분자표지를 활용한 고품질 가공용 고순도 무 품종 육성

정운화 · 오종혁 · 김영규 · 안춘희 · 이광식 · 최수련 · 임용표 · 박수형 · 최기영 · 이용범

Development of highly uniform variety for processing using SSR markers in radish (*Raphanus sativus* L)

Un-Hwa Jung · Jong-Hyuck Oh · Young-Gyu Kim · Chun-Hee Ahn · Kwang-Sik Lee · Su-Ryun Choi
Yong-Pyo Lim · Su-Hyoung Park · Ki-Young Choi · Yong-Beom Lee

Received: 20 March 2014 / Revised: 22 March 2014 / Accepted: 26 March 2014

© Korean Society for Plant Biotechnology

Abstract Using commercial radish varieties for processing, about 30% of radish was discarded due to the root shape and low purity. To raise the processing ability, we tried to develop a new variety producing H-shaped root. As another characteristic required in variety for processing is high purity, we tried to raise purity using simple sequence repeats (SSR) markers for testing seed purity in every segregating generation. To develop Male-sterile (MS) seeding parent, we crossed commercial variety of ‘Gwan dong spring’ and ‘Gyeo ryong spring’. One elite inbred was selected as recurrent parent for the MS plant. The major horticultural traits of selected inbred line were disease resistance, late

bolting, heat resistance and bright green root top color. To develop pollen parent, we crossed commercial variety of ‘Tae sang king’ and ‘Seoul spring’. We used individual selection method to develop H-shaped hard root and disease resistant inbred. In each segregating generation, we selected one plant based on phenotype and the uniformity of selected plant was tested by SSR markers using self-pollinated seeds. In the first segregating generation, 64.6% of sib plants shared the same band in PCR amplification using ACMP-490 primer and 66.7% using cnu-316 primer. The uniformity of segregating generations using ACMP-490 and cnu-316 raised in second generation to 68.8%, 70.8%, respectively; in third generation to 93.8%, 100%; in fourth generation to 93.8%, 100%; in fifth generation to 95.8%, 100%; in sixth generation to 100%, 100%. A novel cross was made using selected MS parent and pollen parent. When we checked the horticultural traits using autumn cultivation, the novel cross variety produced H-shaped root comparing other commercial varieties and produced highly uniform radish. Thus we registered this novel cross variety as ‘YR ORE’ at 2013 (Registration No. 4550).

U.-H. Jung · J.-H. Oh · Y.-G. Kim · C.-H. Ahn · K.-S. Lee
농업회사법인(주)코레곤
(Breeding&Research Institute, Koregon Co.,LTD, Anseong
Center 60-34, Gokcheon-gil, Bogae-Myeon, Anseong-Si,
Gyeonggi-Do, 456-871, Korea)

S.-R. Choi · Y.-P. Lim
충남대학교 원예학과
(Department of Horticulture, Chungnam National University,
Daejeon 305-764, Korea)

S.-H. Park
국립원예특작과학원
(Dept. of Horticultural Crop Research, NIHHS, Suwon 440-706,
Korea)

K.-Y. Choi
강원대학교 시설농업학과
(Department of Protected Agriculture, Kangwon National
University, Chuncheon 200-701, Korea)

Y.-B. Lee (✉)
서울시립대학교 환경원예학과
(Department of Environmental Horticulture, The University of
Seoul, Seoul 130-743, Korea)
e-mail: hydropo@uos.ac.kr

Keywords Radish, Processing, SSR, Markers, Uniformity

서 언

무는 배추과 채소로 원산지는 중국, 지중해 연안, 서아시아, 코카서스 남부로부터 팔레스타인에 이르는 지방으로 추정되고 있으며 우리나라에는 통일 신라시대 이전에 도입되어 재배되었을 가능성이 있다고 한다.

