

양과 채종재배에서 추대는 종자생산량에 영향을 미치는 중요한 요인이다. 특히 F1채종에서는 MS계통의 추대율이 채종량에 미치는 영향은 매우 크다. 그런데 계통에 따라 MS모구들의 추대율이 낮아 채종량이 적은 경우가 있다. 따라서 추대율을 증진하고 채종량을 늘리기 위한 방법으로 MS모구에 정식 전 온도처리를 하여 추대율에 미치는 영향을 구명하고자 하였다. 시험재료인 e-조은 MS모구는 정식 후 맹아출현은 상온 무처리 저장모구는 11월 30일에 출현하였지만 저온저장(1°C, 10°C)에서는 출현이 되지 않았다. 천주대고는 온도처리에 상관없이 모구 11월 26일부터 30일까지 출현이 되었다. 처리별 생육특성에서 e-조은 MS모구의 분얼은 2.4-2.7개였으며 10°C 처리된 모구의 염조경이 가장 굵었다. 천주대고는 처리온도가 높을수록 초장이나 염조경이 감소하는 경향이였다. 추대기는 e-조은 MS모구의 상온 4월 27일, 1°C 4월 19일이었지만 10°C 4월 13일로 14일 정도 빨랐다. 천주대고도 10°C 처리가 상온과 1°C 보다 9일이 조기 추대하였다. 유효추대율(추대수/분얼수)은 e-조은 MS모구가 상온 61.5%, 1°C 41.7%이었지만 10°C에서는 84.2%로 가장 높았다. e-조은 MS모구의 개화기는 상온과 1°C는 5월 24일이었지만 10°C는 5월 17일로 7일이었다. 천주대고도 상온과 1°C는 5월 31일이었지만 10°C는 5월 24일이었다. 따라서 양과 채종재배 시 MS 모구에 적정 온도 처리 후 정식하면 추대율과 개화율을 높일 수 한 방법으로 사용될 수 있을 것으로 판단된다.

T. 061-450-0192 F. 061-453-0085 manya@korea.kr

163 P-1-④

고추 역병, 풋마름병 저항성 대목 육성을 위한 중국도입 우수 선발 계통의 원예적 특성평가

채수영^{1*}, 양은영¹, 조명철¹, 최학순¹, 최장선¹, 장석우¹, 정승룡¹, Zhi-Hao Xu², Cheng-Hao Zhang²(¹국립원예특작과학원 채소과, ²중국 절강성 농업과학원)

Germplasm Evaluation and Selection for Breeding of Resistant Rootstock Varieties to Phytophthora Blight and Bacterial Wilt in Pepper (*Capsicum annuum* L.)

Soo Young Chae^{1*}, Eun-Young Yang¹, Myeong-Cheoul Cho¹, Hak Soon Choi¹, Jang-Sun Choi¹, Suk-Woo Jang¹, Seung-Ryong Cheong¹, Zhi-Hao Xu², and Cheng-Hao Zhang²

¹Department of Horticultural Crop Research, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Suwon 440-706, Korea, ²Vegetable Institute, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, 198 Shiqiao Road, Hangzhou, 310021, China

