

# 배추무사마귀병 저항성 유전자와 연관된 DNA 마커개발

한영한<sup>1</sup>, 우종규<sup>2</sup>, 박철호<sup>1</sup>

<sup>1</sup>강원대학교 생명공학부, <sup>2</sup>원예연구소 채소육종과

## Development of DNA markers linked to resistant gene to *Psmodiophora brassicae* Woronin in Chinese cabbage

Young-Han Han<sup>1</sup>, Jong-Gyu Woo<sup>2</sup>, Cheol-Ho Park<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Division of Biotechnology, Kangwon National University,

<sup>2</sup>Department of Vegetable Breeding, National Horticulture Research Institute

배추무사마귀병 저항성 유전 양식을 증명하기 위해서 CR계 F1에서 유래된 F2 세대를 포장 시험과 유묘 검정을 실시하였다.

F<sub>2</sub> 세대의 7 집단은 단일자우성으로 3:1의 분리비를 보였고, 5 집단은 중복 유전자가 관여하는 9:7의 유전 분리비를 보였다.

배추무사마귀병 저항성 유전자와 연관된 DNA 마커를 개발하기 위하여 CR-Saerona F<sub>2</sub> 집단을 배추무사마귀병 발병포장에서 재배하여 저항성 평가를 하였다. 220개의 임의의 프라이머를 이용하여 BSA-RAPD (Bulked segregant analysis-Randomly amplified polymorphic DNA)를 수행하였지만 CR-Saerona F<sub>2</sub> 집단에서 배추무사마귀병 저항성 유전자와 꼭 들어맞는 DNA 마커는 발견되지 않았다. 300개의 임의의 프라이머를 이용하여 CR-Saerona에서 유래된 F<sub>2</sub> 세대를 QTL 분석하였다. 저항성 정도는 발병지수에 따라 조사되었고 QTL 분석을 위해 one-way ANOVA 테스트를 하였다.

통계분석결과 두 프라이머(K16-1, L2-2)가 저항성과의 상관관계를 보여주었으나 유의성은 인정되지 않았다.