

최 종
연구보고서

배추 뿌리혹병, 바이러스병, 무름병의
복합저항성 품종 육성과 유전양식 구명 및
저항성 인자의 표지 인자 개발

Breeding multiple resistant cultivars, genetic study and
selection marker development for club root, virus and
soft rot disease in Chinese cabbage.

중 앙 대 학 교

농 립 부

제 출 문

농림부 장관 귀하

본 보고서를 “배추 뿌리혹병, 바이러스병, 무름병의 복합저항성 품종 육성과 유전양식 구명 및 저항성 인자의 표지 인자 개발에 관한 연구” 과제의 최종보고서로 제출합니다.

2003년 7 월 일

주관연구기관명 : 중앙대학교

총괄연구책임자 : 이 수 성

연 구 원 : 최 우 진

협동연구기관명 : (주)농우바이오

협동연구책임자 : 박 영 수

요 약 문

I. 제 목

배추 뿌리혹병, 바이러스병, 무름병의 복합저항성 품종 육성과 유전양식 구명 및 저항성 인자의 표지 인자 개발

II. 연구 개발의 목적 및 필요성

우리나라 배추 생산에 있어서 가장 치명적인 피해를 주는 3대 병해로서 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병을 들 수 있다. 이 병들은 한번 감염되면 치유가 불가능하기 때문에 가장 효과적인 방제법으로는 예방법밖에 없다. 그러나 바이러스병은 주로 진딧물에 의하여 전염되고 뿌리혹병과 무름병은 토염전염성인데 진딧물은 농약에 의한 구제가 어느 정도 가능하지만 완전방제가 어려우며 토염전염성 병해는 토양소독이나 윤작으로 어느 정도 예방할수 있다고 하지만 비용이 많이 들고 그 효율성이 낮다. 결과적으로 내병성 품종을 재배하는 것이 가장 효과적인 예방책이라고 할 수 있지만 아직 우리나라에는 이들 병에 대한 복합내병성 품종이 없다.

본 연구는 이 3대병에 대한 복합내병성 품종 육성을 궁극적인 목표로 하고 이 목표를 달성함과 동시에 각종 이용 목적에 알맞은 복합내병성 품종을 지속적이고 효과적으로 육성할 수 있도록 앞으로 필요한 기술을 개발코자 하였다. 즉, 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 순계를 먼저 육성하고 이를 이용하여 각 병의 내병성에 대한 유전양식을 구명하며 순계육성이 있어서 가장 효과적인 방법으로 알려진 소포자 배양 기술을 적용하여 복합내병성 순계를 조기에 육성코자 하였다. 그리고 각 병에 대한 선발 표지인자를 분자 수준에서 개발하여 육종 기간 단축과 육종경비 절감을 최대화 할 수 있는 육종체계를 확립코자 하였다.

III. 연구 개발 내용 및 범위

이미 육성하여 보존중인 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 집단에서 몇몇 개체를 선택하여 소포자를 배양하였다. 여기서 유래된 반수성 2배체 계통들에 대하여 바이러스병과 뿌리혹병을 동시에 접종하여 이 두 병에 대한 복합내병성 순계 34계통을 육성하였다. 한편 우리 실험실에서 이미 육성하여 보존 중인 무름병 내병성 순계(소포자 유래 반수성 2배체)를 검정한 결과 이들 두 병에 이병성인 계통이 있었다. 따라서 3대 병해 각각의 유전양식을 구명하고 복합내병성 순계를 육성할 재료로 활용코자 위에서 선발된 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 순계와 무름병에는 내병성이면서 이들 두 병에는 이병성인 순계를 교잡하여 F₁조합을 양성하였다. 그중 2개 조합을 소포자 배양에 공시하여 3대 병해 복합내병성 순계를 육성하는 한편 F₂세대를 채종하여 각 병의 내병성의 유전양식을 구명코자 하였다.

IV. 연구 개발 결과 및 활용에 대한 건의

1. 각 병의 유전양식 구명

각 병에 있어서 내병성 인자의 유전양식 연구결과 뿌리혹병은 단인자 우성에 의해 내병성이 나타나는 것으로 밝혀졌으며 여기서 내병성 계통은 뿌리혹병균의 race 2, 4 및 8에 대하여 내병성임을 확인 할 수 있었다. 바이러스병의 유전양식은 내병성이 우성에 의해 지배되는 것으로 결론을 내릴 수밖에 없었으나 앞으로 좀더 깊이있는 연구를 해야할 부분이 있었다. 즉 이병성 친으로 이용된 계통이 소포자 유래의 반수성 2배체임에도, 그리고 접종 오류가 거의 발생할 수 없도록 매 포기마다 어린 2장의 잎에 접종하고 1주일 후 다시 같은 방법으로 2차 접종을 하였음에도 3번의 시험에서 모두 병징이 나타나지 않는 개체가 최소 15%이상 나타났다. 이 개체들에 대하여 ELISA검정을 한 결과에서도 1-2주 정도가 감염된 것으로 나타날뿐 역시 비 감염주가 대부분이었다. 여러 세대를 자가수분시켜 고정된 내흔계라면 아직 고정되지 않은 유전자가 있어서 이러한 현상이 나타난 것으로 간주할 수도 있을 것이다. 그러나 모든 유전자가 완전히 고정되었다고 할

수 있는 반수성 2배체임에도 개체간 차이가 나타나는데 대하여는 그 원인을 명확하게 이해할 수가 없었다. 따라서 이 계통과 교잡된 F₁의 후대 즉 F₂나 BC₁세대에서의 분리비를 계산하는데 어려움이 많았다. 바이러스병과 뿌리혹병의 내병성 유전자는 서로 연관되어 있지 않고 독립유전을 하는 것으로 밝혀졌다. 무름병은 내병성 계통이라고 할지라고 병징이 나타나지 않는 것이 아니고 늦게 나타나고 진행속도가 늦은 특징을 가질 뿐이다. 따라서 이병은 질적형질이 아니고 양적형질이라고 생각되며 검정결과 분리집단이나 고정집단이나 대체로 정규분포를 나타내었다. 그런데 이 연구에 이용된 절취엽병기부 침지법은 배추가 다소 저온에서 자랐을때 검정하는 것이 보다 정확한 판단을 할 수 있게 하는 것으로 밝혀졌다.

2. 3대 병해 복합내병성 순계육성

3대 병해 복합내병성 계통육성을 위한 F₁ 조합의 소포자 배양 결과 한 조합에서 129계통, 다른 한 조합에서 104계통, 합계 233계통을 육성할 수 있었으며 이들에 대하여 복합내병성을 검정할 수 있었다. 먼저 바이러스병과 뿌리혹병에 내병성인 계통을 선발하였는데 1차로 87계통이 선발되었다. 이 계통들을 포장에 정식한 후 성숙기에 재조사한 결과 바이러스병이 10계통, 뿌리혹병이 14계통 그리고 복합감염이 1계통에서 나타났다. 따라서 결국 62계통이 두가지 병해에 복합내병성임을 확인할 수 있었다. 그런데 1차로 선발된 87계통의 성엽을 이용한 절취엽 기부침지법으로 무름병 내병성을 5회 반복검정한 결과 병징이 계통에 따라 0.7-12.1cm까지 분포하였고 평균이 5.1cm였으며 계통의 분포가 정규분포곡선을 나타내었다. 그 중 병징이 2.8cm이하인 계통을 내병성 계통으로 선발하였다. 그런데 그들 중에는 바이러스 병징을 나타낸 것이 2계통, 뿌리혹병징을 나타낸 것 1계통이 포함되어 있었으므로 결국 3대 병해 복합내병성 순계가 4개 육성된 것이다.

3. 3대 병해 복합내병성 F₁ 품종 육성

이 3대병해 복합내병성 순계와 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 순계 등 기타 계통간의 F₁ 조합을 작성하여 검정한 결과 4개의 우량조합을 선발할 수 있었다. 이들에 대하여는 앞으로 복합 내병성 및 생산력에 대한 정밀 검토를 실시하여 보급 가능성을 검토하게 될 것이다.

한편 협동 연구기관인 (주) 농우바이오에서 관행적인 1대잡종 육성방법에 따라 주로 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 품종육성을 수행하였다. 중앙대학교에서 2002년에 분양한 6개의 무름병 내병성 계통은 이제 기본 육성사업에 포함시키는 단계에 있다.

우선 우량 계통 육성을 위하여 전체 4,628계통을 20주씩 공시하여 고정 또는 미고정 계통에서 3,376개체를 선발하였는데 이들 중 고정된 계통은 우량 조합 선발용 친으로 이용될 것이며 미고정 계통은 지속적인 자가수분과 계통검정으로 고정시켜갈 것이다. 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 우량 계통 선발을 위한 시험에서는 바이러스병 내병성 416개체(계통), 뿌리혹병 내병성 1,028개체, 복합내병성 724개체(계통)을 선발하였다. 이들중에 고정된 계통은 우량 F₁ 선발을 위한 조합 작성에 이용되었으며 미고정 계통은 역시 지속적으로 고정시켜 갈 것이다. 이미 고정되었다고 판단되는 계통을 이용하여 작성한 전체 1,115조합의 검정 결과 우량시 되는 25조합을 선발할 수 있었다. 이들은 반복 시험을 거쳐 우량 품종으로 등록하게 될 것이다.

2001년도와 2002년도에 고랭지 시험에서 우수성을 보인 한 F₁조합(2002년도, BN389)은 바이러스병과 뿌리혹병에 복합내병성일뿐 아니라 노균병에도 강한 내병성을 보였다. 그리고 노란색 속잎을 가지며 비교적 조생이었다. 따라서 이 F₁ 조합을 “CR 여름맛”이라 명명하고 고랭지 재배용 품종으로 판매 신고를 하였다.

4. 저항성 인자의 표지인자 개발

앞으로 복합내병성 품종을 지속적으로 육성함에 있어 번잡한 병원균의 접종을 피할 수 있고 접종때의 오류등을 염려하지 않고 내병성 개체나 계통을 선발

할 수 있도록 하기 위하여 분자표지인자를 개발코자 하였다. 무름병은 양적형질 이므로 제외하고 유전자가 1개 또는 2개가 관여하는 질적형질의 바이러스병과 뿌리혹병의 표지인자를 개발코자 하였다. 먼저 뿌리혹병에 대하여 10mer random primer 1,300개를 이용하여 bulked segregant analysis를 하였으나 내병성 또는 이병성의 특이 밴드를 찾을 수 없었다. 현재 더 많은 primer를 준비하여 실험을 수행중에 있다.

바이러스병에 대한 표지인자도 함께 개발코자 하였다. 바이러스병의 내병성과 이병성 친 간의 F_1 조합에 이병성 친을 교잡한 여교잡 집단에서 표면상으로 나타난 병징 및 ELISA검정 결과로 확인된 내병성과 이병성 개체 각각을 12개체씩 선발하였다. 그리고 bulked segregant analysis를 하였는데 이때 이병성 친과 내병성 친도 함께 표준으로 공시하여 10mer random primer로 RAPD를 하였다. 그 결과 내병성 인자와 연관된 marker 3개를 1차로 선발하였다. 이들은 다시 계통별로 적용 시험을 수행하여 이용가능한 primer를 선발할 것이며 SCAR marker로 전환하여 갈 것이다.

SUMMARY

I . Title

Breeding multiple resistant cultivars, genetic study and selection marker development for club root, virus and soft rot disease in Chinese cabbage.

II . Importance and objectives

There are three major diseases, that is; virus, clubroot and soft rot, which cause the most serious damage in Chinese cabbage growing in Korea. Since it is almost impossible to cure the infected plants, the best protection system of these diseases is to prevent in advance. The virus disease is caused by turnip mosaic virus transmitted by aphids which is very hard to eliminate completely, even though it could be controlled by chemicals. The clubroot and soft rot are soil born diseases which could be controlled somewhat by soil sterilization and rotation cropping. However those methods are high costly and ineffective . Consequently, it is strongly convinced that the most effective prevention method is to put to use the resistant cultivar. Unfortunately, no multiple resistant cultivar is available yet. On these background, several studies were initiated with the ultimate purposes to develop multi-resistant hybrids to these 3 major diseases and to set up techniques to be needed for effective breeding of various multi-resistant varieties in the future.

III . Contents and scope of the project

The first step was to breed multiple resistant inbreds to 2 diseases of virus and club root by microspore culture of multi-resistant plants selected

from a population improved by our lab. The next was to make F₁ combinations between microspore-derived multi resistant inbreds and the soft rot resistant inbreds(dihaploids) maintained in our lab. The third was to confirm the inheritance pattern of each disease. The fourth was to develop multi-resistant inbreds to 3 diseases using microspore culture of above mentioned F₁ combinations. The fifth was to develop molecular selection markers for clubroot and TuMV and the final was to test of F₁ hybrids between the newly bred multiple resistant inbreds.

Microspores were cultured on the ordinary procedure set up by us. The race 4 or 5 of TuMV allotted from Nong Woo Bio Co. was multiplied in *Brassica juncea* plants. The pathogene was prepared by grinding 100gr of the severely infected leaves and 1ℓ of phosphate buffer together in a mixer. Two young leaves of each plant grown about 3 weeks were inoculated with the pathogene inoculum by the carborundam method. Sometimes, inoculated 2 times with one week interval to make sure. Generally, the observation was done after 4 weeks of the final inoculation. The pathogene of club root was collected from the field in which plants were severely infected. The collected goals were mixed with soil in a ratio of 1:20 w/w and maintained about one month under the cover to protect drying and to keep high temperature after moistened enough. This contaminated soil was put to pots and seeds were sown. The soft rot pathogene, *Erwinia carotovora*, was multiplied in the LPG medium consisted of casein 1.0gr, peptone 10.0gr, glucose 0.5gr per H₂O 1ℓ at 28°C for 16hrs. This inoculum was applied to the basal part of the cut leaf thin and evenly but enough and the inoculated leaves were kept in the incubator of 24°C or 30°C with 100% RH. The measurement of disease symptome on the mid-rib was done at 12th, 18th and/or 22nd or 24th hrs. after incubation.

IV. Results and suggestions of Application

1. Development of dihaploid lines multi-resistant to clubroot and virus.

A total of 88 dihaploids was obtained first from the microspore culture of 2 resistant plants to virus and clubroot selected from a improved population in our lab and finally 34 inbreds were confirmed to be resistant to both diseases from the inoculation test. Two lines out of them were crossed with a DH inbred which was resistant to soft rot but susceptible to virus and clubroot. These two F₁ combinations were applied to microspore culture for development of 3 diseases multiple resistant inbreds and on the other hand selfed and backcrossed to their parents to acquire seeds for genetic study.

2. Genetic study of 3 diseases

From the genetic study, the resistance of club root was confirmed to be controlled by single dominant gene. Inheritance pattern of TuMV was not so simple that single gene was concerned, even though the resistance was evidently governed by dominant gene(s). Both of the resistant and susceptible parents were pure inbreds originated from microspore culture. Nevertheless symptomless plants were existed in the susceptible parental line every time of 3 repeated trials. Such incomprehensible phenomenon forced to keep the vagueness except the resistance was controlled by dominant gene(s) in the inheritance pattern of TuMV. However genes governing club root and TuMV resistance were confirmed clearly to be independent each other. Inheritance mode of soft rot was proved to be quantitative with a normal distribution of the plants in the segregating population.

3. Development of dihaploid lines multi-resistant to 3 diseases

A total of 233 inbreds consisted of 129 and 104 lines from two different F₁ crosses was established by microspore culture. Eighty seven dihaploid lines were first selected as the multiple resistant inbreds to the virus and clubroot diseases. They were screened 5 times repeatedly for soft rot resistance with the basal part inoculation method for the cut leaf. The diseased symptom on the mid-rib was spreaded from 0.7 to 12.1cm by the lines with very high reproducibility and its mean was 5.1cm. From this result, 4 lines presented disease symptom less than 2.8cm were finally selected as 3 disease multiple inbreds.

4. Selection of F₁ hybrids multi-resistant to 3 diseases

Three inbreds resistant to 3 diseases were crossed with some inbreds to test their combining ability. Four prominent F₁ hybrids could be selected from the preliminary test. They will be trialed again for multiple resistance and yield performance as well as several important horticultural characteristics for release.

On the other hand, Nong Woo Bio Co. carried out some experiments on screening of lines for resistance to diseases and elite characteristics and combining ability of selected inbreeding lines. A total of 3,376 elite individuals were selected for 3 years among 92,500 plants of about 4,600 lines tested. From the trials for disease resistance, 416 individuals for TuMV resistance, 1,028 individuals for club root resistance and 724 individuals for multiple resistance to TuMV and clubroot were selected for 3 years. All of the selected plants were selfed and tested again for fixation and all of the fixed lines were tested for their combining ability. A total of 1,155 combinations were tested and 25 prominent crosses were selected for the next step trials

during last 3 years. An excellent F₁ hybrid selected from a high land cropping for multi-resistance to TuMV, clubroot and downy mildew during the summer season in 2001 was reported to government as a new variety for release through several actual proof of farmers in 2002.

5. Development of molecular marker for clubroot and virus

The RAPD with 1,200 10mer random primers was carried out first with 2 parents of resistance and susceptible and 2 bulks of resistance and susceptible to clubroot and TuMV respectively, to select marker primers. Each bulk was consisted of 12 plants selected from F₂ for clubroot and a backcross population for TuMV. No responsible primer was selected for clubroot yet. For virus, 3 primers for resistance were selected according to the results of bulked segregant analysis. Those 10 mer primers will be converted to SCAR primer for convenient usage and high reproducibility in the near future.

CONTENTS

I. Introduction of Research and Development	1
Chapter 1. Necessities of Research and Development	1
Chapter 2. Objectives of Research and Development	2
Chapter 3. Research Scope	2
II. Present Situation of Technology in Korea and Foreign Countries	4
III. Results and Discussion of Research Projects	8
Chapter 1. Materials and Methods	8
Chapter 2. Results of Research and Development	13
IV. Levels of Contribution Pertinent to Objectives	43
Chapter 1. Objectives of research and development	43
Chapter 2. Levels of achievement toward research objectives	43
Chapter 3. Expectation effect of achievement toward research objectives	45
V. Application Plans from Results	46
VI. Information Obtained from Foreign Countries during Research Program	47
VII. Reference	48

목 차

제 1 장	연구개발 과제의 개요	1
제 1 절	연구개발의 필요성과 배경	1
제 2 절	연구 개발 목적	6
제 3 절	연구 개발 범위	6
제 2 장	국내외 기술개발 현황	7
제 3 장	연구개발 수행 내용 및 결과	13
제 1 절	자료 및 방법	13
제 2 절	연구 개발 결과	19
제 4 장	목표 달성도 및 관련 분야에의 기여도	
제 1 절	연구 개발 목표	13
제 2 절	목표에 대한 달성도	19
제 3 절	목표 달성에 의한 관련분야에의 기여도	45
제 5 장	연구 개발 결과의 활용 계획	46
제 6 장	연구 개발 과정에서 수집한 해외 과학 기술정보	47
제 7 장	인용 문헌	48

제 1 장 연구 개발 과제의 개요

제 1 절 연구개발의 필요성과 배경

우리 나라의 배추는 주식작물 다음으로 중요한 김치의 재료로서 주년 생산체계가 이미 확립되어 연중 생산되고 있다. 약 4만 ha에서 240만 톤의 배추가 매년 생산되며 그 생산액이 연간 약 1조원으로 국민 생산액에 중 큰 비중을 차지하는 주요 경제작물인 것이다. 최근에는 김치가 매년 2천만불어치 이상 수출되고 있으며 또 수출량이 계속 증가 추세에 있다. 이러한 배추의 재배기술이 다른 국가에 비해 월등히 높은 수준으로 발전하여 왔다. 그리하여 단위당 생산량이 세계 최고수준에 이르고 있다. 그러나 배추재배에 있어서 가장 치명적인 병해로 알려진 바이러스병과 무름병이 봄부터 가을까지 심하게 발생하고 있다. 최근에는 뿌리혹병이 급속히 전국적으로 계절에 관계없이 번지고 있으며 이로 인한 실농의 피해가 많이 나타나고 있다. 따라서 뿌리혹병, 바이러스병 그리고 무름병은 배추재배에 있어서 가장 크게 피해를 주는 3대병이라고 할 수 있다. 이 병들로 인해 흉년이 드는 해에는 배추의 가격이 폭등하여 국내물가 상승의 한 요인이 될뿐 아니라 김치수출에도 물량부족과 단가상승 등 많은 영향을 주고 있는 실정이다.