우리나라에서 발생하는 고추 병해는 30여종이 알려져 있는데, 이중 토양진염성 병으로 역병·풋마름병 피해가 가장 심각하다. 역병·풋마름병에 의한 피해는 매년 증가하여 고추 재배면적의 약 15% 정도로 추정된다. 중국에는 다양한 종류의 고추 품종들이 재배되고 있고, 폭넓은 고추 유전자원이 분포하고 있다. 우리나라에서는 중국 절강성 농과원 채소연구소와 국제공동연구를 통한 유전자원 수집, 평가 및 선발을 수행하였다. 본 실험에서는 2009년도에 도입된 유전자원들을 대상으로 역병, 풋마름병 유묘기 인공접종을 통하여 저항성 개체들을 선발하였다. 선발된 개체들에 대해 자식을 통한 세대진전을 수행하였고, 여기서 확보된 자원들에 대해 하우스에 정식하여 원예적 특성을 조사하였다. 원예적 특성을 평가한 결과 개화소요 일수는 파종 후 80일 이하가 38, 81-90, 91-100일이 각각 31, 101-110이 95계통이었고, 과중 분포는 5g이하의 소과가 21, 5-20g 98, 21-40g 51, 40g 이상이 24 계통이었다. 과장 분포는 5cm 이하가 4, 5-15cm 123, 15-25cm 63, 25cm 이상이 4계통이었다. 위의 결과를 바탕으로 최종적으로 유묘기 병저항성 정도와 포장에서의 원예적 특성을 고려하여 역병저항성 후보 계통으로 10CH 6등 6계통, 풋마름병 저항성으로 10CH 92 등 5, 건고추용으로 10CH 18 등 15계통을 선발하였다. 선발된 계통들에 대해서는 종자증식 및 세대진전을 통해 우수한 계통들에 대해서는 유전자원 등록, 분양을 실시하여 고추 역병, 풋마름병 복합 저항성 품종육성에 기여하고자 한다.

164 P-1-④

Conversion of an RAPD Marker to Co-dominant SCAR Marker and Its Application in Marker-assisted Selection for Fusarium Crown and Root Rot (Frl) Resistance in Tomato

Hai Thi Hong Truong, Hak Soon Choi, Myeong Cheoul Cho, and Hye Eun Lee*

Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Suwon 440-706, Korea

Fusarium crown and root rot of tomato (*Solanum lycopersicum*) is the disease caused by the fungal pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* (FORL). The most effective way to control this disease is to plant varieties resistant to Fusarium crown and root rot. Marker tightly linked to Frl could be assisted in breeding program to introgress crown rot resistance into new varieties. In this study, we converted a published RAPD marker (UBC#116) linked to Frl (Fazio et al., 1999) into codominant SCAR marker. The marker was used to genotype 96 tomato germplasm of National Institute of Horticultural and Herbal Science (NIHHS). Among germplasm, 24 lines carried resistant allele. Published RAPD (UBC#116) and converted co-dominant SCAR markers provided consistent results. Three tomato lines, which have not intense resistant fragments using UBC#116, shown heterozygous pattern using SCAR marker. Our result demonstrates the usefulness of the codominant SCAR marker for marker-assisted selection (MAS) for Fusarium crown and root rot resistance in tomato.

T. 031-290-6200 F. 031-290-6219 helee@rda.go.kr

165 P-1-④

Evaluation of the Utilization Possibility of SNP Markers Based on *Brassica rapa* Genome in *Brassica oleracea*

Young-Il Cho^{1*}, Hye Eun Lee¹, Man-Ki Kim², Jeong-Ho Kim¹, Myeong-Cheoul Cho¹, and Seung-Ryong Cheong¹

¹Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Suwon 440-706, Korea, ²Department of Agricultural Biotechnology, National Academy of Agricultural Science, Rural Development Administration, Suwon 441-707, Korea

A large amount of single nucleotide polymorphisms (SNPs) studies has been collected from work on humans, animals, and major crops including rice, soybean, Chinese cabbage, etc. But the number of SNP studies in cabbage has been limited. This present study was to evaluate the utilization possibility of 8,000 SNP primers, which we designated as molecular markers linked to disease resistance based on *Brassica rapa* genome, it may be possible to apply them to *B. oleracea*. Total 425 of those primers developed from *B. rapa* genome were identified that can be applied to *B. oleracea*. As the results of gene ontology annotation were analyzed between the SNP primers sequence of *B. rapa* and the sequence data of *B. oleracea* genome registered in NCBI database using BLAST, 256 genes which those matched for SNP primers sequence of *B. rapa* were found in *B. oleracea* genome and were classified into 3 groups of functional catalogue (FunCat) that related to molecular function (64 genes), biological process (96), and cellular component (96). These results provide valuable informations that can be used in cabbage genetics and breeding programs.

T. 031-290-6200 F. 031-290-6219 helee@rda.go.kr