

High Resolution Melting Analysis을 이용한 고추 유전자원의 *Cucumber mosaic virus* 저항성 평가

노나영* · 허온숙 · 고호철 · 김상규 · 이주희 · 곽재균 · 권진경¹ · 강병철¹
 국립농업과학원 농업유전자원센터, ¹서울대학교 식물생산과학부

Evaluation of Resistance in Pepper Germplasm to *Cucumber mosaic virus* by High Resolution Melting Analysis

Na Young Ro*, On Sook Hur, Ho Cheol Ko, Sang Gyu Kim, Ju Hee Rhee, Jae-Gyun Gwag, Jin-Kyung Kwon¹ and Byoung-Cheorl Kang¹

National Agrobiodiversity Center, National Academy of Agricultural Science, Rural Development Administration, Suwon 441-853, Korea

¹Department of Plant Science, and Plant Genomics and Breeding Institute, College of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul 151-921, Korea

(Received on September 29, 2012; Revised on November 23, 2012; Accepted on December 5, 2012)

In this study, total number of 1941 *Capsicum* accessions conserved at RDA Genebank was evaluated for their response to *Cucumber mosaic virus* (CMV). These accessions were composed with 9 species originated from 89 countries, included 839 *Capsicum annuum*, 277 *C. baccatum*, 395 *C. chinense*, 343 *C. frutescens*, 49 *C. pubescens*, and other 38 wild pepper species (*C. chacoense*, *C. galapagoense*, etc.). Resistant to CMV was screened with the 240H02SP6 SNP marker related to the *Cmr1* (*Cucumber mosaic resistance 1*). Eighty nine accessions of pepper germplasm were resistant to CMV based on the marker. One hundred sixty two accessions showed heterozygosity. One thousand two hundred seventy accessions were susceptible to CMV. Four hundred twenty accessions did not show distinction by 240H02SP6 marker. These 89 resistant pepper germplasm can be used in a pepper breeding program against CMV.

Keywords : *Capsicum*, *Cucumber mosaic virus*, Pepper, Resistant resources

서 론

고추(*Capsicum* spp.)는 가지과(Solanaceae)에 속하는 식물로 원산지는 남미 아마존강 유역으로 추정되며 유럽을 거쳐 우리나라에는 16세기 전후로 도입되어 국내 연간 생산량이 약 12만톤에 이르는 조미 채소 중 가장 중요한 작물이다(Kim 등, 2008; Pae 등, 2005; Yoon 등, 2004). 세계적으로 고추는 27종이 알려져 있으며, 그 중 5종이(*Capsicum annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. baccatum*, *C. pubescens*) 길들여져 재배되고 있으며, *C.*

*annuum*이 가장 널리 재배되고 있다(Yoon 등, 2004). 하지만 매년 고추에 발생하는 여러 종류의 병해충, 특히 바이러스에 의한 피해는 경제적으로 막대한 것으로 알려져 있다(Cho 등, 2007; Kim 등, 2005; Lee 등, 2004).

고추에 침입하여 병을 일으키는 바이러스는 이제까지 알려진 바로는 총 66종으로 이 중, 전 세계적으로 발생하여 피해를 주는 바이러스는 29종이 있고 나머지 바이러스들은 지역적으로 발생하여 피해를 주고 있다(Boccardo와 Conti, 1973; Cho 등, 2007; Gracia와 Gutierrez, 1982; Imoto, 1975; Yankulova와 Kaitazova, 1979). 우리나라에서는 1980년대 후반기에 고추에서 발생하는 바이러스는 담배모자이크바이러스(TMV)가 90% 정도로 대부분을 차지하여 가장 중요한 바이러스였으며, 오이모자이크바이러스(CMV)가 10% 내외 발생하였으나 근래에는 고추의 육묘

*Corresponding author

Phone) +82-31-299-1871, Fax) +82-31-294-6029

Email) nonanona@korea.kr

및 재배 방식이 변화하면서 담배모자이크바이러스의 발생은 낮아지고 있다(Kim 등, 2005). 반면 오이모자이크바이러스 감염 발생률은 29.4%, 잠두위조바이러스(*Broad bean wilt virus 2*, BBWV2) 발생률은 25.6%로 점차 증가하고 있으며, 최근 오이모자이크바이러스 단독 감염보다는 잠두위조바이러스와 복합 감염되어 재배농가에 피해를 주고 있다(Cho 등, 2007).

오이모자이크바이러스(CMV)는 넓은 기주 범위를 가지고 있으며, 진딧물에 의한 비영속전염 바이러스로 전 세계적으로 분포한다(Florini와 Zitter, 1987; Joshi와 Dubey, 1973). 이 바이러스는 *Cucumovirus*의 대표 바이러스로서 85과 365속 775종의 기주로부터 분리된다고 보고(Abdalla 등, 1991; Benner 등, 1985; Laird 등, 1964; Palukaitis 등, 1992; Purcifull 등, 1975)된 바 있는 것으로 보아 적어도 1,000종 이상의 식물들을 기주로 가지고 있으며(Cho 등, 2009), 식물체 전염은 60종 이상의 매개충이 알려져 있는데 주로 진딧물에 의해 전염된다.

