

한국 건고추 개화소요일수의 유전 분석

소재우¹ · 이용범² · 남상용^{3*}

¹국립원예특작과학원 원예특작환경과, ²서울시립대학교 환경원예학과, ³삼육대학교 원예학과

Genetic Analysis of Days to Flowering in Korean Hot Pepper

Jae-Woo Soh¹, Yong-Beom Lee², and Sang-Yong Nam^{3*}

¹Horticultural and Herbal Crop Environment Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Suwon 441-440, Korea

²Department of Environmental Horticulture, University of Seoul, Seoul 130-743, Korea

³Department of Horticulture, Sahmyook of University, Seoul 139-742, Korea

Abstract. This study was carried out to calculate the genic values of days for flowering in commercial breeding lines of Korean hot pepper (*Capsicum annuum* L.). Two breeding lines of pepper ‘#2132’ (P₁) early-flowering, and ‘#1308’ (P₂) medium-late flowering, and their F₁ and F₂ generations were used in this study. By using partitioning method (Thseng and Hosokawa, 1971, 1972), it was possible to estimate, from the F₂ generations, the number of effective factor pairs differentiating the two parents. It was found out that the two parents were differentiated by two effective factor pairs, A:a and B:b. In the breeding lines used, the inheritance of days to flowering showed that the F₁ flowered a little earlier than the earlier flowering parent through the effect of over-dominance. However, F₂ flowered earlier or later than both parents through transgressive segregation. Conclusively, the magnitude of genic effects of A-a gene in flowering days was -13.81 days, and B-b gene was -6.73 days. The interaction between the two non-allelic factors using partitioning method was -5.26 days.

Additional key words: genic value, inheritance, interaction of genes, partitioning method

서 언

우리나라에서 2010년 고추의 국내 재배면적은 44,584ha, 생산량 96,176ton, 종자시장규모는 372억원에 이르는 주요 채소 작물 중 하나이다(KOSA, 2011; KOSTAT, 2011). 특히 국내 고추 시장에서 개화 특성은 초기 수량과 홍초 출하와 매우 밀접하다고 보고되어 있다(Bosland and Votava, 2000; Kim, 1971, 1972). 고추의 개화소요일수는 소수의 유전자에 의한 질적 형질로 알려져 있지만(Aniel Kumar et al., 2001; Singh and Singh, 1976), 분리가 나타나지 않는 F₁ 세대에서 고추의 개화소요일수가 연속분포를 하며 그 후대 세대는 변화폭이 더 크다고 하였다(Kim, 1971). 이처럼 후대 세대의 표현 형질의 관찰 빈도가 연속 분포를 따르는 경우 Powers(1963)는 형질의 계급의 관찰 도수가 정규 분포할 경우 기대빈도분포 분석을 통하여 유전적 지배가와 간섭효과

를 분석할 수 있는 partitioning method가 유효하다고 하였다. Partitioning method는 비분리세대의 빈도 분포가 정규 분포를 따르는지 검정하고 분석단계마다 기대빈도분포 확률에 맞춰 각 유전자형 빈도 분포를 분석하여 유효 유전자의 지배가와 간섭효과를 산출할 수 있다(Powers and Locke, 1950; Thseng and Hosokawa, 1971). Partitioning method는 유전 단위의 총 지배가만을 산출할 수 있는 Wright(1934)의 유전 분석 방법과 달리 각각의 유전 단위별 지배가와 이들 간의 간섭효과를 분석할 수 있다(Powers, 1963; Powers et al., 1950). 또한 partitioning method는 F₂와 같이 분리 세대의 기대빈도분포 분석을 통해 유전자형의 빈도와 분포 위치를 추정할 수 있는 유일한 방법이기도 하다(Kuo, 1982; Powers and Locke, 1950; Thseng and Hosokawa, 1971). Partitioning method를 이용한 유전분석은 *Hordeum* 속 종간 교잡의 양적 형질 분석(Powers, 1936), *Hordeum* 속의 초장

*Corresponding author: namsy@syu.ac.kr

※ Received 23 April 2012; Revised 12 November 2012; Accepted 15 November 2012.