무는 약 94%가 수분이며 단백질, 지질, 당질, 섬유질, 비타민, 철, 마그네슘, 칼슘, 매운맛 등 다양한 성분을 가지고 있는 채소이다(Mather 1977). 무의 매운맛을 내는 것은 여러 가지 유황화합물이 원인이고 무를 먹고 트림을 하면 불쾌한 냄새가 나는데 이는 메칠메르캡탄이라는 유기 화합물에 의한 것이다. 무에는 소화와 관련된 여러 가지 효소를 많이 가지고 있는데 그 중 가장 대표적인 것으로는 전분 가수분해 효소인 아밀라제(amylase)를 들 수 있다. 비타민 A, B₁, B₂, C가 함유되어 있고 부위에 따라 그 함량이 많이 다른데 앞에는 비타민 A가 시금치 보다 많지만 뿌리에는 전혀 없고, 비타민 C는 어느 부위에나 함유되어 있어 다른 채소류보다는 비교적 많은 편이다.

무의 용도는 깍두기, 김치, 찜무, 단무지, 무국, 무찜, 무조림, 무 말랭이, 생선회 받침용, 씨래기 등 다양하게 이용되는 식재료로 우리 식생활에서 매우 중요한 부분을 차지하고 있으며 서양에서는 20일무 등을 사용하여 샐러드 용으로 사용되기도 하고 독일 등에서는 맥주 안주로도 사용되기도 한다.

국내 가공식품회사에서 연간 사용하는 가공용 찜무는 가을무와 봄무를 합하여 약 2만 5천톤 정도이며, 찜무 소비시장은 다양한 제품 출시로 인하여 소비가 활성화 되어 2~3년 후에는 약 4만톤의 찜무 소비시장으로 성장할 것으로 업계에서는 추정하고 있다.

지금까지의 찜무는 무를 일자형으로 가공하는 초기 가공과정에서 30%의 가공손실이 발생되고 있는 실정이며 국내에서 가장 규모가 큰 가공회사의 경우 찜무를 만들고 난 자투리는 연간 3억을 들여 지정업체에 폐기물 처리하게 되어있어 가공에 적합하도록 짧게 형성되는 품종의 개발이 요구되고 있는 현실이다.

무의 육종 방법은 전통 육종법에서 사용하는 성숙모본 선발방법에 의한 즉, 세대진전중인 분리계통들을 원하는 재배작형(cultivation type)에 공시하여 분리(F₁~F₇) 세대 동안 선발계의 자식계(selfing line)를 매년 파종하여 재배하면서 완전하게 자란 무 개체들 중 목적형질을 보유한 개체를 계통으로 육성하는 방법이 가장 일반적으로 사용되고 있다. 그런데 육성된 계통의 순도 검정은 대부분 표현형에 의하여 선발이 되므로 일대잡종 품종을 만들 경우 순도가 낮아지는 문제가 간혹 발생된다.

최근 육종학에서 중요한 부분을 차지하고 있는 분자생물학적(molecular biological) 마커 검정은 주요 채소작물에서 활발히 연구되어 발표되고 있으나 육성된 무 계통의 순도 검정에 활용 가능한 분자표지 관련 보고는 거의 없는 실정이다. 최근 배추에서 개발된 simple sequence repeats (SSR) 마커를 무에 적용하여 유전적 다양성을 해석한 보고가 있다. 무는 배추와 같은 배추과에 속하며 유전적으로 가까운 배추의 농업 및 학문적 중요성으로 인해 국제 배추과 유전체 프로젝트(Multinational Brassica Genome Project, MBGP)

가 활발히 진행되어 방대한 유전체 정보가 제공되었으며, 이들 정보의 이용도 가능하게 되었다(Mun et al. 2009, 2010). 배추에서 이미 보고된 유전자 지도에는 대량의 SSR 마커 정보가 집적되어 있으며(Kim et al. 2006, 2009; Li et al. 2010; Ramchiary et al. 2011), 최근 배추 유전체에 대한 초안이 발표 되어 분자 마커의 개발에도 활용이 가능하다(Wang et al. 2011).