오이모자이크바이러스에 대한 저항성 품종을 교잡육종을 통해 개발하였으나 병 저항성 유전자원의 부족과 병원균의 다양한 병원성 분화가 일어나 현재 직접적으로 바이러스 병을 방제할 수 있는 효과적인 방제방법은 없다. 식물 바이러스병의 방제를 위하여 여러 방법들이 시도되고 있으며, 그 중 약독 바이러스를 이용한 교차방어(cross protection) 방법이 가장 효율적인 방제법으로 사용되고 있다(Makkouk와 Gumpf, 1976). 최근에는 고추의 재배 및 생장 과정에서 커다란 문제를 야기하고 있는 오이모자이크바이러스의 방제 효율성을 증대시키기 위해 유전자 변형 작물에 대한 연구가 활발하게 진행되고 있다(Cai 등, 2003; Lee 등, 2009).

High-resolution melting(HRM) 분석은 single nucleotide polymorphisms(SNPs)을 이용하는 최근 분석 방법이다(Wittwer 등, 2003). 다수의 연구에서 HRM 분석은 SNPs를 포함하여 염기서열의 삽입/결실(insertion/deletions), microsatellites까지 관찰이 가능하다(Chagné 등, 2008; Croxford 등, 2008; Lehmsiek 등, 2008). 이 방법은 PCR 반응 후에 제한효소 반응과 전기영동이 필요 없는 저비용 분석 방법으로(Hofinger 등, 2009) 식물 대립 유전자좌를 분석하기에 적합한 방법으로(Jeong 등, 2012) 평가되고 있다. 고추 품종 중 부강(*C. annuum*)은 CMVKorean과 CMVFNY 계통 바이러스에 단일 우성 저항성 유전자를 가지는데 이를 *Cmr1*(*Cucumber mosaic resistance 1*)이라 명명하였고, *Cmr1* 유전자에 1.5 cM 떨어진 거리에 240H02sp6 SNP 마커를 개발하였다(Kang 등, 2010).

본 연구는 국립농업과학원 농업유전자원센터에서 보존

하고 있는 고추 유전자원을 *Cmr1* 유전자와 연관된 240H02sp6 SNP 마커를 HRM 분석 방법을 이용하여 CMV 저항성 자원을 탐색하고, 현재까지 저항성이 보고 되지 않은 새로운 저항성 자원을 선발하여 저항성 품종육성을 위한 육성재료를 제공하고자 수행하였다.

재료 및 방법

식물 재료. CMV 저항성 평가를 위하여 농촌진흥청 농업유전자원센터에서 보존 중인 고추 유전자원 1941점을 실험 재료로 이용하였다. 실험에 이용된 자원들의 원산지는 83개국으로 불가리아 자원이 239점으로 가장 많았고, 다음으로 중국 자원이 202점, 한국 원산 자원은 40점이었으며 아제르바이젠 원산자원 1점 등으로 구성되었다. 저항성 탐색에 이용된 자원의 종들은 재배종 5종과 (*C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens*) 야생근연종 3종(*C. galapagoense*, *C. chacoense*, *C. tovarii*), 미동정 자원(*Capsicum* sp.)으로 구성되었다(Table 1).

각각의 종자는 1% 차아염소산나트륨(NaOCl)에서 1분간 표면살균하고 멸균수로 2회 세척 후 습실 처리된 filter paper를 깔 Petri dish에 치상하고 25°C 항온기에서 3일간 두어 발아 시켰다. 발아한 종자는 플러그 묘판(5×10)에 피트모스 배양토에 과중하여 비닐하우스에서 10주간 육묘하였다. 육묘된 묘는 2010년 5월 상순에 612점, 2011년 5월 상순에 1329점을 자원마다 8-10개체씩 비가림하우스에 정식하였고 농촌진흥청 표준재배법에 따라 재배하였다. 잡초발생을 억제하기 위하여 검은색 비닐로 멀칭하였다. 7월 말에 잎을 채취하여 DNA를 추출하였고, 이후 유묘, 식물체, 화기, 과실특성 등 생육특성조사를 유전자원 특성조사 및 관리요령-고추(농촌진흥청)에 따라 수행하였다. 과실특성은 과중(g), 과장(mm), 과폭(mm) 항목은 자원마다 5개씩 조사하여 평균을 내었고, 과형은 코드화하여 9가지로 조사하였다.

DNA 추출. 어린 잎 조직을 채취하여 96 well type의 1.2 ml collection microtube에 tungsten carbide bead 2개를 함께 넣고 Tissue-Lyser(Qiagen, Alabama, USA)를 이용하여 마쇄하였다. 마쇄한 조직으로부터 hexadecyltrimethylammonium bromide(CTAB) 방법을 이용하여 genomic DNA를 추출하였다(Kang 등, 2010). 추출한 DNA는 NanoDrop®ND-1000(Nanodrop-Technologies, USA)을 이용하여 260 nm에서 정량하고 최종 농도가 20 ng/μl가 되도록 희석하였다.

