를 이용한다면 효율적인 F1채종에 유용한 도구가 될 것이다. 대파는 동아시아 지역에서 활발히 재배되고 많은 품종이 보고된 작물임에도 불구하고 분자 육종 시스템이 전혀 구축되어 있지 않다. 대파도 양파와 동일하게 한 개의 화구에서 1000개 이상의 꽃이 피기 때문에 웅성불임성이 반드시 필요하다. 이번 연구에서 개발된 세포질 구별 분자표지는 효율적인 도구가 될 것이다.
- 부산대 박영훈 교수는 분자마커이용 선발육종을 통한 기능성 성분 고함량 및 생력형 수박품종 육성 산업화를 위해 프로라이코펜 고함량 분자마커와 왜성형질 분자마커를 개발하였다. 이 마커를 활용하여 협력 육종회사의 육종소재 적용성을 검증하고 육종가와 협의를 통해 MAS 육종전략을 수립한다. 육종 목표에 부합하는 최적 교배조합을 구상하고, 분자마커이용 여교잡과 분리육종을 통해 단기간에 품종 산업화가 가능하도록 육종시스템을 설계한다. 마커이용여교잡(MABC)이 필요한 경우 선행연구에서 확보된 다수 유전자원의 전장유전체 분석과 GBS 정보를 활용하여 최적 SNP set를 구현하도록 한다.
- 충남대 임용표 교수는 long shelf-life 특성의 신품종 육성하였으며 육성된 계통의 품종 등록 절차 진행한다. 또한 long shelf-life 특성연관 마커 개발하였으며 이를 특허화하여 관련 종자회사에 기술이전한다.

- 이와 같은 고품질 · 기능성 채소 품종들을 개발하기 위해 유용한 마커를 활용하고 육종세대 연안을 단축함으로써 소비자 중심의 품종을 개발하는데 기여할 것으로 기대한다.

7. 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보

가. 인력양성교육

- 미국과 유럽의 여러 종자 강국들은 생명공학 위주의 교육으로 인해 부족해진 육종가를 양성하기 위해 Plant Breeding Academy를 대학에 설치하여 현장 중심의 교배육종 교육 뿐 만 아니라 첨단 생명공학을 모두 이해할 수 있는 육종가 교육 프로그램을 개발하고 있다.

(1) 미국 UC Davis Plant Breeding Academy (PBA)

- 2006년 UC Davis의 Seed Biotechnology Center (SBC)에서 고안한 육종 전문 인력 양성 과정으로 전 세계 산업 종사자가 독립적인 식물 육종가가 되거나 더 확대된 육종 프로그램으로 기여할 수 있도록 기술을 개발하고 향상시키기 위해 고안된 프리미엄 전문 개발 프로그램이다.
- 수강 대상자는 최근 종자산업에 종사하게 되어 유전학을 비롯한 학술적 기초가 부족한 사람, 현재 육종가로 활동하고 있지만 전문 지식을 확장하고자 하는 사람 등이 있으며, 커리큘럼은 식물육종 개요, 통계학, 유전학, 선발이론, 선발방법, 목표 및 우선순위 설정, 육종 방법, 분자마커를 활용한 육종, 환경과의 상호작용 등으로 구성되어 있다.
- 미국을 대상으로 시작된 PBA는 이후 아프리카, 아시아, 유럽 지역으로 확대되어 운영되고 있으며, 아시아의 경우, Asia and Pacific Seed Association (APSA)와의 협력 하에 2012년부터 2014년에 걸쳐 태국, 필리핀에서 교육이 진행되고 있다.

(2) 네덜란드 Wageningen University & Research (WUR)

- 네덜란드의 Wageningen University & Research (WUR)는 와게닝겐 대학교와 와게닝겐 연구재단의 협력으로 설립된 기관으로, 식량생산, 환경, 건강 3분야를 중점으로 연구와 교육을 진행하고 있다.
- 식물육종 분야에서는 학사, 석사, 박사들을 위한 과정뿐만 아니라 전문가들을 위한 트레이닝 과정도 제공함. 와게닝겐 대학교 학생들을 위한 정규과정 외에도, 다양한 국가에서 전문가들을 위한 교육과정을 개설하여 운영 중이며, 나아가 육종 관련 회사에서의 인턴 기회도 제공한다.
- 온라인 과정도 개설하여 식물육종의 원리, 마커이용 선발(Marker-Assisted Selection; MAS), 생물학적 요인들에 대한 저항성, 1대 잡종종자, 돌연변이 육종의 5가지 모듈수강 가능하다. 현재까지 20개 이상의 국가에서 해당 과정 교육 받고 있다.

(3) 국제종자생명교육센터(국내, 국립종자원)

- 국립종자원은 종자산업의 전문인력 양성을 위해 김천 국립종자원 내 국제종자생명교육센터를 개칭하였으며 교육센터는 종자·육묘업 종사자, 농생명 계열 고등학생·대학생, 종자 관련 공무원 등을 대상으로 하여 종자 생산, 가공처리, 품질관리, 유통·수출 등 30여개 분야별 교육과정을 운영한다. 또한, 국제협력 강화를 위해 동남아시아 등 개도국 전문가들 대상으로 국제연수 과정을 운영하고, 초·중학교 학생 대상 진로체험 과정 등도 함께 운영한다.
- 민간 또는 공공기관의 위탁교육 요청에 대한 교육훈련, 품종, 종자 등 농·생명 분야 교육 관련 국제 교육훈련 프로그램을 운영하고 인력양성 관련 유관기관과의 협력관계를 구축하는 것을 목표로 하고 있다.

나. 고추 바이러스 저항성 유전자 및 캡시에이트 관련 연구

- 파프리카 및 백합 등 주요 수출 작물에서의 검역 바이러스 병 발생 (pepper mild mottle virus, 20-30% 수확량 감소 초래함)으로 인한 생산성 저하 및 수출 경쟁력 상실하고 있다.
- 기후변화, 국제교역 증가, 신규 작물도입 등으로 인한 신규·돌발 바이러스 병의 지속적인 발생에 따라 매년 대량 피해 발생함에 따라 신종 및 변이 바이러스 발생에 대한 신속, 정확한 대응 및 바이러스 검정 시스템 확립에 대한 중요성 증대되고 있다.
- 고추에서 potyvirus속에 속하는 pepper yellow mosaic virus의 감염에 대하여 CM334 고추 품종에서 새로운 저항성 유전자 locus를 확인하였다(Rezende et al. 2019). 또한 chilli leaf curl virus 저항성 유전자 확인이 가능한 분자 마커가 개발되었다(Thakur et al. 2020)
- 최근에 캡시노이드 고함유 계통 *C. chinense* Aji dulce와 매운 고추 Bhut Jolokia, Infinity를 교배하여 캡시노이드 고함유 계통 4개 Dieta0011-0301, Dieta0011-0602, Dieta0041-0401, Dieta0011-0301를 육성하고 이 계통들이 육종 소재로 활용할 수 있는지 카로티노이드, 향미 등을 평가하여 분석한 연구가 T. Seki et al (2020)에 의해 보고되었다.

다. 양파 및 Allium속 유전체 및 응성불임에 관한 정보

- 미국, 뉴질랜드, 네덜란드 연구 그룹에서 제작한 양파 및 Allium 속 작물 유전자지도 정보를 수집하여 각각의 염색체에 해당하는 연관그룹을 확정하는데 활용하였다.

- 중국 연구그룹에서 개발한 대파 응성불임 분자표지를 정보를 활용하여 국내에서 수집된 대파 유전자원에 대해서 기초적인 분류를 수행하였으며 추가의 Genome walking을 통하여 보다 신뢰도 높은 분자표지를 개발하는데 활용하였다.
- 프랑스 연구그룹에 의해서 보고된 Allium 속 작물의 응성불임성 유기 후보 유전자인 orf501A 유전자 정보를 활용하여 대파의 응성불임 유기유전자 후보를 도출하는데 활용하였다.

라. 수박 과특성 및 관련 형질에 대한 분자마커 개발현황

- 중국과 미국 연구팀을 주축으로 GBS/resequencing에 기반한 GWAS 및 분리집단을 이용하여 과형, 과피 (과피색, 호피무늬), 과육색, 당도 등 다양한 과특성 형질에 대한 유전자위 분석과 후보유전자에 대한 연구사례가 최근 지속적으로 보고 되었으며, 일부 형질에 대해서는 본 협동과제 연구팀의 연구결과와 일치함을 확인할 수 있었다.
- 미국 USDA-ARS에서는 수박 과육에서 β -carotene 성분의 축적과 관련된 QTL 분석을 시도하여 후보 염색체 영역 및 연관 마커를 보고한 바 있으나, 후보유전자를 발굴하지는 못하였으며, 보고된 연관마커는 본 협동과제 연구팀의 소재에서는 유용성이 확인되지 않아 지속적인 연구가 필요하다.