이들 병의 효과적인 방제방법이 사실상 아직은 없는 실정이다. 모두 한번 감염되면 치유가 불가능한 병이므로 철저한 예방법밖에는 방제법이 없다. 바이러스병은 순무 모자의 바이러스에 의한 것으로서 진딧물 전염이므로 진딧물을 철저히 구제하면 어느 정도 예방이 가능하지만 진딧물이 많은 해에는 가능한 범위 내에서 농약을 아무리 자주 살포하여도 좀처럼 그 전염을 막을 수가 없다. 무름병은 토양전염성 세균병이므로 농약에 의한 예방이나 방제가 거의 불가능하다. 윤작만이 어느 정도의 예방효과를 가지는데 다년간의 윤작체계를 확립하기에는 각 농가가 소유하고 있는 토지가 너무 적다. 즉 한번 배추를 재배한 밭에는 최소한 7~8년 이상 배추과 작물을 재배하지 않아야 하는데 이런 윤작체계를 갖출 정도의 농토를 가진 농민이 거의 없다는 것이다. 뿌리혹병 역시 토양전염성 병인데 토양살균제가 개발되어 보급되고는 있으나 가격이 너무 비싸고 완전 방제가 되는 것은 아니기 때문에 마땅한 예방법이 없는 실정이다. 결과적으로 내병성 품

종을 육성하여 이용할 수밖에 없는 사정인데 아직 내병성 품종의 보급이 보이지 않고 있으며 내병성 품종 육성체계도 잘 확립되어 있는 것 같지 않다.

여러 가지 병에 복합저항성을 가진 양질의 배추 품종 육성은 국내 배추재배의 안정뿐만 아니라 김치 수출의 지속적 신장, 그리고 비추종자의 수출 증대에 크게 기여할 것으로 사료된다. 뿐만 아니라 농약 살포의 감소에 의한 환경 보호적 효과도 상당히 클 것으로 기대된다.

제 2 절 연구 개발 목적

자체적으로 육성하여온 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 집단과 미국의 코넬대학에서 육성한 무름병의 내병성 집단을 이용하여 이들 3가지 병해에 대한 복합내병성 계통(순계)을 우선 육성하고 이 계통들을 이용하여 이 3가지 병의 유전양식을 구명함과 동시에 우량 1대잡종을 육성코자 하였다. 나아가 뿌리혹병과 바이러스병에 대한 분자표지인자를 개발코자 하였다.

각 병해에 대한 내병성 내지는 복합내병성 계통이 육성되고 유전양식이 구명되면, 그리고 식물체가 어릴 때 쉽게 내병성 개체와 이병성 개체를 구별할 수 있는 표지인자가 개발되면 이 재료와 기술이 내병성 품종 육성에 직접 또는 간접적으로 널리 이용될 수 있을 것이다. 우선 유전양식은 품종육성의 기초자료로 이용되며 표지인자는 보다 빠르고 경제적으로 품종육성을 이룩할 수 있게 한다. 그리고 직접적으로 복합내병성 인자를 유망한 계통에 이전하여 우량 1대잡종을 육성할 수 있을 것이다.

제 3 절 연구 개발 범위

우량품종 육성에 있어서 병 내병성 품종 육성이 갈수록 큰 비중을 차지하고 있다. 배추에 있어서 각종 작형에 알맞는 양질의 품종이 많이 만들어져 있고 그 중에는 바이러스병에 저항성을 갖는 품종도 있다. 그러나 치명적인 뿌리혹병과 무름병에 내병성인 품종은 아직 없으며 특히 이들의 복합내병성 품종은 더더욱 없는 실정이다. 그리고 이들 병에 대한 유전양식이나 병의 저항성 인자를 정확히 알지 못하고 있는 실정이다. 따라서 이들 병에 대한 정확한 유전양식이 구명되고 저항성 유전인자의 표지인자가 개발되면 이들 병의 복합내병성 품종 육성이 활

성화되고 촉진되며 육성 효율도 크게 향상될 것이다. 먼저 뿌리혹병과 바이러스 병에 복합저항성 순계를 다수 육성한 후 무름병까지 합쳐진 3가지 병의 복합내 병성 계통을 육성하였다. 그리고 이들 3가지 병의 유전양식이 구명되고 표지인자가 개발됨과 동시에 복합저항성 1대잡종 육성이 진행중이다.

제 2 장 국내외 기술개발 현황

배추의 바이러스병에 대한 체계적인 연구는 미국 코넬대학(농업시험장)의 Provvidenti (1980,1981)에 의해 시작되었다. 그는 1981년 배추의 바이러스병은 순무 모자의 바이러스(TuMV)에 의한 것이며 C-1부터 C-4까지의 4계통(race)이 분화되어 있다고 하였다. 그리고 배추 품종의 바이러스에 대한 저항성이 이 TuMV의 계통에 따라 각기 다르다고 하였다.

그 후 대만에 있는 아세아채소연구개발센터(Asia Vegetable Research and Development Center, AVRDC)(1984a, 1984b, 1985)의 Green and Deng(1985)이 Provvidenti의 연구결과에 근거하여 배추의 바이러스에 대한 연구를 계속하였다. 그 결과 대만에 있는 배추류 중에는 TuMV의 C-1부터 C-4까지의 모든 바이러스 계통이 있으며 그 중 C-4계통이 가장 많은 곳에서 발견되었다고 하였다. 그리고 지금까지 알려지지 않았던 새로운 바이러스 계통이 발견되어 C-5라고 명명하였다. 그런데 C-1부터 C-4까지의 계통에 저항성을 나타내는 배추는 상당히 많이 있는데 C-5계통에 저항성을 나타내는 유전자원은 한 품종 B730뿐이었다고 하면서 이 계통에 저항성을 나타내는 유전인자는 계통 C-1에 대한 저항성 인자와 독립유전을 하는 것 같다고 하였다. 그후 계속된 연구에서 C-1부터 C-5까지 지금까지 알려진 모든 TuMV계통에 저항성(immune)을 나타내는 배추계통(0-2)이 AVRDC의 육성계통중에서 발견되었다고 하였다(1985). 이 계통을 재료로 보다 원예적 형질이 우수하고 모든 TuMV계통에 저항성을 나타내는 계통을 육성하였으며 그 중 BP058과 BP079가 우수하다고 하였다(1993).

한편 TuMV의 유전에 관한 연구를 AVRDC에 파견된 한국학자들이 주로 수행하였다. 그중 Yoon등(1993)은 TuMV의 C4와 C5에 대한 저항성이 2개의 열성인자에 의해 지배된다고 하였다. 그런데 Suh(1993)와 Suh등(1995)은 TuMV의 5계통 각각에 대한 유전연구 결과 바이러스 계통에 따라, 또 배추의 이병성계통에 따라 한 개 또는 2개의 중복 우성인자에 의해 저항성이 나타난다고 하였다. 즉 어떤 바이러스 계통도 또한 어떤 이병성 계통에서도 열성인자가 저항성을 나타내는 경우는 없었다고 하였다.

원예연구소에서는 AVRDC의 저항성 재료를 도입하여 유전연구 및 우량 중간 모본육성 사업을 계속하는 한편 독자적으로 국내에서 발생하고 있는 바이러스의

계통을 분리하였다. 그 결과 TuMV-AC18a라는 새로운 TuMV계통이 있음을 발견하였다. 그리고 AVRDC에서 도입한 0-2계통은 역시 AC18a계통에도 저항성이 있었다(Kim et al. 1994). 그리고 유전연구 결과 TuMV-C1과 TuMV-AC18a에 대한 저항성은 단인자 우성에 의해 지배됨을 확인하였다(Yoon et al. 1995). 그리고 AVRDC에서 도입된 저항성 인자를 한국형 배추에 도입하는 연구를 계속하여 중간모본 18계통을 2년동안에 분양하였다(Yoon et al. 1996, 1997a, 1997b).

배추 뿌리혹병에 대한 연구는 미국 위스콘신 대학의 Williams박사가 뿌리혹병균(*Plasmodiophora brassicae*)의 계통을 양배추 4개품종으로 구분할 수 있는 체계를 발표(1966)한 후부터 급속히 발전하게 되었다. 그 이전에도 뿌리혹병균에는 2가지 이상의 계통이 분화되어 있고 그들을 구분하려는 연구보고가 여러 곳에서 있었다(Ayers, 1957; Ayers and Lelacheur, 1972; Black, 1952; Lammerink, 1964, 1965; Williams & Walker, 1963; Wit & Van de Weg, 1964). 그러나 국제적으로 누구나 같이 이용할 수 있는 분류체계가 아니었다. Williams(1966)는 이 연구에서 뿌리혹병균의 16계통을 구분할 수 있는 4개의 지표식물을 개발하였는데 세계 16개국에서 수집한 124개 균주를 검정한 결과 9계통으로 구분할 수 있었다고 하였다. 그리고 미국에서 주로 재배되고 있는 배추품종 Michihili는 미국에서 가장 분포가 넓은 뿌리혹병균의 계통 6번에 아주 이병성인데 많은 개체 중에 내병성인 개체가 있었다. 이 개체를 분리 고정한 결과 이 6번 계통에 저항성인 Michihili계통을 육성할 수 있었다. 이것을 재료로 하여 뿌리혹병의 유전연구를 실시하였는데 저항성이 단인자 우성에 의해 지배된다고 하였다(Strandberg and Williams, 1967).

한편 유럽쪽에서는 양배추류와 배추류인 순무에 대한 뿌리혹병 연구가 오래 전부터 진행되어온 것 같다. 그중 순무는 세계 제 2차대전 후 화란에서 저항성 품종이 육성된 바 있는데 1950년대 후반에는 이 저항성 품종이 몇몇 곳에서도 심하게 발병되는 이병성으로 나타나기도 하였다고 한다. 아마도 지역에 따라 뿌리혹병의 계통이 다르기 때문일 것으로 추측하였다(Wit & Van De Weg, 1964).

1970년대부터는 일본에서 배추의 뿌리혹병에 대한 연구가 집중적으로 이루어졌다(Ashizawa et al., 1974, 1978; Naiki et al. 1981; Otani et al. 1981,1982). 그 중에서도 Ashizawa와 Yoshikawa팀은 1974년부터 1981년까지 지속적으로 배추의 뿌리혹병 저항성 계통을 육성하였다. 그들은 먼저 뿌리혹병균의 접종기술을

개발한 후 뿌리혹병균의 계통검색을 하였다. 그 결과 7개 계통이 일본에 있음을 확인하고 그중 2번 계통이 가장 널리 분포하는 것을 알았다. 그리고 한 계통에 내병성을 보이는 순무계통은 다른 뿌리혹병 계통에 모두 저항성을 보이는 것을 발견하였다. 따라서 그들은 뿌리혹병균 2번 계통을 선정하여 유전연구를 한 결과 Willams(1967)의 연구결과와 마찬가지로 단인자 우성에 의해 저항성이 나타나는 것을 확인하였다. 그 후 여교잡육종법으로 순무의 저항성을 배추에 옮기는 작업을 지속하였다. 그러는 중에 중간모본으로서 내병성 재료를 1980년대부터 분양하기 시작하였다. 한편 Otami 등(1981, 1982)은 1976년도부터 유럽에서 도입한 뿌리혹병 저항성 순무 white milan과 Gelria R을 갖에 여교잡법으로 도입하여 많은 근류병 저항성 계통을 육성하였다. 그리고 그 계통들간의 우량 F₁조합을 선발하였는데 White Milan의 저항성 도입 계통 WMBC₂85·9와 Gelria R의 저항성 도입계통 GRBC₂98·4간의 조합이 가장 우수하였으므로 그 계통명을 Choya·Koh No. 10(長·野交10號)으로 명명하고 F₁조합은 野澤菜F₁CR-5號로 명명하였다. 이 F₁조합은 나가노현 내의 여러 곳에서 그리고 여러 작물에서 수집한 다양한 근주로 시험하여도 모두 저항성으로 나타났다고 한다.

이상의 결과에서 배추의 뿌리혹병균은 양배추류등 여러 가지 배추과 식물의 근주와 같은 것으로 이해할 수 있다. 그리고 대체로 단인자 우성에 의해 저항성이 나타나고 있다. 그런데 일본에서 7종, 미국에서 9종등 다양한 균의 계통이 발견되고 있지만 어느 한 균에 저항성이면 다른 계통 모두에도 저항성이다. 따라서 어느 한 병균 계통에 대한 저항성 인자의 표지인자가 개발되면 이 표지인자는 다른 모든 병균계통에 대해서도 저항성 개체를 선발하는데 이용할 수 있지 않을까 한다.

우리 나라에서는 아직 뿌리혹병에 대한 보고가 별로 없는 것 같다. 얼마전까지만 해도 뿌리혹병이 가끔 발병되는 곳이 있었지만 발병지역이 넓지 않고 또 해가 바뀌면 발병되지 않았기 때문에 관심이 별로 없었다. 그러다가 최근에 우리의 육성품종을 일본에 수출하게 되었는데 일본에서는 뿌리혹병에 저항성이 아니면 수입할 수 없다고 하였다. 따라서 몇몇 종묘회사에서 일본의 내병성 품종을 도입하여 계통 분리하고 우리의 재료에 내병성 인자를 도입하는 작업에 착수하였었다. 그런데 그와 때를 같이하여 우리 나라에서도 뿌리혹병 발병지역이 급속히 확대되고 그 피해가 심해지고 있다(Yoon et al., 1999).

배추의 무름병에 대한 연구는 그다지 발표된 것이 없다. 저항성 계통을 찾기 위한 노력이 AVRDC(1974)와 일본(Kikumoto, 1981)에서 다소 행하여 졌지만 육종재료로 이용할만한 재료는 찾지 못했던 것 같다. 그런데 최근 미국 Cornell대학의 Ren박사팀이 순환선발법으로 무름병에 저항성 정도가 높은 집단을 육성하고 이것을 분양하였다(Ren and Dickson, 1997; Ren et al. 1996; 2001a;2001b). 우리나라에서도 이 집단이 도입되어 활용되고 있다. 즉, 우리 중앙대학교에서는 이 재료를 이용하여 무름병저항성 검정법을 연구하였으며(Jun, 1998; Jun and Kim 1999) 집단중의 강저항성 개체를 선발하여 저항성 순계를 육성하는 작업이 완료된 상태이다(Lee et al., 2001).

육종에 있어서 선발 표지인자는 선발비용과 시간등을 절약할 수 있고 선발효율을 크게 높일수 있다는 점에서 오래전부터 많은 관심의 대상이 되어왔다. 그러나 표면상으로 나타나는 형태 또는 특수 조건하에서 발현되는 생리적 특성등은 육종의 개량 대상 형질과 연관된 것이 많지 않아 이용 가능한 표지인자가 많지 않은 실정이다. 그런데 분자생물학이 급속히 발전함에 따라 하나의 염색체상에 있는 수십개의 연관된 DNA 단편을 동정 해 낼수 있게 되었다. 즉 특정 형질의 유전자(DNA 단편)와 동일 염색체상의 아주 가까운 곳에 있는 다른 DNA 단편을 동정할 수 있게 되었는데 이것을 선발 표지인자로 이용할 수 있게 된 것이다. 이러한 방법에는 RFLP(Bostein et al. 1980; Apuya, 1988), RAPD(Williams et al. 1990), AFLP(Vos et al, 1995. Piao et al. 2002) 그리고 기타 SSR을 이용하는 기술 등 다양한 기술이 개발되고 있다(Brar, 2002). 그리고 이렇게 개발된 특이 DNA 단편을 보다 뚜렷하게 하나만 전기영동 젤상에 나타나게 함으로서 이용하기 편하고 재현성이 높은 SCAR marker로 바꾸는 기술이 개발되어 있다(Paran and Michelmore, 1993; Jiang and Sink, 1997; Piao et al. 2002).

제 3 장 연구개발 수행 내용 및 결과

제 1 절 재료 및 방법

1. 3대병해 복합내병성 순계 육성

가. 육성재료

바이러스병과 뿌리혹병에 대한 복합저항성 순계를 먼저 육성하기 위하여 이미 육성하여 보존하고 있는 이들 두 병의 복합저항성 주 율이 87%인 개량집단 (Lee et al. 2001)에서 임의로 6개체를 선정하고 그 후대를 계통당 150~200개체씩 파종하여 복합저항성을 검정하였다. 여기서 복합저항성이고 속잎의 색이 황색인 9개체를 선발하여 성숙모본으로 이용하면서 몇 가지 주요 형질에 대하여 조사하는 한편 후대 채종과 복합내병성 순계 육성을 위한 소포자 배양에 공시하였다. 소포자 배양 유래의 순계 중 바이러스병과 뿌리혹병의 복합저항성 계통을 선발한 후 기 육성하여 보존 중인 무름병 내병성 순계(Lee et al. 2001)와 교잡하였다.

한편 이 무름병 내병성 순계는 바이러스병과 뿌리혹병 모두에 이병성이었으므로 이 F_1 조합 후대를 이용하여 각 병에 대한 유전양식 구명과 분자표지인자 개발에 이용하였다. 그리고 잡종을 다시 소포자 배양으로 3가지 병에 내병성인 순계를 육성하고자 하였다.

나. 병원균 재료

바이러스병 저항성 검정을 위한 접종원은 (주)농우바이오가 보존하고 있는 순 무모자의 바이러스 제 4번 또는 5번 계통(TUMV-race 4 or 5)을 분양받아 이용하였다.

뿌리혹병의 접종원은 강원도 평창군의 고랭지 배추 재배단지 중 병이 심하게 발생한 밭에서 뿌리혹을 수집하여 이용하였다. 내병성 순계가 육성된 후 검정하여 확인한 결과 후술하는 바와 같이 이 순계는 뿌리혹병균 race 11에 저항을 보였다. 무름병균은 중앙대학교 김종기 교수가 보존하고 있는 균을 분양받아 이용하였다.