HRM 분석. Park 등(2009)의 방법을 참고하여 HRM

Table 1. Capsicum genetic resources for evaluation of resistance against *Cucumber mosaic virus* in this study

Species (No. of accession)	Origins ^a
<i>C. annuum</i> (839)	ARG(3), AUS(2), AZE(2), BGR(237), BOL(4), CAN(1), CHE(1), CHL(1), CHN(196), COL(1), CRI(1), CSK(3), CZE(2), DEU(4), ECU(3), ETH(1), FRA(7), GEO(3), GTM(1), HND(1), HUN(13), IND(9), ISR(1), ITA(3), JPN(10), KAZ(2), KGZ(3), KOR(39), LAO(3), LBY(1), MAR(1), MDA(4), MEX(8), MMR(7), MNG(1), MYS(2), NLD(3), NPL(4), PAK(1), PER(9), PHL(1), PRK(14), PRT(5), ROM(1), RUS(31), SLV(4), THA(7), TKM(1), TUN(1), TUR(10), TWN(15), UGA(2), UKR(3), USA(13), UZB(29), VNM(3), YUG(1), unknown(100),
<i>C. baccatum</i> (277)	ARG(10), BOL(39), BRA(98), CHL(2), COL(3), CRI(20), DNK(1), ECU(21), GTM(1), HUN(2), JAM(1), KEN(1), KOR(1), MEX(5), NLD(1), PER(30), PRY(22), TWN(1), URY(5), USA(2), unknown(11)
<i>C. chacoense</i> (15)	ARG(4), BOL(5), DEU(1), DNK(1), GBR(2), USA(1), unknown(1)
<i>C. chinense</i> (395)	ARG(1), AUS(1), BGD(1), BLZ(3), BOL(29), BRA(58), CHL(2), CHN(1), COL(51), CRI(48), CUB(2), ECU(28), FRA(1), GBR(2), GRD(1), GTM(4), GUY(4), HND(3), HUN(3), MEX(21), NLD(1), PAN(4), PER(72), PRI(10), SEN(2), SUR(10), TZA(3), UGA(1), USA(11), VEN(13), NM(1), ZMB(1), unknown(2)
<i>C. frutescens</i> (343)	BGR(1), BOL(2), BRA(18), CHN(1), COL(32), CRI(105), CUB(4), ECU(22), ETH(2), FJI(1), GBR(2), GTM(19), GUY(1), HND(11), IDN(2), IND(2), LAO(17), Libyan Arab Jamahiri(1), MEX(17), MMR(1), MNP(1), MYS(2), NGA(2), NIC(4), NLD(1), NPL(2), PAN(4), PER(11), PHL(3), PRI(2), PRT(1), SLV(14), SUR(1), THA(5), TWN(2), UGA(1), USA(1), VEN(1), VNM(1), ZAR(1), ZMB(1), unknown(21)
<i>C. galapagoense</i> (1)	USA(1)
<i>C. pubescens</i> (49)	BOL(1), CRI(2), ECU(14), GTM(25), PER(3), USA(3), unknown (1)
<i>C. tovarii</i> (1)	BOL(1)
<i>Capsicum</i> sp. (21)	BGR(1), CHN(4), HUN(1), MMR(2), NPL(5), unknown(8)

^aCountry codes (ISO 3166-1 alpha-3).

분석을 진행하였다. Kang 등(2010)이 개발한 *Cmr1* 유전자와 연관된 마커 중 240H02sp6 SNP 마커를 이용하여 primer 염기서열은 forward primer: 5'-TTGGTTGAGGC AAGTTTTCA-3', reverse primer: 5'-TCATTTTCCTATG TCATTCATGG-3'로 제작하였다. PCR을 수행하기 위해 반응액의 총 부피 20 µl에서 100 ng의 gDNA와 1.5 mM MgCl₂, 60 mM KCl, 10 mM Tris-Cl, 2.5 mM의 dNTPs, 1.25 µM SYTO 9(Invitrogen, USA), 5 pmol forward와 reverse primer, Taq polymerase(Bioneer, Korea) 0.2 unit를 이용하였다. PCR은 95°C에서 5분간 denaturation 과정을 거쳐 95°C에서 30초, 58°C에서 30초, 72°C에서 30초의 총 40 cycle로 수행하였다. HRM 분석은 PCR 과정이 끝난 후 Lightscanner(Idaho Technology, USA)의 프로그램화 된 온도 65°C에서 90°C까지 초당 0.1도 간격으로 형광량을 측정하였다. Melting curve를 분석하기 위해 Lightscanner (Idaho Technology, USA)의 software version 2.0를 이용하였다.

