

## 제 2부 - 육종과 생명공학 기술의 현황과 도전

### Current status of molecular marker development and future marker-assisted breeding strategies in *Capsicum*

Byoung-Cheorl Kang\*

Dept. of Plant Science, Seoul National University

Pepper (*Capsicum* spp.) is ranked first among vegetable crops in Korea and third or fourth worldwide. While pepper has been most widely consumed as a food and spice, the capsaicinoid compounds, responsible for pungent sensation, have been used for diverse medicinal applications as well. Through classical breeding methods, a remarkable progress has been made in increasing yield and quality traits in pepper during last several decades. A major contribution to yield and quality improvement was the introduction of disease resistance genes and the introduction of hybrid varieties. The use of molecular marker techniques has been and will continue to be facilitating plant breeding. Since the first molecular linkage map of pepper was reported in 1988, several inter-specific and intra-specific maps have been constructed based on various DNA markers in *Capsicum*. In addition to molecular linkage maps, molecular markers have tagged major disease resistance traits and fruit traits. Some of these markers are being utilized for variety development in private seed companies. In this paper, current status of DNA marker development in *Capsicum* will be presented and future marker-assisted breeding strategies will be discussed.

\* corresponding author: Tel. 02-877-4563, e-mail: bk54@snu.ac.kr

### 식물 성숙종자에 유전자를 직접 도입하는 형질전환기술

오 세관<sup>1\*</sup>, Takashi Hagio<sup>2</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 작물과학원 영남농업연구소, <sup>2</sup>일본 농업생물자원연구소

식물의 대부분은 후대를 이어가기 위하여 종자번식을 하며, 특히 벼과 및 두과에 속하는 식량작물은 대부분 종자식물이다. 그 중에서도 벼는 생명공학연구의 모델식물로서 이용 빈도가 높으며, 벼를 이용한 형질전환 연구는 *Agrobacterium*법이 일반화된 상태이다. 그러나 맥류나 두류 등은 배양 및 Callus유도 자체가 어렵고 유전자전환율이 낮아, Particle gun법과 같은 물리적인 방법을 많이 이용하지만, 아직 연구결과가 미흡한 실정이다. 더구나 형질전환과 관련된 기술 및 재료가 모두 특허에 걸려 있어 이용이 어렵고 이는 산재되어 있기 때문에, 형질전환 산물을 육종소재 또는 실용화하는데 큰 제한요소로 작용한다. 이와 같은 상황에서 연사 등은 Electroporator(CUY21, NEPA GENE사)를 이용하여 벼과 식물의 성숙종자에 유전자를 직접 도입하는 기술개발에 성공하였다. 본 기술은 성숙종자를 하루정도 최아해서 세포벽과 기공의 개폐가 용이하도록 완충액과 감압처리를 한 다음, Electroporation처리를 하는 단순한 유전자도입 원리를 이용한 것으로서, 신속하고 간편하며 경제적인 특징이 있다. 무엇보다도 중요한 것은 Callus유도 및 배양이 어려운 식물종자에 적용 가능성이 높고, 특히 다량취급 및 반복실험이 용이한 장점을 보유하고 있다. 지금까지의 연구결과로서는 *gus* transient분석을 통하여 유전자원별 유전자도입 조건을 확립하였으며, *npt II* 유전자를 조합한 *pWI-H5K* 벡터를 밀과 벼에 도입하여 실용적인 형질전환작물을 개발하였다. 또한 유전자를 도입한 후, Geneticine 항체에 대한 저항성개체 비율은 1~2% 정도를 나타내었고, 선발된 개체에 대한 도입유전자의 전환율은 78%로서 매우 높고 안정적인 결과가 얻어졌다. 현재 다

양한 식물유전자원을 수집하여 본 기술에 대한 적합성을 검토 중에 있으며, 식물종자 뿐 아니라 미생물이나 동물조직에도 적용시키고 있다. 본 발표에서는 지금까지의 추진경과 및 금후방향에 대하여 소개하고자 한다.

\* 주저자 : 전화 055-350-1217, 이메일 : [ohskwan@rda.go.kr](mailto:ohskwan@rda.go.kr)

## Overview of Brassica Genome Structure based on Comparative Genomics with Arabidopsis:

### Sequencing 629 comparative-tile BACs and their utility for physical mapping of *B. rapa* genome

Tae-Jin Yang<sup>1</sup>, Soo-Jin Kwon<sup>1</sup>, Jungsun Kim<sup>1</sup>, Ki-Byung Lim<sup>2</sup>, Jin-A Kim<sup>1</sup>, Mina Jin<sup>1</sup>, Jee Young Park<sup>1</sup>, Beom-Soon Choi<sup>1</sup>, Myung-Ho Lim<sup>1</sup>, Ho-Il Kim<sup>1</sup>, Yong Pyo Lim<sup>3</sup>, Hyung Tae Kim<sup>4</sup>, and Beom-Seok Park<sup>1\*</sup>

1. Brassica Genomics Team, National Institute of Agricultural Biotechnology (NIAB), 224 Suinro Gwonseon-gu, Suwon, Gyeonggi-do, 441-707, Republic of Korea
2. Kyungpook National University, Daegu 702-701, Republic of Korea
3. Chungnam National University, Daejeon, 305-764, Republic of Korea
4. Macrogen Co. Gasan-dong, Seoul 153-023, Republic of Korea

The genus Brassica is triplicated after divergence of Arabidopsis and Brassica. Comparative genome analyses of about 600 sequenced Brassica BAC clones revealed overall co-linearity with 82% sequence similarity with their counterpart regions of Arabidopsis genome. We have obtained 91,511 BAC end sequences (BES) and high-resolution fingerprints (SNapShot) from 46,848 BAC clones originated three BAC libraries (HindIII, BamHI, and Sau3AI). All BES were used for comparative genome analysis with the Arabidopsis. A total of 47,748 (52%) BES show significant hit (E-6) on a spot of Arabidopsis chromosomes. And a total of 4,647 BAC clones (10%) are mapped on Arabidopsis chromosomes by directional matches of both ends (9,294 BES) within 30-500 kb interval on Arabidopsis chromosome. These 4,647 clones span 92 Mb of Arabidopsis genome. We have selected a total of 629 BACs that are on the comparative minimum tiling path (comparative-tile) of 86 Mb Arabidopsis genome. Up to now (May 2006), about 600 BACs of the comparative-tile are sequenced. The other BACs will be sequenced soon. Sequence-based genetic mapping of each BAC and their FPC information will be used as step-stone for walking and construction of physical map of all chromosomes. All information will be provided to multinational Brassica Genome Project (MBGP) members, soon. Collectively, combined sequence of the comparative-tile BACs will show the comparative syntenic overview of Arabidopsis and Brassica genome. All the comparative genome analysis of the BAC and BES are available from our Arabidopsis-Brassica Genome Browser ([www.brassica-rapa.org](http://www.brassica-rapa.org)).

Park Beom-Seok, 031-299-1675, [pbeom@rda.go.kr](mailto:pbeom@rda.go.kr)