SSR 마커는 microsatellite이라고도 하는데 1-6개의 염기서열이 단위로 하여 반복되어 존재하는 염기서열을 의미하는 것으로, 반복 염기서열 부위에 인접한 염기서열을 탐침으로 이용하여 PCR (polymerase chain reaction) 반응하였을 때 반복 횟수의 차이에 의해 나타나는 다형성을 분석한다. 이는 유전체에 다수가 있고 유전체 전반에 걸쳐 고르게 분포하며 개체간의 다형성 정도가 크게 나타나는 특성이 있으며, RAPD나 AFLP 방법보다 실험과정이 간단하며 공우성으로 나타나 데이터의 정확성이 높고, 실험 결과에 있어 재현성이 매우 높은 것으로 알려져 있다(Ishii et al 2001; Richards and Sutherland 1994).

본 연구에서는 가공하기 유리한 형태의 무를 효과적으로 육성하기 위해 선발 과정에서 전통적인 성숙모본 선발방법에 의한 즉, 세대진전중인 분리계통들의 자식종자들을 원하는 재배작형(cultivation type)에 공시하여 분리5~6세대 동안 선발계의 자식계(selfing line)를 매년 파종하여 재배하면서 목적형질을 보유한 완전 성숙된 무 모본을 다양성 있게 선발하고 세대진전을 통하여 고정작업을 실시하여 표현형(phenotype)이 균일하고 선발목적에 부합된 우량한 내혼계(inbred line)를 획득하는 고난도의 전통적 계통육성방법에 의한 선발로 표현형(phenotype)상으로 순계(pure line)로 판정된 내혼계(inbred line)는 분자생물학적인 분자표지검정을 통하여 분리고정세대별 고정율 몇 순계세대를 확인(confirm)하여 최종적으로 고순도 일대잡종 품종을 개발코자 하였다.

재료 및 방법

육성계통 모본양성

가공용 찜무 F₁품종육성을 목적으로 우수계통을 육성하기 위하여 (주)코레콘에서 보유하고 있는 고정계통 및 분리중인 계통 81점(BN501~581)을 이용하여 가을 노지 작형에 2005년 8월25일에 파종하여 11월5일부터 11월20일까지 계통에 따라 시차를 두고 유용한 72계통에서 362주의 성숙모본(成熟母本)을 선발하여 아그레토타이신 1,000 배로 가법계 수세하여 근 표피건조 후 육성하우스에 정식하였다. 계통육성을 위하여 모본을 선발하고 세대진전은 6세대까지 실시하였다.

전통육종방법에 의한 계통육성

공시한 81계통 중에서 ‘관동여름무’와 ‘계룡봄무’의 합성 조합 후대고정계를 CGMS계통에 여교잡(back cross)하여 육성한 웅성불임계통(MSKD-A)을 세대진전하여 웅성불임성의 유전적 안정성을 시험하였고 MS친의 화분친으로 사용할 부계친은 ‘태상왕 무’와 ‘서울봄무’ 합성조합의 F₂분리세대(분리1세대)를 전개한 결과 육성목적에 근접하는 분리계로 예측되는 계통육성번호 BN515에서 12개체(12계통)를 선발하여 그 중 선발계통 BN515-64를 싹무 계통육성 목적으로 선발하여 F₇세대(분리6세대)까지 세대진전을 실시하고자 하였다.

자가불화합성 검정(Self incompatibility testing)

MS친의 화분친으로 이용할 BN515-64, 718-61, 508-65, 624-61, 602-61, 602-61-G1 계통들의 자가불화합성 활력 및 임성을 검정하여 F₁조합작성에 이용하고자 하였다(Table 1).

육성계통의 웅성불임성(Male sterility) 검정

고순도의 일대잡종 F₁품종육성을 목적으로 육성한 CGMS 유전자형의 MS계통과 유지친의 인자를 분석하여 MS출현의 안정성검정을 실시하였다. 근형이 우수하여 육성한 MS계통(MSKD-A) 7주 선발하고 유지친(B-line)도 7주 선발하여 내혼계(inbred-line) A-line과 B-line간의 뇌수분(Bud pollination)를 통하여 차대MS 검정을 실시하여 MS출현율에 관한 시험을 실시하고자 하였다.