결 과

고추속 유전자원의 *Cucumber mosaic virus* 저항성 탐색. 1941점의 고추 유전자원에서 89점이 저항성, 162점

Table 2. Evaluation of 1941 accessions of pepper germplasm to *Cucumber mosaic virus*

Species	<i>Cmr1</i> ^a				
	R	H	S	A	Fail
<i>Capsicum annuum</i>	38	107	663	14	17
<i>Capsicum baccatum</i>	20	4	40	213	-
<i>Capsicum chacoense</i>	1	4	6	4	-
<i>Capsicum chinense</i>	21	16	268	90	-
<i>Capsicum frutescens</i>	8	30	261	44	-
<i>Capsicum galapagoense</i>	-	-	1	-	-
<i>Capsicum pubescens</i>	1	-	13	35	-
<i>Capsicum tovarii</i>	-	-	1	-	-
<i>Capsicum</i> sp.	-	1	17	1	2
Total	89	162	1270	401	19

^aR, RR (homozygous resistant); H, Rr (heterozygous); S, rr (homozygous susceptible); A, new HRM curve; Fail, no detection.

이 이형접합성, 1270점이 이병성으로 분석되었다(Table 2). 고추 종별로는 *C. annuum*은 총 839자원 중 38점이 저항성으로 나타났으며, 107점이 이형접합성, 663점이 이병성인 것으로 나타났다. *C. baccatum*은 277점 중 23%에 해당하는 자원만 분석이 되었고, 분석된 자원 중 20점

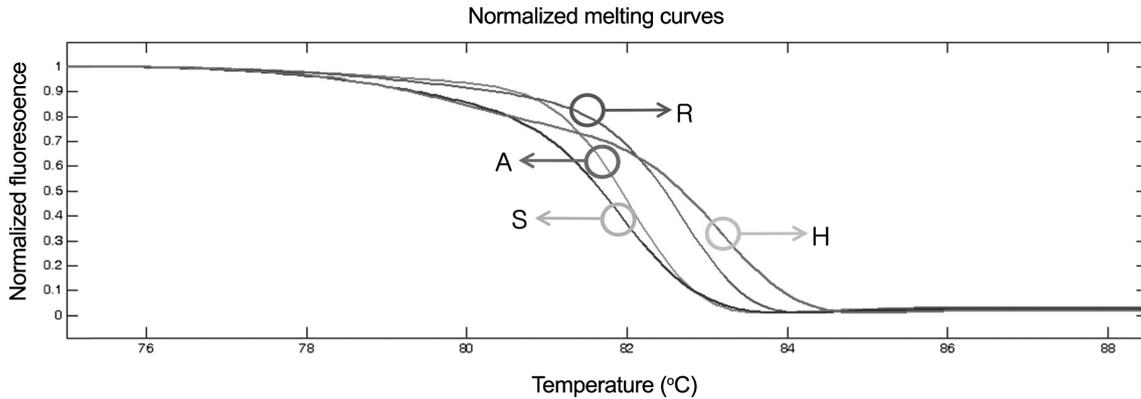


Fig. 1. HRM normalized melting curve profiles of pepper germplasm. R, RR (homozygous resistant); H, Rr (heterozygous); S, rr (homozygous susceptible); A, new HRM curve.

이 저항성을 그리고 4점이 이형접합성, 40점이 이병성을 나타내었다. *C. chinense*는 21점이 저항성, 16점이 이형접합성, 268점이 이병성으로, *C. frutescens*는 8점이 저항성, 30점이 이형접합성, 261점이 이병성으로 나타났다. *C. pubescens*는 K157779 자원만 저항성을 나타내었으며, *Capsicum* sp. 자원들 중에는 저항성 자원이 없었다. 야생 근연종인 *C. chacoense*는 15점이 분석되어 1점이 저항성, 4점이 이형접합성, 6점이 이병성을 보였고, *C. galapagoense*와 *C. tovarii*는 각 한 점씩 분석되었고 모두 이병성으로 나타났다.

분석을 하면서 특이한 점은 부강에서 나타나지 않았던 새로운 HRM 곡선이 나타나 A로 표기하였다(Fig. 1). A 곡선이 가장 많이 나타난 종은 *C. baccatum*으로 213점이 이 곡선에 포함되었고 *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens*에서도 90점, 44점, 34점이 A로 나타났다.

저항성 고추 자원들의 특성. 240H02sp6 SNP 마커를 이용하여 CMV 저항성으로 탐색된 89점의 고추 유전자원들의 기초정보와 과실특성은 Table 3과 같다. 자원구분은 재래종 2점, 육성계통 29점, 육성품종 4점, 야생근연종이 1점이었고, 자원의 원산지는 중국, 멕시코 등 23개국 자원으로 구성되었다. 과실의 모양은 일반적인 고추 유형인 좁은 삼각형(code 8)이 32점으로 가장 많았고 심장형(code 3) 20점, 뿔형(code 9) 10점, 삼각형(code 7) 9점, 사다리꼴(code 6) 6점, 원형(code 2) 4점, 사각형(code 4) 3점, 누운타원형(code 1) 1점으로 나타났다. 과실의 세로 길이는 7.3 mm에서 241.7 mm로 분포하였고 평균값은 85.3 mm였다. 과실의 가로 폭은 5.6 mm에서 55.1 mm, 평균값은 15 mm로 나타났다. 89점 저항성 자원 중 결실기가 늦은 908276, 800079, IT 183128, IT 182545, IT 158832은 과실을 수확하지 못하여 조사되지 못했다.