마. 토마토 과색 관련 연구

- Fleshy fruit의 모델작물로 알려진 토마토의 재배종인 Heinz1706 (*Solanum lycopersicum*)과 야생종인 LA1589 (*S. pimpinellifolium*)을 이용하여 유전체 해독이 완료됨에 따라 과실 특성 (과색, ripening 등) 연구를 위한 발판이 마련되었다.
- 이 후 국내 연구팀에서 고추 유전체를 완성함에 따라 빠르고 정밀한 유전체 수준에서 토마토의 육종 결과를 같은 가지과인 고추에 도입할 수 있는 시대가 도래하였다. 따라서 상대적으로 많은 연구 결과가 알려진 토마토 과식 및 색소 결정 유전연구 결과를 고추의 유전양상과 비교 분석하여 연구할 수 있게 되었다.
- 토마토의 어깨색을 조절할 것으로 예상되는 후보 유전자 *Golden 2-like* 연구를 통해 이 전사인자 (*SIGLK2*)가 토마토 과실의 엽록체 구조 및 발달을 조절하여 엽록소 합성에 관여한다는 연구 결과가 보고되었다.
- 이 후 고추에서 *SIGLK2* 와 ortholog인 *CaGLK2*에 대한 실험이 진행되었으며, *CaGLK2*에 의해 고추 과실의 엽록소 함량과 미숙과색이 조절된다는 것이 보고되었다.

바. 대량 분석 기술

- NGS 유전체 분석 기술의 발전으로 High-throughput 정보생산이 가능해졌으며, 특히

분석 비용의 감소는 이를 이용한 분자유종을 가능하게 하였다. 분자 육종은 개체 간 DNA 염기서열의 다형성을 찾는 것에서부터 시작하고, 분자 마커를 개발하면 유용 형질 연관 마커를 탐색하여 marker-assisted selection (MAS)나 marker-assisted breeding (MAB)에 적용할 수 있게 된다. 각 식물에 대한 표준 유전체 서열 정보 완성은 향후 염기서열 자체가 기존의 분자 마커 혹은 유전자 지도를 대체할 것으로 보이며 이러한 개념을 유전체 육종 (Genome-assisted breeding)이라 한다.

- Genotype-by-sequencing (GBS)는 제한효소를 이용하여 특정 크기의 DNA 단편을 얻고 이를 sequencing하여 이용하는 기술이다. 이는 분석하는 유전체 부분이 줄어들고 multiplex sequencing이 쉽다는 장점이 있다. GBS는 유전체 정보 전체를 다루지 않아 저비용으로 분자 마커 개발을 할 수 있어 활용이 높다.
- Genome-wide association study (GWAS)는 NGS를 이용하는 또 다른 기술로 전장 유전체를 분석하여 대량의 single-nucleotide polymorphism (SNP) 마커를 개발하고, 핵심집단을 대상으로 mapping한 후 농업에 유용한 형질을 구명하여 품종 개발에 활용할 수 있도록 한다. GWAS는 연관 불균형 (Linkage Disequilibrium, LD)을 기반으로 하여 양적 형질 유전자 좌를 동정하는 방법이다. 이는 기존의 QTL mapping과 비교하면 형질 변이의 값을 더 잘 예측할 수 있으나 minor QTLs에 의해서 조절되는 양적 형질에 대해서는 형질 변이를 일으키는 유전자 좌를 찾기 어려워 표현형 변이를 전부 설명할 수 없다는 한계가 있다. 하지만 현재는 이 한계를 보완하기 위해 QTL mapping의 결과와 GWAS 결과를 통합하여 공통된 유전자 좌를 통해 그 정확도를 높이고자 한다.
- Genomic selection (GS)는 형질이 매우 많은 유전자 좌에 의해 조절되거나 그 각각의 유전자 좌가 형질에 미치는 영향이 적은 경우 적용하기 어려운 MAS의 한계점을 극복하기 위해 도입된 기술이다. GS는 먼저 표현형 정보와 유전형 정보를 모두 가지고 있는 집단을 이용하여 모델을 트레이닝한다. 그리고 트레이닝 된 모델을 통해 선발하고자 하는 집단의 유전형 정보만을 분석하여 genomic estimated breeding values (GEBVs)를 산출한다. 마지막으로, 산출된 GEBVs를 이용하여 선발하는 방법이다. 이 방법은 선발하고자 하는 집단의 추가적인 표현형 분석 없이 선발이 가능하기 때문에 시간을 단축하며, MAS를 통해 선발하기 어려운 형질에 적용할 수 있다는 장점이 있다. 향후 유전체 분석 비용이 더욱 감소하고 자원의 유전형과 표현형 정보가 축적되면 양적 형질에 대한 분자 육종 기술로서의 활용도가 높아질 것이다.
- Pacbio 사의 SMRT (Single-molecule-real-time) sequencing 기술은 NGS에서 한 단계 더 진보적인 제3세대 sequencing 기술 중 하나로서, 가장 큰 특징은 PCR 증폭 과정을 생략할 수 있다는 것이다. Nanopore에 있는 DNA polymerase에 DNA 사슬이 지나가면서 나오는 형광 값을 통해 염기서열을 읽어낸다. DNA 서열에 바코드 서열을 붙여 여러 종류의 서열을 읽을 수 있고, 비용과 시간적인 측면에서의 장점 때문에 혁신적인 기술이라 할 수 있다.
- Fluidigm은 Taqman 등 SNP assay 기술을 적용한 high-throughput multiplex genotyping 방법이다. IFC (Integrated Fluidic Circuit) 안의 Unit cell에서 sample DNA와 PCR mixture가 NanoFlex™ valve의 조절을 통해 PCR reaction이 가능하게 되고,

IFC chip의 종류에 따라 48.48 Dynamic array, 96.96 Dynamic array, 192.24 Dynamic array 등의 multiplex reaction을 할 수 있다. Genome 상 넓게 분포된 SNP 분자 마커의 활용에 따라 유전자 mapping, marker-assisted backcrossing (MABC) 등에 활용할 수 있다.

사. 해외 종자회사 현황조사

■ Enza Zaden

- Enza Zaden은 세계 10위 안에 드는 채소육종 회사로 전 세계 사람들에게 건강하고 다양한 채소를 공급하는 것을 목표로 한다. 전 세계적으로 24개국에 45개가 넘는 자회사를 가지고 있으며 2000명이 넘는 직원이 근무하고 있다. 주요 작물은 토마토, 피망, 고추, 오이, 상추이며 그 외에도 멜론, 양파 등도 육종하고 있으며 맛, 외관, 생산성, 작업편의성, 병 저항성을 육종 대상으로 한다. 유전자 조작 없이 전통 육종방법을 이용하고 있으나 육종과정에서는 고도의 기술을 이용하고 있다. 에티오피아, 인도네시아 등 개발도상국의 농부들의 생활 수준을 높이기 위해 소규모 농부들에게 고품질의 종자를 접할 수 있는 기회를 제공하며 일부 농부들을 교육시켜 다른 사람들에게 지식을 전달하게 하거나 생산 환경이 좋지 않은 곳의 농부를 지원하고 있는 등 사회적으로 다양한 활동도 진행하고 있다.
- Enza Zaden은 multi-national 보다 multi-local approach를 가진 다국적 기업임을 강조하는데 이를 통해 그 지역의 시장 요구와 환경 조건을 잘 아는 그 지역의 직원들에게 힘을 실어줌으로써 실제적인 지역 시장의 요구에 맞는 결과를 만들어내고자 한다. 협력, 책임감과 함께 즐기면서 일하는 회사 환경과 팀워크를 성공을 기반으로 꼽으며 교육 연수 등을 통한 개인의 발달과 'Friday afternoon project'를 통해 틀에서 벗어난 사고를 장려하고 있다. 회사는 크게 breeding department와 seed production으로 나뉘는데 전자는 품종 테스트, 형질 찾기, 선별을 담당하고 후자는 종자의 순도 검정 및 확인을 담당하고 있었다. 육종만이 아니라 수확 후 연구도 진행되는데 맛, 저장성, fresh cut quality, 영양, 저온 내성에 초점이 맞추어져 있다.

■ Rijk Zwaan

- Rijk Zwaan은 네덜란드의 종자 회사로 8%의 시장 점유율을 가진, 세계에서 5위 안에 손꼽히는 채소종자 회사이다. 창립자인 Mr. Rijk Zwaan이 1924년 로테르담에서 종자 판매 상점을 열고 이후 1932년에 자신의 종자 생산, 육종 시설을 세우면서 시작되었으며 이차대전 이후 원예 분야에서 급속한 발전이 일어나며 20세기 후반부에 급속한 성장을 이룰 수 있었다. 30개국이 넘는 나라에서의 2800명의 직원들이 근무하고 있으며 최고의 종자를 생산하고 다양한 품종을 만들기 위해 40%의 임원이 R&D에 종사하고 있다. 전 지구적으로 다양한 생산 조건과 시장에서 요구되는 형질들을 만족시킬 수 있게 특별한 품종들을 만들고자 한다.

- 과채류, 엽채류, 근채류, 양배추류 등 넓은 분야의 채소를 다루며 건강, 영양적 가치, 특히 풍미와 질감을 목적으로 한다. 육종은 새로운 교배를 통해 나오는 우수한 후대 선별을 반복하는 방법으로 이루어진다. 육종 성과로는 북유럽에서 작은 멜론을 선호하는 것에 대해 작은 ‘piel de sapo’ 멜론을 만들어낸 것과 튀김 요리에 적합한 기름을 덜 흡수하는 가지 등이 있다. 또한 가을에만 재배 가능한 콜리플라워 Romanesco의 수요가 늘어나자 6-11월까지 재배 가능한 품종인 Puntoverde RZ을 개발하기도 하였다.
- 종자생산에서는 적정 조건과 품질 조절이 필수적이다. 전 세계에서 생산되는 Rijk Zwaan의 종자는 세척과 순도 검정, 품종 진정성, 병, 발아력 등을 검사하고, 일부 종자의 경우 코팅 등의 처리를 거쳐 판매된다.