F₁조합 작성 및 우수조합 선발시험

분리고정 5년차에 17조합과 대비품종 9품종을 공시하여 F₁조합선발시험을 실시하여 육성목적 형질에 근접한 조합을 선발하고자 하였다. 재식거리는 50 cm x 27 cm, 파종립 수는 파구당 2~3립, 공시주수는 20주 3반복으로 재배하였으며 원예적 특성조사는 초세, 엽색, 엽형, 엽장,

엽수, 잎몸털, 근형, 근장, 근경, 근중, 육질, 바람들이, 숙기, 육질갈변현상, 열근성, 내병성 등을 조사하였다.

DNA 추출

파종하여 5주 자란 식물체의 잎 조직을 채취하여 동결 건조하고 액체 질소를 넣고 고운 가루가 되도록 갈아 각각 1.5 mL micro centrifuge 튜브에 옮겼다. DNA는 Genomic DNA Extraction Kit Protocol (RBC Real Biotech Corp, Korea)에 따라 추출하였다. 추출한 DNA를 0.8%의 아가로스젤에 전기영동하여 추출여부를 확인하였고, DNA의 농도는 260 nm의 UV 흡광도를 spectrophotometer로 측정하였다. DNA 농도는 PCR 반응에 사용하기 전에 시료간에 농도가 크게 차이가 나지 않도록 5-10 ng/μL로 희석하여 등분하였다.

SSR 마커를 이용한 PCR 증폭

분자마커 재료로는 배추 내혼계 ‘Chiifu-401-41’의 genomic 염기서열을 기반으로 개발하여 배추 유전자 지도에 사용된 SSR 마커 중 선발된 2개의 프라이머(ACMP-490, cnu-316)를 이용하여 F₂부터 F₆까지 매세대 선발하였다. 이들 각각의 프라이머는 뿌리의 특성과 연관된 것으로 선발되었으며, 각 SSR 마커에 대한 염기서열 정보는 Kim (2009)에서 확인할 수 있다.

PCR 반응의 조성은 0.1 unit의 Taq polymerase (Intron, Daejeon, Korea), 각각 0.5 μM의 Primer, 250 μM의 dNTP 혼합용액(각 2.5 mM), 2.0 mM의 MgCl₂, 1 μL의 10X PCR 완충액, 10~15 ng의 genomic DNA를 주형으로 하였으며 총 반응 조성물 부피는 10 μL로 하였다.

PCR 반응 조건은 94°C에서 4분간의 변성(denaturation)을 한 후에, DNA 변성 단계 94°C에서 45초간, 결합(annealing) 단계에서는 각 primer별 적정온도에서 45초간, 신장 단계 72°C에서 45초간으로 35반복을 하였으며, 최종 신장 단계는 72°C에서 7분간으로 하였다(Bioneer, Daejeon, Korea). PCR로 증폭한 생성물은(PCR amplicon) 2% 아가로스젤 및

Table 1 Self-incompatibility (SI) activity in developing radish inbreds

Segregatedgd Generation	Name of line	No. of plants	Sowing Date	Plant Selection Period	SI Testing Period
1 st	515-64	4	2005.08.25	2005.10.31	2005.04.10
2 nd	718-61	4	2006.08.21	2006.11.01	2006.04.20
3 rd	508-65	4	2007.08.20	2007.11.05	2007.05.06
4 th	624-61	4	2008.08.22	2008.11.06	2008.04.15
5 th	602-61	4	2009.08.20	2009.11.10	2009.05.10
6 th	602-61-G1	4	2010.08.21	2010.01.08	2010.05.08

PAGE 전기영동법(Poly Acrylamide Gel Electrophoresis)으로 분리하였다. PAGE 전기영동 및 은염색(silver staining) 방법은 6% denaturing polyacrylamide gel 상에서 90W로 2시간 전기영동을 한 후 시판되는 은염색 키트(k-1050, Bioneer, Korea)를 사용하여 염색하고, 상온에서 2시간 건조시킨 후 분석에 사용하였다.