고찰

고추의 CMV 저항성 육성에 있어 *Cmr1* 유전자와 연관된 240H02sp6 SNP 마커는 매우 유용한 마커이다. *Cmr1* 유전자는 우성이고 멘델유전을 하므로(Kang 등, 2010) 이번 연구에 분석된 유전자원 집단에서 저항성 유전자(R)의 빈도는 0.11로 나타났다. 종별로 보면 부강이 속한 종인 *C. annuum* 종들은 분석율이 96%로 높고 재배종인 *C. chinense*와 *C. frutescens*도 각각 77%, 87%의 분석율을 보여 저항성 탐색에 이 마커가 효용성이 다소 높은 것으로 나타났다. 그러나 다른 재배종인 *C. baccatum*은 277점을 분석하여 64점에 대한 결과를 얻어 분석율이 23%였고, 나머지 77%는 HRM 곡선이 부강에서는 나타나지 않는 새로운 커브(A)가 나타났다. 이러한 결과는 240H02sp6 SNP 마커가 부강에서 유래하였기 때문에 나타난 현상으로 보이며 다양한 자원에 대한 CMV 저항성 탐색을 위해서는 차후에 A 곡선에 대한 면밀한 검토가 필요하다.

1941점의 고추 유전자원에 대하여 CMV 저항성 탐색 결과 6종에서 89점이 선발되었다. 종별로 분석 자원에 대한 저항성 자원의 비율을 보면 *C. annuum*은 4.5%, *C. baccatum* 7.2%, *C. chinense* 5.3%, *C. frutescens* 2.3%, *C. pubescens* 2.0%로 나타났다. *C. annuum*을 제외하고는 A 커브가 상대적으로 많았기 때문에 정확한 비율로 해석하기는 어렵지만, *C. baccatum*과 *C. chinense* 자원에서 저항성이 다소 높은 비율로 나타난 것을 알 수 있었다. A 곡선이 저항성인지 아닌지는 아직 판단이 되지 않으나 A 곡선이 *C. baccatum*과 *C. chinense* 자원에서 각각 213점, 90점으로 많이 나타난 현상이 이 두 종에서 저항성 자원의 비율이 높은 것과 연관이 있는지 앞으로 연구가 더 필요해 보인다. *C. galapagoense*, *C. chacoense*, *C. tovarii*는

Table 3. Characteristics of the resistant pepper accessions to CMV

Accession No.	Species	Classification	Origin ^a	Fruit characteristics			
				Shape ^b (code)	Length (mm)	Width (mm)	Weight (g)
IT 235655	<i>C. annuum</i>	unknown	TUR	6	93.2	48.9	49.0
IT 235642	<i>C. annuum</i>	Variety	PRK	4	58.8	16.3	5.2
IT 103059	<i>C. frutescens</i>	Landrace	KOR	8	106.7	14.9	7.6
K022461	<i>C. chinense</i>	Landrace	NPL	4	26.0	7.2	0.7
K161332	<i>C. chinense</i>	unknown	ECU	7	57.5	15.1	4.6
K161328	<i>C. baccatum</i>	unknown	VEN	3	35.0	20.1	3.5
K161106	<i>C. baccatum</i>	unknown	CRI	9	80.0	16.9	5.8
K161104	<i>C. baccatum</i>	unknown	PRY	8	55.0	10.6	2.1
K161092	<i>C. baccatum</i>	unknown	PRY	3	36.7	40.2	16.5
K161040	<i>C. baccatum</i>	unknown	ARG	8	48.3	8.2	1.4
K161034	<i>C. baccatum</i>	unknown	PER	3, 7	60.0	17.7	6.2
K161011	<i>C. baccatum</i>	unknown	ARG	9	141.7	16.4	8.4
K160972	<i>C. annuum</i>	unknown	PRY	2	11.7	7.3	0.3
K160149	<i>C. annuum</i>	Variety	CHN	9	90.0	18.0	9.8
K160145	<i>C. annuum</i>	Variety	CHN	8	60.0	10.4	2.8
K160144	<i>C. annuum</i>	Variety	CHN	8, 7	56.0	9.0	1.7
K160119	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	96.7	19.4	8.4
K160116	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	98.3	16.9	8.7
K160081	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	241.7	15.5	10.0
K160079	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	216.7	21.5	15.7
K160078	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	159.0	12.2	8.3
K160068	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	130.0	16.4	8.2
K160062	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	118.3	13.7	5.6
K160061	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	7	85.0	28.5	6.0
K160057	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	185.0	13.4	10.6
K160054	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	158.3	18.9	13.9
K160050	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	123.3	19.4	13.0
K160049	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	118.3	18.1	12.9
K160048	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	146.7	18.5	13.7
K160031	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	141.7	17.6	14.4
K160027	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	151.7	15.9	7.5
K160023	<i>C. frutescens</i>	breeding line	CHN	8	143.3	19.2	13.0
IT 158413	<i>C. annuum</i>	unknown	Libyan Arab Jamahiri	3	8.0	6.6	0.2
K160017	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	188.3	24.8	29.3
K160016	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	203.3	27.2	33.4
IT 158417	<i>C. annuum</i>	unknown	SLV	2	7.3	5.6	0.1
K160015	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	155.0	17.5	12.5
K160014	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	125.0	21.6	16.5
K160008	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	9	203.3	24.0	37.7
K160000	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	9	116.7	21.0	9.8
K159999	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	143.3	20.0	15.4
K159998	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	141.7	20.2	14.0
K159997	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	140.0	20.7	14.3
K159996	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	148.3	17.7	10.2
K159994	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	135.0	21.8	14.2
K159992	<i>C. annuum</i>	breeding line	CHN	8	130.0	19.6	15.5