다. 바이러스병과 뿌리혹병의 복합저항성 검정

뿌리혹병의 접종원은 수집하여 보존중인 뿌리혹 1에 발효(황토)과 시판상토가 1:1로 섞인 혼합토 20의 비율로(무게단위) 섞은 후 충분히 물을 주고 약 30일간 거적을 덮어서 흙이 마르는 것을 방지함과 동시에 온도를 높게 유지하도록 하면서 증식하였다. 이 흙을 병토라고 하였다.

25공의 연결포트에 뿌리혹병의 병토를 넣고 검정할 재료의 종자를 파종하였다. 대부분의 내병성 검정시험은 8월 중순에 파종하여 실시하였다. 파종 후 약 20일 정도 자란 어린모의 어린 잎 2장에 바이러스를 접종하였다. 바이러스의 접종원은 먼저 우리나라 재래종 갓(*Brassica juncea*)에 냉동보존중인 접종원을 접종하여 증식하였다. 바이러스병 증상이 심하게 나타난 잎과 인산완충액을 100g : 1ℓ의 비율로 하여 믹서기로 갈았다. 그리고 그 용액을 카보란덤법으로 접종하였다.

바이러스를 접종한지 약 25일 정도가 지났을 때 포트에서 뿌리를 뽑아낸 후 각 개체별로 바이러스병과 뿌리혹병의 이병 여부를 육안으로 조사하였다.

바이러스병은 모자의 증상과 또는 위축증상을 나타내므로 검정주와 이병주의 육안검정이 가능하다. 그런데 부득이한 경우가 있어 ELISA(Enzyme-linked immunosorbent assay)검정을 한 경우도 있다.

ELISA는 검정할 개체 또는 계통의 시료 1g을 coating buffer(중류수 1ℓ에 sodium carbonate 1.59g, sodium bicarbonate 2.39g, sodium azide 0.2g, polyvinylpyrrolidone 20.0g을 넣고, pH 7.4로 조정) 10ml에 넣고 마쇄한 후 200μℓ씩 microplate(96공)에 넣고 1시간 실온에서 흡착시켰다. 그리고 PBST buffer(sodium chloride 8.0g, sodium phosphate, dibasic 1.15g, potassium phosphate, monobasic 0.2g, potassium chloride 0.2g, Tween-20 0.5g per 1ℓ H₂O)로 2회 세척한 후 TuMV에 대한 단클론 항체를 결합시켰다. 그리고 2시간 실온에서 반응 PBST buffer로 다시 세척하고 2차항체와 효소(Alkaline phosphatase)가 연결된 항체-효소 복합체를 다시 결합시켜 1시간 실온에서 반응시키고 세척한 다음 0.1% 기질(p-nitrophenyl phosphate)을 첨가하고 1시간 발색시켰다. 발색반응을 확인하여 적절한 시간에 각각의 구멍에 3M NaOH 50μℓ를 첨가하여 반응을 중지시켰다. 흡광계를 이용하여 405nm에서 발색 정도를 측정하였다.

뿌리혹병은 뿌리에 혹이 있는가 또는 없는가에 따라 구분하였다. 뿌리혹병이 양적형질일지도 모른다고 생각하여 뿌리에 달린 혹의 크기에 따라 1에서 5까지 차등조사를 한 예도 있으나 뿌리혹이 전혀 생기지 않는 개체가 F₂의 분리 집단 중에 약 75%정도 있었으므로 뿌리혹이 생긴 25%정도의 개체를 대상으로 양적형질적 유전분석을 할 수는 없다고 생각되었다. 따라서 단순히 유, 무만을 조사하였다.

무름병균(*Erwinia carotovora*)은 중앙대학교 김종기 교수가 보존하고 있는 균주를 CPG배지(casein 1.0g, peptone 10g, glucose 0.5g/H₂O 1ℓ)에 넣고 28℃에 16시간 동안 증식하여 이용하였다. 우리 실험실에서 이미 이용하고 있는 (Lee et al. 2001) 방법에 따라 절단 잎의 기부를 접종원에 순간 침지하는 방법을 이용하였다. 그리고 일정한 온습도(결과참조)에 두었다가 병반의 길이를 조사하였다.

라. 식물관리, 자가불화합성 검정, 소포자 배양 등

대부분의 시험은 8월에 시작하여 이듬해 7월에 종결되었다. 즉 8월에 파종하여 내병성을 검정하고, 여기서 선발된 내병성 재료는 온실로 옮겨 계속 재배하였다(성숙모본). 이후의 발병여부를 조사하는 한편 후대를 채종하고 필요할 경우 자가불화합성을 검정하고 소포자를 배양하였다.

후대채종은 주로 뇌수분하였고 필요할 경우 개화수분도 하였다. 자가불화합성은 그 활력 조사의 경우 개화수분에 의한 결과를 이용하였고 인자형의 상이성 조사의 경우 기 확립된 기내수분 후 화분관 검정법을 이용하였다(Lee et al. 1982). 소포자 배양은 이미 우리 실험실에서 확립한 방법을 그대로 이용하였다(Lee and Kim, 2000. Lee and Kim, 1997).

2. 복합내병성, 양질, 우량 1대잡종 육성

자체적으로 육성해온 바이러스병, 무사마귀병, 바이러스 및 무사마귀병 복합내병성 계통과 미국의 코넬대학에서 육성한 무름병 니병성 계통을 이용하여 각 작형별 순계분리 및 F₁ 조합능력 검정을 하였고 내병성 검정을 통한 내병성 계통을 육성하여 우량 1대잡종을 육성코자 하였다.

가. 순계분리 및 F₁ 조합능력 검정

- 1) 순계분리, 계통검정, F₁조합능력 검정, 자가불화합성 검정, 채종능력 검정 등 모든 시험연구의 재배법이나 검정기술은 기 본사에서 확립하여 이용하고 있는 관행에 따랐다.
- 2) 자체적으로 육성해 온 또는 육성 중인 계통의 내병성 검정 및 자가 불화합성 검정과 채종력을 검정하고 그들 중 우량한 계통으로 작성 한 F₁조합의 채종 능력 및 성능 검정을 수행하였다.
- 3) 검정 결과 선발된 F₁조합의 양친, 고정계통 및 분리 개체는 다음 세대의 진 전을 위한 F₁조합 작성, 계통 및 개체의 증식을 도모하였다.
- 4) 재배 작형별 경종개요(조합 선발 및 계통의 성능 검정용)는 아래 표와 같다.

재배작형	파종기	정 식	조 사	구당주수	비 고
고냉지 전기	5/10-15	6/1-5	7/15-7/25	20주×3반복	
고냉지 후기	6/15-20	7/1-5	8/16-8/25	20주×3반복	
평지여름	7/10-15	7/28-8/2	9/1-9/22	20주×3반복	
가을	8/8-10	8/28-30	10/1-10/26	20주×3반복	
하우스 숙음	1/1-5	-	3/15-3/22	60주×3반복	
봄 하우스	12/27-30	2/5-10	4/1-4/17	20주×2반복	
봄 노지	3/15-20	4/6-12	6/1-6/5	20주×2반복	
만 춘	4/5-10	4/25-28	6/5-6/10	20주×2반복	
여름 숙음	5/20-25	-	6/25-7/5	77주×2반복	
월 동	9/1-5	9/20-25	2/20-2/25	30주×3반복	

5) 각 작형별 선발기준은 아래 표와 같다.

• 봄 배추

외엽색	내엽색	엽수	결구형	숙기	순도	추대성	내병성 ^Z
농록	노랑	많음	포함	조생	양호	만추대	강

내병성^Z : 무사마귀병, 바이러스병, 노균병

• 여름배추

외엽색	내엽색	엽수	결구형	숙기	순도	내서성	내병성 ^Z
농록	노랑	많음	포함	조생	양호	강	강

내병성^Z : 무사마귀병, 바이러스병, 무름병

• 가을 배추

외엽색	내엽색	엽수	결구형	숙기	순도	품질	내병성 ^Z
농록	노랑	많음	포함	중생	양호	우수	강

내병성^Z : 무사마귀병, 바이러스병, 무름병

• 봄 슈움배추

외엽색	추대성	엽수	엽형	숙기	순도	내한성	내병성 ^Z
농록	만추대	많음	넓음	조생	양호	강	강

내병성^Z : 무사마귀병, 노균병

• 여름 슈움배추

외엽색	엽수	엽형	숙기	순도	내서성	내병성 ^Z
농록	많음	넓음	조생	양호	강	강

내병성^Z : 무사마귀병, 바이러스병, 무름병, 노균병

나. 내병성 검정

내병성 검정을 위한 경종 개요는 아래 표와 같다.

검정작형	파종기	접종시기	조사 및 선발	비 고
가을 내병성	02. 9월	02. 9월	02. 10월	
노지 내병성	03. 3. 10	03. 3. 17	03. 5.10 - 5.20	
봄 내병성	03. 5월	03. 6월	03. 7월	

제 2 절 연구개발 결과

1. 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 계통 육성

바이러스병과 뿌리혹병에 대한 복합내병성 개체율이 87%인 집단에서 임의로 6개체를 선정하여 자식 후대를 채종하였다. 그리고 계통별로 복합내병성을 검정한 결과가 표 1이다. 이때 소포자 유래의 무름병 내병성 계통 6계통도 함께 검정하였다.

표 1. 배추 복합내병성 집단에서 선발한 개체의 후대에 대한 뿌리혹병 균 및 바이러스의 동시 접종에 의한 복합내병성 검정 결과

과종번호 (임시 계통번호)	과종량 (립)	조사 가능 주수	복합저항성 주수(%)	이병주수		
				뿌리혹병	바이러스병	복합감염
1001	200	142	121(85)	21	0	0
1002	150	128	128(100)	0	0	0
1003	150	142	89(63)	17	22	14
1004	200	149	142(95)	0	7	0
1005	150	127	100(79)	27	0	0
1006	150	109	54(50)	11	33	11
계	1,000	797	634(79.6)	76	62	25

계통에 따라 복합내병성 개체율이 50%에서 100%까지 분포하였으며 평균이 약 80%였다(표 1). 복합내병성 개체율이 100%인 1002번 계통은 이 두 병의 내병성 인자가 모두 고정되었음을 나타내는 것이다. 조사주수 142개체 중 21개체가 그리고 127개체 중 27개체가 뿌리혹병에만 감염된 두 계통은 바이러스 내병성 인자는 고정되었지만 뿌리혹병의 내병성 유전자는 아직 고정되지 않았음을 나타내는 것이다. 조사주수 149개체 중 바이러스병에만 7주가 감염된 계통은 반대로 뿌리혹병 내병성 유전자는 고정되고 바이러스병 내병성 유전자는 아직 고정되지 않았음을 나타내는 것이다. 바이러스병, 뿌리혹병 그리고 이들 두 병에 복합 감

염된 개체를 보인 1003번과 1006번 계통은 아직 이 두 병의 내병성 유전자가 고정되지 않았음을 나타내는 것이다.

여기서 각 계통의 건전주와 이병주의 분리비에 대하여 관심을 가질 필요가 있다고 생각된다. 먼저 뿌리혹병의 내병성 유전자가 고정되지 않은 4계통의 분리비를 보면 모두 건전주가 이병주보다 많다(표 3). 따라서 내병성 인자가 이병성 인자에 대하여 우성임을 짐작할 수 있다. 그런데 단인자인지 두인자인지는 분명하지 않다. 건전주와 이병주의 두 가지로 분리되는 경우 단인자이면 3:1로 분리하여야 하고 2인자의 경우는 그들 상호간의 작용에 따라 완전 헤테로이면 15:1, 9:7 또는 13:3의 분리비를 나타내어야 한다. 만일 2인자이면서 한 인자는 고정되고 다른 한 인자가 고정되지 않았을 경우는 위의 각각이 모두 3:1로 분리비를 나타내어야 한다. 그런데 4계통이 모두 동일 내병성 재료에서 유래된 것이므로(Lee et al. 2001) 각 계통의 분리비가 동일 양상을 나타낼 것으로 예상할 수 있는데 3:1의 분리비와 13:3의 분리비에서 각각 이론치에 적합하지 않는 계통이 한 계통씩 나타나 있다. 아마도 집중 또는 조사의 오류 때문에 나타난 현상으로 생각할 수 밖에 없을 것 같다. 유전양식을 결정함에 있어 두 가지의 분리비가 모두 적합한 것으로 나타나면 특수한 경우가 아닐 경우 단순한 유전자 조성쪽으로 결론을 내리는 것이 일반적이다. 따라서 앞으로 좀더 구체적으로 연구하겠지만 여기서는 내병성이 단인자 우성일 가능성이 높다는 정도의 결론을 내려두어야 할 것 같다.

바이러스의 경우는 분리하고 있는 계통이 3개인데 각각의 분리비가 모두 다르다. 한 계통은 3:1, 다른 계통은 15:1, 그리고 또 다른 한 계통은 9:7의 분리비를 나타내고 있다. 따라서 현재로서는 내병성이 우성인자에 의해 지배되는 것으로 생각할 수는 있지만 단인자인지 두인자인지 어떤 결론을 내릴 수가 없는 사정이다.

표 2에서 무름병에 내병성인 소포자 유래의 6 계통이 모두 뿌리혹병에는 감염되었는데 바이러스병에는 완전히 감염된 계통이 4개, 전혀 감염되지 않은 계통이 1개, 그리고 8개체 중 2개체만 감염되고 6개체가 건전하게 나타난 계통이 1개 있었다. 완전히 감염된 계통과 전혀 감염되지 않는 계통이 같이 있는 것으로 보아 소포자 배양에 공시되었던 개체가 바이러스병 저항성 인자를 헤테로 상태로 가지고 있었다고 생각된다. 그런데 한 계통은 소포자 유래의 순계임에도 8개체 중 2개체만 감염 증상을 보이고 6개체가 비 감염된 것처럼 나타났는데 집중이나

판독상의 오류라고 생각되었다.

표 2. 소포자 유래 무름병 내병성 계통(소포자 유래 제1세대)의 바이러스병(VR) 및 뿌리혹병(CR) 저항성 검정

계통명	검정개체수	VR 감염주	CR 감염부
SR-1	8	8	8
2	11	11	11
3	8	2	8
4	9	9	9
5	5	5	5
6	9	0	9

(10월 4일 파종, 11월 10일 접종, 온실 재배)

표 3. 배추 뿌리혹병(CR)과 바이러스병(VR)에 대한 내병성유전자 분리 계통의 분리비 적합도 검정

병	계통 번호	조사 주수	내병성주 이병성주		분리비 적합도(χ^2 값)			
					3:1	15:1	9:7	13:1
CR	1001	142	121	: 21	7.89	17.64	48.34	1.45 ^{ns}
	1003	142	111	: 31	0.76 ^{ns}	59.28	27.79	0.90 ^{ns}
	1005	127	100	: 27	1.05 ^{ns}	48.80	26.11	0.53 ^{ns}
	1006	109	76	: 33	1.61 ^{ns}	107.43	8.05	9.50
	계	520	408	: 112	3.32 ^{ns}	-	-	2.66 ^{ns}
VR	1003	142	106	: 36	0.01 ^{ns}	88.36	19.50	4.06
	1004	149	142	: 7	32.76	0.61 ^{ns}	92.34	19.31
	1006	109	65	: 44	13.73	216.60	0.51 ^{ns}	33.46
	계	400	313	: 87	2.25 ^{ns}	-	78.67	2.36 ^{ns}

대부분의 복합내병성 개체는 직경 30cm 화분에 심어서 겨울동안 온실에서 재

배하였다. 그리고 계속 이병개체가 나타나는지 조사하였는데 2개체가 뿌리혹병 증상을 나타내었다. 대부분의 건전주가 반결구 상태일 때 속잎이 황색인 5개체를 선발하여 개화를 유도하였다. 그리고 자가수분에 의한 자식후대 종자를 채종하는 한편 소포자 배양에 공시하였다. 그 결과 3개체에서 배가 발생하였으며 전체 82개체에서 반수성 2배체 계통을 양성할 수 있었다(표 4). 그 중 복합내병성 검정과 특성검정에 필요한 양인 15립 이상의 종자가 채종된 것은 61개체였다. 한편 표 1에서 복합내병성으로 밝혀진 1004번 계통의 A-2번 개체에서 유래된 83개체의 자가불화합을 기내수분 후 화분관 검정(Lee et al. 1982)으로 조사하였다(표5).

표 4. 개체별 소포자 배양 결과

개체 번호	배 수 /배양접시	총 배 수	이식배수	생존주수	채종 가능주수
1003-1	5.2	312	153	3 ¹¹	2(2)
1004A-1	-	-	-	-	-
1004A-2	3.4	204	117	84	65(51)
1004B-6	1.6	96	86	36	15(8)
1006-1	-	-	-	-	-
계	3.4	612	356	123	82(61)

* 배양조건 : 1/2NLN10 배지

60 × 15mm Falcon petri-dish에 배양액 2.5ml

배양후 10일째부터 광조사 및 70rpm shaking시작

채종 가능 주수의 ()내 숫자는 채종량이 15립 이상인 주수임.

표 5. 소포자유래 개체의 자가불화합성 인자형 분포(1004A-2번 개체 유래)

구분	SaSa	SbSb	계	비고
활력 강	22	35	57	
활력 약	12	14	26	
계	34	49	83	

그 결과 SaSa와 SbSb가 34:49로 분리되었으며 강활력 계통과 약활력 계통이

57:26으로 나타났다. SaSa와 SbSb가 1:1로 분리될 것으로 기대하였는데 그렇지 못하고 SbSb 개체가 SaSa 개체보다 약 44% 포인트 가량 많게 나타났다. 그 원인이 정확하지는 않지만 개체수가 적기 때문에 생긴 오차가 아닌가 한다. 한편 SaSa와 SbSb 인자형 각각에서 35.3%와 28.6%의 약활력 자가불화합성 계통이 검정되었다. 검정된 모든 계통이 반수성 2배체이기 때문에 그들의 유전자가 동형 접합으로 고정되어 있는데 동일한 자가불화합성 인자를 가지면서도 왜 계통 간에 활력의 차이가 나타나는지 현재로서는 전혀 이해할 수가 없다. 다만 Wallace(1979 a,b)가 지적한 바와 같이 자가불화합성은 복대립 단인자에 의해 지배되지만 이 인자의 발현을 조절하는 변형인자(modifier)가 계통에 따라 다르게 존재하기 때문일지도 모른다는 추측을 할 수 있을 뿐이다.

바이러스병과 뿌리혹병 그리고 무름병의 3개병해 복합내병성 계통을 조기에 육성하기 위하여 바이러스병과 뿌리혹병에 대한 검정이 아직 안된 1004 A-2번 개체 유래의 순계 중 자가불화합성 인자형이 SaSa인 3개체와 SbSb인 2개체를 개화기까지의 몇몇 특성에 따라 선발하였다. 그리고 이미 육성 보존중인 무름병 내병성 순계중 바이러스병과 뿌리혹병에 완전한 이병성을 보인(표 2) 두 계통(SR-2와 SR-5)과 교잡하여 F₁ 종자를 획들하였다(표 6). 이 F₁ 은 3대병해 복합내병성 순계 육성을 위한 소포자 배양에 공시하는 한편 3가지 병의 유전양식 규명을 위한 F₂ 세대의 채종에 이용되었다.