결과 및 고찰

계통육성

공시한 81계통 중 ‘관동여름무’와 ‘계룡봄무’의 합성조합 후대고정계를 CGMS계통에 여교잡(back cross)하여 육성

한 웅성불임계통(MSKD-A)을 모계친으로 선발하였으며 MS친의 부계친을 선발할 목적으로 ‘태상왕무’와 ‘서울봄무’ 합성조합간의 F₂분리세대(분리1세대)에서 계통육성번호 BN515-64분리계가 육성목적에 부합되어 6세대에 걸쳐 성숙 모본선발방법으로 계통 고정작업을 실시하여 완전 분리고정된 6세대(602-61-G1)계통에 계통명(E04M)을 부여하여 편친으로 확정하였다(Fig. 1).

MS친 모계친 계통육성

CGMS계 웅성불임계통(MSKD-A)을 모계친으로 확정하고 CGMS 유전자형의 MS계통과 유지친(B-line)의 인자를 분석하여 MS출현 여부를 검정하였다. MS계통(MSKD-A) 7주, 유지친(B-line) 7주(Fig. 2)를 교배실에 정식하고 A-line

Fig. 1 Diagram of selection based on horticultural trait of root and uniformity using cropping field at autumn cultivation

Fig. 2 The uniformity of fully developed seeding parent (left : male-sterile source, right : pollen donor of male-sterile source)

Table 2 The seed numbers of MS-line pollinated by hand using flower-selfing (A-line × B-line) method

Pollen parent	Seeding parent						
	-1	-2	3	-4	-5	-6	-7
MSKD-A-1	0.10	0.12	0.11	0.09	0.10	0.08	0.07
MSKD-A-2	0.09	0.11	0.13	0.15	0.09	0.11	0.08
MSKD-A-3	0.05	0.04	0.05	0.07	0.04	0.05	0.04
MSKD-A-4	0.15	0.11	0.15	0.13	0.12	0.13	0.15
MSKD-A-5	0.12	0.13	0.11	0.12	0.12	0.10	0.14
MSKD-A-6	0.10	0.09	0.06	0.08	0.09	0.07	0.08
MSKD-A-7	0.07	0.08	0.07	0.06	0.10	0.08	0.09

과 B-line간의 뇌수분(Bud crossing)를 통하여 종자를 생산하였다(Table 2). 이렇게 얻어진 종자를 다시 파종하여 개화시킨 후 화분(pollen)을 검정하여 MS여부를 검정한 결과 공시한 MS모계친이 모두 양성불임계통으로 확인되었다. MS-A line과 유지친인 B-line은 근 형태와 원예적 특성이 동일하며 자가불화합성인자(S-allele)도 동일하였다. 따라서 원원종을 재종할 경우에는 뇌수분을 통하여

MS-A line에 B-line의 꽃가루를 수분(pollination)해 주거나 CO₂처리를 통하여 자가불화합성을 일시적으로 소거한 후 종자를 확보하였다.

전통육종방법에 의한 MS 유지친 계통육성

MS유지친(MS-B line)을 육성할 목적으로 ‘태상왕무’와 ‘서울봄무’ 합성조합의 F₂세대를 전개하였다. 계통육성번호 BN515의 F₂세대에서 12개체를 선발하고, 그 중 BN515-64를 성숙모본으로 선발한 후, F₇세대까지 세대진전을 실시하였다.

선발방법은 1년차에 BN515-64를 선발하고 자식종자(selfing seed)를 얻어, 파종 후 재배하여 성숙모본으로 718-61을 선발하였다. 이를 다시 자식하여 얻은 종자를 파종하여 성숙모본 508-65을 선발하였고, 다시 자식하여 얻은 종자를 파종하여 성숙모본 624-61을 선발하였다. 동일한 방법으로 602-61을 선발하고 다시 자식하여, 순계인 602-61-G1 원원종을 확보하였다(Table 3, Fig. 3).