(Leonard et al., 1957), *Lycopersicon* spp.의 속간 교잡 (Powers, 1941, 1942; Powers and Locke, 1950), *Lycopersicon* 속의 조속성과 과중(Powers et al., 1950), *Lycopersicon* 속의 개화기와 과중(Fogle and Currence, 1950), 벼의 초장 (Mohamed and Hanna, 1963)과 낱알 길이(Kuo, 1982), 콩의 첫째 절간(Thseng and Hosokawa, 1971)과 본엽(Thseng and Hosokawa, 1972), 상추의 개화소요일수(Kim and Ryder, 2003)와 엽록소 함량의 유전(Kim, 2008a) 및 제 2 본엽의 출엽(Kim, 2008b)이 보고되었다. 하지만 홍초 및 조생계 고추 품종 육종을 위해서는 고추 개화소요일수의 유전적 분석이 중요한데 이에 대한 연구가 이루어지지 않았다. 본 시험에서는 조생종 육종에 사용되는 고정 계통을 이용하여 한국 건고추 교배친의 개화 특성과 유전가에 대하여 구명하고자 한다.

재료 및 방법

본 실험의 교배친은 한국 건고추 육종에 사용되는 고정 계통으로 개화소요일수 특성이 다른 '#2132'(P₁)과 '#1308'(P₂)을 사용하였다. 전라북도 임실군에서 수집한 '#2132'는 과피와 과경이 비교적 얇으며 조속성을 지닌 고추를 8세대 이상 선발해왔다. 반면 경상북도 봉화군에서 수집한 '#1308'은 '#2132'보다는 숙기가 다소 늦은 중만숙성을 지녔지만 과중이 무거운 고추를 8세대 이상 육성한 순계 집단이다. Partitioning method를 수행하기 위해 이들 양친을 교배하여 F₁, F₂ 세대를 작성하여 공시하였다.

재배는 256공 연결 포트에 1립씩 파종하여 본엽 2매가 전개한 후 50공 연결 포트에 가식하였고, 토양 시비 관리는 원예특작과학원의 표준 재배법(RDA, 2008)에 따라 질소 19kg·10a⁻¹, 인산 11.2kg·10a⁻¹, 칼륨 14.9kg·10a⁻¹를 기준으로 기비 60%, 추비 40%를 3회 나누어서 시비하였다. 재식 거리는 특성 조사를 위해 90 × 45cm 간격으로 각 세대별 50주씩 4반복으로 총 200주를 정식하였다. 개화 조사는 파종일로부터 첫 개화일까지 각 개체별로 매일 기록하였다.

Partitioning method(Powers, 1963)의 적합성 여부는 SAS (Ver. 9.0, SAS Institute Inc., USA)를 이용하여 정규 분포성을 검정하였다. Partitioning method(Powers, 1963)의 유효 유전자 지배가와 간섭효과의 분석은 Thseng and Hosokawa (1971, 1972)의 방법에 따라 MS Excel(MS Excel 2010, Microsoft Inc., USA)과 SAS를 이용하였다.

결과 및 고찰

두 지역에서 수집한 '#2132'(P₁) × '#1308'(P₂)의 F₁, F₂

세대의 개화 빈도 분포를 조사하였다(Fig. 1). 이중 P₁과 P₂ 세대의 개화 빈도 분포를 살펴보면, 각각의 개화기의 최빈 값은 '#2132'는 80일 이후, '#1308'은 95일 이후를 보였다. F₁ 세대는 개화기가 빠른 교배친 P₁ 세대보다 개화기가 짧았고, F₂ 세대는 P₁과 P₂에 걸쳐 연속 분포를 보였지만 초월 분리되는 개체도 나타났다. 각 세대별 개화기의 평균값과 분산, 표준편차를 분석하였다(Table 1). 각 세대별 평균 개화기는 P₁은 79.89일, P₂는 95.17일이며, F₁ 세대는 75.48일로 나타나 개화기가 빠른 P₁보다 단축되었다. Kim(1972)은 F₁ 조합의 고추 개화기가 74.63-93.00일이며, 79.32일의 교배친보다 짧게 나타났는데, 본 시험에서도 이와 같이 개화기가 단축되어 개화기가 짧아지는 방향으로 초월 분리 개체가 존재하므로 개화기가 단축되는 방향으로 초우성 현상이 작용하는 것으로 보였다. 고추의 F₁ 세대에서 개화기 차이가 존재하며(Kim, 1971), 그 후대 세대의 개화기 역시 교배 조합에 따라 상당한 heterosis 현상이 나타난다고 하였다(Brauer, 1962). 또한 그 후대 세대의 고추 개화기는 양친의 평균보다 단축되는데, 그 원인은 상가적 효과(Kim and Lee, 1969) 또는 우성적 효과(Singh and Singh, 1976)가 작용한다고 하였지만 본 시험과 같이 초우성 현상은 보고되지 않았다. 이러한 결과의 차이가 공시 재료간 유전적 차이 또는 교배 조합에 따른 차이에 기인한 것인지 명확하지 않지만, 개화기가 이른 것이 늦은 것에 비해 우성적으로 작용한다는 것은 동일하며, 유효 유전자가 표현되는 지배가에 대한 유전 해석이 더욱 중요하다고 할 수 있다. 이러한 개화기의 초우성 현상은 고추 이외에도 상추의 'Baimach'와 'Oakleaf' 간 교배에서 보고된 바 있다(Kim and Ryder, 2003).