표 6. 3대 병해 복합내병성 순계 육성을 위한 교배 결과

무사마귀병과 바이러스병의 복합저항성 계통		자가불화합성 인자형	무름병 내병성 계통별 종자수(BS/FS)	
계통명	파종번호		SR-2	SR-5
1004A-2M-1	VC-1	SaSa	80/111	27/98
" -22	VC-12	SbSb	15/109	2/55
" -57	VC-28	SaSa	26/79	3/258
" -70	VC-40	SbSb	19/116	0/57
" -72	VC-41	SaSa	55/84	39/71
계			195/499	71/539

BS : 인공 뇌수분

FS : 인공 개화 수분

자가수정 종자가 15립 이상 채종된 계통을 공시하여 무사마귀병과 바이러스

스병에 대한 복합저항성을 검정(61계통)하는 한편 원예적 형질(30계통)을 조사하였다. 그 결과 뿌리혹병에 감염되는 계통은 하나도 없었다(표 7). 이는 소포자 배양에 이용된 개체의 뿌리혹병의 내병성 인자가 고정되었기 때문이라고 생각되었다.

그러나 바이러스병에는 27계통이 감염되었으며 따라서 뿌리혹병과 바이러스병에 복합저항성인 계통은 약 56%인 34계통 이었다(표 7). 표 6에서 채종에 이용코자 임의로 선정한 5계통 중 VC-1와 VC-40은 확실한 복합 저항성을 나타내었다.

표 7. 소포자 유래 개체의 무사마귀병과 바이러스병에 대한 복합저항성 검정결과

소포자 배양 개체	계통수			
	총 검정	무사마귀병 이병	바이러스병 이병	복합 내병성
1003-1	2	0	0	2
1004A-2	51	0	19	32
1004B-6	8	0	8	0
계	61	0	27	34

바이러스에 감염되지 않아 뿌리혹병과 함께 복합내병성으로 간주되는 1004A-2번 개체 유래 30계통에 대하여 조사한 원예적 특성을 요약하면 표 8와 같다(부표 1 참조). 주중 등 6가지 주요형질에 있어서 계통간 차이가 큰 것을 볼 수 있다. 이는 바이러스병과 뿌리혹병의 유전자는 고정되었지만 기타 주요형질의 유전자는 고정되지 않은 개체가 소포자 배양에 이용된 것으로 1대잡종 육성친의 다양성을 어느 정도 확보한 셈이 되는 것이다.

표 8. 무사마귀병과 바이러스병 복합저항성 계통의 특성 조사결과

구분	주중(Kg)	구중(Kg)	엽장(cm)	내엽수	외엽수	총엽수	결구 길이
평균	1.51	0.9	37.5	29.6	12.5	42.1	
변이계수	32.6	38.2	11.7	20.5	29.8	12.8	
최대치	2.4	1.9	45.0	42.0	23.0	54.0	
최소치	0.7	0.4	30.0	15.0	7.0	28.0	

2. 바이러스병과 뿌리혹병의 유전분석

배추의 바이러스병과 뿌리혹병의 유전양식을 구명코자 이들 두 병에 대하여 저항성이면서 기타 원예적 형질이 우수한 두 계통 VC-1과 VC-40을 무름병에는 강하면서 위 두 병에는 이병성인 SR-5계통과 교잡하고 F₂ 세대를 양성하였다. 이들을 뿌리혹병의 병토가 든 25공 연결로트에 8월 12일 파종하였다. 그 후 약 3주가 지난 9월 1일 바이러스병 접종원을 각 포기마다 어린 두 잎에 카보란덤법으로 접종하였다. 그리고 약 25일 정도 지난 후에 각 포기를 뿌리채 뽑아서 뿌리혹의 발생여부와 바이러스병의 병징을 각 개체별로 조사하였다. 그 결과를 정리한 것이 표 9-1과 9-2이다.

표 9. 배추 바이러스병과 뿌리혹병의 유전 분석

(8월 12일 파종, 9월 1일 접종, 9월 25일 조사)

9-1. VC-1×SR-5 조합

구분	계통명	건전주수	이병주수			계	예상분리비 (단인자우성)	P
			뿌리 혹병	바이러 스병	복합			
P ₁	VC-1	46	0	0	0	46	1:0:0:0	
P ₂	SR-5	0	7	0	36	43	0:0:0:1	
F ₁	VC-1×SR-5	67	0	0	0	67	1:0:0:0	
	SR-5×VC-1	70	0	0	0	70	1:0:0:0	
F ₂	VCS-3⊗	109	22	15	3	149	9:3:3:1	
BCP ₁	VCS-3×VC-1	162	1	0	1	164	1:0:0:0	
BCP ₂	VCS-3×SR-5	60	61	28	9	158	1:1:1:1	

9-2. VC-40×SR-5 조합

구분	계통명	건전 주수	이병주수			계	예상분리비 (단인자우성)
			뿌리 혹병	바이러 스병	복합		
P ₁	VC-40	39	0	0	0	39	1:0:0:0
P ₂	SR-5	0	7	0	36	43	0:0:0:1
F ₁	VC-40×SR-5	80	0	0	0	80	1:0:0:0
F ₂	VCS-13	116	32	24	1	173	9:3:3:1
BCP ₁	VCS-13×VC-40	164	1	0	0	165	1:0:0:0
BCP ₂	VCS-13×SR-5	66	54	18	18	156	1:1:1:1

우선 뿌리혹병에 대하여는 내병성친과 이병성친이 명확하게 구분되었으므로 그 후대의 분리현상을 토대로 유전분석을 하였다(표 10-1과 10-2). 그 결과 두표

10. 배추 뿌리혹병의 유전분석¹⁾

10-1. VC-1×SR-5 조합

세대	계통명	조사개체수			분리비	X ² -값
		전체	내병성	이병성		
P ₁	VC-1⊗	46	46	0		
P ₂	SR-5⊗	43	0	43		
F ₁	VC-1×SR-5	67	67	0		
F ₁	SR-5×VC-1	70	70	0		
F ₂	VCS-3⊗	149	123	26	3:1	0.05<P<0.01
BCP ₁	VCS-3×VC-1	164	162	2		
BCP ₂	VCS-3×SR-5	158	88	70	1:1	0.20<P<0.10

10-2. VC-40×SR-5 조합

세대	계통명	조사개체수			분리비	X ² -값
		전체	내병성	이병성		
P ₁	VC-40⊗	39	39	0		
P ₂	SR-5⊗	43	0	43		
F ₁	VC-40×SR-5	80	80	0		
F ₂	VCS13⊗	173	140	33	3:1	0.05<P<0.10
BCP ₁	VCS13×VC-40	165	164	1		
BCP ₂	VCS13×SR-5	156	84	72	1:1	0.30<P<0.50

1] 표 9-1과 9-2에서 뿌리혹병만을 분리하여 분석함.

조합 모두 F₁ 은 내병성이었으며 F₂ 는 내병성 개체와 이병성 개체가 3:1로 분리하였다. F₁ 을 내병성친에 교잡한 BCP₁ 은 이병성 개체가 164포기 중 2개체 및 165포기 중 1개체씩 있었는데 이는 실험상의 오차라고 간주되며 따라서 모든 개체가 내병성을 나타낸 것으로 판단할 수 있었다. 이병성친에 F₁ 을 교잡한 BCP₂ 에서는 내병성과 이병성개체가 각각 88:70과 84:72로서 1:1 분리비를 나타내었다. 이상의 결과로서 본 연구에서 나타난 뿌리혹병의 저항성은 우성 단인자

에 의해 지배됨이 확실하여졌다. 배추에 있어서의 뿌리혹병 저항성의 유전에 대하여 최초로 연구한 Strandberg and Williams(1967)와 일본에서 순무로부터 도입한 뿌리혹병 저항성의 유전에 대하여 연구한 Yoshigawa(1981)도 배추의 뿌리혹병 저항성은 우성 단인자에 의해 지배된다고 보고한 바 있다.

우리나라에서도 일본의 Yoshigawa 등(1978, 1979, 1980)이 도입한 저항성 재료를 육성되었다고 믿어지는 일본의 뿌리혹병 저항품종 신황 CR로부터 저항성 계통을 육성한 후 유전연구를 한 결과에 의하면 역시 단인자 우성에 의하여 저항성이 나타나는 것으로 최근에 보고되고 있다(Jang *et al.* 2001). 본 시험 역시 뿌리혹병의 저항성 재료로서 신황 CR을 이용하였기 때문에 그들의 보고 내용과 같이 우성 단인자에 의한 지배가 확실하다고 믿어지는 것이다.:

바이러스병의 유전분석을 위해 공시되었던 이병성 계통 SR-5가 소포자 유래의 반수성 2배체(Doubled Haploid)인데 43개체 중 7개체가 전혀 바이러스에 감염되지 않았다. 모든 유전자가 다 고정된 순계인데 어떻게 개체간의 차이가 나타날 수 있는지 도무지 이해할 수가 없었다. 혹시 접종이나 감염여부를 조사하는 과정에 착오가 생긴 것인가 하는 것밖에는 다른 원인을 찾을 수 없었다. 그런데 F_1 을 보면 모든 개체가 내병성을 나타내고 있으며 내병친과 F_1 과의 잡종인 BCP_1 도 모든 개체가 내병성을 나타내고 있다. 따라서 바이러스병의 저항성도 단인자인지 또는 2인자인지는 모르지만 우성인자에 의해 지배되고 있음을 짐작할 수 있다(표11-1과 11-2). 또한 내병성과 이병성 개체가 분리되어 나타나야 할 F_2 와 BCP_2 의 경우를 보면 내병성 개체가 이병성 개체보다 훨씬 많은데 그 분리비가 단인자 우성의 F_2 와 BCP_2 가 각각 3:1과 1:1보다 내병성 비율이 훨씬 높다. 만일 두개의 우성인자로 가정하더라도 중복우성인 15:1과 3:1, 보족인자인 9:7과 1:1, 조건인자인 13:3과 3:1의 어느 것에도 정확하게 적합하지는 않는다. 다만 조건인자일 가능성이 가장 높은 것처럼 보일뿐이다. 이병성 친의 일부 개체가 내병성인 것처럼 보인 것과 같이 이들 F_2 와 BCP_2 에서도 이병성으로 나타나야 할 일부 개체가 내병성처럼 나타난 것이라고 추측된다. 그런데 만일 그렇다면 어떻게 이병성으로 나타나야 할 개체에만 접종이 잘못되거나 이병성을 내병성으로 판독할 수 밖에 없는 현상이 나타날 수 있는지 의문을 가지지 않을 수 없다.

표 11. 배무 바이러스병의 유전분석¹⁾

11-1VC-1×SR-5 조합

구분	계통명	조사구수	건전주수	이병주수	분리비	χ^2
P	VC-1	46	46	0	1:0	
P ₂	SR-5	43	7	36	-	
F ₁	VC-1×SR-5	67	67	0	1:0	
	SR-5×VC-1	70	70	0	1:0	
F ₂	VCS-3⊗	149	131	18	13:3	4.40*
BCP ₁	VCS-3×VC-1	164	163	1		
BCP ₂	VCS-3×SR-5	158	121	37	3:1	0.21

11-2. VC-40×SR-5 조합

구분	계통명	조사구수	건전구수	이병주수	χ^2
P ₁	VC-40	39	39	0	
P ₂	SR-5	43	7	36	
F ₁	VC-40×SR-5	80	80	0	
F ₂	VCS-13⊗	173	149	24	2.71
BCP ₁	VCS-13×VC-40	165	165	0	
BCP ₂	VCS-13×SR-5	156	120	36	0.31

1) 표 9에서 바이러스 부분만 재정리한 것임

여하간 다음 해에는 뿌리혹병균을 접종하지 않고 역시 8월 중순에 파종하여 9월초에 접종하는 재시험을 실시하였다. 그런데 지난해의 성적과 거의 동일한 결과를 나타내었다. 그리하여 이병성 친인 SR-5의 채종년도를 달리한 두가지 종자(소포자 유래의 제 3 및 제 4세대 종자)와 F₁과 BCP₁ 및 BCP₂의 종자도 상반교잡종자를 8월 10일에 파종하고 8월 30일과 9월 6일에 어린 잎 2장에 1주 간격으로 두 번 접종하는 재시험을 역시 뿌리혹병균이 없는 토양에서 실시하였다. 그 결과가 표 12인데 표11의 결과와 거의 비슷한 것을 볼 수 있다.

내병성을 나타내어야 할 친 VC-40과 F₁ 및 그들간의 잡종 BCP₁은 예외없이 상반교잡의 모든 개체가 내병성을 나타내었다. 그런데 이병성 친인 SR-5는 소포자 유래 이후의 자식 세대에 관계없이 일부 개체가 병징을 나타내지 않았다. 그리고 F₂와 BCP₂는 단인자 분리가 아니고 2인자일 때의 우성 상위성 유전(억제유

전자), 즉 F₂가 13:3이고 BCP₂가 3:1인 유전양식에 가깝게 나타나고 있다. 이 시점에서서는 최소한 접종이 잘못되었다고는 할 수 없을 만큼 유념하였던 것이다. 그

표 12. 배추 바이러스병의 유전분석 (재시험)

구분	계통명	조사개 체수	건전주 수	이병주 수	예상 분리비	χ^2	비고
P ₁	VC-40	19	19	-			
P ₂	SR-5	71	14	57			
F ₁	VC-40×SR-5	76	76	-			
F ₂	VCS-13⊗	222	184	38	3:1 13:3	7.36 0.39	
BCP ₁	VCS-13×VC-40	102	102	-			
BCP ₂	VCS-13×SR-5	295	188	107	1:1 3:1	22.24 19.99	

(8월 10일 파종, 8월 30일 및 9월 6일 2회 접종)

런데 F₂와 BCP₂가 어떠한 분리비를 나타내더라도 이병성친의 일부 개체가 예외적으로 내병성을 나타내고 있는 한 그 유전양식은 옳게 해석될 수가 없는 것이라고 생각된다.

따라서 다시 한번 시험을 실시하고 내병성을 나타내는 개체에 대하여는 항혈청검정(ELISA)까지 실시하여 보았다. 이 시험도 8월초에 파종하고 하순에 접종하였었다. 그 결과가 표13인데 또다시 이병성친에서 내병성 개체가 나타났으며 내병성 개체는 항혈청 검정에서도 계속 내병성을 나타내었다. F₂의 분리비는 항혈청검정에서 이병성으로 밝혀진 6개체를 이병성쪽에 더함으로서 3:1의 분리비에 적합하였다. 그리고 BCP₂도 항혈청 검정에서 이병성으로 밝혀진 5개체를 이병성쪽에 더함으로서 1:1의 분리비에 적합한 것으로 나타났다. 즉, 바이러스 내병성도 단인자 우성에 의해 지배되는 것으로 나타난 것이다. 그러나 여전히 이병성 친의 불균일한 표현형이 문제점으로 남아 있는 것이다.

이제는 이병성친에 대한 재고를 할 수 밖에 없게 되었다. 비록 소포자 유래의 순계이지만 같은 개체에서 유래된 다른 계통들은 어떤가를 알아보려고 하였다. 즉 무름병에 내병성이 강한 한 개체를 소포자 배양하여 얻은 개체 중 무름병이

강하여 선발된 6계통에 대하여 1차 검정한 바가 있는데(표 2) 이들중 4계통을 바이러스병에는 극히 약한(증상이 모자이크와 괴저현상으로 나타남), 역시 소포자 유래의 다른 한 계통과 함께 공시하고 바이러스를 접종하였다. 그 결과가 표 14이다. 우선 지금까지의 유전연구에 공시되었던 SR-5는 1999년도의 최초시험과 마찬가지로 조사된 67개체가 모두 이병성으로 나타났다. 이로서 SR-5는 이병성 계통임에 틀림없는데 유전연구용으로 공시한 4번의 경우는 모두 병징이 없는 개체가 있었던 것이다. 즉 지금까지 여섯 차례에 걸친 시험결과를 보면 바이러스 이병성인 SR-5라는 계통이 두번은 완전 이병성으로 네번은 일부 개체가 감염되지 않는 현상을 보였다. 앞서서도 이미 언급하였지만 반수성 2배체인데 어떻게 개체간에 접종된 바이러스에 대하여 차이를 나타내는지 우선 이해하기 어렵다. 다음으로 어떤 때는 완전한 이병성인데 어떤 때는 일부 개체가 내병성을 나타내는지 이해하기 어렵다. 그런데 혹시 온도가 높고 습도가 높은 여름철에 접종하였을 경우는 일부 개체가 감염되지 않고 온도가 온화하고 습도가 낮은 가을이나 겨울에는 예외 없이 모든 개체가 감염되는 것인가 하는 의심이 생긴다. 즉 모든 개체가 잘 감염되었던 두 번의 접종 시험중 한번은 10월 상순에 파종하여 온실에서 관리하면서 11월 상순에 접종하였던 것이고 다른 한번은 11월 중순에 파종하고 12월 중순에 접종하여 온실에서 재배하였던 것이다. 다른 4회의 시험은 모두 8월 상순 또는 중순에 파종하고 비가림 재배를 하면서 파종 3주후쯤에 접종하였던 것이다. 이러한 현상이 사실일지는 좀더 확인 시험을 하여 보아야 하겠지만 만일 사실이라면 바이러스병 이병성 인자의 발현이 환경에 민감한 어떤 미생의 변형인자의 영향을 받아 불완전하게 나타나는 것이 아닌가 한다.

이러한 전제하에 이병성친에서 나타난 내병성 개체의 비율만큼은 분리세대인 F_2 와 BCP_2 의 내병성 개체에서 빼내어 이병성 개체에 보태게 되면 바이러스병은 우성단인자에 의해 지배되는 것으로 결론을 내릴 수 있게 될 것 같다.

표 13. 배추 바이러스병의 유전분석(내병성 주의 ELISA 검정으로 확인된 개체 수)

구분	계통명	조사개 체수	건전 주수	이병 주수	분리비 (단인자 우성)	P	비고
P ₁	VC-40	23	23	-			
P ₂	SR-5	51	5	46			
F ₁	VC-40×SR-5	55	55	-			
F ₂	VCS-13⊗	180	132	48(6)	3:1	0.50-0.70	
BCP ₁	VCS-13×VC-40	194	194	-			
BCP ₂	VCS-13×SR-5	196	111	85(5)	1:1	0.05-0.10	

(8월 5일 파종, 8월 22일 접종, 9월 20일 조사)

표 14. 배추 무름병 내병성과 이병성인 계통의 바이러스병 저항성 검정 시험

계통명	무름병 내병성	개체수		
		조사	이병성	저항성
SR-1	강	-	-	-
2	"	44	33	7
3	"	-	-	-
4	"	20	20	
5	"	67	67	0
6	"	52	0	52
An 111	약	46	39	7

3. 무름병의 유전양식 분석

앞절의 바이러스병과 뿌리혹병의 유전양식 구명에 이용된 재료가 한쪽은 바이러스병과 뿌리혹병에 저항성이면서 무름병에는 이병성이었다(VC-1과 VC-40). 반대로 다른 한쪽은 이들 병에 이병성이면서 무름병에는 내병성인 계통(SR-5)이었다. 따라서 이들 간의 F₁ 조합을 역시 무름병의 유전양식 구명에도 이용하였

다.