무의 성숙모본은 일반적으로 부패율이 높아 생존율이

Fig. 3 Root shape of pollen parent in every segregating generations using pedigree method**Table 3** Pedigree breeding diagram of “04EM”male line (C-line)

Year	'03/'04	'05		'06		'07		'08		'09		'10
Generation	Cross F ₁											
	Tae sang king x Seoul spring	F ₂	→	F ₃	→	F ₄	→	F ₅	→	F ₆	→	F ₇
Selected No.	Breeding -	515	→	718	→	508	→	624	→	602	→	602-61-G1
Selected No.	Individual -	64	→	61	→	65	→	61	→	61	→	Sib Cross

계통에 따라 낮은 편이나 본 시험에서는 성숙 모본 선발 방식으로 6세대까지 계통을 육성하는 성과를 얻었다. 이는 분리계통이 내병성을 지니고, 육질이 치밀한 것과도 관계가 있을 것으로 추정된다.

SSR 마커를 이용한 순도검정

육성 최초 세대에서 상하 근경 비대 차이가 적고 가공 손실률이 적을 것으로 'BN515'에서 12개체를 선발하였다. 그 중 가장 우수한 'BN515-64'를 성숙모본으로 선발하였으며, 그 후대 종자 48점의 순도를 SSR 마커를 이용하여 조사한 결과 ACMP-490에서는 31점의 공동밴드 검출로 64.6%, cnu-316에서는 32점의 공동밴드 검출로 66.7%의 고정율을 보였다(Fig. 4A).

'BN515-64'의 자식종자 80점의 원예적 특성을 조사하여 가공적성이 우수한 '718-61'을 선발하였다. 선발된 개체는 뇌수분하여 세대를 진전하였으며 수확된 후대 종자 48점의 순도를 검정한 결과 ACMP-490에서는 33점의 공동밴드 검출로 68.8%, cnu-316에서는 34점의 공동밴드 검출로 70.8%의 고정율을 보였다(Fig. 4B).

'718-61' 후대의 80점의 원예적 특성 조사 결과 '508-65'를 선발하였고, 이를 세대진전 하여 그 종자 48점의 시료를 분석한 결과 ACMP-490에서는 45점의 공동밴드 검출로 93.8%, cnu-316에서는 48점의 공동밴드 검출로 100%의 고정율을 보였다(Fig. 4C).

'508-65' 후대의 80점의 원예적 특성 검정 결과 가공 적성이 뛰어난 '624-61'을 선발하였고, 그 후대 종자 48점의

시료를 이용하여 분석한 결과 ACMP-490에서는 45점의 공동밴드 검출로 93.8%, cnu-316에서는 48점의 공동밴드 검출로 100%의 고정율을 보였다(Fig. 4D).

'624-61'의 후대 80점의 원예적 특성 검정 결과 '602-61'을 선발하였고, 그 후대 48점 시료를 이용하여 분석한 결과 ACMP-490에서는 46점의 공동밴드 검출로 95.8%, cnu-316에서는 48점의 공동밴드 검출로 100%의 고정율을 보였다(Fig. 4E).

SSR마커를 이용하여 순도를 검정한 결과 'cnu-316' 표지에서 2년 연속 100%를 보였으며, 표현형도 상당히 고정된 것으로 판단되어 '602-61'을 원종으로 선발하고 이를 다시 자식하여 602-61-G1 원원종을 확보하였다(Fig. 4F).

조합 능력 검정 결과

가공용 품종 육성을 위해 최종 선발 계통을 이용하여 신규 조합을 작성하였으며 그 원예적 특성을 시판 대비 품종과 비교(Table 4)한 결과 우수하여 신품종으로 육성하였으며 이를 'YR 오래(YR ORE)'로 2011년에 품종보호 출원(Fig. 5) 하여 2013년 신품종으로 등록되었다(품종보호 제 4550호, 2013.06.10.). 육성된 품종은 추대가 늦으며 가공용 품종에 알맞도록 규격 출하에 유리하여 가공 수율이 약 90% (data was not shown)로 기존의 70%에 비하여 높았으며, 뿌리 비대가 빨라 재배 기간을 단축할 수 있으며, 육질이 단단하고 내병성이 있어 시장성이 높은 품종으로 기대되고 있다.