Partitioning method의 적합성 검정은 특성 분리가 나타나지 않는 세대의 관찰 분포가 정규분포에 따라야 하므로(Powers, 1963), 이를 위해 P₁, P₂, F₁ 세대의 정규분포 검정을 수행하였다(Table 1). P₁, P₂, F₁ 세대의 X² 값이 각각 0.102, 0.541,

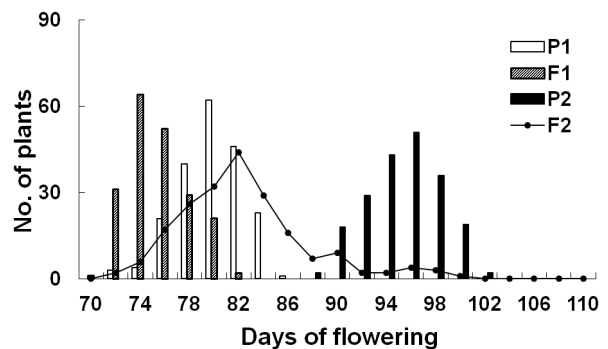


Fig. 1. Plant frequency distribution of the days to flowering in P₁, P₂, F₁ populations, and F₂ segregation population of '#2132' (P₁) × '#1308' (P₂).

0.607로 정규분포를 따르는 것으로 나타나 partitioning method의 가정을 만족하였다.

Partitioning method는 열성 동형 유전자의 기대 빈도를 통해 유효 유전자를 추정하는데, 이는 세대 크기에 대한 열성 동형 유전자의 기대 빈도수와 P₂와 F₂ 세대의 관찰 빈도수로 산출할 수 있다(Powers, 1963; Thseng and Hosokawa, 1971). 2개의 유효 유전자가 관여할 경우 전체 집단에 대하여 기대 빈도를 6.25%를 나타내므로 본 시험은 세대 크기가 200주이므로 12.5주가 나타나게 된다. 따라서 P₂와 F₂ 세대의 관찰 빈도와 대비하여 F₂/P₂의 관찰 빈도율을 분석하면, 우측 6번째 계급에서 6.67%로 aabb형의 기대 빈도율 6.25%에 근접하여 2개의 유효 유전자가 관여하는 것으로 나타났다(Table 2). 본 시험의 공시재료인 '#2132'와 '#1308'은 2

Table 1. Mean and normality test of days of flowering in P₁, P₂, F₁ populations, F₂ segregation population and mid-parents of '#2132'(P₁) × '#1308'(P₂).

Variety	Mean	S ²	S	X ²
'#2132' (P ₁)	79.89	4.22	2.06	0.102 ^{ns}
'#1308' (P ₂)	95.17	6.29	2.51	0.541 ^{ns}
'#2132' × '#1308' (F ₁)	75.48	4.37	2.09	0.607 ^{ns}
F ₂	82.32	13.80	3.72	-

Table 2. Calculated percentage values of days to flowering used for estimating the number of effective factors.

Estimate population	1	2	3	4	5	6
F ₂	-	1	4	8	10	12
P ₂	2	21	57	108	151	180
Percentage in F ₂ /P ₂	0	4.76	7.02	7.41	6.62	6.67

Table 3. Frequency distributions of days of flowering in parental, F₁ and F₂ populations shown in percent.