우리 실험실에서 무름병 순계 육성때 이용한 방법, 즉 어린묘의 엽병 기부 침지법으로 내병성을 검정코자 양친, F₁, F₂, BCP₁, BCP₂ 계통을 6월 10일에 25공 트레이(연결포트)에 파종하고 온실에서 재배하였다. 파종후 17일째인 6월 27일부터, 7월 2일, 7월 4일등 3회에 걸쳐 각각 가장 큰 본잎을 기부에서 잘라 실험실로 옮긴 후 잎 하나하나마다 그 길이와 중륵의 길이를 조사하고 곧바로 준비된 무름병 접종원 용액에 잎의 기부를 순간 침지하였다. 그리고 100% 상대습도의 30℃ 또는 24℃ 항온항습기에 두었다. 접종후 언제 조사하는 것이 알맞을지를 알수가 없어 접종 후 12시간, 18시간, 22시간 이상의 3회에 걸쳐 각각 병징의 길이를 조사하였다. 병징이 중륵의 끝부분까지 자란 후 엽맥으로 번져간 것은 그 길이를 고려하지 않고 다만 중륵의 길이만을 병징의 길이로 간주하였다. 이미 중륵의 끝부분까지 병징이 번져간 것은 무름병 내병성이 약한 개체로 간주할 수 있다고 생각하였기 때문이다. 이렇게 조사하여 얻은 성적 중 접종 시기별로 조사 시간별 병징의 평균 길이와 병징이 중륵의 길이와 동일한 개체수를 계산한 것이 표 15이다.

1차 접종인 파종후 17일째의 6월 27일 접종구에서 접종후 12시간째에는 병징의 평균길이가 재료에 따라 1.1-1.7cm로 중륵길이에 대하여 25-40%정도이다. 그리고 병징이 중륵전체에 번진 개체수가 0-11개체로서 전체적으로 4.7%에 지나지 않았다. 접종 후 18시간째에는 병징의 평균길이가 3.4-4.6cm로 상당히 길게 자랐으며 본래의 중륵길이에 대하여 모두 80%이상 번져있다. 그리고 중륵끝까지 병징이 번진 개체수가 세대에 따라 최소 39%에서 최대 93%까지이며 평균 약 68%이었다. 이 두 번의 조사 성적에서 시험의 목적이 내병성이 강한 개체를 선발하는 것일 경우는 병징이 중륵의 끝까지 자란 개체가 많을 경우 이들을 모두 내병성이 약한 개체로 간주하여 도태하고 남은 개체 중 병징이 짧은 개체를 선발하

표 15. 배추 무름병 접종후 조사 시간별 병징 길이와 병징길이가 증류길이의 동일한 개체수

- VC-40×SR-5 조합

15-1. 1차(6월 27일) 접종구 (100% RH, 30℃)

세 대	증류길이 (cm)	조사 시간별 병징 길이(cm)			병징길이/증류길이 = 1인 개체수/전체개체수		
		12시간	18시간	22시간	12시간	18시간	22시간
P ₁	4.2	1.1	3.8	4.1	5/48	38/48	46/48
P ₂	4.1	1.2	3.9	4.1	8/43	40/43	43/43
F ₁	4.9	1.2	4.6	4.9	2/50	38/50	50/50
F ₂	4.6	1.7	4.2	4.5	8/194	155/194	191/194
BCP ₁	4.1	1.7	3.8	4.1	11/185	140/185	181/185
BCP ₂	4.2	1.7	3.4	4.1	0/199	77/199	185/199
평 균	4.4	1.4	4.0	4.3	34/719 4.7%	488/719 67.9%	696/719 96.8%

15-2. 2차(7월 2일) 접종구(100% RH, 30℃)

세 대	증류길이 (cm)	조사 시간별 병징 길이(cm)			병징길이/증류길이 = 1인 개체수/전체개체수		
		12시간	18시간	26시간	12시간	18시간	26시간
P ₁	8.4	0.5	2.3	7.9	0/23	0/23	15/23
P ₂	6.4	0.4	1.5	5.3	0/40	0/40	14/40
F ₁	8.4	0.4	1.5	6.2	0/23	0/23	5/23
F ₂	8.1	0.5	4.5	7.3	0/187	1/187	17/187
BCP ₁	7.3	0.5	4.1	6.0	0/186	1/186	60/186
BCP ₂	6.8	0.4	2.7	4.3	0/195	4/195	25/195
평 균	7.4	0.5	3.5	5.9	0/654 0.0%	6/654 0.9%	136/654 20.8%

15-3. 3차(7월4일) 접종구(100% RH, 24℃)

세 대	중록길이 (cm)	조사 시간별 병징 길이(cm)			병징길이/중록길이 = 1인 개체수/전체개체수		
		12시간	18시간	24시간	12시간	18시간	24시간
P ₁	9.7	0.4	4.8	8.0	0/27	0/27	5/27
P ₂	6.4	0.2	2.0	4.5	0/41	3/41	16/41
F ₁	9.2	0.2	2.3	6.6	0/28	0/28	1/28
F ₂	9.2	0.3	4.1	7.4	0/186	2/186	63/186
BCP ₁	8.9	0.5	4.7	6.8	0/180	2/180	39/180
BCP ₂	7.4	0.5	3.1	5.1	0/200	0/200	35/200
평 균	8.4	0.4	3.5	6.4	0/662	7/662	159/662
					0.0%	1.1%	24.0%

면 선발도 용이하고 선발 효율도 높을 가능성이 있다. 그러나 양적형질의 유전분석일 경우는 그 형질의 발현 정도별 개체 분포를 알아야 하기 때문에, 즉 본 실험의 경우 각 개체의 내병성 정도를 알아야 하는데 이미 내병성이 가장 약한 개체 비율이 수십%이상이 되면 유전분석은 불가능하게 된다. 그러므로 18시간째 조사 성적으로는 무름병의 유전분석이 불가능함을 알 수 있다. 22시간째의 조사는 더욱 더 이용할 수가 없다. 그런데 1차조사인 6월 27일 조사 성적은 병징이 중록 전체에 번진 개체가 평균 4.7% 정도임으로 병징의 길이별 분포를 어느 정도 이해할 수 있을 것이다. 그러나 전체적으로 병징의 길이가 1cm 미만인 것도 많을 뿐 아니라 평균적으로 1.1-1.7cm정도임으로 이 짧은 병징중에서 개체간의 차이를 정확하게 알아내기란 여간 어려운 것이 아니다. 따라서 6월 27일의 1차 접종구, 즉 파종후 17일째의 접종구는 무름병의 유전양식 분석에 부적합을 알 수 있다.

2차 접종인 파종후 22일째의 7월 2일 접종구는 접종후 26시간째 조사성적에서 전체 중록의 길이만큼 병징이 자란 개체비율이 20.8%로서 유전분석에는 부적합함을 알 수 있다. 12시간째 조사성적은 전체 병징의 길이가 0.5cm미만으로 병징의 개체 구분이 어려울 것으로 짐작할 수 있다. 18시간째 조사성적은 전체 654

개체 중 6개체만이, 즉 0.9%만이 중록 전체에 병징이 발전하였을 뿐이며 평균 병징의 길이도 1.5-4.4cm로 어느 정도 개체 구분이 가능할 것으로 기대할 수 있다. 따라서 이 성적을 기준으로 각 세대별 개체분포를 나타낸 것이 그림 1이다. 먼저 표 15-2에서 18시간째 조사구의 각 계통별(집단별) 평균 병징길이를 보면 P₁이 2.3cm로 이병성이고 P₂가 1.5cm로 내병성이며 F₁은 내병성친과 비슷함을 볼 수 있다. 그런데 이병성 친의 병징이 내병성 친에 비하여 현저하게 길지 못하고 약간의 차이만을 나타내고 있을뿐 아니라 F₂의 4.5cm와 BCP₁의 4.1cm에 비하여도 너무 짧은 것을 볼 수 있다. 이러한 사실은 그림 1을 보면 더욱 선명하게 나타나고 있는데 이병성 친은 내병성 친보다 내병성이 약하지만 병징의 길이로 보아 이병성이라기보다는 중간정도의 내병성을 가지고 있다고 할 수 있을 것 같다. 그러나 이 그림에서는 F₂와 BCP₁ 및 BCP₂의 병징길이별 개체분포가 거의 정규분포를 나타냄으로서 무름병의 유전양식이 양적유전이며 상당히 많은 유전자가 관여하고 있을 것으로 짐작할 수 있다.

3차 접종인 파종후 24일째의 7월 4일 접종구는 앞의 두 접종구와 다르게 24℃에서 병이 발전하도록 처리하였다. 그 결과 앞의 1, 2차 접종구와 마찬가지로 12시간째와 24시간째의 조사구는 앞에서 설명한바와 같은 이유로 유전분석에 이용할 수 없었고 18시간째 조사구만 이용가능하였다. 먼저 표 15-3을 보면 앞의 표15-2와 약간 다르게 이병성친의 병징이 내병성친보다 월등히 길고 F₂의 평균이나 BCP₂의 평균보다 크며 BCP₁과 비슷하게 나타나 있다. 즉 유전연구에 별 손색이 없는 재료임을 짐작할 수 있다. 내병성 정도별 분포를 보면(그림 2) F₂ 분리세대에서 병징이 별로 발달하지 않은 개체가 예외적으로 많이 나타나고있기는 하지만 이것만 제외하면 전형적인 양적형질의 분리양상을 보이고 있다고 할 수 있을 것 같다.

즉 양친이 이병성과 내병성의 양쪽에 분포하고 있고 F₁이 약간 내병성 쪽에 가까우나 중간 유전현상을 보이고 있다. F₂, BCP₁, BCP₂등도 아주 뚜렷한 것은 아니라하더라도 평균을 중심으로 잘 분포 할 뿐아니라 평균 역시 이론에 합당할 정도로 나타나 있다. 즉 앞의 7월 2일자 접종구의 18시간째 조사보다 훨씬 정확한 유전분석이 가능하게 나타나 있다는 것이다. 이러한 차이는 식물이 2일간 더 자랐다는 것과 접종 후 24℃에 보존함으로써 저온에 의한 병징의 발달 속도가 다소 느려졌기 때문이 아닌가 한다. 따라서 접종 후 30℃보다는 24℃에 두는 것

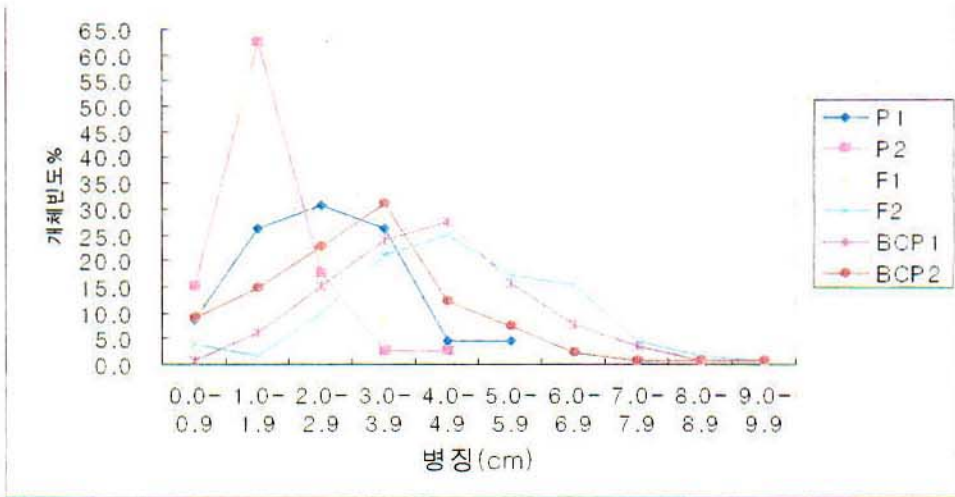


그림 1. 배추 무름병의 유묘 절취 엽병기부접종 후 나타난 병징의 길이별 개체 분포

-7월 2일 접종, 30℃, 100% RH조건, 18시간 후 조사-

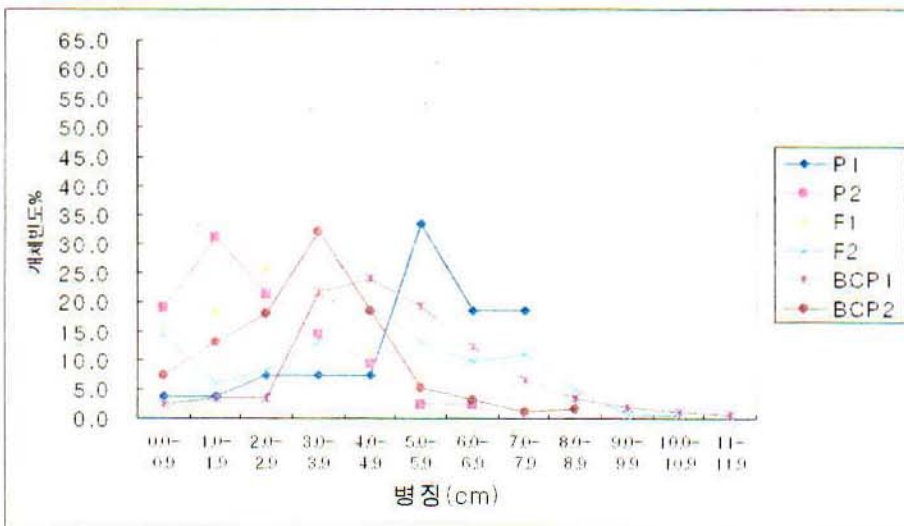


그림 2. 배추 무름병의 유묘 절취 엽병기부접종 후 나타난 병징의 길이별 개체 분포

-7월 4일 접종, 24℃, 100% RH, 18시간 후 조사-

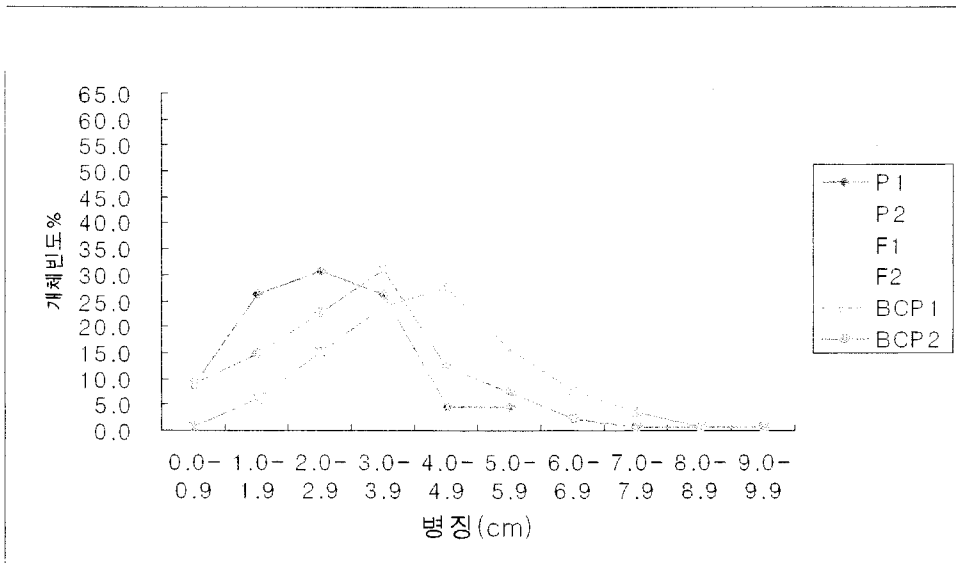


그림 1. 배추 무름병의 유묘 절취 엽병기부접종 후 나타난 병징의 길이별 개체 분포

-7월 2일 접종, 30℃, 100% RH조건, 18시간 후 조사-

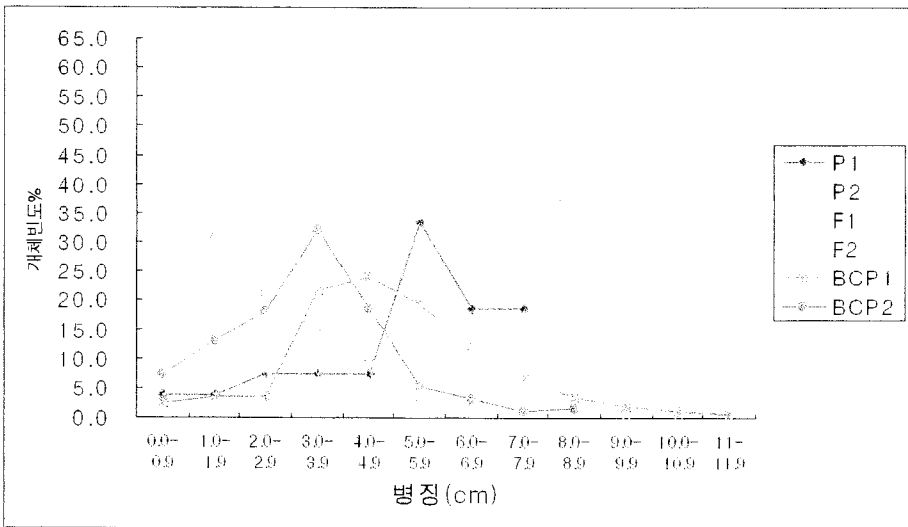


그림 2. 배추 무름병의 유묘 절취 엽병기부접종 후 나타난 병징의 길이별 개체 분포

-7월 4일 접종, 24℃, 100% RH, 18시간 후 조사-

이 개체별 병징의 발달 속도 차이를 알기에 더 좋은 것으로 이해할 수 있을 것 같다. 이 시험이 끝난 후 내병성 친은 동일하지만 이병성 친이 다른 한 조합으로 다시 시험을 하였다. 그 결과가 표 16이다. 이 시험은 9월 5일에 위의 시험과 같은 방식으로 파종하여 재배하면서 파종 후 28일째인 10월 3일에 접종하고 24℃, 100% RH 항온항습 조건에 두었다. 그리고 18시간제와 26시간제의 2회 조사를 하였다.

우선 26시간제 조사구는 병징의 길이와 증류의 길이비가 1이상인 개체물이 38% 이상으로 높아 유전분석용으로는 그 성적을 이용하기 곤란하였다. 18시간제 조사구는 그 비율이 0.6% 미만으로서 유전분석에 이용할 수 있다고 생각되었다. 조사한 결과를 보면 앞의 그림 2와 같은 정상적인 정규분포 곡선을 나타내지 못하고 있다. 즉 다른 분리세대는 비교적 정상적인 정규분포곡선을 보이나 내병성 친이 이상분포를 보이고 있다. 이러한 현상은 표 16에서 보는 바와 같이 평균 병징의 길이가 1.6cm밖에 안될 정도로 작은데다가 조사 개체수가 48주로 적었으며 시험에 공시된 전 개체의 병징 크기별 계급이 그림 3과 같이 7개밖에 안될 정도로 적었기 때문이라고 생각된다. 그외의 다른 집단의 분포를 보면 양적형질의 정규분포에 가깝게 나타나고 있음을 알 수 있다. 따라서 양적형질의 유전양식이라고 할 수 있을 것 같다.

