

십자화과 채소에 다량으로 함유되어 있는 glucosinolate는 식물의 이차대 사산물 중의 하나로, 항균·항암 등의 기능성 성분으로 널리 알려져 있다. Glucosinolate 생합성 관련 연구는 모델식물인 애기장대를 중심으로 연구가 진행되어 왔으며, glucosinolate 합성 관련 유전자의 다수가 이미 분리되어 그 기능이 확인되었고, 합성 경로간 네트워크 분석이 이루어졌다. 반면에 배추에서는 단지 glucosinolate의 함량 측정 및 기능 검증 혹은 애기장대 유래 유전자의 형질전환을 통한 기능 분석 등의 연구가 주로 이루어져 왔을 뿐이다. 본 연구에서는 배추 유전체 연구를 통해 밝혀진 염기서열정보를 바탕으로 glucosinolate의 생합성에 관련된 유전자를 탐색하여 애기장대와의 구조비교 연구를 수행함으로써 배추에서 glucosinolate의 생산 경로를 규명하고자 하였다. 배추 glucosinolate 생합성 관련 유전자 39종과 대사 조절 인자 17종이 분리되었고, 이들 유전자 중 glucoraphanin을 gluconapin으로 분해하는 유전자 AOP2와 GS-OH, Alipatic glucosinolate 합성 경로를 조절하는 전사 유전자 MYB28에 관한 구조 분석을 수행하였다. BAC 및 EST의 염기서열 정보를 이용하여 이들 유전자의 coding sequence를 검색한 결과, BrAOP2는 1개, BrMYB28의 경우 3개의 coding sequence를 확인할 수 있었고 Southern 분석 결과, BrAOP2, BrMYB28 모두 2 copy 이상 존재하고 있음이 확인되었다. BrAOP2 유전자는 애기장대 AOP2 유전자와 약 72%의 상동성을 가지고 있었으며 4개의 엑손, 3개의 인트론의 구조를 가지고 있었다. 전사 조절 유전자 BrMYB28 3종은 애기장대와 84-85%의 상동성을 보였고 BrMYB28.3은 BrMYB28.1과 BrMYB28.2 보다 애기장대 MYB28과 좀더 높은 상동성을 가지고 있었다. 또한 BrMYB28 유전자들은 모두 R2R3-MYB DNA-binding domain을 높게 보존하고 있었다. 현재 우리는 BrAOP2와 BrMYB28 유전자의 발현 양상을 관찰하기 위하여 Agrobacterium법을 이용하여 RNAi와 overexpression으로 배추에 형질전환을 진행 중에 있다.

T. 031-299-1631 F. 031-299-1622 pbeom@korea.kr

148 P-1-⑤

이원적 전사촉진 유도시스템을 이용한 배추 자성배우자체 불임 유도

김수윤¹ · 유희주^{1*} · 박수민¹ · 문정환² (¹국립원예특작과학원 채소과, ²국립농업과학원 유전자분석개발과)

Induction of Female Sterility Using a Binary Trans-activation System

Soo-Yun Kim¹, Hee-Ju Yu^{1*}, Soomin Park¹, and Jeong-Hwan Mun²
¹Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Suwon 441-440, Korea, ²Genomics Division, National Academy of Agricultural Science, Rural Development Administration, Suwon 441-707, Korea

최근 육종기술이 발달함에 따라 유전자원의 보호 및 우수한 종자들의 불법적 복제 방지를 위한 기술 전략이 필요하게 되었다. 기존에 양성불임을 유도하기 위한 방법으로서 수술의 융단조직 특이적 프로모터가 이용되어 왔으며, 양성불임 회복을 위해 BASTA 유전자가 연구되었으나 양성불임이 불완전하게 회복됨에 따라 새로운 시스템이 요구되게 되었다. 이에 따라 자성배우자체 발달에 필수적인 유전자를 선택적으로 불활성화하여 종자의 불임을 유도하기 위한 방법으로서 이원적 전사촉진(binary trans-activation) 시스템을 배추에 적용하였다. 이를 위해 자성배우자체에 특이적인 프로모터와 자성배우자체 발달에 필수적인 유전자의 분리 및 기능을 검증하였다. 애기장대에서 자성배우자체 특이 프로모터를 분리하여 분석한 결과, At1g26795와 At5g40260 유전자가 자성배우자체에서 특이적으로 발현하며 자성배우자체 발달 단계별로 발현 차이를 보인다는 것을 알 수 있었다. 한편, 지부 배추에서 At1g26795와 상동성이 높은 유전자의 프로모터를 분리하였고, 이들 3종의 프로모터를 배추에서 자성배우자체 특이적인 유전자 발현을 위해 사용하였다. 또한 자성배우자체 발달에 필수적인 유전자의 발현을 배추에서 억제시키기 위해 자성배우자체 발달에 필수적인 유전자인 AGL61의 일부 절편을 miRNA와 결합하여 이용하였다. 자성배우자체 발달에 필수적인 유전자의 발현은 이원적 전사시스템을 이용하여 유도하였다. 이를 위하여 LhG4 유전자가 자성배우자체 특이하게 발현되도록 유도하는 시스템과 LhG4에 의해 활성화 되는 6Op 프로모터가