Population	Upper limit of class																			N	
	70	72	74	76	78	80	82	84	86	88	90	92	94	96	98	100	102	104	106		
P ₁	0.0	0.0	0.4	5.4	29.9	68.5	65.3	25.9	4.3	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	200
F ₁	0.9	8.7	38.3	71.7	57.5	19.8	2.9	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	200
F ₂	0.1	0.5	2.0	6.4	15.6	28.7	39.9	41.7	32.9	19.6	8.8	3.0	0.8	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	200
P ₂	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	3.5	16.7	43.5	61.8	48.1	20.5	4.8	0.6	0.0	0.0	200

Table 4. Partitioning of days of flowering for the F₂ distributions on the basis of parental distributions.

Population	Upper limit of class																			TPF ₂ ^z	
	70	72	74	76	78	80	82	84	86	88	90	92	94	96	98	100	102	104	106		
F ₂	0.0	1.0	3.0	8.5	13.0	16.0	22.0	14.5	8.0	3.5	4.5	1.0	1.0	2.0	1.5	0.5	0.0	0.0	0.0	0.0	100.00
P ₁	0.0	0.8	1.1	5.9	11.3	17.4	12.9	6.5	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	56.25
P ₂	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.6	0.9	1.3	1.6	1.1	0.6	0.1	0.0	0.0	0.0	6.25
Balance ^y	0.0	0.2	1.9	2.6	1.8	-1.4	9.1	8.0	7.7	3.4	3.9	0.1	-0.3	0.4	0.4	-0.1	-0.1	0.0	0.0	0.0	37.50

^zTPF₂ = Theoretical percentage in F₂.

^yBalance = aaB_, A_bb.

개의 유효 유전자에 의해 개화소요일수의 차이가 나타나는 것으로 추정되었다. 고추의 개화에 관여하는 최소 유효 유전자는 Kim(1971)은 1.693-2.158개로 추정하였고, Aniel Kumar et al.(2001)은 2개의 주동 유전자가 크게 작용한다는 보고와 일치하였다. 하지만 유효 유전자의 수에 관한 연구만으로는 고정계통 및 이들의 일대 잡종의 다양한 개화기 특성과 차이를 완전히 이해할 수 없기 때문에 후대에서 표현되는 지배가에 대한 해석이 필요하다.

Table 2에서 확인된 2개의 유효유전자 모형에 따라 각 세대별 유전자형의 출현 기대 빈도를 추정하였다(Table 3). F₁ 세대를 AaBb형 유전자형으로 가정할 경우 F₂ 세대의 A_B_형의 누적 기대분포는 82일에서 93.1주 또는 84일에서 134.9주로 나타나 세대 크기 200주일 때 기대분포값 112.5주와는 다소 차이가 있지만 이들의 개화일은 82일과 84일에서 존재하였다. 따라서 70-84일 계급 사이에 대부분의 A_B_형, 96일 계급 이상에서 aabb형, 그 사이에 나머지 A_bb과 aaB_형이 분포하는 것으로 나타났다.

F₂ 세대의 유전자형 추정과 이들의 분포 위치를 알아보고자 balance 비율을 분석하였다(Table 4). 이는 F₂ 세대에서는 P₁과 P₂의 기대 빈도의 점유 백분율을 통하여 balance 비율을 산출할 수 있다(Thseng and Hosokawa, 1972). P₁ 세대는 A_B_형으로 56.25%, P₂ 세대는 aabb형으로 6.25%, aaB_형과 A_bb형의 balance는 37.50%를 점유하게 된다. Balance의 분포 위치는 72-102일 계급에서 존재하였다. Table 4에서 balance의 점유율과 분포 위치를 토대로 F₂ 세대 안에서 A_bb형과 aaB_형의 분포 위치를 추정하였다(Table 5). A_bb형과 aaB_형의 기대분포비는 각각 18.85%로 존재하

는데, A_bb형의 평균 개화일은 81.4일, aaB_형의 평균 개화일은 88.4일로 나타났다.