Table 3. Continued

Accession No.	Species	Classification	Origin ^a	Fruit characteristics			
				Shape ^b (code)	Length (mm)	Width (mm)	Weight (g)
K159984	<i>C. baccatum</i>	breeding line	CHN	8	93.3	18.0	8.0
IT 158446	<i>C. chinense</i>	unknown	unknown	6	56.7	21.2	7.6
IT 158447	<i>C. chinense</i>	unknown	unknown	3	31.7	36.7	10.1
K157805	<i>C. chinense</i>	unknown	ECU	7	47.5	13.4	4.1
K157790	<i>C. pubescens</i>	unknown	BRA	6	25.0	11.7	0.8
K157779	<i>C. chinense</i>	unknown	ECU	3	25.0	23.4	6.3
K157627	<i>C. baccatum</i>	unknown	COL	8	103.3	17.6	7.8
K157594	<i>C. baccatum</i>	unknown	BRA	1	43.3	55.1	21.2
K157593	<i>C. baccatum</i>	unknown	BRA	9	168.3	20.0	13.7
K157591	<i>C. baccatum</i>	unknown	BRA	8, 3	65.0	14.4	3.5
K157569	<i>C. baccatum</i>	unknown	BOL	9	90.0	19.2	7.6
K157538	<i>C. baccatum</i>	unknown	BRA	8	73.3	11.1	2.5
K157504	<i>C. baccatum</i>	unknown	MEX	2	11.7	15.0	1.6
K157502	<i>C. chinense</i>	unknown	JAM	3	10.0	8.3	0.3
K157482	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	39.7	39.9	12.2
K157481	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	30.0	17.7	2.6
K157480	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	55.0	30.3	10.4
K157478	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	42.7	33.6	9.8
K157476	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	42.7	35.5	11.5
K157474	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	47.7	35.8	14.7
K157473	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	48.3	36.4	14.4
K157472	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	40.0	35.9	9.7
K157471	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	38.7	31.2	8.5
K157470	<i>C. baccatum</i>	unknown	MEX	3	43.7	33.9	10.0
IT 158544	<i>C. chinense</i>	unknown	unknown	9	100.0	27.4	13.6
K157469	<i>C. chinense</i>	unknown	MEX	3	40.0	39.1	9.6
K157468	<i>C. chinense</i>	unknown	BLZ	3	26.7	27.6	5.4
K157466	<i>C. baccatum</i>	unknown	PAN	4	43.7	39.9	16.6
IT 158578	<i>C. frutescens</i>	unknown	unknown	7	36.7	11.3	1.8
K157459	<i>C. frutescens</i>	unknown	CRI	3, 6	40.0	30.1	8.6
K157426	<i>C. baccatum</i>	unknown	CRI	7	40.0	12.8	1.9
IT 158592	<i>C. baccatum</i>	unknown	unknown	6	43.3	30.1	5.8
IT 158609	<i>C. frutescens</i>	unknown	TWN	9	110.0	23.0	10.2
K157425	<i>C. chinense</i>	unknown	CRI	7	33.3	11.1	1.4
K057484	<i>C. chinense</i>	unknown	unknown	6	108.3	23.2	11.5
K057483	<i>C. baccatum</i>	unknown	USA	6	55.0	20.1	4.8
K057459	<i>C. chacoense</i>	unknown	BOL	3	12.7	13.0	0.8
K057230	<i>C. frutescens</i>	unknown	ARG	3	11.7	7.3	0.2
908276	<i>C. frutescens</i>	unknown	unknown	7	100.0	31.8	19.3
800079	<i>C. annuum</i>	unknown	unknown	9	— ^c	—	—
IT 183128	<i>C. frutescens</i>	wild	NPL	2	—	—	—
IT 182545	<i>C. annuum</i>	unknown	NPL	7	—	—	—
IT 158832	<i>C. annuum</i>	unknown	FRA	7	—	—	—

Fruit Characteristics; an accession planted 8–10, investigated 5 fruits of each accession.

^aCountry codes (ISO 3166-1 alpha-3).

^bFruit shape (code), 1: Recumbent elliptical, 2: Circle, 3: Cardioid, 4: Quadrangle, 5: Rectangle, 6: Trapezoid, 7: Triangle, 8: Narrow triangle, 9: Horn.