■ Nunhems Vegetable Seeds

- Nunhems는 25가지 작물에서의 1200개의 고품질의 종자 품종과 전문적인 지식을 제공하는 브랜드로 2000명이 넘는 직원이 근무하고 있으며 전 세계적으로 모든 주요 채소 생산지에 분포하고 있다. 각 시장의 다양성을 고려해 각종 기후와 생장 조건, 문화에 맞는 교잡품종을 개발하고 있으며 소비자의 생산과 마케팅도 지지하고 있다. 하나의 작물에 특화된 전문가들을 모은 Crop Teams를 통해 지역 재배자를 돕고 연구, 육종, 생산, 처리 및 판매의 과정에서 긴밀한 상호협동을 가능하게 해 순도와 활력에서 높은 기준을 만족하는 종자를 소비자들에게 제공하고 있다.
- 채소 종자 개발을 이끌고 있는 기업 중 하나로서 시장의 요구에 적합한 형질-저장성, 병 저항성, 내건조성, 외관, 맛, 생산량 등을 만족시킬 수 있는 채소 품종 및 교잡품종을 개발하는 것을 목표로 한다. 14개국에서의 26개의 육종 기관을 가지고 있으며 품종 개량을 위한 두 개의 주요 연구센터가 있다. 각 작물마다 식물 육종, 분자생물학, 세포 생물학, 생물 정보학, 종자기술, 식물 병리학 등 각 분야에 특화된 전문가들의 긴밀한 협업을 통한 융합적인 접근방식을 중요시하며 이를 통해 혁신적이고 경쟁력 있는 품종을 개발하고 있다.
- 종자 생산 및 처리 시설을 운영하여 채종 후 건조, 저장, 강화, 처리, 포장 등의 과정을 거친다. 채종 후 종자 소독 과정에서 잡초, 먼지 등의 불필요한 부분을 제거하고 품질과 크기를 균일화한다. 또한 종자 수분함량과 개수 등을 확인하고 저장에 적합한 수분함량이 될 때까지 건조 후 최적의 습도와 온도 조건에서 저장되며 빠르고 균일한 발아를 위한 전처리, 살균처리, 자동 파종을 위한 크기, 무게, 모양 균일화에 필요한 캡슐 처리 등을 통해 보다 품질을 높인다. 일부는 살충제나 살진균제 성분이 포함된 유색 firm coating 처리를 통해 먼지 발생 등을 줄이고 구분이 쉽게 하기도 한다. 높은 품질을 인증하기 위해 국제적으로 인증받은 품질검정 연구소를 운영하여 종자 전이성 병, 물리적 순도, 유전적 순도, 활력과 발아력, 수분함량 등을 검정하고 있다.

■ Genetwister Technologies B.V.

- Genetwister는 분자유종과 생물정보학을 토대로 한 생명공학 회사로 농업, 원예 작물과 관상 식물을 대상으로 하고 있다. 독자적이고 새로운 분자유종 기술을 개발하며 특히 marker-assisted breeding을 위한 분자마커 식별, high-throughput sequencing을 통한 genetic selection/genotyping, 표현형 조사, 기능유전체학에 대해서 특화되어 있다. 또한 정보 처리 및 가시화 등을 위한 독자적은 software도 개발하였다.
- 크게 부서를 Bioinformatics, Genomic Breeding, Green Biotechnology로 나누는데 Bioinformatics 부서에서는 회사 내 연구에 정보기술을 적용하는 부서로 정보의 가시화를 통해 타 부서와 고객들이 보다 쉽게 결과를 이용할 수 있게 돕는 역할을 맡고 있다. Genomic Breeding 부서에서는 대규모의 분자 마커와 실제적인 genomic breeding tools을 이용해 보다 높은 품질의 작물을 개발한다. 육종에 필요한 마커는 주로 독자적인 bioinformatic을 이용해 찾은 SNPs를 기반으로 한다. Green Biotechnology는 생명공학기술과 분자유전학을 융합하여 식물의 물리, 형태적 특성을 결정하는 생화학적 과정에 대해 이해하고 이것을 기반으로 작물 개량에 유용한 유전자를 찾아내고자 한다. 또한 식물 세포 연구를 통해 단순히 생산량 증가만이 아니라 화석에너지와 석유 물질의 대체제를 개발하여 농업이 환경에 미치는 영향을 줄이고자 한다.

■ Axia vegetable seeds

- Axia vegetable seeds는 채소 종자회사로 시설작물의 육종에 주력하고 있다. 육종 목표는 높은 생산량을 지닌 맛있고 건강한 작물을 생산하는 것이고 창립 이념은 질과 양에서 모두 뛰어난 혁신적인 F1종자를 만드는 것이다. 이를 위해 R&D에서 최신 기술과 시설을 이용하고 있으며 특히 marker-assisted breeding technology를 통한 과학 기술적 리더십을 유지하고자 하며 가온온실의 작물생산 효율성을 증대시키기 위한 Good Seed and Plant Practices (GSPP)라는 방침을 적용하고 있다. 자국 내 R&D시설 외에 이탈리아와 태국에도 육종 시설을 두고 있으며 특히 이탈리아 시설에서는 포장, 비포장 노지재배에 보다 특화된 품종생산을, 중국에서는 외식 산업에 초점을 두고 있다.
- 육종의 특성 상 원하는 형질을 만들 때까지 수많은 유전자원과 시행착오, 긴 시간이 소요된다는 점을 극복하기 위해 고도로 특화된 기술을 적용하고 있다. 이를 통해 유망한 교잡종을 보다 빠른 시기에 선별하고 있으며 현대의 재배 트렌드를 반영하여 인공광에서 육종이 이루어지고 있다. 이처럼 재배자가 실제 키우는 환경과 DNA-marker Technology 등의 최첨단 기술의 이용으로 효율적이고 실질적인 채소 품종을 생산하고 있다. 소비자의 요구를 파악하기 위해 재배자들과의 활발한 교류를 하고 있으며 2016년 ISTA (International Seed Testing Association)에 가입하였다.
- 아직은 토마토만을 육종 대상으로 하며 가온, 비가온 온실 등 특정 재배 조건에 특화된 토마토 품종이 개발되어 있다. 높은 생산량과 병 저항성을 가지고 맛과 건강을 갖

춘 작물을 만들고자 한다. 높은 위생 기준, 토마토가 Cmm에 감염되는 것을 방지하기 위한 GSPP 방침과 깊은 육종 경험, 첨단 기술을 가진 R&D 시설을 통해 우수한 토마토 종자를 생산하고 있다. ToMV: 0,1,2, TSWV, Pst 등에 높은 병 저항성을, TYLCV, On등에는 중간 정도의 저항성을 가지는 품종을 보유하고 있으며 보호 가온 환경에 적합한 27개의 품종과 7개의 보호 비가온 품종들이 있다.

- 아직은 토마토 종자만을 취급하고 있지만 앞으로 고추, 파프리카, 멜론을 비롯해 오이, 가지, 호박, 수박까지 범위를 넓힐 것이라 한다.

■ KeyGene

- KeyGene은 1989년 네덜란드의 종자회사들이 출자하여 설립한 기관으로 Enza Zaden 등 4개의 회사가 현 주주로 이 회사들이 필요한 서비스를 제공하고 있다. 미래의 인구증가와 환경변화, 농업면적의 축소 문제를 극복하기 위해 작물의 질과 양을 증가시키는 목표를 가지고 있으며 종자회사들이 필요한 서비스를 제공하고 있다. 주로 abiotic stress, biotic stress, crop reproduction를 타겟으로 한다. 분자유종기술을 기반으로 R&D에 집중해 생물정보학과 분자생물학을 기반으로 최첨단 기기를 이용해 신속하게 유전자 서열 분석, 표현형분석, 새 형질 찾기 등을 하고 있다. KeyGene은 1990년대 AFLP(amplified fragment length polymorphism) 마커를 개발한 것으로 이름을 알리기 시작했다. 현재 KeyGene에는 다양한 국적을 가진 140여 명의 전문가들이 근무하고 있으며, 네덜란드 본사 외에도 미국과 인도에 지사가 존재한다.
- KeyGene은 sequencing, genotyping, phenotyping에 이르는 다양한 기술을 보유하고 있으며 genomic breeding, trait discovery, digital phenotype, cell and tissue desing, genome insight, precision breeding 기술로 크게 분야를 나눈다. 대규모 유전체 및 표현형 정보를 수집하고 처리할 수 있는 능력을 발휘해 보다 빠르고 효율적인 육종을 가능하게 한다.