Table 6은 F₂ 세대에서 각 유전자형 기대 빈도와 분포 위치를 추정하였다. F₂ 세대 내 각 유전자형의 빈도를 살펴보면, A_B_형 80-82일, A_bb형 82-84일, aaB_형 88-90일, aabb형 94-98일로 나타났다. 이는 Fig. 1의 F₂ 세대에서 부분적으로 나타나는 정점의 분포 위치와 비교하여 각 유전자형에서 보인 부분 정점의 분포 특성과 일치하였다. 특히 A_B_형과 A_bb형 간의 분포가 중첩되는 것이 다시 확인되었는데, 이들 유전자형은 다른 유전자형과 비교하여 A_B_형이 우측 방향 또는 A_bb형이 좌측 방향으로 분포되어 있기 때문이다.

유효 유전자의 지배가 추정은 이상에서 산출한 각 유전자형의 기대 평균값으로 추정할 수 있다(Table 7). A-a 유전자는 13.81일, B-b 유전자는 6.73일의 개화기 단축 효과가 있는 것으로 나타났다. A-a와 B-b 유전자는 같은 부의 방향으로 나타나 두 유전자에 의해 20.54일의 개화기 단축 효과가 누적적으로 작용하는 것으로 나타났다. 따라서 aabb형의 개화기 95.17일에서 A-a와 B-b 유전자에 의해 A_B_형의 개화일은 74.83일로 단축되는 것으로 추정되었다. 고추 개화기의 유전 연구는 개화 촉진과 관련한 보고가 대부분이지만, 개화를 억제시키는 *cf-1* gene(Subramanya and Ozaki, 1984; Zewdie and Bosland, 2001), *cf-2* gene(Pathak et al., 1983), *lf* gene(Aniel Kumar et al., 2001)이 보고되어 있다. 그러나 본 시험에서는 개화에 관여하는 유효 유전자의 작용 방향이 동일한 부의 방향으로 나타나 개화를 억제시키는 이들 유전자는 본 시험에서 사용한 고정 계통에 존재하지 않는 것

로 생각된다.

이들 유효 유전자의 지배가의 추정치와 실측치를 비교하면 79.89일의 AABB형보다 빠르고 75.48일의 AaBb형과 비슷하게 나타나 A-a 유전자와 B-b 유전자는 동형접합보다는 이형접합일 때 heterosis에 의한 개화기 단축 효과가 더 크게 작용하는 것이 확인되었다. 고추의 개화기에서 나타나는 heterosis 현상에 대하여 Brauer(1962)는 매우 크게 작용한다고 하였고, Kim(1972)은 -15.36에서 2.60으로 모든 교배 조합에서 부의 값을 보여 개화가 짧아지는 방향으로 나타났다고 보고하였다. 이는 고추 개화에 관여하는 유전자들이 개화기가 단축되는 같은 방향으로 작용하는 것으로 해석할 수 있는데, 본 시험에서도 고추 개화의 유효 유전자 A-a와 B-b 유전자가 부의 값을 보인 것과 일치하였고, 이들의 지배가를 해석할 수 있었다. 반면 Kim and Lee(1969)는 고추 개화기의 heterosis가 -2.2 - 2.9로 교배 조합에 따라 짧아지거나 길어지는 것으로 보고하였는데, 이는 시험에서 사용된 공시 재료간 유전적 차이에 기인한 것으로 생각된다.

유전자간 간섭 효과는 대립 유전자간 효과의 지배를 통해 추정할 수 있는데(Thseng and Hosokawa, 1971, 1972), 고추 개화기에 관여하는 2개의 유효 유전자간 -5.26일의 간섭효과가 있는 것으로 나타났다(Table 8). 이는 유효 유전자간 간섭효과가 B-b 유전자 효과 -6.73에 준하는 지배가로 A-a 유전자는 직접적인 효과뿐만 아니라 B-b 유전자에 대한 간섭 효과가 매우 크게 작용하는 것을 의미한다.

본 시험에서 유전자 A-a의 효과가 B-b 효과보다 약 2배 정도 더 크며, A-a 유전자가 B-b 유전자에 대한 간섭효과가 B-b 유전자의 지배가와 비슷하여, A-a 유전자가 한국 건고

Table 5. Frequency distributions of days to flowering for AAbb + Aabb and aaBB + aaBb genotype.