표 16. 배추 무름병 접종후 조사시간별 병징 길이와 병징길이가 증류길이가 동일한 개체수

-9월 5일 파종, 10월 3일 접종

세 대	증류길이 (cm)	조사 시간별 병징 길이(cm)		병징길이/증류길이 = 1인 개체수/전체개체수	
		18시간	26시간	18시간	26시간
		P ₁	5.5	2.5	5.0
P ₂	5.5	1.6	4.5	0/48(0.0%)	32/48(66.7%)
F ₁	5.8	2.5	5.4	1/39(2.6%)	32/39(82.1%)
F ₂	5.4	1.9	4.7	3/176(1.7%)	90/176(51.1%)
BCP ₁	6.6	2.6	5.4	0/190(0.0%)	70/190(36.8%)
BCP ₂	6.4	2.3	4.1	0/194(0.0%)	17/194(8.8%)
평 균	6.1	2.3	4.8	4/680(0.6%)	264/680(38.8)

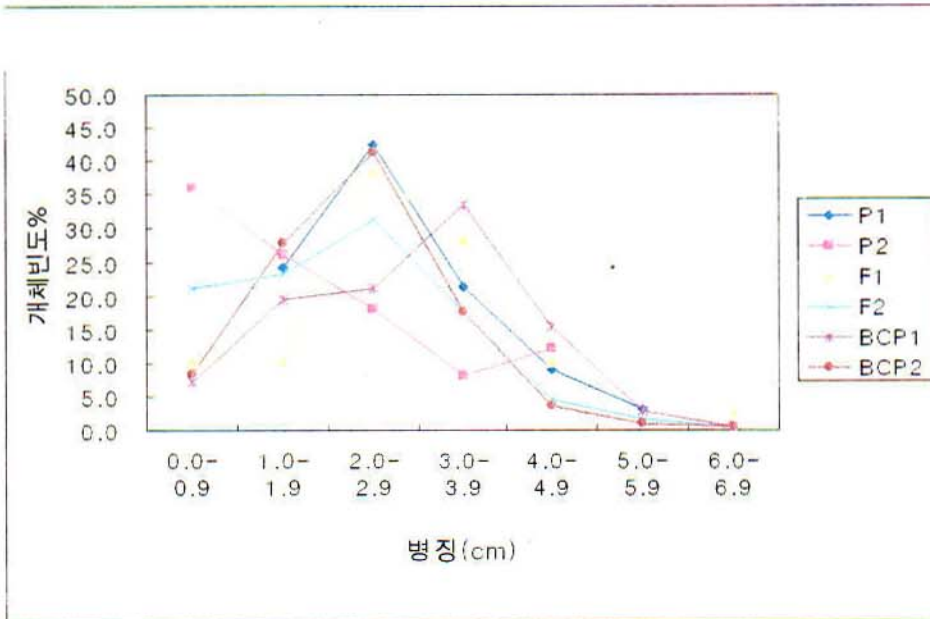


그림 3. 배추 무름병의 유묘 엽병 기부 접종 후 나타난 병징의 길이별 개체 분석
 - 10월 3일 접종, 24℃, 100% RH 조건, 18시간후 조사 -

4. 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병에 대한 복합내병성 계통 육성

바이러스병과 뿌리혹병 및 무름병의 3대병해 복합내병성 순계를 육성하기 위하여 작성한 10개의 F₁조합(표 5)중 한쪽친이 바이러스병과 뿌리혹병에 복합저항성 이었던 VC-1과 VC-40에 무름병 내병성이면서 뿌리혹병과 바이러스병에는 이병성인 친 SR-5를 교잡한 2조합을 소포자 배양에 공시하였다. 그 결과 소포자 유래의 개화한 식물이 410주였으며 그 중 283개체에서 자식 종자를 채종할 수 있었다(표 17).

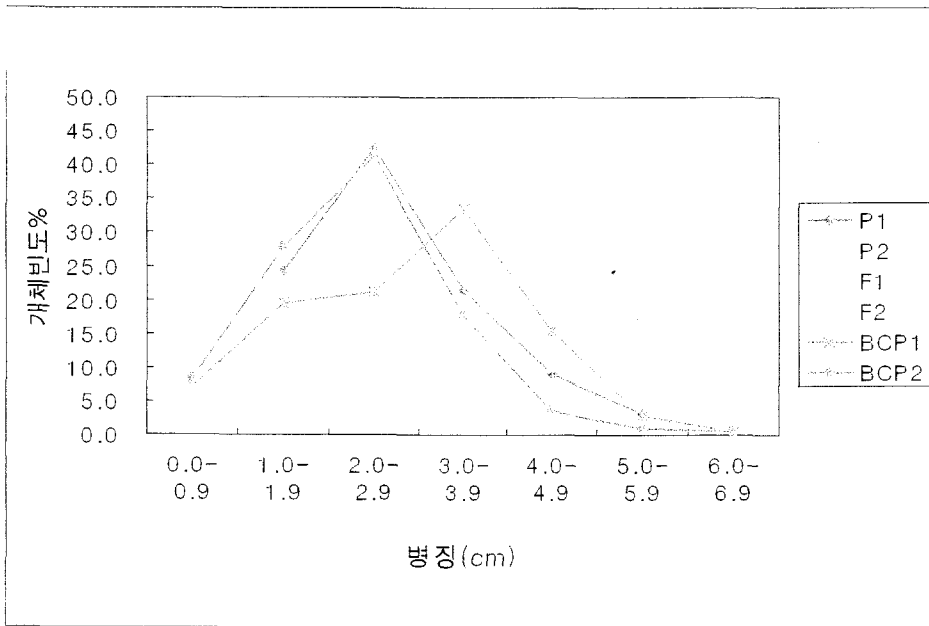


그림 3. 배추 무름병의 유묘 엽병 기부 접종 후 나타난 병장의 길이별 개체 분석
 - 10월 3일 접종, 24℃, 100% RH 조건, 18시간후 조사 -

4. 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병에 대한 복합내병성 계통 육성

바이러스병과 뿌리혹병 및 무름병의 3대병해 복합내병성 순계를 육성하기 위하여 작성한 10개의 F₁조합(표 5)중 한쪽친이 바이러스병과 뿌리혹병에 복합저항성 이었던 VC-1과 VC-40에 무름병 내병성이면서 뿌리혹병과 바이러스병에는 이병성인 친 SR-5를 교잡한 2조합을 소포자 배양에 공시하였다. 그 결과 소포자 유래의 개화한 식물이 410주였으며 그 중 283개체에서 자식 종자를 채종할 수 있었다(표 17).

표 17. 배추 3대병해 복합내병성 순계 육성을 위한 소포자 배양 결과

공여친 (F ₁ 조합)	이식 배수	식 물 수				비 고
		분화	개화	무화분 또는 무종자	채종가능	
VCS-3	288	249	229	75	154	
VCS-13	276	212	181	52	129	
계	564	461	410	127	283	

그러나 종자량이 극히 적은 계통이 다수 있었으며 나병성 검정 실험에 공시할 수 있을 정도, 즉 5립 이상이 채종된 개체는 약 82%인 233개체였다(표 18). 이들 중 종자수가 6립 이상인 223계통을 8월 16일에 뿌리혹병의 병토가 든 25공 연 결꽃트에 계통당 4립씩(종자수가 적은 계통은 2-3립씩) 파종하였다. 그 결과 25 계통이 발아하지 않았고 198계통에 대하여 바이러스를 접종할 수 있었다. 파종후 3주가 지났을 때 각 포기마다 어린잎 2장씩에 준비된 TuMV race 4의 접종원을 접종하였다. 앞의 바이러스병 저항성의 유전양식 구명시험에서 반수성 2배체의 이병성 계통임에도 감염증상을 나타내지 않는 개체가 있었으므로 이번에는 1차 접종 후 1주일정도 지났을때 다시 한번 더 접종하여 접종 오류에 의한 비 감염 주의 발생을 차단코자 하였다. 2차 접종이 끝난 후 25일 경에 각 포기를 뽑아 바이러스병 증상의 유무와 뿌리혹의 발생여부를 조사하였다. 이 시험에서 각 계

표 18. 배추 3대병해 복합내병성 F₁ 조합의 소포자 유래개체 채종 현황

채종량별 구분	F ₁ 조합별 개체 수		계
	VCS-3M	VCS-13M	
1-4립	25	25	50
5-10립	21	17	38
11-20립	9	13	22
21-30립	13	7	20
30립 이상	86	67	153
계	154	129	283

통마다4개체간의 이병성 차이를 나타내는 것은 없었다. 전체적으로 바이러스병과 뿌리혹병의 두가지 병에 복합저항성인 계통이 86 계통이었다. 이들에 대하여 무름병 내병성을 검정하여 3개병해 복합 내병성 계통을 선발코자 건전한 개체들을 비가림 하우스에 다시 정식하였다. 그리고 10월 10일경부터 PE필름을 터널로 피복하여 보온재배를 하였다. 더 이상 성장할 수 없다고 생각되는 11월 중순에 성엽을 이용하여 절취 엽병기부침지법으로 무름병 내병성을 검정코자 하였다. 그런데 이때에 바이러스 병징을 나타내는 계통이 10개, 뿌리혹병징을 나타내는 계통이 14개, 이 두가지 병징을 모두 나타내는 계통이 1개등 25계통이 복합내병성이 아닌 것으로 밝혀졌다. 이 결과를 1차조사에서 얻은 결과에 덧붙인 것이 표 19이다. 앞에서 바이러스병과 뿌리혹병 유전자가 독립유전을 하는 것으로 밝혀진 점을 감안하면 완전잡종을 소포자배양하였을 경우 바이러스병 감염주, 뿌리혹병감염주, 복합감염주, 복합내병성주가 1:1:1:1의 비율로 나타나야 한다. 그러나 표 19에서 보면 복합감염주율이 크게 낮아 이론 분리비를 나타내지 못하고 있다. 이러한 현상이 어떻게 하여 나타나는지 그 원인이 현재로서는 분명하지 못한 실정이다.

표 19. 배추 3대병해 복합내병성 F₁ 조합의 소포자 유래계통에 대한 바이러스병 및 뿌리혹병 집중 결과¹⁾

F ₁ 조합명	파종 계통수	조사 계통수	이병 계통수			복합 내병성 계통수	x ² 값 (1:1:1:1)
			바이러스병	뿌리혹병	복합		
VCS-3	125	111	21(29)	27(35)	17(17)	46(30)	6.28*
VCS-13	98	87	24(26)	12(18)	11(12)	40(31)	9.78*
계	223	198	45(55)	39(53)	28(29)	86(61)	12.02**

1) 8월 16일 뿌리혹병 병토에 파종하고 그 후 15일 제와 22일째에 바이러스 집중

* ()내는 생육후기 재조사때 확인된 계통을 합산한 것임

바이러스병 내병성 검정에 대하여는 유전양식 연구에서 소포자 유래의 반수성 2배체인 이병성친 계통이 접종후에도 감염되지 않은 개체가 있었으므로 다시 한번 바이러스만을 접종하여 확인코자 하였다. 지난 시험에서 종자가 적어 공시하지 못하였거나 파종은 되었는데 발아하지 않았던 것을 다수 포함하여 233계통을 1월 18일 온실에 파종하였다. 이들 중 발아하지 않은 계통이 33계통이 있었으므로 결국 200계통에 접종을 하고 병징을 육안으로 조사하는 한편 ELISA검정을 실시하였다. 육안검정 결과 전년도 시험에서 내병성이었던 계통중 8계통이 이병성처럼 병징이 보였는데 ELISA검정결과 모두 내병성으로 판명되었다. 한편 전년도 시험에서도 내병성이었고 이번시험에도 병징이 보이지 않아 내병성으로 생각되었던 계통중 6계통이 ELISA검정에서 이병성으로 나타났다. 이러한 결과를 종합한 것이 표 20이다. 표 19과 비교하였을때 검정된 계통수가 2개 더 많아지기는 하였지만 내병성 계통수가 116개에서 110개로 줄었고 그 결과 이병성 계통수가 84개에서 90개로 늘어났다. 그리하여 χ^2 -검정 결과 내병성 계통과 이병성 계통이 1:1로 분리하고 있음을 확인할 수 있었다. 그러나 여전히 내병성 계통수가 이병성 계통수보다 다소 많은 것을 볼 수 있다.

1차조사에서 바이러스병과 뿌리혹병에 저항성을 나타낸 86계통에 대하여 절취엽병기부침지법으로 5회 반복, 무름병의 접종시험을 실시하였는데 부표 2에서 보는 바와 같이 무름병징의 크기가 반복간에 별로 크지 않고 비교적 균일하게 나타났다.

표 20. 배추 3대병해 복합내병성 F₁ 조합의 소포자 유래 순계에 대한 바이러스병 내병성 검정 결과

소포자 배양	계 통 수				예상분리비	χ^2 값
	파종	조사	내병성	이병성		
VCS-3	129	114	61(5)	53(5)	1:1	0.56 ^{ns}
VCS-13	104	86	19(3)	37(1)	"	1.67 ^{ns}
계	233	200	110(8)	90(6)	"	2.00 ^{ns}

() 내는 ELISA 검정 결과 확인된 계통수

x^2 값의 유의성은 5% 수준에서 판정함

전체 86계통 중 16계통의 반복간 변이계수가 다소 크게 나타났는데 그 원인은 5 반복 중 한 반복의 병징이 다른 4반복의 병징과 큰 차이를 보였기 때문임을 알 수 있다. 따라서 이들 16계통에 한하여 특이한 병징 크기의 구를 제외한 4반복만의 평균을 구하여 전체 계통의 병징 크기별 분포를 나타내어 보았다(그림 4). 그 결과 병징의 길이가 가장 작은 것이 0.1cm였으며 가장 긴 것이 12.1cm였다. 가장 내병성이 강한 3계통의 병징 길이는 0.1, 0.2, 0.7cm로서 다른 계통들과는 큰 차이를 보였다. 그리고 내병성이 가장 약한 4계통의 병징 길이는 12.1, 9.4, 9.2, 8.5cm였다. 무름병 내병성 친으로 이용되었던 SR-5는 그 병징 길이가 5.8cm로서 중간정도의 내병성을 나타내었다. 이러한 결과를 종합하여 보면 병징의 길이가 2.8cm 미만인 7계통은 내병성 계통이라 할 수 있으며 그 중 0.7cm 미만인 3계통은 특별히 내병성이 강한 계통이라고 할 수 있을 것 같다. 내병성이 약한 계통 중 병징 길이가 평균 12.1cm인 계통은 배추의 무름병에 대한 유전, 생리등 각종 연구에 있어서 이병성 친으로 넓게 이용할 수 있는 좋은 재료가 될것으로 기대된다. 앞의 무름병 내병성의 유전연구에 이용되었던 이병성 계통의 이병성 정도가 현저하지 않아 각종 집단의 내병성 정도별 분포가 정상적인 정규분포를 나타내지 못하였던 것을 생각하면 내병성이 아주 약한 계통이 선발되었다는 것은 뜻밖의 좋은 결과라고 할 수 있을 것 같다. 내병성이 아주 강하였던 3계통중 한 계통은 생육후기에 뿌리혹병에 감염되어 이 병에는 약한 계통임을 알수 있었다. 다른 한 계통은 액아가 여러개 자라나는 특성을 보여 곧바로 F₁품종의 친으로는 이용할 수가 없을 것으로 판단되었다. 남은 한 계통(VCS-13M-55)은 본래의 내병성친인 SR-5의 형질을 많이 닮았었다. 이와 4개의 내병성 계통중에는 바이러스에 감염되는 것이 2계통 있었으므로 앞으로 이용 가능한 복합내병성 계통은 모두 4개라고 할 수 있을 것 같다.

이 시험을 통하여 극단적으로 내병성이 약하거나 강한 계통이 선발되었다고 할 수 있는데 이들에 대하여는 포장에서의 반복 시험이 필요할 것으로 생각된다. 내병성이 강한 7계통의 모양을 사진으로 나타내었으므로 참고 할 수 있으리라 생각된다(그림 5).

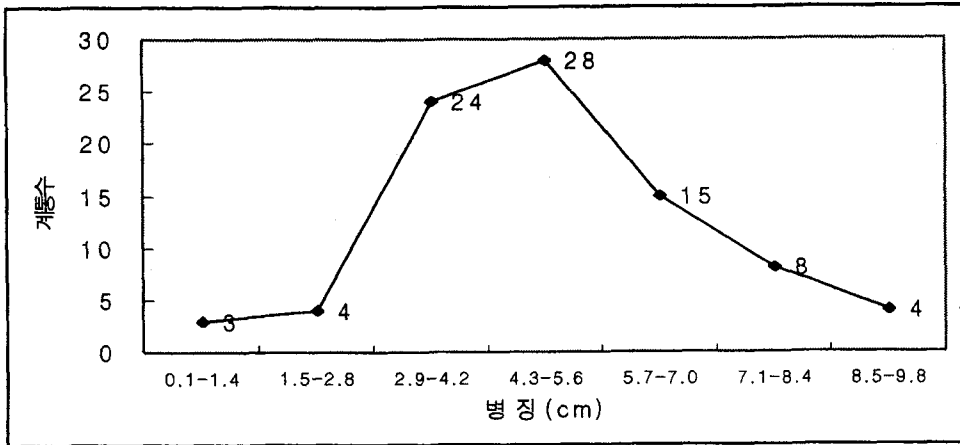


그림 4. 바이러스병과 뿌리혹병에 복합내병성인 소포자 유래 계통의 무름병 병징 길이별 분포

5. 복합내병성 순계를 이용한 F₁조합 성능 검정

배추의 3대병해 복합내병성 순계 5계통(1계통 추가)을 이용한 복합내병성 1대 잡종을 육성코자 하였다. 선발된 5개의 순계는 본래 한쪽 친이 동일하고 다른 한쪽친만이 서로 다른 2개의 F₁ 조합(VC-1×SR-5와 VC-40×SR-5)에서 유래된 것이므로 그들간에는 큰 잡종강세 현상을 기대하기 어려울 것이라고 생각하였다. 따라서 이들 5계통간에는 F₁조합을 작성하지 않고 이들을 한쪽 친으로 이용한 조합을 작성토록하였다. 비록 바이러스병과 뿌리혹병의 내병성이 우성 단인자에 의해 지배되는 것으로 밝혀졌지만 우성대립인자의 동형접합체가 이형접합체보다 내병성의 발현에 안정성을 가질 것으로 생각하여 다른 한쪽친을 기존의 내병성 계통중에서 선발하기로 하였다. 앞의 표 7에서 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 순계를 선발한 바 있는데 이들 중 형태적으로 차이가 큰 3계통(VC-1, VC-26, VC-56, 사진 참조)과 근원이 전혀 다른 한 계통 1003A-M-2를 한쪽친으로 공시하였다 그리고 이들 두병에는 이병성이면서 구름병에는 내병성인 한계통 SR-6와 3가지 병해에 모두 약한, 그러나 품질 등이 우수한 한 계통 An111을 이용하였다.