Fig. 4 Breeding process for generation of breeder's stock in field. A-F represents F2-F6 in generation advancement. Radish progeny were selected by morphological trait in field. And a part of progeny were confirmed the uniformity using SSR markers in segregating generation, respectively. a) Phenotype of the radish progeny selected, b) and c) Gel electrophoresis profile of PCR amplicon using SSR marker, ACMP490 and cnu_m316. M1, 25bp size standard ladder; M2, 50bp size standard ladder; lane No. designated by 1-48 represents radish progeny

Table 4 Major horticultural traits of novel combination and commercial varieties

No.	Variety	Leaf		Root length (cm)	Root width			Weight (g)	Protruding (cm)
		Length (cm)	Number		Upper	Middle	Low		
466	YR Ore	35.3f ^c	26.0f	31.1d	9.8a	10.2ab	9.4ab	1,710.0cd	9.0f
468	Cheon mu hu mu	34.7f	36.3a	32.1bcd	9.5ab	9.9abc	9.2bc	1,916.7ab	12.8c
470	Kwand dong	38.0de	23.5c	31.8bcd	8.0cd	9.5bc	8.5cde	1,823.3bc	12.0c
471	Kang seong	41.0c	25.3b	32.2bcd	7.9cd	9.2cd	8.2e	1,726.7cd	8.8f
472	Pyeong Geong	40.3c	26.0b	33.4b	7.7d	8.6d	8.5de	1,733cd	13.7b
473	Super kilgo	45.6a	25.7b	33.0bc	8.1cd	10.0abc	8.4de	1,646.7de	10.7e
474	Keuk dong	42.3b	23.0c	31.6bcd	7.9cd	10.0abc	8.9bcd	1,713.3cd	12.0d
476	Tae cheong	38.7d	24.7bc	32.6bcd	8.0cd	10.5a	8.9bcd	1,800c	13.0c
477	Neul pu reum	37.0e	20.7d	31.3cd	8.0cd	9.2cd	8.5cde	1,583.3e	10.3e
478	Peak pong	38.1de	26.0b	38.1a	8.7cd	10.5a	9.8a	1,983.3a	21.7a

^aMean separation within columns Duncan's multiple range test at $P \leq 0.05$

Fig. 5 Horticultural trait of novel combination ('MS-A line' x '6th generation pollen donor')

사 사

본 연구는 농림축산식품부 농림기술개발사업(과제번호: 108005-05-5-SB010) 지원에 의해 이루어진 것임.

적 요

무의 가공용 품종의 가공 수율이 현재 약 70%로 버리는 부분이 많아 뿌리의 형태가 가공에 유리하도록 상부와 하부의 굵기가 유사한 품종을 육성하고자 하였으며 육성불임을 이용하여 채종함으로써 종자의 순도도 높이고자 본 연구를 실시하였다. 가공용 품종은 특히 순도가 높아야 하므로 계통 육성 과정에서 순계로 고정되었는지 여부를 확인하기 위해 표현형 뿐 아니라 분자표지를 활용하여 증식된 종자의 순도를 검정하였다. 우수 품종 육성을 위해 A친은 ('관동여름' x '계룡봄무')의 후대에서 위황병에 저항성이며 추대성이 낮고 고온기 재배에서 근비대성이 타 계통보다 양호한 담록수 계통을 고정하였고, B친

은 ('태상왕' x '서울봄무')의 후대에서 위황병, 근류병에 저항성이며 잎색은 진한 녹색으로 청수색이 강하고 근비대성, 육질치밀성인 계통을 선발 고정하였다. 화분친(C친)은 개체선발법으로 세대를 진전하였으며 분리세대 순도 검정을 위해 각 세대별로 종자 48점을 ACMP-490, cnu-316 프라이머를 이용하여 분석한 결과 분리 1 세대 ACMP-490은 64.6%, cnu-316은 66.7%의 고정율을 보였으며, 분리 2 세대 ACMP-490은 68.8%, cnu-316은 70.8%의 고정율을 보였고, 분리 3 세대 ACMP-490은 93.8%, cnu-316은 100%의 고정율을 나타냈으며, 분리 4 세대 ACMP-490은 93.8%, cnu-316은 100%의 고정율을 보였고, 분리 5 세대 ACMP-490은 95.8%, cnu-316은 100%의 고정율을 보였고, 분리 6 세대 ACMP-490은 100%, cnu-316은 100%의 고정율을 보여 원원종을 확보하였다. 고정이 확인된 계통을 이용하여 조합을 작성한 결과 뿌리의 형태가 가공에 적합하고 순도가 우수하여 이를 'YR 오래(YR ORE)'로 2011년에 품종보호 출원하여 2013년 신품종으로 등록 되었다(품종보호 제 4550호, 2013.06.10.).