Genotype	Class center																		Σx	x	TP ²	
	70	72	74	76	78	80	82	84	86	88	90	92	94	96	98	100	102	104				106
AAbb + Aabb	0.2	1.9	2.6	1.8	-1.4	9.1	8.0	7.7												2420.4	81.4	18.85
aaBB + aaBb										3.4	3.9	0.1	-0.3	0.4	0.4	-0.1	-0.1			685.4	88.4	18.85

²TP = Total percentage.

Table 6. Expected F₂ distribution as shown by percentage.

Genotype	Upper limit of class																		TPF ₂ ²			
	70	72	74	76	78	80	82	84	86	88	90	92	94	96	98	100	102	104		106		
A_B_ ^y	0.0	0.0	0.2	2.7	15.0	34.2	32.6	13.0	2.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	56.25
A_bb	0.0	0.1	0.5	2.6	9.0	19.7	27.0	23.3	12.6	4.3	0.9	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.75
aaB_	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	4.7	33.3	47.4	13.7	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	18.75
aabb	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	1.8	8.4	21.7	30.9	24.1	10.3	2.4	0.3	0.0	0.0	0.0	6.25
Theoretical	0.0	0.0	0.2	2.0	10.1	23.0	23.4	11.7	4.4	7.1	9.2	3.1	1.5	1.9	1.5	0.6	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	100

²TPF₂ = Theoretical percentage in F₂.

^yA_B_ = AABB + AABb + AaBB + AaBb.

Table 7. Genic effects of factor A:a and B:b.

Allele	First estimate	Second estimate
A:a	-13.81 ± 7.21 ²	-8.55 ± 5.40
B:b	-6.73 ± 1.52	-1.47 ± 1.23

²The values represent mean ± SD.

Table 8. Interactive effects of factor A-a and B-b.

Factor	A-a	B-b
Interaction value	-5.26 ± 1.81 ²	-5.26 ± 2.70

²The values represent mean ± SD.

추 조생계 고정 계통 '#2132'의 후대 개화에 큰 영향을 끼치는 것으로 나타났다.

초 록

본 시험은 한국 고추 육종에 사용되고 있는 교배친에 있어서의 개화소요일수에 관여하는 유전자의 유전가를 구명하기 위해 수행하였다. 조생계 '#2132'(P₁)과 중만생계 '#1308'(P₂)의 두 교배친과 이들의 F₁, F₂ 세대를 본 시험의 공시재료로 사용하였다. Thseng and Hosokawa(1971, 1972)의 partitioning method에 따라 F₂ 세대로부터 양친의 유효인자수를 추정하는 것이 가능하였는데, A:a와 B:b 두 인자에 의해 구분되었다. 공시한 교배친의 개화일 유전 특성은 F₁ 세대는 빠른 교배친보다 더 빠르고, F₂ 세대는 양친의 개화기보다 더 빠르거나 늦은 개체들이 출현하여 F₁ 세대는 초우성, F₂ 세대에서는 초월 분리가 나타났다. 유효 유전자에 의해 개화기가 단축되는 것은 A-a 유전자에 의해 13.81일, B-b 유전자에 의해 6.73일이 짧아졌다. 두 유전 인자간 간섭효과는 5.26일이 짧은 것으로 나타났다.

추가 주요어: 지배가, 유전 양식, 유전자 간섭, partitioning method

인용문헌

Aniel Kumar, O., V. Anitha, K.R. Subhashini, and K.G. Raja-Rao. 2001. Induced morphological mutations in *Capsicum annuum* L. *Capsicum Eggplant Nswl.* 20:72-75.

Bosland, P.W. and E.J. Votava. 2000. Peppers: Vegetable and spice *Capsicums*. Crop production science in horticulture 12. CAB. International Publishing, Wallingford, England, UK. p. 1-204.

Brauer, O. 1962. Studies on quality characteristics in F₁ hybrid of paprika, *Capsicum annuum* L. *Z. Pflanzenzüchtung* 48: 259-276.

Fogle, H.W. and T.M. Currence. 1950. Inheritance of fruit weight and earliness in a tomato cross. *Genetics* 35:363-380.

Kim, Y.C. 1971. Heritability in days to flowering and correlation with early yield in F₂ of red pepper. *Kor. J. Breed.* 3:89-92.