■ SAKATA SEED CORPORATION

- Sakata 종묘는 1913년에 설립된 일본의 대표적인 종자 회사이며, 2018년 기준 화훼와 채소 종자 판매 수익이 세계 6위에 드는 글로벌 기업이다. 2000여명의 직원이 근무하고 있으며, 사업은 크게 종자, 식물, 구근식물과 원예 농업 물품의 생산과 판매, 식물 육종 연구와 개발, 채종, 조정, 온실, 원예시설 등의 설계, 관리 등 세 분야로 나눌 수 있다. 1200여개의 화훼 품종과 400여개의 채소 품종을 보유하고 있다. 미국, 멕시코, 중국, 인도 영국, 네덜란드 등 해외 20여개국에 연구소와 자회사가 있으며, 한국에서는 여주에 사카다 코리아 육종 연구소가 위치하고 있다. 일본에는 총 다섯개의 연구소가 있는데 그 중 규모가 가장 큰 곳은 가케가와에 위치한 육종 연구소이다. 식물 병리 관련 기술과 각종 채소와 화훼 품종 개발 시설을 갖추고 있다.
- R&D 주력 분야는 채소 1대 잡종 품종과 화훼 품종 생산과 개발이며, 재배하기 쉬우

며, 생산량이 높고 맛이 좋으며 더 아름다운 화훼 품종을 개발하는데 주력하고 있다. 육종 섹션이 크게 두 파트로 나누어져 있는데 하나는 컬리플라워, 브로콜리 등 배추과 작물이고, 다른 것은 오이나 당근 등의 근채류와 그 외의 작물들이다. 특히나 가케가와 연구소의 경우 브로콜리가 주 작물로 60 - 70%의 연구가 브로콜리 작물에 국한되어있다고 한다. 가지과 작물의 경우 토마토를 연구하고 있으며 고추는 대한민국 여주시에 위치한 사카타 코리아 육종 연구소에서 연구 중에 있다.

- R&D 주력 분야는 화훼와 채소 1대 잡종 품종의 생산과 개발이며, 재배하기 쉬우며, 생산량이 높고 맛이 좋으며 더 아름다운 화훼 품종을 개발하는데 주력하고 있다. 현재 주 연구 작물로는 양배추와 컬리플라워, 브로콜리, 당근, 수박, 토마토 등의 과채류와 리시안셔스, 팬지, 베고니아, 해바라기, 백일홍 봉선화와 같은 화훼류가 있다.

■ Takii

- 1835년에 창립된 회사로 아주 역사 깊은 일본 대표 종자회사로 U' s triangle을 만든 신 우장춘 박사님이 연구소장으로 계셨던 종자회사이기도 하다. 1950년 세계 최초로 F1 Hybrid 배추를 개발하였으며 융성 불임을 이용하여 일본 최초 F1 양파를 만들어 냈으며 세계 최초 F1 브로콜리와 콜리플라워 “스노우 킹”을 출시하였다. Takii 육종연구소는 일본 내 가장 큰 연구소로 약 70 ha 면적에 달한다. 배추과 작물, 토마토, 고추, 양파 등의 작물을 주로 연구 및 육성하며 이외에도 여러 화훼작물을 육성하고 있다. 또한 현재는 네덜란드 화훼 종자 회사 및 덴마크 화초 씨앗 회사를 인수하여 채소뿐만 아니라 화훼에도 관심을 가지며 새로운 품종을 생산하고 있다. 그리고 2010년 창업 175주년을 맞으며 오래 된 역사를 가진 회사로 알려져 있다.
- Takii는 창립 이래 육종 연구를 통한 품종 개발에 힘썼으며, 1950년대에는 세계 최초로 자가 불화합성을 이용한 배추과 작물의 1대 잡종 육성을 한 바 있다. 지난 180년동안 전세계에서 수집한 수십만 가지 식물 유전자원을 바탕으로 F1 교잡 육종기술 및 생명공학 기술을 활용하여 1500여개의 채소 품종과 500여개의 화훼 품종을 개발하였다. 현재 육성하고 있는 채소 작물로는 과채류(토마토, 오이, 파프리카, 가지, 수박, 호박, 멜론 등)와 엽채류(배추, 양배추, 브로콜리, 컬리플라워, 시금치 등), 근채류(무, 양파, 당근 등)가 있으며 기능성 채소와 해충 저항성 품종 개발을 중점적으로 연구하고 있다.
- Takii는 고품질 종묘를 생산하기 위해 연구 농장을 가지고 있으며 이를 통해 품종을 개발하며 종자를 생산하고 그것을 품질 관리 및 검사를 통해 제품 생산 및 관리를 한다. 현재까지 1500종 의 채소품종과 500종의 화훼 품종, 총 2000종 이상의 품종을 개발해오는 등 활발한 연구를 해왔으며, 대표 품종으로 1985년 출시된 ‘모모타로’ 완숙 토마토가 있으며, 완숙 후 출하해도 경도가 유지되는 핑크색상의 토마토의 특징을 가지고 있다. 매년 International Seed Testing Association’ s (ISTA) testing protocol에 따라 80,000개 이상의 샘플의 발아검정을 실시하며, 이외에도 병리검사, 순도검사, 유묘검사 등의 일련 과정을 통해 고품질의 종자를 생산, 관리 한다. 또한

원에 전문학교를 운영함으로써 농업을 발전하고 지원할 수 있는 유능한 인재를 육성하는 부문에도 노력을 가하고 있다.

■ Kazusa DNA research institute

- Kazusa dna research 연구소는 1994년 치바현에서 Kazusa Academia Park의 핵심기관으로 식물과 식물에 관련된 박테리아, 인간 DNA에 암호화 되어있는 유전 정보 분석 및 기능을 하는 연구하기 위해 설립되었다. 주로 농업과 의학 분야에 기여하는 연구를 수행하며 식물의 지놈 데이터를 활용하여 식물 종자에 대한 우수한 품질 관리 뿐만 아니라 식물 육종을 위해 연구 하고 있다. 특히 식물 유전 유전체 연구 그룹은 고등 식물의 게놈 정보를 수집 및 분석하여 식물 육종에 게놈 정보를 활용하는 연구를 수행하고 있으며 현재까지 25개 이상의 식물 게놈을 분석하여 농업적으로 유용한 특성을 나타내는 유전자 및 DNA마커를 확인하였고, 딸기와 토마토 등 작물의 게놈을 resequencing 하거나 de novo whole genome sequencing하여 연구에 활용하고 있다. 밝혀낸 게놈정보를 바탕으로 식물 스트레스 저항성 및 수확량과 같은 농업적 또는 산업적으로 중요한 특성을 개선하는 육종에 노력하고 있다.
- 의학 분야에서는 DNA 분석을 통해 희귀 질환은 조기에 발견하는 연구를 진행하고 있다. 식물 DNA 분석 연구실에서는 재배식물 및 미생물의 게놈 분석, 분석을 위한 실용적인 기술 개발 등의 서비스를 제공하며, 매년 치바현을 비롯한 각 현의 공공 연구소 및 민간 기업으로부터 200건 이상의 농업관련 식물에 대한 기술 자문 및 계약 기반의 게놈/유전자 분석을 수행하고 있다. 식물 유전학 및 유전체 연구실에서는 어느 지역의 유전자가 어떤 역할을 하는지 식별하고, 게놈 및 유전정보에 기초하여, 우수한 특성의 새품종 육성을 위한 방법들을 개발한다. 식물은 지놈의 크기와 구조가 다양하기 때문에 최신 기술을 도입하여, 각 식물종의 분석에 적합한 방법을 찾아 적용하고, 대상 식물의 연구에 보다 쉽게 사용할 수 있는 방안을 개발한다. 특히 기존의 방법으로 분석하기 까다로운 이중 및 배수체 게놈의 식물에 관심을 가지고 있다. 현재까지 30종 이상의 식물 종을 분석하여 많은 유전자와 DNA마커를 개발했으며, 딸기, 체리, 고구마 유전체 분석 및 서열 분석을 수행했다. 뿐만 아니라 식물 생장 및 형태학의 디지털의 이미징과 환경 센서를 기반으로 대상작물의 표현형 특성을 평가하는 새로운 장치를 개발하였다.

8. 연구개발결과의 보안등급

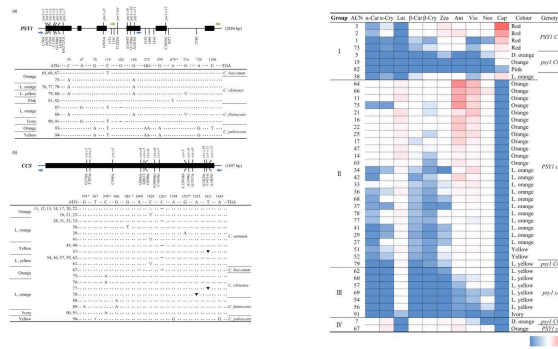
- 일반등급

(2) 대표 성과 2

대표연구업적 요약문	
연구업적 제목	Single-molecule real-time sequencing reveals diverse allelic variations in carotenoid biosynthetic genes in pepper (<i>Capsicum</i> spp.) Plant Biotechnology Journal/ 2018년/ IF 8.154
연구업적 유형	논문(✓) 특허 () 품종() 제품화()
과제 책임자	서울대학교 강병철 교수

■ 논문의 주요 내용

고추의 다양한 색은 과실의 카로티노이드 성분에 따라 결정된다. 카로티노이드 생합성 경로는 *Capsicum* 속 식물에서 다양하게 연구되어 왔다. 하지만 기존에는 기술적인 문제로 인해 수많은 샘플에서 여러 유전자의 변이를 한 번에 비교할 수 없었고, 이로 인해 기존에 알려진 변이 조합만으로는 고추 과색의 다양성을 완전히 설명할 수 없었다. 본 논문에서는 다양한 샘플에서 긴 서열을 한 번에 읽을 수 있는 기술인 single-molecule real-time (SMRT) 염기서열 분석을 사용하여 94 계통의 고추 유전자원에서 여섯 가지 카로티노이드 생합성 유전자를 시퀀싱하여 그 변이를 밝혔다. 타겟 유전자는 phytoene synthase (PSY1, PSY2), lycopene β -cyclase, β -carotene hydroxylase, zeaxanthin epoxidase, capsanthin-capsorubin synthase (CCS)로 정상적인 고추의 적색을 띄기 위해서 필요하다고 알려진 유전자들이다. 또한 유전적 변이와 과색 표현형과의 관계를 알기 위하여 변이 조합을 대표하는 43 계통을 선발하여 ultra-performance liquid chromatography (UPLC) 방법으로 카로티노이드 성분 및 함량을 조사하였다. 이를 통해 PSY1과 CCS의 변이 조합이 카로티노이드 성분 및 함량에 주요한 역할을 미친다는 것을 밝혔다. 이 결과는 최신 염기서열 분석 기술인 SMRT 염기서열 분석 기술이 대량의 샘플에서 신속하게 타겟 유전자의 변이를 밝히는 데 사용될 수 있다는 것을 보여주었으며, 이 논문에서 밝힌 변이 조합인 추후 과색에 대한 고추 육종 및 카로티노이드 생합성 경로를 연구하는 것에 큰 도움이 될 것이라 기대된다. 위 논문에서 나타난 변이들은 마커로 전환되어 특허 출원이 진행되었다.



