

Recently, breeders at Nong Woo Bio Co. have constructed new lines resistant to Fusarium and Verticillium wilt disease using resistant lines to generate elite varieties. In order to make all breeding process faster and to support marker-assisted breeding, DNA markers for identifying resistant and susceptible characteristics of these wilt diseases in Tomato have been developed.

\*corresponding author: Chee Hark Ham; Tel. 031-883-7055; e-mail: [chham@nongwoobio.co.kr](mailto:chham@nongwoobio.co.kr)

(O2-09)

## DEG screening에 의한 겹무늬 썩음병 감염에 의해 유도되는 유전자 분석

김인중\*, 박아름, 강여진, 이성훈  
제주대학교 생명공학부

사과는 과수중 재배면적이 2위(27천ha)인 작물로서, 생산액은 1위인 경제적으로 매우 중요한 작물이다. 현재 사과원에서 사용되는 살균제의 70%이상이 겹무늬썩음병과 갈색무늬병방제용이다. 주품종인 후지의 경우 겹무늬썩음병 감수성을 나타낸다. 사과 과실과 줄기에 발생하여 과실의 상품성을 떨어뜨려 농가소득에 큰 피해를 입히는 사과 겹무늬 썩음병의 저항성에 관련하는 유전자를 탐색하고, 분자 표지 소재 개발을 위한 연구가 수행되었다. 겹무늬 썩음병 병원균 (*Botryosphaeria dothidea*)을 감염시킨 과실과 상처를 낸 과실로부터 시료를 채취하여, 무처리 사과 과실과의 DEG screening을 수행하여 병원균의 감염에 의해 발현이 유도되는 18종의 유전자를 분리하였다. 생물정보분석을 통해 이들 유전자들은 flavonoid glucosyltransferase, PHI-1 protein, metallothionein-like protein, protease-inhibitor, senescence 관련 유전자, chalcone isomerase, chitinase, wounding-induced protein등과 상동성이 높음을 알수 있었다. 이러한 유전자들은 외부 스트레스에 반응하여 발현이 유도되는 유전자로서 질병저항성과도 밀접한 유전자들이다. 겹무늬썩음병에 의해 오히려 발현이 감소되는 16종의 유전자를 분리하여 염기서열을 분석중에 있다. 이들은 겹무늬썩음병저항성 사과 품종을 개발하기 위한 유전자 소재나 마커소재로의 이용가능성을 조사중에 있다

\* 주저자: Tel. 064-754-3357, e-mail: [ijkim@cheju.ac.kr](mailto:ijkim@cheju.ac.kr)