^cNot tested.

분석된 자원수가 적어서 논외로 하였다.

저항성 자원들의 생육특성 조사 결과를 보면 과형이 3번 심장형, 8번 좁은삼각형이 많은데 이것은 *C. chinense*가 심장형 과실이 많고, *C. annuum*이 좁은 삼각형 과실이 많기 때문에 나타난 결과이다. 저항성 자원들 중 과형이 두 가지로 나타난 자원들도 있는데 이러한 현상은 자원이 고정되지 못하여 과실이 분리되는 경우, 또는 혼종인 경우도 있다. *C. annuum* 자원 중 K159992, K159999, K160014, IT 247249는 과형이 좁은삼각형이면서 과중이 15–20 g, 특히 K160016과 IT 247242은 좁은삼각형 모양에 과중이 각각 33 g과 29 g으로 대과이면서 한국인이 좋아하는 고추 모양으로 CMV 저항성도 갖추고 있어 육성 재료로 이용하기에 우수한 것으로 보인다.

본 실험에서 HRM 방법을 통해 CMV 저항성으로 판단되는 89점을 선발하였으며, 특히 *C. annuum* 6점은 과형이 우수한 것으로 조사되었다. 이 자원들은 CMV 저항성 육종을 위한 재료로 이용할 수 있을 것이며, 유전 연구와 병저항성 기작에 관한 연구에도 이용될 수 있으리라 판단된다.

요 약

농업유전자원센터에 보존하고 있는 고추 유전자원 1,941 점을 240H02sp6 SNP 마커를 이용하여 *Cucumber mosaic virus* 저항성 정도를 평가하였다. 1941점의 고추 유전자원에서 89점이 저항성, 162점이 이형접합성, 1270점이 이병성으로 분석되었다. 고추 종별로는 *C. annuum*은 총 839 자원 중 38점이 저항성으로 나타났으며, *C. baccatum*은 277점 중 23%에 해당하는 자원만 분석이 되었고 분석된 자원 중 20점이 저항성을 나타냈다. *C. chinense*는 21점이 저항성, *C. frutescens*는 8점이 저항성을 보였다. *C. pubescens*는 K157779 자원만 이병성을 나타내었으며, *Capsicum* sp. 자원들 중에는 저항성 자원이 없었다. 야생 근연종인 *C. chacoense*는 15점이 분석되어 1점이 저항성, 4점이 이형접합성, 6점이 이병성을 보였고, *C. galapagoense*, *C. tovarii*는 각 한 점씩 분석되었고 모두 이병성으로 나타났다.

Acknowledgement

This work was carried out with the support of “Cooperative Research Program for Agriculture Science & Technology Development (Project No. PJ009083022012)” Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Abdalla, O. A., Desjardine, P. R. and Dodds, J. A. 1991. Identification, disease incidence, and distribution of viruses infecting peppers in California. *Plant Dis.* 75: 1019–1023.
- Benner, C. P., Kuhn, C. W., Demski, J. W., Dobson, J. W., Colditz, P. and Nutter, F. W. Jr. 1985. Identification and incidence of pepper viruses in northeastern Georgia. *Plant Dis.* 69: 999–1001.
- Boccardo, G. and Conti, M. 1973. Purification and properties of nasturtium ringspot virus. *J. Phytopathol.* 78: 14–24.
- Cai, W. Q., Fang, R. X., Shang, H. S., Wang, X., Zhang, F. L., Li, Y. R., Zhang, J. C., Cheng, X. Y., Wang, G. L. and Mang, K. Q. 2003. Development of CMV- and TMV-resistant transgenic chili pepper: Field performance and biosafety assessment. *Mol. Breeding* 11: 25–35.
- Chagné, D., Gasic, K., Crowhurst, R. N., Han, Y., Bassett, H. C., Bowatte, D. R., Lawrence, T. J., Rikkerink, E. H., Gardiner, S. E. and Korban, S. S. 2008. Development of a set of SNP markers present in expressed genes of the apple. *Genomics* 92: 353–358.
- Cho, D. W., Oh, J. P., Park, K. W. and Chung, K. H. 2009. Analysis of agricultural characteristics for the virus resistant GM pepper plants grown in three different regions in Korea. *Korean J. Hort. Sci. Technol.* 27: 521–529.
- Cho, J. D., Lee, S. H., Kim, J. S., Choi, K. S. and Chung, B. N. 2007. Study of occurrence of virus disease on the pepper in Korea. *BioWave* 9: 1–8. (In Korean)
- Croxford, A. E., Rogers, T., Caligari, P. D. S. and Wilkinson, M. J. 2008. High-resolution melt analysis to identify and map sequence-tagged site anchor points onto linkage maps: a white lupin (*Lupinus albus*) map as an exemplar. *New Phytol.* 180: 594–607.
- Florini, D. A. and Zitter, T. A. 1987. Cucumber mosaic virus (CMV) in pepper (*Capsicum annuum* L.) in New York and associated yield losses. *Phytopathology* 77: 652. (Abstract)
- Gracia, O. and Gutierrez, L. S. 1982. Broad bean wilt virus in pepper crops in Argentina. *Phytopath. Medit.* 21: 107–109.
- Hofinger, B. J., Jing, H. C., Hammond-Kosack, K. E. and Kanyuka, K. 2009. High-resolution melting analysis of cDNA-derived PCR amplicons for rapid and cost-effective identification of novel alleles in barley. *Theor. Appl. Genet.* 119: 851–865.
- Imoto, M. 1975. Studies on mosaic disease of sweet pepper (*Capsicum frutescens* L.) 2. Occurrence of mosaic disease of sweet pepper and kinds of its causal viruses in Hiroshima prefecture. *Bull. Hiroshima Agr. Expt. Station, Japan* 36: 56–66.
- Jeong, H. J., Kwon, J. K., Pandeya, D., Hwang, J. N., Hoang, N. H., Bae, J. H. and Kang, B. C. 2012. A survey of natural and ethyl methane sulfonate-induced variations of eIF4E using