■ 논문 게재지: Plant Biotechnology Journal (2019) 17(6):1081-1093 (IF IF=8.15)

■ 관련 과제

제 3 - 1 협동 : 고기능성 가지과 품종 개발 지원 및 인력 양성

(3) 대표 성과 3

대표연구업적 요약문	
연구업적 제목	역병 저항성 및 탄저병 중도 저항성 건고추 'PEDF5511' 품종 개발 및 제품화
연구업적 유형	논문() 특허() 품종(O) 제품화(O)
과제 책임자	(주)팜한농 민응기 책임

■ 품종의 주요 내용

- 과색/신미 우수 역병/바이러스 복합 내병성 고추 품종을 개발함.
- 대과종으로 과실이 집중착과되며, 탄저병에 중도저항성이고 역병에 저항성인 건고추 품종을 개발함.
- '보석', '비가림스피드' 등 고추 품종 제품화를 통해 후속 3년 동안 98백만원의 매출이 발생함.



■ 특허 사항: '20년 품종 보호 등록 제8144호

■ 관련 과제

제 2- 1 세부: 과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합 내병성인 고추 품종 개발

(4) 대표 성과 4

대표연구업적 요약문	
연구업적 제목	자색 및 기능성 배추 ‘올레드’, ‘휘모리골드’, ‘골든박스’ 품종 개발 및 제품화(사업화)
연구업적 유형	논문() 특허() 품종(O) 제품화(O)
과제 책임자	농업회사법인 아시아종묘(주) 임찬주

■ 품종의 주요 내용

- 본 과제를 통해 개발한 자색 소구형배추 ‘올레드’ 는 내/외엽이 모두 적자색을 띠며 안토시아닌을 고함유한 1 kg내외로 결구가 형성되는 가을 배추임. 뛰어난 엽색으로 샐러드용, 쌈용, 김장용, 물김치용등에 모두 활용 가능한 우수한 배추임.
- 본 과제를 통해 개발한 품종인 휘모리골드, 팔도장군, 골든박스, 핑크 1호, 올레드 등 품종을 각각 사업화를 진행하였으며 3년간 국내매출 191,898,100원, 해외수출 48,394USD의 성과를 달성하였음.
- 본 과제를 통하여 개발한 우수한 배추인 골든박스 배추와 올레드 배추를 자체기술실시를 수행하였으며 이를 승인받았음.

■ 품종 풀원 및 제품화:



<올레드 배추>

외엽, 내엽 모두 빨간 배추
포피형, 가을재배용



핑크 1호

■ 관련 과제

제 2- 3 협동: 자색배추 품종 육성 및 교배육종 인력양성

(5) 대표 성과 5

대표연구업적 요약문	
연구업적 제목	육묘업 등록 교육 실시를 통한 종자산업법 조기 정착 기여
연구업적 유형	논문() 특허() 품종() 제품화() 교육 및 매출액(O)
과제 책임자	서울대학교 강병철 교수

▣ 교육 및 매출액 달성의 주요 내용

- 본 센터는 1단계 2013년에 농림축산식품부로부터 **전문인력 양성기관** 지정을 받은바 있음. 2017년 12월 종자산업법 시행령 제15조의4에 따른 육묘업 등록 과정(16시간) 교육을 이수하여 육묘업 등록을 위한 수수료 취득 필요함으로 육묘등록 교육과정을 개설하고 운영하였음.
- 종자산업법 시행으로 인해 전국의 육묘업 관련자가 교육 신청하여 교육을 16시간 동안 진행하고 수수증을 배부하였음. 2017년도부터 2020년도까지 **총 12회차, 3,599명의 수료생을 배출**하였고 교육비로 361백만원의 수익이 발생하였음.
- 2020년도에는 코로나 19 팬데믹으로 농림축산식품부의 「적극행정지원위원회」의 회의를 통해 육묘업 등록 신청자에 대해 전문인력양성기관에서 실시하는 교육 이수 증명자료의 제출을 한시적으로 사이버교육으로 대체(중자생명산업과)함으로써 Zoom을 활용한 인터넷 교육(직강)을 실시한 바 있음.
- 본 센터는 종자산업법 시행령·시행규칙 개정 시행('17.12.28.)에 따른 육묘업 등록 시 필요로 하는 육묘 교육과정(16시간)을 실시함으로써 육묘업 등록 시행이 조기에 정착할 수 있도록 기여함.



그림 1. 육묘업 등록교육 실시 모습, 현장견학 및 교재

▣ 관련 과제

제 1-1 세부: 전문인력 양성 교육 및 육종기반 연구지원(서울대 강병철)

10. 기타사항

- 해당 사항 없음

11. 참고문헌

Baldwin, S., Revanna, R., Thomson, S., Pither-Joyce, M., Wright, K., Crowhurst, R., Fiers, M., Chen, L., Macknight, R., McCallum, J.A. 2012. A Toolkit for bulk PCR-based marker design from next-generation sequence data: application for development of a framework linkage map in bulb onion (*Allium cepa* L.). BMC Genomics 13, 637.

Bang, H., Davis, A. R., Kim, S., Leskovar, D. I., and King, S.R. 2010. Flesh color inheritance and gene interactions among canary Yellow, pale yellow, and red watermelon. Hort Sci. 135, 362-368.

Bang, H., Yi, G., Kim, S., Leskovar, D., and Patil, B.S. 2014. Watermelon lycopene β -cyclase: promoter characterization leads to the development of a PCR marker for allelic selection. Euphytica, 3, 363-378. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1158-5>.

Cermak, T., Doyle, E. L., Christian, M., Wang, L., Zhang, Y., Schmidt, C., and Voytas, D. F. 2011. Efficient design and assembly of custom TALEN and other TAL effector-based constructs for DNA targeting. Nucleic Acids Res. 39(12), e82-e82. doi.org/10.1093/nar/gkr218.

Chen L., Li W., Li Y., Feng X., Du K., Wang G., Zhao L. 2019. Identified trans-splicing of *YELLOW-FRUITED TOMATO 2* encoding the PHYTOENE SYNTHASE 1 protein alters fruit color by map-based cloning, functional complementation and RACE. Plant Mol Biol. 100. 647-658. doi : 10.1007/s11103-019-00886-y.

Duangjit, J., Bohanec, B., Chan, A.P., Town, C.D., Havey, M.J. 2013. Transcriptome sequencing to produce SNP-based genetic maps of onion. Theor. Appl. Genet. 126, 2093-2101.

Giménez, E., Dominguez, E., Pineda, B., Heredia, A., Moreno, V., Lozano, R., Angosto, and T. 2015. Transcriptional activity of the MADS box ARLEQUIN/TOMATO AGAMOUS-LIKE1 gene is required for cuticle development of tomato fruit. Plant Physiol. 168. 1036-1048. doi: 10.1104/pp.15.00469.

Itkin, M., Seybold, H., Breitel, D., Rogachev, I., Meir, S., Aharoni, and A. 2009. TOMATO

AGAMOUS-LIKE 1 is a component of the fruit ripening regulatory network. *Plant J.* 60. 1081–1095. doi: 10.1111/j.1365-313X.2009.04064.x.

Janzac, B., Montarry, J., Palloix, A., Navaud, O., and Moury, B. 2010. A point mutation in the polymerase of Potato virus Y confers virulence toward the Pvr4 resistance of pepper and a high competitiveness cost in susceptible cultivar. *Mol. Plant Microbe Interact.* 23(6), 823–830. doi.org/10.1094/MPMI-23-6-0823.

Kang B., Gu Q., Tian P., Xiao L., Cao H., Yang W. 2014. A chimeric transcript containing *Psy1* and a potential mRNA is associated with *yellow flesh* color in tomato accession PI 114490. *Planta.* 240. 1011–1021. doi:10.1007/s00425-014-2052-z.

Kim, H. J., Hong, S. H., Kim, Y. W., Lee, I. H., Jun, J. H., Phee, B. K., Timilsina, R., Jeong, H. N., Lee, Y. M., Hong, B. S., Nam, H. G., Woo, H. R., and Lim, P. O. 2014. Gene regulatory cascade of senescence-associated NAC transcription factors activated by ETHYLENE-INSENSITIVE2-mediated leaf senescence signaling in *Arabidopsis*. *J. Exp. Bot.* 65(14), 4023–4036. doi: 10.1093/jxb/eru112.