References

- Ishii T, Xu Y, McCouch SR (2001) Nuclear-and chloroplast microsatellite variation in A-genome species of rice. *Genome* 44:658–666
- Kim H, Choi SR, Bae J, Hong CP, Lee SY, Hossain M, Nguyen VD, Jin M, Park BS, Bang J, Bancroft I, Lim YP (2009) Sequenced BAC anchored reference genetic map that reconciles the ten individual chromosomes of *Brassica rapa*. *BMC Genomics* 10:432–446
- Kim JS, Chung TY, King GJ, Jin M, Yang TJ, Jin YM, Kim HI, Park BS (2006) A sequence-tagged linkage map of *Brassica rapa*. *Genetics* 174:29–39
- Kwon SJ, Kim DH, Lim MH, Long Y, Meng JL, Lim KB, Kim JA, Kim JS, Jin M, Kim HI, Ahn SN, Wessler SR, Yang TJ, Park BS (2007) Terminal repeat retrotransposon in miniature (TRIM) as DNA markers in *Brassica* relatives. *Mol. Genet. Genomics* 278:361–370
- Mather K, Jinks JL (1977) *Introduction to Biometrical Genetics*. Chapman and Hall. London, pp68–98
- Mun JH, Kwon SJ, Park BS (2010) The strategy and current status of *Brassica rapa* genome project. *Plant Biotechnol* 37:153–165
- Mun JH, Kwon SJ, Yang TJ, Seol YJ, Jin M, Kim JA, Lim MH, Kim JS, Baek S, Choi B, Yu HJ, Kim DS, Kim N, Lim K, Lee SI, Lim Y, Bancroft I, Hahn JH, Park B (2009) Genome-wide comparative analysis of the *Brassica rapa* gene space reveals genome shrinkage and differential loss of duplicated genes after whole genome triplication. *Genome Biol* 10:R111.1–R111.18
- Richards R, Sutherland GR (1994) Simple repeat DNA is not replicated simply. *Nat. Genet* 6:114–116
- Wang X, Wang H, Wang J, Sun R, Wu J, Liu S, Bai Y, Mun JH, Bancroft I, Cheng F, Huang S, Li X, Hua W, Wang J, Wang X, Freeling M, Pires JC, Paterson AH, Chalhouh B, Wang B, Hayward A, Sharpe AG, Park BS, Weissshaar B, Liu B, Li B, Liu B, Tong C, Song C, Duran C, Peng C, Geng C, Koh C, Lin C, Edwards D, Mu D, Shen D, Soumpourou E, Li F, Fraser F, Conant G, Lassal G, King GJ, Bonnema G, Tang H, Wang H, Belcram H, Zhou H, Hirakawa H, Abe H, Guo H, Wang H, Jin H, Parkin IA, Batley J, Kim JS, Just J, Li J, Xu J, Deng J, Kim JA, Li J, Yu J, Meng J, Wang J, Min J, Poulain J, Wang J, Hatakeyama K, Wu K, Wang L, Fang L, Trick M, Links MG, Zhao M, Jin M, Ramchiary N, Drou N, Berkman PJ, Cai Q, Huang Q, Li R, Tabata S, Cheng S, Zhang S, Huang S, Sato S, Sun S, Kwon SJ, Choi SR, Lee TH, Fan W, Zhao X, Tan X, Xu X, Wang Y, Qiu Y, Yin Y, Li Y, Du Y, Liao Y, Lim Y, Narusaka Y, Wang Y, Wang Z, Li Z, Wang Z, Xiong Z, Zhang Z (2011) The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa*. *Nat Genet* 43:1035–1038