- high-resolution melting analysis in *Capsicum*. *Mol. Breeding* 29: 349–360.
- Joshi, R. D. and Dubey, L. N. 1973. Assessment of losses due to CMV on chili. *Science and Culture* 39: 521–522.
- Kang, W. H., Hoang, N. H., Yang, H. B., Kwon, J. K., Jo, S. H., Seo, J. K., Kim, K. H., Choi, D. and Kang, B. C. 2010. Molecular mapping and characterization of a single dominant gene controlling CMV resistance in peppers (*Capsicum annuum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 120: 1587–1596.
- Kim, D. H., Cho, J. D., Kim, J. H., Kim, J. S. and Cho, E. K. 2005. Ultrastructural characteristics of necrosis and stunt disease in red pepper by the mixed infections of Tobacco mosaic virus-U1 and Pepper mild mottle virus and Pepper mottle virus. *Plant Pathology J.* 21: 252–257.
- Kim, S. H., Yoon, J. B., Do, J. W. and Park, H. G. 2008. A major recessive gene associated with anthracnose resistance to *Colletotrichum capsici* in chili pepper (*Capsicum annuum* L.). *Breed. Sci.* 58: 137–141.
- Laird, E. F., Desjardins, P. R. and Dickson, R. C. 1964. Tobacco etch virus and potato virus Y from pepper in southern California. *Plant Dis. Rep.* 48: 772–776.
- Lee, S. H., Lee, J. B., Kim, S. M., Choi, H. S., Park, J. W., Lee, J. S., Lee, K. W. and Moon, J. S. 2004. The incidence and distribution of viral diseases in pepper by cultivation types. *Res. Plant Dis.* 10: 231–240. (In Korean)
- Lee, Y. H., Jung, M., Shin, S. H., Lee, J. H., Choi, S. H., Her, N. H., Lee, J. H., Ryu, K. H., Paek, K. Y. and Harn, C. H. 2009. Transgenic peppers that are highly tolerant to a new CMV pathotype. *Plant Cell Rep.* 28: 223–232.
- Lehmensiek, A., Sutherland, M. W. and McNamara, R. B. 2008. The use of high resolution melting (HRM) to map single nucleotide polymorphism markers linked to a covered smut resistance gene in barley. *Theor. Appl. Genet.* 117: 721–728.
- Makkouk, K. M. and Gumpf, D. J. 1976. Characterization of potato virus Y strains isolated from pepper. *Phytopathology* 66: 576–581.
- Pae, D. H., Chae, Y., Wang, T. C., Engle, L. M. and Shanmugasundaram, S. 2005. Selection of new breeding materials with resistance to anthracnose in *Capsicum annuum*. *J. Korean Soc. Hort. Sci.* 46: 10–12.
- Palukaitis, P., Roossinck, M. J., Dietzgen, R. G. and Francki, R. I. B. 1992. *Cucumber mosaic virus*. *Adv. Virus Res.* 41: 281–341.
- Park, S. W., An, S. J., Yang, H. B., Kwon, J. K. and Kang, B. C. 2009. Optimization of high resolution melting analysis and discovery of single nucleotide polymorphism in *Capsicum*. *Hort. Environ. Biotechnol.* 50: 31–39.
- Purcifull, D. E., Zitter, T. A. and Hiebert, E. 1975. Morphology, host range and serological relationships of pepper mottle virus. *Phytopathology* 65: 559–562.
- Wittwer, C. T., Reed, G. H., Gundry, C. N., Vandersteen, J. G. and Pryor, R. J. 2003. High-resolution genotyping by amplicon melting analysis using LCGreen. *Clin. Chem.* 49: 853–860.
- Yankulova, M. and Kaitazova, P. 1979. Broad bean wilt virus-a new virus on pepper in Bulgaria. *Grradinarska I Lozarska Nanka.* 16: 48–57.
- Yoon, J. B., Do, J. W., Yang, D. C. and Park, H. G. 2004. Interspecific cross compatibility among five domesticated species of *Capsicum* genus. *J. Korean Soc. Hort. Sci.* 45: 324–329.