Kim, J. H., Chung, K. M., and Woo, H. R. 2011. Three positive regulators of leaf senescence in *Arabidopsis*, *ORE1*, *ORE3* and *ORE9*, play roles in crosstalk among multiple hormone-mediated senescence pathways. *Genes. Genom.* 33(4), 373–381. doi: 10.1007/s13258-011-0044-y.

Kim, J., Park, S. J., Lee, I. H., Chu, H., Penfold, C. A., Kim, J. H., Buchanan-Wollaston, V., Nam H. G., Woo, H. R., and Lim, P. O. 2018. Comparative transcriptome analysis in *Arabidopsis ein2/ore3* and *ahk3/ore12* mutants during dark-induced leaf senescence. *J. Exp. Bot.* 69(12), 3023–3036. doi: 10.1093/jxb/ery137.

Kim, S. B., Lee, H. Y., Seo, S., Lee, J. H., and Choi, D. 2015. RNA-dependent RNA polymerase (N1b) of the potyviruses is an avirulence factor for the broad-spectrum resistance gene Pvr4 in *Capsicum annuum* cv. CM334. *PLoS One* 10(3), e0119639. doi.org/10.1371/journal.pone.0119639.

Liu, P. 1972. Inheritance and morphology of two dwarf mutants in watermelon. *J Amer Soc Hort Sci.* 97, 745–748.

Martin, W.J., McCallum, J., Shigyo, M., Jakse, J., Kuhl, J.C., Yamane, N., Pither-Joyce, M., Gokce, A.F., Sink, K.C., Town, C.D., Havey, M.J. 2005. Genetic mapping of expressed sequences in onion and in silico comparisons with rice show scant colinearity. *Mol. Gen. Genomics* 274, 197–204.

McCallum, J., Baldwin, S., Shigyo, M., Deng, Y., van Heusden, S., Pither-Joyce, M., Kenel, F. 2012. Allium Map-A comparative genomics resource for cultivated *Allium* vegetables. BMC Genomics 13, 168.

McCallum, J., Clarke, A., Pither-Joyce, M., Shaw, M., Butler, R., Brash, D., Scheffer, J., Sims, I., van Heusden, S., Shigyo, M., Havey, M.J. 2006. Genetic mapping of a major gene affecting onion bulb fructan content. Theor. Appl. Genet. 112, 958-967.

Melzer, S., Lens, F., Gennen, J., Vanneste, S., Rohde, A., and Beeckman, T. 2008. Flowering-time genes modulate meristem determinacy and growth form in *Arabidopsis thaliana*. Nat. Genet. 40(12), 1489-1492. doi: 10.1038/ng.253.

Scholten, O.E., van Kaauwen, M.P.W., Shahin, A., Hendrickx, P.M., Keizer, L.C.P., Burger, K., van Heusden, A.W., van der Linden, C.G., Vosman, B. 2016. SNP-markers in *Allium* species to facilitate introgression breeding in onion. BMC Plant Biol. 16, 187.

Seo, J. K., Lee, H. G., and Kim, K. H. 2009. Systemic gene delivery into soybean by simple rub-inoculation with plasmid DNA of a Soybean mosaic virus-based vector. Arch. Virol. 154(1), 87. doi.org/10.1007/s00705-008-0286-4.

Sprink, T., Metje, J., and Hartung, F. 2015. Plant genome editing by novel tools: TALEN and other sequence specific nucleases. Curr. Opin. Biotech. 32, 47-53. doi.org/10.1016/j.copbio.2014.11.010.

Takagi, H., Abe, A., Yoshida, K., Kosugi, S., Natsume, S., Mitsuoka, C., Uemura, A., Utsushi, H., Tamiru, M., et al. 2013. QTL-seq: rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. The Plant Journal 74, 174-183. doi:<https://doi.org/10.1111/tpj.12105>.

Tran, P. T., Choi, H., Choi, D., and Kim, K. H. 2015. Molecular characterization of Pvr9 that confers a hypersensitive response to Pepper mottle virus (a potyvirus) in *Nicotiana benthamiana*. Virology, 481, 113-123. doi.org/10.1016/j.virol.2015.02.052

Tran, P. T., Choi, H., Choi, D., and Kim, K. H. 2016. Virus-induced gene silencing reveals signal transduction components required for the Pvr9-mediated hypersensitive response in *Nicotiana benthamiana*. Virology, 495, 167-172. doi.org/10.1016/j.virol.2016.05.011.

Vrebalov, J., Pan, I.L., Arroyo, A.J.M., McQuinn, R., Chung, M., Poole, M., Rose, J., Seymour, G., Grandillo, and S. 2009. Fleshy fruit expansion and ripening are regulated by the tomato SHATTERPROOF gene TAGL1. Plant Cell. 21. 3041-3062. doi:

10.1105/tpc.109.066936.

Woo, H. R., Kim, H. J., Nam, H. G., and Lim, P. O. (2013). Plant leaf senescence and death—regulation by multiple layers of control and implications for aging in general. *J. Cell Sci.* 126(21), 4823–4833. doi: 10.1242/jcs.109116/-/DC1.

Zhang, X., Wang, W., Guo, N., Zhang, Y., Bu, Y., Zhao, J., and Xing, H. 2018. Combining QTL-seq and linkage mapping to fine map a wild soybean allele characteristic of greater plant height. *BMC genomics* 19, 1–12. doi:<https://doi.org/10.1186/s12864-018-4582-4>.

[별첨 1]

연구개발보고서 초록

연구센터	채소육종연구센터				
과제명	(국문) 채소육종인력 양성 및 연구				
	(영문) Vegetable Breeding Education and Research				
주관연구기관	서울대학교 산학협력단		주관연구자	(소속) 서울대학교	
참여기업	(주)팜한농, CJ제일제당, 농우바리오(주), 아시아종묘(주), 더기반(주)			(성명) 강병철	
총연구개발비 (3,635,500천원)	계	3,635,500	총연구기간	2017.09.01. ~ 2020.08.31.(3년)	
	정부출연연구개발비	2,909,000	총참여연구원수	총인원	268
	기업부담금	726,500		내부인원	76
	연구기관부담금			외부인원	192

○ 연구개발 목표 및 성과 목표

육종 연한을 단축할 수 있는 첨단 육종 기법을 개발하고 종자산업분야의 전문인력을 교육하고 양성한다. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 품종과 기능성 식품소재를 개발하고 이를 상품화한다. 1-2단계의 육종 인력양성 프로그램을 고도화하며 산학 협력을 통해 종자산업 미래인력을 양성하고 종자산업 분야로 유도한다. 본 사업을 통해 개발된 품종 및 교육용 소재에 대해 상품화를 진행하며 이를 사업화 한다. 차세대유전체분석 기술을 이용하여 품목별 분자마커를 개발하고 이를 활용하여 신품종을 개발한다.

○ 연구내용 및 결과

본 센터는 3단계 후속산업화를 진행하며 육종 연한을 단축할 수 있는 첨단 육종 기법을 개발하여 활용 가능한 특허출원 14건, 특허 등록 10건을 달성하였으며 이중 14건을 기술 이전하여 기술료 36백만원을 달성하였다. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 고기능성 고추, 수박, 배추 등의 품종 16건 개발하였다. 또한 차세대유전체분석 기술을 이용한 분자마커 서비스, 교육비 등 이를 통해 총 매출 실적 896백만원, 수출실적 58백만원을 달성하였다. 또한 학술성적으로 SCI 논문 39편과 비SCI 논문 2건을 달성하였으며, 국내·외 26건의 학술발표를 실시하였다.

본 센터는 후속산업화연구 3년 동안 종자산업전문인력 양성이라는 목표로 석박사 우수인력을 양성하여 박사 12명, 석사 43명을 배출하였으며 졸업 후 종자회사 취업 등을 독려하여 총 46명이 취업하였다. 또한 글로벌 인턴교육(10명), 국내종자회사 및 연구소 현장 인턴교육(35명) 등 학생들에게 종자회사 취업 전에 현장 교육을 실시하여 전통육종 뿐만

아니라 최신육종기술을 경험할 수 있는 기회를 제공하였다. 학생들에게 종자육종산업의 비전을 적극적으로 제시하고 동기를 유발하기 위해 종자선진국인 네덜란드와 일본은 종자회사에 탐방을 실시하였다.

○ 연구성과 활용실적 및 계획

본 사업을 통해 참여기업은 개발된 품종에 대해 산업화를 추진하였으며 후속산업화 동안 교육비, 차세대유전체기술을 이용한 분자마커 서비스를 추진하였다. 이를 통해 고기능성 품종개발과 관련하여 국가의 채소 종자 산업의 경쟁력을 확보에 기여하였으며, 후속산업화 이후에도 참여 대학에서는 육종가 교육 시스템을 구축하고 **우수한 육종인력을 확보**하게 될 것이다. 본 센터 참여 학생은 육종관련 양질의 교육을 제공받고 취업 경쟁력을 확보하게 되었으며 산업체는 전문 능력과 자질을 갖춘 졸업생을 채용할 기회를 제공하였다. 이를 바탕으로 작물 육종 교육 프로그램의 체계화하여 **인력 공급의 기회를 제공**하고 종자산업의 원활한 **인력공급**을 통해 국가 종자산업 발전의 토대가 될 것으로 기대된다. 또한 국가적 측면에서는 작물 육종 교육 프로그램의 체계화를 통해 채소 종자 산업의 경쟁력을 확보하게 될 것이며 국가 종자산업 발전의 토대가 될 것으로 기대된다.