전체 11개친의 꽃봉오리 자가수분과 30개 F₁ 조합의 개화 타가수분을 인공으로 실시하였는데 그 결과를 표 21에서 볼 수 있다. 자가수분의 경우 4개친에서 종자를 얻을 수가 없었으며 F₁조합의 경우 6개조합에서 종자량이 극히 적었다. 그 중 VC-1 계통은 자가수분의 종자생산량이 0이었을뿐 아니라 5개의 복합내병성 계통과의 F₁ 조합에서도 종자 생산량이 아주 적었다. 이 계통은 전체적으로 종자 생산능력이 낮아 F₁ 조합의 능력이 우수하더라도 이용할 수 없을것으로 간주되었다. 한편 3대병해 복합 내병성 계통으로 선발되었던 5계통 중 "VCS-13M-55" 계통은 자가수정된 종자가 없어졌기 때문에 즉 자가수정이 잘 되지 않아 멸종되었기 때문에 제외되었다. 결과적으로 9개친과 20개 조합에 대하여 그들의 생산력을 검정하게 되었는데 그 결과가 표 22이다. 수확기에 육안으로 판단하여 생장정도, 결구력, 결구형 등 전혀 F₁ 품종으로서의 가치가 2반복 모두에서 없다고 판단되는 12개 조합은 제외하고 남은 8개 조합에 대하여 주중, 잎수 등 주요 형질에 대하여 조사하였다. 그 결과 4개 조합은 이들 형질에 있어서 잡종강세 현상이 거의 나타나지 않았으며 남은 4개 조합만이 상당히 강한 잡종강

표 21. 배추 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병의 복합내병성 F₁ 품종 육성을 위한 교배 조합 및 채종 성적

계통명	VCS-3 M-192	VCS-3 M-291	VCS-1 3M-51	VCS-1 3M-55	VCS-1 3M-57	1003A -M-2	SR- 6	An 111	VC-5 3	VC- -1	VC- 26
VCS-3M-192 28						988	455	317	247	12	603
-291		81				421	241	370	1,067	12	306
VCS-13M-51			42			491	455	806	985	75	203
55				0		87	116	470	268	11	3
57					143	55	360	263	776	16	12
1003A-M-2						46					
SR-6							0				
An111								16			
VC-53									92		
VC-1										0	
VC-26											1

표 22. 배추 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병의 복합내병성 조합 선발 시험의 특성 조사 결과

파종 번호	계통명	숙기	엽맥색	석회결 핍증	초자	병해	외형 상크 기	엽장 (cm)	주중 (kg)	구중 (kg)	구고(cm)	외엽 수(매)	내엽 수(매)	판정
F-1	VCS-3M-192⊗	중	담녹	-	직립	-	중	39	2.3	1.3	29	13	27	40
2	" ×1003A-M-2	조	"	-	"	노균, 충	대	39	2.9	1.9	33	11	39	
3	" ×SR-6	만	백	-	개장	-	대	-	-	-	-	-	-	
4	" ×An111	중	담녹	-	반개장	-	대	-	-	-	-	-	-	
5	" ×VC-53	중	"	-	"	-	대	42	3.4	2.3	34	14	45	양
6	" ×VC-26	중	"	-	"	-	중대	43	2.4	1.5	35	10	31	
7	VCS-3M-291⊗	중	"	-	"	-	중	42	2.9	1.9	34	12	38	50
8	" ×1003A-M-2	만	"	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
9	" ×SR-6	만	백	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
10	" ×An111	조	녹	-	"	-	대	41	2.8	1.8	33	12	36	
11	" ×VC-53	조	담녹	-	"	-	대	40	3.7	2.5	29	17	42	양
12	" ×VC-26	만	"	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
13	VCS-13M-51⊗	중	백	-	"	바이러스	중	38	3.0	2.0	28	1	39	55
14	" ×1003A-M-2	조	담녹	-	"	-	대	41	3.5	2.4	32	13	47	양60
15	" ×SR-6	중	녹	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
16	" ×An111	조	"	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
17	" ×VC-53	중	백	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
18	" ×VC-26	"	담녹	-	"	-	중	-	-	-	-	-	-	
19	VCS-13M-57⊗	"	백	-	"	-	대	37	2.6	1.6	27	12	33	45
20	" ×1003A-M-2	"	담녹	-	"	-	중대	39	3.0	2.0	29	14	39	
21	" ×SR-6	"	"	-	"	뿌리썩음	대	-	-	-	-	-	-	
22	" ×An111	조	"	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
23	" ×VC-53	"	"	-	"	-	대	-	-	-	-	-	-	
24	" ×VC-26	"	"	-	"	-	대	42	2.8	1.8	30	14	35	
25	1003A-M-2⊗	중	"	-	"	-	중	37	3.0	2.0	30	13	40	53
26	SR-6⊗	"	"	-	"	-	중	35	2.6	1.6	21	18	20	38
27	An111⊗	"	녹	-	직립	-	중대	39	3.4	2.0	26	21	40	61
28	VC-53⊗	"	"	-	반개장	-	대	39	3.3	2.4	21	19	37	56
29	VC-26⊗	"	담녹	-	"	-	대	42	2.6	1.7	27	14	32	46

세 현상을 보였다. 그런데 이들 4개의 잠종강세 현상이 크게 나타난 조합을 보면 VCS-3M 유래 두 계통과의 사이에는 VC-53 계통이, VCS-13M 유래 두 계통과의 사이에는 1003A-M-2계통이 높은 잠종강세 현상을 보였다(표 23). 즉 VCS-3M과 VCS-13M 유래의 복합내병성 계통이 가지는 유전자 조성이 서로 크

계 달라서 잡종강세 현상을 크게 나타낼 F₁ 조합친이 서로간에 현저히 다르다는 것이다. 이는 우리가 육성한 복합내병성 계통이 비교적 다양하며 이들을 친으로 이용한 F₁ 품종을 여러 가지로 육성할 수 있음을 시사하는 것이다.

표 23. 배추 3대병해 복합내병성 F₁ 조합 검정에서 선발된 우량 조합의 잡종강세 현상

-VCS-3M유래 계통-

계통별 F ₁ 조합	주 중		구 고		잎 수	
	실측치	잡종강세(%)	실측치	잡종강세(%)	실측치	잡종강세(%)
VCS-3M-192⊗	2.3	-	29	-	40	-
" ×VC-53	3.4	121	34	136	60	125
VCS-3M-291⊗	2.9	-	34	-	50	-
" ×VC-53	3.7	119	29	106	59	111
VC-53⊗	3.3	-	21	-	56	-

VCS-13M 유래 계통

계통별 F ₁ 조합	주 중		구 고		잎 수	
	실측치	잡종강세(%)	실측치	잡종강세(%)	실측치	잡종강세(%)
VCS-13M-51	3.0	-	28	-	55	-
" ×1003A-M-2	3.5	117	32	110	60	111
VCS-13M-57	2.6	-	27	-	45	-
" ×1003A-M-2	3.0	107	29	102	53	108
1003A-M-2	3.0	-	30	-	53	-

선발된 F₁조합은 다시 검정하여 농가에 보급할 가치가 있는지를 판단하게 될 것이다.

6. 복합내병성 양질, 우량 1대 잡종 육성

협동 연구기관인 (주) 농우바이오가 3년동안 우량 1대잡종 육성을 위하여 수행한 내용을 보면 먼저 표 24와 같이 전체 4,628 계통을 계통당 약 20주 씩 공시하여 고정 및 미고정 계통 3,376 개체를 선발하였다. 이 선발 개체들은 주로 성숙모본으로 재배하면서 후대분리를 위한 자식종자 채종과 자가불화합성의 인자 동정 및 활력을 검정하였으며 선발된 고정계통은 계통간의 자가불화합성 인자형 동정 및 F₁ 조합작성을 하였다. 이와 동시에 이 선발개체 및 미숙모본에서 얻은 계통으로 바이러스병 및 뿌리혹병과 바이러스+뿌리혹병의 복합내병성 접종실험을 통하여 바이러스 내병성 416, 뿌리혹병 내병성 1,028, 복합내병성 724 개체를 선발하였다(표 25). 이 내병성 선발 개체는 저온처리 후 후대 분리를 위한 자식종자 채종을 하였으며 각 작형별 계통 성능검정을 거쳐 내병성이면서 형질이 우수한 계통을 선발하는 고정작업을 계속하였다.

각 작형별 F₁ 성능검정은 총 1,155조합을 공시하여 우량시 되는 총 26조합을 선발하였으며(표 26) 이 선발조합은 시설내 격리된 곳에서 꿀벌 방사에 의한 F₁ 종자 생산시험을 거쳐 농가 실증시험을 하였다.

이상의 과정을 거쳐 최종적으로 선발된 한 조합이 명명과 동시에 신품종으로서의 판매를 신고하게 되었는데 그 특성을 보면 표 27에서 보는바와 같다. 바이러스병과 뿌리혹병에 복합내병성이며 노균병에도 비교적 강한 것으로 나타났다. 그리고 속잎이 노란색인 양질이며 조생종으로서 재배일수가 짧은 장점이 있다. 이 품종은 주로 여름철 고랭지 작형에 재배될 것이다.

뿌리혹, 바이러스병, 무름병병에 모두 내병성을 가진 품종을 아직 육성하지는 못했으나 앞으로 머지 않아 육성될 것으로 기대하고 있다.

표 24. 계통 분리 시험을 위한 공시 계통수 및 선발 우량 개체수('01-03, 3개년)

공시년도	공시계통수	선발개체수
2001	1,078	865
2002	1,595	906
2003	1,955	1,605
계	4,628	3,376

표 25. 바이러스병, 무사마귀병 및 복합저항성 계통 선발 결과 ('01-03, 3개년)

공 시 년 도	무사마귀병	바이러스병	복합내병성 ^Z
2001	185	125	170
2002	230	148	152
2003	613	143	402
계	1,028	416	724

표 26. F₁ 조합 능력검정 결과 선발 조합수 ('01-03, 3개년)

공시년도	공시조합수	선발조합수	비 고
2001	340	11	
2002	327	7	
2003	488	7	
계	1,155	25	

표 27. 배추 신품종 판매.신고 내역(2002년)

품 종 명	생산판매 신고번호	특 성
CR여름맛	02-0002-2002-41	무사마귀병, 노균병, 내병성, 바이러스 비교적 强, 내부색 노랑

제 4 장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

제 1절 연구개발 목표

본 연구는 기존의 보유하고 있는 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 집단을 검정하여 복합내병성 개체를 선발하고 이들의 소포자를 배양하여 다수의 순계(반수성 2배체)를 1차로 육성한다. 이 순계의 내병성을 다시 검정하여 복합 내병성 순계를 선발한 후 기 보존중인 무름병 내병성 순계(반수성 2배체)와 교잡함으로써 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병의 내병성 인자를 함께 보유하고 있는 F_1 조합을 2차로 양성한다. 셋째로 이 F_1 조합을 자가수분 및 양친에 여교잡하여 F_2 세대를 양성한 후 3가지 병의 유전 양식을 구명함과 동시에 넷째로 바이러스병과 뿌리혹병의 분자표지인자 개발에 이용한다. 다섯째는 이 F_1 조합을 소포자 배양하여 많은 순계를 양성한 후 3가지 병에 대한 내병성을 검정함으로써 3가지 병해 복합내병성 순계를 양성한다. 그리고 여섯째로 이 순계를 이용하여 복합 내병성 우량 F_1 품종을 육성하는 것을 최종 목표로 하였다.

한편 기존의 보유계통 및 재료를 이용하여 바이러스병과 뿌리혹병에 복합 내병성인 계통을 분리 육성하는 한편 고정되는 계통들간의 F_1 조합을 검정하여 우량 복합 내병성 F_1 품종을 육성코자 하였다.

제 2절 목표에 대한 달성도

일련의 연구결과 바이러스병과 뿌리혹병의 2대병해 복합 내병성 순계를 소포자 배양 후 내병성 검정으로 34계통 육성할 수 있었다. 그리고 계통 분리 시험에서 724계통 또는 개체를 추가로 선발할 수 있었다. 바이러스병과 뿌리혹병에 저항성인 그러면서 자가불화합성 인자형이 SaSa, SbSb로 서로 다른 5계통과 무름병에 내병성인 두 계통을 교잡하여 3대 병해 내병성 인자를 함께 가진 10조합을 양성하였다. 그 중 두 조합을 유전분석에 이용하는 한편 소포자 배양에 공시하였다. 유전분석 결과 바이러스병과 뿌리혹병이 모두 단인자 우성에 의해 내병성이 나타나는 것으로 밝혀졌으나 바이러스병의 내병성 분석은 바이러스 병징의 발현이 순계내에서도 개체 간 차이를 나타내어 상당히 까다롭다는 것을 알게되었다.

이 두 가지 병의 내병성인자는 서로 독립유전임도 밝혀졌다.

무름병의 유전양식은 기존의 보고들과 마찬가지로 양적유전이였다. 그전에 배추 포기를 다치지 않게 외엽을 따서 기부침지법으로 접종하는 경우 배추가 생육적온보다 다소 낮은 저온에서 거의 성체에 가깝게 자란 것을 이용하는 것이 반복간 차이가 적어 비교적 정확한 선발이 가능할 것으로 추측되었다.

소포자 배양 결과 두 조합 모두 배양이 잘되었으며 조합별로 270개 이상의 배를 얻어 각각 249개체와 212개체, 합계 461개체의 식물을 얻을 수 있었다. 이들 중 2배체로서 종자생산이 가능한 개체가 각각 154개체와 129개체로서 합계 283개체였다. 이들 중 223계통을 검정하여 바이러스병과 뿌리혹병에 복합내병성인 계통을 조합별로 46계통과 40계통, 합계 86계통을 선발할 수 있었다. 이들의 무름병에 대한 내병성을 검정코자 생육 후기까지 재배한 결과 일부 계통에서 바이러스병과 뿌리혹병이 발견되어 최종적으로 조합별로 30계통과 31계통, 합계 61계통의 복합내병성 순계가 선발할 수 있었다. 1차로 선발된 34계통과 합하여 95계통의 2대 병해 복합내병성 순계가 양성된 것이다. 한편 86계통에 대하여 무름병 저항성을 검정한 결과 병질 길이가 0.1~12.1cm였으며 평균은 5.1cm였다. 병질 길이를 7등급으로 나누고 제 2등급의 2.8cm이하인 계통을 조사한 결과 모두 7계통이었다. 이들 중 최종적으로 이용 가능한 3대 병해 복합 내병성 계통이 4개로 압축되어 선발되었다.

이 복합내병성 계통과 기타 다른 내병성 또는 양질 계통과의 F_1 조합을 작성하여 조합능력을 검정하고 우량시 되는 4조합을 선발할 수 있었다. 이들은 계속하여 앞으로 검토될 것이다. 한편 관행적인 방법으로 육성 선발된 바이러스병과 뿌리혹병 내병성 계통을 이용한 F_1 조합을 1,155개 시험하고 우량시 되는 25조합을 선발하였다. 이들은 채종시험, 지역적응시험 등을 거쳐 우량품종으로 발전시켜갈 것이다. 그런데 2001년도까지 우수성이 인정되었던 한 조합이 2002년도 농가실증시험 등에 계속 우수성을 나타내어 바이러스병, 뿌리혹병, 노균병의 복합내병성 신품종으로 “CR 여름 맛”이라는 품종명으로 판매 신고하게 되었다.

바이러스병과 뿌리혹병의 내병성인자에 대한 분자표지인자를 개발코자 10mer random primer로 bulked segregant analysis를 하였다. 거의 2년여 동안 primer 1300개를 이용하였으나 아직 뿌리혹병에 대한 표지인자를 찾지 못하였다. 그런데 바이러스 병에 대한 표지인자를 우선 3개를 선발하였는데 이들의 개체 및 계통

검정이 현재 진행 중에 있다. 이 표지인자 개발은 SCAR 표지인자가 개발될 때까지 계속할 것이다.

제 3절 목표달성에 의한 관련 분야에의 기여도

배추의 바이러스병, 뿌리혹병 및 무름병의 유전양식이 구명됨에 따라 효과적인 육종, 즉 내병성 계통의 육종연구가 효과적으로 진행될 수 있게 되었다. 그리고 배추 육종에 있어서 소포자 배양기술의 효과를 증명함으로써 앞으로 여러 가지 육종목표마다 소포자 배양 기술을 적용함으로써 조기에 안전한 순계를 즉 F_1 조합친을 육성할 수 있게 되었다. 바이러스병과 뿌리혹병의 복합 내병성 순계 및 여기에 무름병 내병성까지 합쳐진 3대병해 복합 내병성 순계는 앞으로 우량 복합 내병성 F_1 품종 육성에 이용되어 지금까지는 없었던 3대 병해 복합 내병성 품종이 다수 육성될 수 있을 것이다. 아직은 개발되지 못하였지만 분자표지 인자가 개발되면 복합 내병 품종 육성의 효율이 더욱 높아질 것이며 병균의 접촉없이 내병성 개체 또는 계통을 선발할 수 있으므로 포장 오염 등이 방지되고 병원균의 취급이 생략된 내병성 품종 육성이 가능해 질 것이다.

제5장 연구개발 결과의 활용계획

본 연구는 3년이라는 짧은 기간 동안에 수행된 것으로서 분자표지인자 개발이 아직 완결되지 못한 아쉬움이 있다. 이는 지속적으로 시험하여 활용 가능한 표지 인자를 개발해 갈 것이다. 3대 병해 복합내병성 계통이 육성되고 그 육성체계가 확립됨에 따라 앞으로는 필요한 노균병 등 다른 병의 내병성 인자가 추가된 4대 또는 5대 병해 복합내병성 계통도 쉽게 육성할 수 있게 되었다.

선발된 3대 병해 및 2대 병해 복합내병성 계통은 계속 우량복합내병성 품종 육성의 자료로 이용될 것이며 이렇게 육성된 우량품종은 국내 작황의 안정을 기함과 동시에 해외 수출용으로 각광을 받을 것으로 기대된다.

신규로 육성된 복합 내병성 F₁ “CR 여름 맛”은 고랭지 여름 재배에 보급하여 여름 배추의 안정 생산에 기여하게 될 것이다.

제6장 연구개발 과정에서 수집한 해외과학 기술 정보

해당사항 없음

제 7 장 인용 문헌

Apuya, N. R. 1988. Restriction fragment length polymorphisms as genetic markers in soybean, *Glycine max.* (L.) merrill. Theor. Appl. Genet. 75 : 889-901

Ashizawa, M., H. Yoshikawa and K. Hida. 1974. Studies on the breeding of clubroot resistance in crucifer crops. (In Japanese). Annu. Rep., Plant Breed. Section, Veg. Ornamental Crops Res. Stn. 1:53-61

Ashizawa, M., H. Yoshikawa, K. Hida, T. Kameno and T. Takatuka. 1978. Studies on the breeding of clubroot resistance in cole crops. I Screening of cole crops for clubroot-resistance. (In Japanese with English summary). Bull. Veg. Ornamental Crops Res. Stn. Ser. A 4:1-25

AVRDC, 1984a. progress report 1982, Chinese cabbage pathology, -turnip mosaic virus strain detection-. p 75-85, AVRDC. Taiwan, Roc.

AVRDC, 1984b. Progrss report summaries 1983. p. 16. AVRDC. Taiwan. Roc.

AVRDC. 1985, Chinese cabbage. in AVRDC progress report summaries 1985. pp 2-9. AVRDC. Taiwan, Roc.