Kim, Y.C. 1972. Relationships between some early growing characters and yield in F₁ of red pepper. *Kor. J. Breed.* 4: 141-143.

Kim, Y.C. and J.P. Lee. 1969. Hybrid vigor of days to first flowering and yields in F₁ between varieties of red pepper. *Hort. Environ. Biotechnol.* 5:32-36.

Kim, Z.H. and E.J. Ryder. 2003. Inheritance of days to flowering in lettuce. *J. Kor. Soc. Hort. Sci.* 44:40-43.

Kim, Z.H. 2008a. Inheritance of chlorophyll content in leaves of lettuce (*Lactuca sativa*). *Kor. J. Hort. Sci. Technol.* 26:284-291.

Kim, Z.H. 2008b. Inheritance of the second true leaf length in lettuce. *Kor. J. Hort. Sci. Technol.* 26:417-421.

Korean Seed Association (KOSA). 2011. Statistics survey of vegetable seed. <http://www.kosa.co.kr>.

Kuo, Y.C. 1982. Genetic studies on grain-length by partitioning method in rice. *J. Agric. Res. China* 31:265-274.

Leonard, W.H., H.O. Mann, and L. Powers. 1957. Partitioning method of genetic analysis applied to plant-height inheritance in barley. *Colorado Agr. Exp. Sta. Tech. Bull.* 60:2-24.

Mohamed, A.H. and A.S. Hanna. 1963. Inheritance of quantitative characters in rice. I. Estimation of the number of effective factor pairs controlling plant height. Department of Genetics, Faculty of Agriculture, Alexandria Univ., Alexandria, Egypt, U.A.R. 49:81-93.

Pathak, C.S., D.P. Singh, and A.A. Desphande. 1983. Closed flower mutant in *Capsicum annuum* L. *Capsicum Nswl.* 2:99-100.

Powers, L. 1936. The nature of the inheritance of genes affecting four quantitative characters in a cross between *Hordeum deficiens* and *Hordum vulgare*. *Genetics* 21:398-420.

Powers, L. 1941. Inheritance of quantitative characters in crosses involving two species of *Lycopersicon*. *J. Agric. Res.* 63:149-174.

Powers, L. 1942. The nature of the series of environmental variances and the estimation of the genetic variances and the geometric means in crosses involving species of *Lycopersicon*. *Genetics* 27:561-572.

Powers, L. 1963. The partitioning method of genetic analysis and some aspects of its application to plant breeding, p. 280-325. In: W.D. Hanson and H.F. Robinson (eds.). *Statistical genetics and plant breeding*. National Academy of Science-National Research Council, Washington, D.C., USA.

Powers, L. and L.F. Locke. 1950. Partitioning method of genetic analysis applied to quantitative characters of tomato crosses. *USDA Technical Bull.* 998:1-56.

Powers, L., L.F. Locke, and J.C. Garrett. 1950. Partitioning method of genetic analysis applied to quantitative characters of tomato crosses. *U.S. Dept. Agr. Tech. Bul.* 998:1-56. Rural Development Administration (RDA). 2008. *Pepper cultivation: Standard farming textbook*. RDA, Suwon, Korea p.1-367.

Singh, A. and H.N. Singh. 1976. Inheritance of quantitative characters in chilli. *Indian J. Genetics Breed.* 36:420-424.

- Statistics Korea (KOSTAT). 2011. Korean agricultural statistics survey. <http://kostat.go.kr>
- Subramanya, R. and H.Y. Ozaki. 1984. Inheritance of closed flower in pepper. *Euphytica* 33:13-16.
- Thseng, F.S. and S. Hosokawa. 1971. Genetic studies on quantitative characters in soybean. I. Genetic: Analysis of first internode length by partitioning method. *J. Fac. Agr. Hokkaido Univ.* 56:257-266.
- Thseng, F.S. and S. Hosokawa. 1972. Genetic studies on quantitative characters in soybean. IV. Gene effect controlling the size of primary leaves. *Japan. J. Breed.* 22:217-222.
- Wright, S. 1934. Physiological and evolutionary theories of dominance. *Amer. Nat.* 68:24-53.
- Zewdie, Y. and P.W. Bosland. 2001. Allelic test for closed flower trait in *Capsicum*. *Capsicum Eggplant Nswl.* 20:58-59.