[별첨 2]

연구성과 활용계획서

1. 연구과제 개요

사업추진형태	<input type="checkbox"/> 자유응모과제 <input checked="" type="checkbox"/> 지정공모과제	분 야	인력양성 및 품종 개발	
연 구 센 터	채소육종연구센터			
연 구 과 제 명	채소육종 인력 양성 및 연구			
주관연구기관	서울대학교	주관연구책임자	강병철	
연 구 개 발 비 (단위 천원)	정부출연 연구개발비	기업부담금	연구기관부담금	총연구개발비
	2,909,000	726,500	(190,000)	3,635,500
연구개발기간	2017. 09. 01 - 2020. 08. 31 (3년)			
주요활용유형	<input checked="" type="checkbox"/> 산업체이전 <input checked="" type="checkbox"/> 교육 및 지도 <input type="checkbox"/> 정책자료 <input type="checkbox"/> 기타() <input type="checkbox"/> 미활용 (사유:)			

2. 연구목표 대비 결과

당초목표	당초연구목표 대비 연구결과
전문인력 양성 프로그램 개발	<ul style="list-style-type: none"> • 창의인재 양성- 종자산업 분야 전문인력 양성(석사 43명, 박사 12명) • 글로벌 인턴교육, 국내 종자회사 인턴 교육을 통한 현장중심의 맞춤형 교육 진행(글로벌인턴교육 10명, 국내인턴교육 35명) • 양성된 인력의 취업 확대를 통한 채소종자 산업 활성화(종자산업 분야 전문인력취업 46명) • 전문인력양성기관으로 육묘업 등록교육 실시(3,599명 교육)
차세대 유전체 분석 시스템을 활용한 육종 지원 서비스 제공	<ul style="list-style-type: none"> • 차세대유전체분석 시스템 구축 및 유전체 정보를 이용한 육종지원 시스템 지원 사업화(분석료 157백만원) • 바이러스 내병성 기작 구명 및 내병성 관련 정보의 활용, 양파의 옹성불임 관련 분자마커 개발, 기능성 고추 품종 육성을 위한 분자마커 개발(특허출원 14건, 특허등록 10건, 기술이전 14건, 기술료 36.35백만원)
차별화된 미래 수요 기반 우수 계통 선발	<ul style="list-style-type: none"> • 과색신미 우수 역병 및 복합내병성 고추 품종 개발 및 사업화(팜한농 품종출원등록 3건, 매출액 98백만원) • 기능성 물질 캡시에이트 고함유 고추 품종 육성(서울대, 2품종) • 소비자 기호성 및 내병성 국내용 수박 계통을 육성(농협 품종출원 등록 4건, 매출액 87백만원) • 고기능성 및 자색 배추 품종 육성(아시아종묘 품종출원등록 6건, 국내매출액 191백만원, 수출액 58백만원)

3. 연구목표 대비 성과

성과지표	사업화지표											연구기반지표								
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증	학술성과		인력양성			정책활용·홍보		인턴교육*	
	특허출원	특허등록	품종등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	투자유치		논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정책활용		홍보전시
												SCI	비SCI							
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	백만원	건	건	건	명	명	명				
가중치						20	30												50	
최종목표				0	0	2	75								0			0	23	
3단계	목표	10	5	11	12	16	5	545	50	10		20	1	16	31	11	21		41	
	실적	14	10	16	14	36.35	6	896	58	13		39	2	26	43	12	46		45*	
최종	목표	10	5	11	12	16	5	545	50	10		20	1	16	31	11	21		41	
	실적	14	10	16	14	36.35	6	896	58	13		39	2	26	43	12	46		45*	

*: 인턴교육은 대학-회사 협조로 진행하여 각 세부 협동과제별 건수는 중복될 수 있음. 본 총괄에는 인원수로만 계산함.

4. 핵심기술

구분	핵심기술명
①	• 육종학 수업을 위한 교육용 소재
②	• 기능성 물질 캡시에이트 고함유 고추 품종
③	• 우수 과색 및 신미를 갖는 고품질 복합 내병성 고추 품종
④	• 기능성을 갖춘 국내용 수박
⑤	• 자색 배추 및 long self-life 배추 품종
⑥	• 양파 및 대파의 응성불임 세포질 및 회복유전자형 판별용 분자표지

5. 연구결과별 기술적 수준

구분	핵심기술 수준					기술의 활용유형(복수표기 가능)				
	세계 최초	국내 최초	외국기술 복 제	외국기술 소화흡수	외국기술 개선개발	특허 출원	산업체이전 (상품화)	현장으로 해결	정책 자료	기타
①의 기술		√			√	√	√			
②의 기술	√	√				√	√			
③의 기술	√	√					√			
④의 기술	√	√					√			
⑤의 기술	√	√					√			
⑥의 기술	√	√				√	√			

6. 각 연구결과별 구체적 활용계획

핵심기술명	핵심기술별 연구결과활용계획 및 기대효과
①의 기술	<ul style="list-style-type: none"> 유전육종학 교재용으로 개발된 소재를 kit화하여 전국 육종학 수업 관련 대학 및 고등학교에 배포하고, 이를 이용하여 육종학의 기초 교육에 활용. 종자산업 분야의 관심을 유도.
②의 기술	<ul style="list-style-type: none"> 기능성 물질 캡시에이트 고품질 고추 품종에 대해 종자회사나 지자체에 사업화를 진행. 캡시에이트라는 기능성 물질이 신체 발열을 일으키고 다이어트에 효과가 있으므로 기능성 고추의 활용이 확대됨. CJ제일제당과 협력하여 캡시에이트 함유 다이어트 상품화, 국내 농가의 고부가가치 신규 소득 창출 효과.
③의 기술	<ul style="list-style-type: none"> 우수 과색 및 신미를 갖는 고품질 복합 내병성 고추 품종개발은 차별화 된 복합 내병성 품종 출시로 현재 팜한농의 품종군 라인업에서 부족한 TSWV 내병성 segment를 구축, 전체적인 시장 지배력 강화와 매출 증대에 기여
④의 기술	<ul style="list-style-type: none"> 기능성을 갖춘 국내용 수박 품종출원 및 생산판매 신고 사업화 진행 고품질·소비자 기호성·내병성 품종이 개발·판매 된다면 신 시장 판매 경로가 확대 될 것이며 국내수박 시장이 활성화되고 더 나아가 수출도 가능함
⑤의 기술	<ul style="list-style-type: none"> 자색 배추 품종에 대해 시교 및 시장진출을 시작하고 더불어 아시아종묘(주)의 전국 8개 지역 지점을 통해 전국적으로 시장확대를 실시할 예정임. 특히 중국의 고소득층을 겨냥한 프리미엄 시장을 개발, 하는 한편, 중국 재배 후 주변 국가들로 수출되는 유통망을 확보하여 신규 시장을 확대
⑥의 기술	<ul style="list-style-type: none"> 양과의 응성불임 관련 분자마커에 대해 농업기술실용화재단에 기술이전함. 이를 통해 양과 육종 연안을 단축하여 국내 양과 육종에 기여하고 자함.

7. 연구종료 후 성과창출 계획

성과지표	사업화지표										연구기반지표								
	지식 재산권			기술 실시 (이전)		사업화					기술인증 특허유치 비밀유지	학술성과		인력양성			정책·홍보		인턴교육
	특허출원	특허등록	품종출원등록	건수	기술료	제품화	매출액	수출액	고용창출	논문		학술발표	석사	박사	취업인력	정착·활용	홍보전시		
																		SCI	
단위	건	건	건	건	백만원	건	백만원	백만원	명	건	건		명	명	명				
가중치		10	10			10	20		10				10	10	10			10	
최종목표		5	1			2	500		5			3		6	3	8		5	
종료 1차년도		2				1	100		1			3		4	1	4		3	
종료 2차년도		2	1				100		1					2	1	2		2	
종료 3차년도		1				1	100		1						1	2			
종료 4차년도							100		1										
종료 5차년도							100		1										

8. 연구결과의 기술이전조건(산업체이전 및 상품화연구결과에 한함)

핵심기술명 ¹⁾	기능성 물질 캡시에이트 고함유 고추 품종 및 분자마커		
이전형태	<input type="checkbox"/> 무상 <input checked="" type="checkbox"/> 유상	기술료 예정액	천원
이전방식 ²⁾	<input type="checkbox"/> 소유권이전 <input type="checkbox"/> 전용실시권 <input type="checkbox"/> 통상실시권 <input checked="" type="checkbox"/> 협의결정 <input type="checkbox"/> 기타()		
이전소요기간	3년	실용화예상시기 ³⁾	2021년
기술이전시 선행조건 ⁴⁾			

[별첨 3]

자체평가의견서

1. 과제현황

		과제번호		710011-03	
사업구분	농식품기술융합창의인재양성(연구지원)				
연구분야				과제구분	단위
사업명	농식품기술융합창의인재양성(연구지원)				주관
총괄과제	기재하지 않음			총괄책임자	기재하지 않음
과제명	채소육종인력 양성 및 연구			과제유형	(기초,응용,개발)
연구기관	서울대학교 산학협력단			연구책임자	강병철
연구기간 연구비 (천원)	연차	기간	정부	민간	계
	1차년도	2017.09.01.~ 2018.06.30.	813,000	212,375	1,025,375
	2차년도	2018.07.01.~ 2019.04.30.	813,000	212,375	1,025,375
	3차년도	2019.05.01.~ 2020.08.31	797,000	40,900	1,584,750
			486,000		
계	2017.09.01.~ 2020.08.31.	2,909,000	465,650	3,635,500	
참여기업	(주)팜한농, CJ제일제당, 농우바이오(주), 아시아종묘(주), 더기반(주)				
상대국				상대국연구기관	


2. 평가일 :

3. 평가자(연구책임자) :

소속	직위	성명
서울대학교	교수	강병철

4. 평가자(연구책임자) 확인 :

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

확약	
----	---

I. 연구개발실적

※ 다음 각 평가항목에 따라 자체평가한 등급 및 실적을 간략하게 기술(200자 이내)

1. 연구개발결과의 우수성/창의성

■ 등급 : (아주우수)

종자산업 분야의 **전문인력을 교육하고 양성**함. 육종 인력양성 프로그램을 고도화하며 산학협력을 통해 종자산업 미래인력을 양성하고 종자산업 분야로 취업을 유도하여 취업안정화, **첨단육종기술 보유 인력을 확보**함으로써 종자산업 발전에 기여함. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 품종과 기능성 식품소재를 개발하고 이를 상품화함. 차세대유전체분석 기술을 이용하여 품목별 분자마커를 개발하고 이를 활용하여 신품종을 개발 및 사업화 진행함.