Ayers, G. W. 1957. Races of *Plasmodiophora brassicae*. Can, J. Bot. 35 923-932.

Ayers, G. W. and K. E. Lelacheur. 1972. Genetic of resistance in rutabaga to two races of *Plasmodiophora brassicae*. Can. J. Plant, Sci. 52 : 897-900.

Barret, P., R. Delourme, N. Foisset, M. Renard. 1998. Development of a SCAR(sequence characterised amplified region) marker for molecular tagging of dwarf BREIZH(Bzh) gene in *Brassica napus* L. Theor. Appl. Genet. 97:828-833

Black, W. 1952. A genetical basis for the classification of strains of *Plasmodiophora infestans*. Roy. Soc. Edinburgh Proc. Sect. B. 45 : 36-51.

Botstein, D., R. L. White, M. Scolnick and R. W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. Am. J. Hum. Genet. 32: 314-331

Brar, D. S. 2002. Molecular marker assisted breeding. In; Molecular Techniques in Crop Improvement. eds. S. M. Jain, D. S. Brar and B. S. Ahloowalia. pp. 55-83. Kluwer Academic Publishers :

Green, S. K. and T. C. Deng. 1985. Turnip mosaic virus strains in cruciferous host in Taiwan. Plant Dis. 69 : 28-31.

Jang, C. S., Z. Y. Piao, Y. J. Park and Y. P. Lim. 2001. Development of anther-derived lines resistant to clubroot disease(*plasmodiophora brassicae*) in Chinese cabbage. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 42:689-694

Jun, W. and J. K. Kim. 1999. Studies on the screening for soft rot disease. Resistance of Chinese cabbage plants and it relationship to biochemical characteristics of the tissues. Daesan Res. Rept. 7:109-121. Daesan Rural Culture Foundation.

Jun, W. 1998. Establishment of methods in evaluating the susceptibility of Chinese cabbage(*Brassica campestris* ssp.) to soft rot disease. Thesis paper of MS. Chung-ang Univ. pp. 1-66

Kang H. J. 2003. Single spore isolates and resistant breeding of *plasmodiophora brassica*. J. Kor. Crucifer res. Coop. 3:57-68

Kikumoto, T. 1981. Studies on soft rot disease of Chinese cabbage in Japan. in Chinese cabbage. Proc. 1st. Int'l. Symp : 113-127. eds. N. S. Talekar and T. D. Griggs. AVRDC. Taiwan Roc.

Kim, Y. H. and S. S. Lee. 1997. Microspore culture of Chinese cabbage(*Brassica campestris* ssp. *pekinensis*) and Korean turnip(*B. campestris* ssp. *rapa*). J. Kor. Soc. Hort. Sci 38:368-371

Lammerink, J. 1964. Physiological specialization of *plasmodiophora brassicae woron* . in New Zealand. New Zealand J. Agri. Res. 7 : 37-41.

Lammerink, J. 1965. Six Pathogenic races of *Plasmodiophora brassicae* Wor. in New Zealand. New Zealand J. Agri. Res. 8 : 156-164.

Lee, S. S., J. K. Kim, W. Jun and W. J. Choi. 2001. Development of Dihaploid Lines Resistant to *Erwinia carotovora* in Chinese Cabbage. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 42:682-684

Lee, S. S. and A. J. Kim. 2000. Effect of cultural vessel, plant growth regulator, illuminating and shaking on embryo induction and growth in microspore culture of heading Chinese cabbage. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 41:16-20

Lee, S. S., H. B. Suh, W. J. Choi. 2001. Population Improvement for Multi-Resistance to Turnip Mosaic Virus and Clubroot Disease by Recurrent Selection in Chinese cabbage. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 42(6) :685-688

Lee, S. S., J. Y. Yoon and H. M. Yoon. 1982. An *in vitro* pollination technique for detecting self-incompatibility in cruciferous crops. Korean J. Breed. 14:308-313

Lee, S. S., K. H. Lee and C. I. Choi. 1976. Detection of self-incompatibility by Means of Microscopic observation of Empty pollen Grain on the Stigma in Chinese cabbage. Kor. J. Breeding 3:161-169

Lee, S. S. and Y. H. Kim. 1997. Microspore culture of Chinese cabbage(*Brassica campestris* ssp. *pekinensis*) and Korean turnip(*B. campestris* ssp. *rapa*). J. Kor. Soc. Hort. Sci. 38:368-371

Naiki, T., K. Kageyama, K. Tanahashi, and H. Ikegami, 1981. The relationship between root hair infection and club formation in Chinese cabbage. in Chinese cabbage. Proc. 1st. Int'l. Symp. : 91-104. eds. N. S. Talekar and T. D. Griggs. AVRDC. Taiwan Roc.

Otani, F., S. Maruyama, E. Matsumoto, Y. Nagase, and M. Serizawa. 1981. Studies on the breeding of clubroot resistance in Chinese cabbage and Chinese mustard. (I) Inheritance on the resistance and Characters of resistant sources for clubroot-resistance. Bull. Nagano Veg. & Ornam. Crops Exp. Sta, Japan. 1 : 2-8 (in Japanese with English summary)

Otani, F., S. Maruyama, M. Tsukada, and Y. Nagase, 1982. Studies on the breeding of clubroot resistance in Chinese cabbage and Chinese mustard. (II) Process of breeding the clubroot resistant line of Nozauana, a variety of Chinese mustard, and its characteristics. Bull. Nagano Veg. & Ornam. Crops Exp. Sta, Japan. 1 : 2-8 (in Japanese with English summary)

Paran, I. and R.W. Michelmore. 1993. Development of reliable PCR-based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. Theor. Appl. Genet. 86:985-993

Piao, Z. Y., Y. J. Park, S. R. Choi, C. P. Hong, J. Y. Park, Y. S. Choi and Y. P. Lim. 2002. Conversion of an AFLP marker linked to clubroot resistance gene in Chinese cabbage into a SCAR marker. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 43: 653-659

Prabhu, K. V., D. J. Somers, G. Rakow, R. K. Gugel. 1998. Molecular markers inked to white rust resistance in mustard *Brassica juncea*. Theor. Appl. Genet. 97:865-870.

Provvidenti, R. 1980. Evaluation of Chinese cabbage cultivars from Japan and the people's Republic of China for resistance to turnip mosaic virus and cauliflower mosaic virus. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 105(4) : 571-573.

Provvidenti, R. 1981. Sources of resistance to turnip mosaic virus in Chinese cabbage. in Chinese cabbage, Proc, 1st, Int'l. Symp. 423-429, eds. N. S. Talekar and T. D. Griggs. AVRDC, Taiwan, ROC.

Ren, J. and M. H. Dickson. 1997. Release of four soft rot resistant Chinese cabbage line C-26, 27, 28, and 29. Cornell Univ., Itaca, NY. U.S.A.

Ren J. P., R. Petzoldt, M. H. Dickson. 1996. Improving the level of resistance to soft rot, *Erwinia carotovora*, by recurrent selection in *Brassica rapa*. *Cruciferae New*. 18:124-125

Ren J. P., R. Petzoldt, M. H. Dickson. 2001a. Screening and identification of resistance to bacterial soft rot in *Brassica rapa*. *Euphytica* 18:271-280

Ren J. P., R. Petzoldt, M. H. Dickson. 2001b. Genetics and population improvement of resistance to bacterial soft rot in Chinese cabbage. *Euphytica* 117:197-207

Strandberg, J. O. and P. H. Williams. 1967. Inheritance of clubroot resistance in Chinese cabbage. *Phytopathology* 57 : 330

Suh, S. K. 1993. Production of monoclonal antibodies against turnip mosaic virus and their application to strain identification and resistance genetics in Chinese cabbage. Ph. D, Thesis. Seoul. Nat'l. Univ. pp 1-98.

Suh, S. K., S. K. Green and H. G. Park. 1995. Genetics of resistance to five strains of turnip mosaic virus in Chinese cabbage. *Euphytica* 81 : 71-77

Vos P. R. H., M. Bleeker, M. Reijans, T. van de Lee, M. Hornes, A. Frijters, J. Pot, J. Peleman, M. Kuiper and M. Zabeau. 1995. AFLP : a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.* 23:4407-4414

Wallace, D. H. 1979a. Interaction of S-alleles in sporophitically controlled self-incompatibility of *Brassica*. *Theor. Appl. Genet.* 54:193-201

Wallace, D. H. 1979b. Procedures for identifying homozygous and

heterozygous S-allele genotypes of Brassica for efficient hybrid seed production. Theor. Appl. Genet. 54:249-265

Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski and S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res. 18:6531-6535.

Williams, P. H. and J. C. Walker. 1963. Races of clubroot in North America. Plant Dis. Rep. 47 : 608-611.

Williams, P. H. 1966. A system for the determination of races of *plasmiodiophora brassicae* that infect cabbage and rutabaga. Phytopathology 56:624-626.

Wit, F. and M. van De Weg. 1964. Clubroot resistance in turnips (*B.campestris*). physiological race of the parasite and their identification in mixture, Euphytica 13 : 9-18.

Yoon, J. Y., S. K. Green and R. T. Opena. 1993. Inheritance of resistance to turnip mosaic virus in Chinese cabbage. Euphytica 69 : 103-108.

Yoon, M. K., W. J. Kang, J. S. Kim, J. G. Woo, J. S. Han and J. Y. Yoon. 1997a. TuMV resistant Chinese cabbage lines 'wonye 20020-20027'. Korean J. Breed. 29:508

Yoon, M. K., W. J. Kang, J. S. Kim, J. S. Han and J. Y. Yoon. 1997b. TuMV resistant Chinese cabbage lines 'wonye Nos. 20028-20032'. Korean J. Breed. 29:508

Yoon, M. K., J. G. Woo, J. Y. Yoon, J. S. Kim, W. J. Kang and J. S. Han 1996. Breeding TuMV resistant Chinese cabbage lines Korean J. Breed. 28:485

Yoshikawa, H. 1981. Breeding for clubroot resistance in Chinese cabbage. in Chinese cabbage, Proc, 1st, Int'l. Symp. 405-413. eds. N. S. Talekar and T. D. Griggs. AVRDC, Taiwan, ROC.

Yoshikawa, H., M. Ashizawa and K. Hida. 1978. Studies on the breeding of clubroot resistance in crucifer crops. (In Japanese). Annu. Rep. Plant Breed. Section, Veg. Ornamental Crop. Res. Stn. 5:123-152

Yoshikawa, H., M. Ashizawa and K. Hida. 1979. Studies on the breeding of clubroot resistance in crucifer crops. (In Japanese). Annu. Rep. Plant Breed. Section, Veg. Ornamental Crop. Res. Stn. 6:117-143

Yoshikawa, H., M. Ashizawa and K. Hida. 1980. Studies on the breeding of clubroot resistance in crucifer crops. (In Japanese). Annu. Rep. Plant Breed. Section, Veg. Ornamental Crop. Res. Stn. 7:115-138

부표 1. (표 8의 부표). 배추 바이러스병과 뿌리혹병의 복합내병성 계통의 주요 원예적 형질

과종번호	주중 (kg)	구중 (kg)	엽장 (cm)	내엽수	외엽수	엽수	결구긴도
VC-1	1.2	0.85	32	38	11	49	4.4
2	0.86	0.62	30	37	11	48	3.4
3	1.1	0.76	32	38	12	50	4.0
4	0.8	0.42	34	28	14	42	2.3
5	1.08	0.68	33	36	10	46	3.9
6	1.5	1.04	37	27	19	46	2.8
8	1.3	0.61	39	21	14	35	3.8
10	1.14	0.78	31	32	12	44	3.4
11	1.1	0.64	31	23	13	36	3.9
12	1.3	0.78	40	32	9	41	3.8
13	1.38	0.82	37	24	15	39	3.7
14	0.74	0.81	33	29	11	40	2.3
15	2.24	0.4	40	31	11	42	5.7
17	1.81	1.3	43	31	16	47	2.5
18	1.9	1.1	37	29	13	42	5.5
19	1.72	1.24	40	22	17	39	3.9
20	0.66	0.86	35	27	8	35	2.3
21	0.94	0.36	41	19	9	28	2.7
22	1.74	0.48	40	30	13	43	4.6
26	1.9	1.1	43	24	17	41	3.5
27	1.18	1.9	30	26	9	35	3.4
30	1.64	0.6	43	28	11	39	4.6
38	2.34	0.94	40	34	14	48	6.3
39	1.82	1.42	40	35	7	42	4.4
40	1.56	0.9	38	31	12	43	4.6
41	2.04	0.896	45	34	7	41	6.2
44	2.28	1.18	45	31	18	49	4.2
45	1.7	1	38	35	7	42	5.6
47	2.4	1.1	39	42	12	54	2.3
53	2	0.48	38	15	23	38	5.1
평균	1.51	0.9	37.5	29.6	12.5	42.1	3.97
표준편차	0.49	0.33	4.4	6.06	3.7	5.3	
분산	0.25	0.11	19.8	38.0	14.3	29.9	
변이계수	32.6	38.2	11.7	20.5	29.8	12.8	
최대	0.74	0.4	30	15	7	28	
최소	2.4	1.24	45	42	17	54	

부표 2. 소포자 유래 계통중 1차로 선발된 바이러스병과 뿌리혹병 복합내병성 계통의 무름병 저항성 검정 결과

구분	계통명	1차	2차	3차	4차	5차	평균	변이 계수	차후 이병개체	
		24℃, 48h			30℃, 24h				바이러스	뿌리혹병
1	VCS-3-M-9	4.5	5	6.5	6.5	3.5	5.20	25.07		
2	15	6	4.5	6.5	7	4.5	5.70	20.19		○
3	17	7.5	5	3.5	3.5		4.88	38.72		
4	22	2.5	3.5	2.5	2	4	2.90	28.33		
5	36	3.5	4.5	2.5	4.5	3.5	3.70	22.61		
6	50	11	15	13	12.5	9	12.10	18.57		
7	62	4.5	7	7	5	4.5	5.60	23.11		
8	66		0	0	0	0.7	0.18	200.00		○
9	71	3.5	3.5	4	5.5	3	3.90	24.66	○	
10	74	5.5	5.5	5.5	7.5	6.	6.00	14.43	○	
11	76	4	3	4.5	3.5	2.5	3.50	22.59		
12	80	4	6	5.5	6		5.38	17.61		
13	93	4.5	4	3.5	6.5	6	4.90	26.41		
14	97	4	3.5	6.5	5	5	4.80	23.98		
15	105	4	4	4.5	3.5	3	3.80	15.00		
16	113	8.5	11	5		5.5	7.50	37.32		○
17	115	6.5	10	6	6.5	4	6.60	32.76		
18	122	5	7.5	6.5	5.5	4	5.70	23.70		
19	138	3.5	7.5	5.5	5	3.5	5.00	33.17		
20	140	3	3.5		6	9	5.38	51.16	○	
21	145	8	15	10	7	7	9.40	35.76	○	
22	148	8	8	8	8	10.5	8.50	13.15	○	
23	150	4	4	6.5		6.5	5.25	27.49		
24	180	6	2.5	4	3.5	3	3.80	35.55		○
25	191	7	7.5	8.5	5.5	8.5	7.40	16.82		
26	192	3	2	2.5	2	3	2.50	20.00	○	
27	200	3.5	4.5	3.5	2	3	3.30	27.52		
28	203	4.5	4.5	4	4	2.5	3.90	21.07		
29	206	8.5	6.5	6	6	6.5	6.70	15.47	○	
30	219	3.5	2.5	3	3	3.5	3.10	13.49	○	
31	226	4	4	3	5	5.5	4.30	22.67		
32	228	7	5.5	5	4	3	4.90	30.95		
33	231	6	7	5.5	4	4.5	5.40	22.11		○
34	236	8	3	4	5	5	5.00	37.42		

35	246	3	6.5	6.5	6	5.5	5.50	26.50		
36	253	5.5	10	10	5.5	5	7.20	35.61		
37	256	5.5	3.5	3	4	3	3.80	27.28		
38	260	3	6.5	5	2.5	3	4.00	42.39		
39	263	4	2.5	2.5	3	2	2.80	27.08		
40	270	8.5	7	8.5		3.5	6.88	34.31		○
41	272	3	3.5	4	4	5	3.90	19.02		
42	279		2.5	4	2	3	2.88	29.70		○
43	291	3.5	2.5	2.5	2	3	2.70	21.11		
44	302	3	3	4.5	4	4	3.70	18.13		
45	304	7.5	5	4.5	6	6	5.80	19.85		
46	308	3	4.5	4.5	4.5	3	3.90	21.07		○
47	無名	5	5	6	6	4.5	5.30	12.66		
48	VCS-13-M-4	7	5.5	4	11	12	7.90	43.94		
49	5	3	3	5	2	3.5	3.30	33.20		
50	22		5	4	6	5.5	5.13	16.66		○
51	33	3.5	2.5	3	3	4.5	3.30	22.98		
52	34	6	9	4	6	4.5	5.90	33.04		
53	51	1.5	1	0	0	1	0.70	95.83		
54	52	4	10.5	6	10	10	8.10	36.10		
55	54	9	4	4.5	7	7	6.30	32.53		
56	55		0	0	0	0.5	0.13	200.00		
57	56	8	8	10	10	10	9.20	11.91	○	
58	57	4	3.5	5		2.5	3.75	27.76		
59	62	4	3.5	3	4.5	3.5	3.70	15.41		
60	65	3.5	3	4	8	7	5.10	44.06		
61	70	9	3.5	6	4	8	6.10	39.48		
62	71	2.5	4	3	5		3.63	30.58		
63	72	6.5	5	3	5	5	4.90	25.41		
64	75	3.5	5	3.5	5		4.25	20.38		
65	86	3	3	3.5		4	3.38	14.18		
66	107	7	9	3.5	7.5	5	6.40	33.78		○
67	112	7	3	3		7	5.00	46.19		○
68	115	6	5.5	3.5		3.5	4.63	28.43		
69	117	4	3	3	2	3	3.00	23.57		
70	129	5	6	4.5	5.5	4	5.00	15.81		
71	137	5	5	7.5	6	6	5.90	17.37	○	○
72	138	4	3	3	2	1.5	2.70	36.10	○	
73	145	4.5	8.5	9	7	8.5	7.50	24.49		○

74	146	3.5	4.5	4.5	2.5	3.5	3.70	22.61		
75	147	3.5	6.5	4.5	2	2.5	3.80	47.08		○
76	149	4.5	4.5	3.5	7	6	5.10	27.20		
77	152	2.5	7	5	4	6	4.90	35.64		
78	157	5.5	3.5	6		5	5.00	21.60		
79	158	5	3	3.5	3	7	4.30	39.94		
80	177	6	8	5.5	9	11	7.90	28.45		○
81	179	4.5	7	4.5	6	6	5.60	19.36		
82	181	3	6.5	8	5.5	8.5	6.30	34.87		
83	205	5	8	8	6.5	7	6.90	18.04		
84	232	4.5	8.5	9.5	6	6	6.90	29.61		
85	256	5	10	9	4.5	8	7.30	33.41		
86	313	5	4	3	7	5.5	4.90	30.95		
87	SR-5(하우스)			4.5	7	5.75	1			