miRNA를 발현시키는 시스템을 이용하였다. 두 시스템을 각각 모본과 부분이 되는 작물에 형질전환 시킨 후 교배를 통하여 자성배우자체 발달에 필수적인 유전자를 억제시켜서 불임을 유도하는 자성불임 F1을 생산하고자 한다.

T. 031-290-6209 F. 031-290-6219 yuheju@rda.go.kr

149 P-1-⑤

Construction of a Genetic Linkage Map for Mapping *Phytophthora capsici* Resistance Using 'YCM334 x Tean' Recombinant Inbred Line Population

Hai Thi Hong Truong, Jeong-Hyun Park, Young Chae, and Ki-Taek Kim*
 Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Suwon 441-440, Korea

Phytophthora capsici Leonian, known as the causal agent of the stem, collar and root rot, is one of the most serious problem limiting the pepper production in many areas in the world. Genetic resistance to the parasite displays complex inheritance. To date, no pepper accession showing complete resistance to *Phytophthora* wilt have been found. A number of *C. annuum* accessions were reported to be partially resistant to *P. capsici*. The accession Criollo de Morelos 334 (CM334), considered as being the most efficient source of resistance currently known, is largely used in breeding programs. Several conflicting genetic controls have been suggested, going from two recessive genes to QTLs with epistatic effects. To elucidate genetic control of resistance in CM334, we constructed a genetic linkage map for further QTL analysis using a population of 126 F₆ recombinant inbred lines (RILs) derived from a cross between *C. annuum* YCM334 (resistance parent) and *C. annuum* Tean (susceptible parent). A total of 438 markers included 286 AFLPs, 25 SSRs, 111 unmapped SSR, 1 CAPS and 15 SRAPs were used for map construction. Of those, 187 AFLPs, 20 SSRs, 78 unmapped SSRs, and 8 SRAPs were mapped and split into 17 linkage groups. Thirteen linkage groups were assigned into 11 chromosomes (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, and 12). The map covered 1941.4 cM with an average of 6.6 cM. The map will be used for further QTL analysis study.

T. 031-290-6192 F. 031-290-6219 kitaek.kim@korea.kr

150 P-1-⑤

딸기(*Fragaria ananassa* Duch.) 약배양으로부터 배발생을 이용한 식물체의 재분화

나혜영* · 황귀영 · 김대영 · 윤무경(국립원예특작과학원 채소과)
Callus Formation and Plant Regeneration via Embryogenesis from Anther Culture of Strawberry (*Fragaria ananassa* Duch.)
 Haeyoung Na*, Guiyoung Hwang, Dae-Young Kim, and Moo Kyoung Yoon
 Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Suwon 440-706, Korea

딸기의 약배양을 통하여 약 내부의 소포자 또는 화분립을 기원으로 하는 반수체 식물을 육성하고 이 반수체 식물을 배가하여 신품종을 육성하는 기간을 단축시켜 딸기의 다양한 품종을 조기에 육성하기 위하여 딸기의 약배양을 통한 embryogenesis를 시도하였다. 국내에서 육성한 금향, 설향 그리고 일본 수입종인 장희를 실험재료로 이용하였다. Callus의 발생은 X0.5MS 농도에서 다른 배지 농도와 비교하여 효과적이었으며, X0.5MS 배지에 sucrose를 3% 첨가하였을 때 embryogenic callus의 발생률이 가장 높았다. 그리고 NAA, 2,4-D, IAA 각각의 농도에 BA가 첨가되지 않은 처리구에서는 callus가 전혀 발생하지 않은 반면 BA 0.5mg·L⁻¹를 조합처리 한 처리구에서 callus가 발생하는 것을 확인할 수 있었다. 또한, NAA, 2,4-D, 그리고 IAA 각각의 농도와 BA 0.5mg·L⁻¹를 조합처리하여 딸기의 callus를 유기 시킨 결과 가장