2. 연구개발결과의 파급효과

■ 등급 : (우수)

본 사업을 통해 참여기업은 기 개발된 품종의 사업화를 추진하였으며 후속산업화 기간 동안 교육비, 차세대유전체기술을 이용한 분자마커 서비스를 추진함. 고기능성 품종개발을 통해 채소 종자산업의 경쟁력을 확보에 기여하였으며, 후속산업화 이후에도 참여 대학에서는 본 사업에서 확립한 시스템을 바탕으로 지속적으로 **우수한 육종인력을 확보**함.

3. 연구개발결과에 대한 활용가능성

■ 등급 : (아주우수)

본 센터 참여 학생은 양질의 품종 개발 교육을 제공받고 취업 경쟁력을 확보함. 산업체는 전문지식과 자질을 갖춘 졸업생을 채용하여 **우수한 종자산업 인력을 확보**함. 이는 향후 채소 종자산업의 경쟁력을 확보를 통해 국가 주도 종자산업 발전의 토대 마련

4. 연구개발 수행노력의 성실도

■ 등급 : (아주우수)

본 센터의 지식재산권, 기술실시, 사업화, 학술성과(SCI 논문), 인력양성 및 취업, 인턴교육 등 정량적 실적의 목표대비 달성도가 매우우수함. 또한 연구를 당초 계획대로 연차별로 성실히 수행하였음.

5. 공개발표된 연구개발성과(논문, 지적소유권, 발표회 개최 등)

■ 등급 : (아주우수)

3단계 후속산업화를 진행하며 육종 연한을 단축할 수 있는 첨단 육종 기법을 개발하여 활용 가능한 특허출원 14건, 특허 등록 10건의 실적을 이중 14건을 기술 이전하여 기술료로 36백만 원을 달성함. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 고기능성 고추, 수박, 배추 등의 품종 16종을 개발함. 또한 차세대유전체분석 기술을 이용한 분자마커 서비스, 육묘업 교육을 통해 총 896백만원 매출, 58백만원을 수출 실적을 달성함. 또한 학술성으로 SCI 논문 39편과 비SCI 논문 2건을 출판함.

II. 연구목표 달성도

세부연구목표 (연구계획서상의 목표)	비중 (%)	달성도 (%)	자체평가
채소종자산업 전문인력 양성	30	100	<ul style="list-style-type: none"> • 종자산업분야 전문인력양성 55명(석사 43명, 박사 12명). • 해외 인턴교육 및 국내 참여 기업 확대를 통한 글로벌 인력양성(10명) 및 취업 유도(3명)함. • 종자산업분야 취업유도를 통해 안정적 인력을 공급함(46명). • 종자회사 및 연구기관에서 인턴교육 실시함 (45명) • 전문인력양성 기관 역할 확대함(육묘업 등록 교육, 워크숍 등 실시) • 육종학 교육용 소재 키트화를 통해 사업화 진행함
NGS 기반 마커 개발 연구	20	100	<ul style="list-style-type: none"> • NGS 기반 분자마커 개발 연구 진행(특허출원 14건, 특허 등록 10건, 기술 이전 14건, 기술료 36백만원을 달성), 사업화를 진행함. • 기주의 병진전 및 저항성 관련 유전자 활용 바이러스 저항성 감자 및 토마토 소재 개발함. • 양파 및 대파 품종 개발을 위한 기반 육종기술 개발하고 이를 기술 이전함.
차세대 품종 사업화	25	100	<ul style="list-style-type: none"> • 과색/신미 우수 역병 및 다양한 바이러스에 대해 복합 내병성 고추 품종 육성함(품종 3건) • 고캡시에이트 고탐유 고추를 활용한 상품화함 (1건) • 소비자 기호성 및 내병성 수박품종 육성(3건) • 자색 안토시아닌 고탐유 배추 품종육성 및 이에 대한 사업화 실시함(품종 6건) • 국내매출 실적 896백만원, 수출실적 58백만원 달성함
신육종기술 사업화를 위한 품종개발 지원	25	100	<ul style="list-style-type: none"> • 고품질 토마토 육종계통 육성 및 품종개발 지원(특허 2건) 고추의 기능성 물질 캡시에이트 고탐유 신품종 육성함(품종 2건)

			<ul style="list-style-type: none"> • 내병성 및 기능성 수박 육종기술 산업화를 위한 분자마커를 개발하고 기술이전함(특허 2건 및 기술이전 1건) • Long shelf-life 특성의 국내용 배추 신품종 육성하고 유전자 기능에 대해 연구함(품종 1건, 기술이전 2건)
합계	100점	100	

Ⅲ. 종합의견

1. 연구개발결과에 대한 종합의견

본 센터는 1-2단계 연구결과를 기반으로 3단계에서 3단계 후속산업화를 성실히 진행하였음. 육종 연한을 단축할 수 있는 첨단 육종 기법을 개발하고 종자산업분야의 전문인력을 교육하고 양성하였음. 고품질, 고기능성 등 미래 지향적 특성을 보유한 품종과 기능성 식품소재를 개발하고 이를 상품화를 진행하여 **국내 매출실적을 896백만원, 수출실적을 58백만원 달성함**으로써 사업화 목표를 달성하였음.

1-2단계의 육종 인력양성 프로그램을 고도화하며 산학 협력을 통해 종자산업 미래인력을 양성하고 종자산업 분야로 유도하여 **석박사학위 취득자 55명(박사 12명, 석사 43명) 중 46명이 취업을 하였음**. 차세대유전체분석 기술을 이용하여 품목별 분자마커를 개발하고 이를 활용하여 신품종을 개발하는데 기여하였음.

2. 평가시 고려할 사항 또는 요구사항

본 센터는 후속산업화연구 3년 동안 종자산업 전문인력 양성이라는 목표로 석박사 전문인력을 1, 2 단계와 동일하게 양성하였음. 대학원생들에게 종자유종산업의 비전을 적극적으로 제시하고 동기를 유발하기 위해 종자선진국인 네덜란드 종자회사 및 태국 종자회사에 글로벌 인턴교육을 실시하여 왔으나, 2020년도 코로나19로 인해 글로벌 인턴교육을 진행할 수 없어, 국내 종자회사 인턴교육 및 종자회사 탐방을 진행하였음.

본 센터는 사업 종료 후에는 **식물유전체육종연구소 산하 채소육종센터로 편입**되도록 행정조직을 개편하여 종자산업 교육 및 NGS 분자마커 서비스를 등 후속 사업이 지속되도록 조치하였음. 본 센터 연구과제를 통해 개발된 연구성과에 대한 산업화는 참여기업과 참여대학 연구진 및 교수가 계속해서 진행할 것임. 캡시에이트 다이어트 제품에 대한 상용화는 코로나 19로 인한 인체실험 지연으로 인해 제품화가 지연되고 있으나 금년 말까지는 완료될 것으로 판단되며, 이후 매출 실적을 기대할 수 있을 것으로 판단됨.

3. 연구결과의 활용방안 및 향후조치에 대한 의견

본 사업을 통해 참여기업은 개발된 품종에 대해 사업화를 추진하였으며 후속사업화 기간 동안 교육, 차세대유전체 및 분자마커 분석 서비스를 추진하였음. 이를 통해 고기능성 품종개발과 관련하여 국가의 채소 종자산업의 경쟁력을 확보에 기여하였으며, 후속사업화 이후에도 참여 대학에서는 육종가 교육 시스템을 구축하고 **우수한 육종인력을 확보**하게 될 것임. 본 센터 참여 학생은 육종 관련 양질의 교육을 제공받고 취업 경쟁력을 확보하게 되었으며 산업체는 전문지식과 자질을 갖춘 졸업생을 채용할 기회를 제공받음. 이를 바탕으로 작물 육종 교육 프로그램의 체계화하여 **인력 공급의 기회를 제공**하고 종자산업의 원활한 **인력공급**을 통해 국가 종자산업 발전의 토대가 될 것으로 기대됨. 또한 국가적 측면에서는 작물 육종 교육 프로그램의 체계화를 통해 채소 종자산업의 경쟁력을 확보하게 될 것이며 국가 종자산업 발전의 토대가 될 것으로 기대됨.

IV. 보안성 검토

○ 해당 사항 없음

1. 연구책임자의 의견

2. 연구기관 자체의 검토결과

주 의

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