

Simple Sequence Repeat (SSR) Marker를 이용한 토마토 품종 식별

권용삼^{1*}, 박은경¹, 배경미¹, 이승인¹, 박순기¹, 조일호¹

¹농림부 국립종자관리소 재배시험과

Use of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers for Variety Identification of Tomato (*Lycopersicon esculentum*)

Yong-Sham Kwon^{1*}, Eun-Kyung Park¹, Kyung-Mi Bae¹, Seung-In Yi¹, Soon-Gi Park¹ and Il-Ho Cho¹

¹Variety Testing Division, National Seed Management Office, MAF, Suwon 443-400, Korea

ABSTRACT This study was carried out to evaluate the suitability of simple sequence repeat (SSR) markers for varietal identification and genetic diversity in 28 commercial tomato varieties. The relationship between marker genotypes and 28 varieties was analyzed. Of the 219 pairs of SSR primers screened against ten tomato varieties, 18 pairs were highly polymorphic with polymorphism information content (PIC) ranging from 0.467 to 0.800. Among the polymorphic loci, two to nine SSR alleles were detected for each locus with an average of 3.3 alleles per locus. Genetic distances were estimated according to Jaccard's methods based on the probability that the amplified fragment from one genotype would be present in another genotype. These varieties were categorized into cherry and classic fruit groups corresponding to varietal types and genetic distance of cluster ranging from 0.35 to 0.97. The phenogram discriminated all varieties by marker genotypes. The SSR markers proved to be useful variety identification and genetic resource analysis of tomato.

서 론

토마토의 국내 재배 면적은 2004년 기준 5,883 ha (노지 : 259 ha, 시설 : 5,624 ha)를 차지하고 있으며, 재배방법에 따라 시설재배와 노지재배로 구분되고, 2004년 현재 품종보호 등록된 2품종과 생산수입판매 신고된 329 품종이 유통되고 있다. 토마토는 숙기와 과형에 따라 완숙형, 미숙형, 송이 토마토, 방울 토마토로 분류되며, 생장 형태에 의해 무한 생장군과 유한 생장군으로 나눌 수 있다. 우리나라에서 재배되고 있는 토마토품종은 일본에서 육성된 것이 수량성과 당도가 높고 병해에 대한 저항성이 강하기 때문에 전체 종자 시장의 80% 이상을 차지하고 있으며, 국내에서 육성된 품종은 5% 미만의 낮은 시장 점유율을 보이고 있다.

최근에 분자유전학이 발달하면서 여러 가지 형태의 분자 표지인자가 개발되어 이를 유전자 지도 작성, marker-assisted selection (MAS), 품종 판별, 유전적 유연관계 분석 등에 널리 활용되고 있다 (Staub and Serquen 1996, Bredemeijer et al. 1998, Grandillo et al. 1999, Alvarez et al. 2001). 이들 분자표지인자 중 Restriction fragment length polymorphism (RFLP) 분석 방법은 실험에 소요되는 비용과 노력이 많이 소요될 뿐만 아니라 방사능 동위 원소를 이용한다는 단점이 지적되어 왔고, Random amplified polymorphic DNA (RAPD), Inter simple sequence repeat (ISSR), Amplified fragment length polymorphism (AFLP) 분석방법은 Polymerase chain reaction (PCR) 조건에 매우 민감할 뿐만 아니라 marker의 특성이 우성 형태를 나타내기 때문에 F₁ 품종을 판별하는데 적합하지 않은 것으로 보고되고 있다 (Jones et al. 1997). 이에 비해 SSR 분석법은 genome내의 존재하는 1-5 bp의 짧은 염기서열이 연속적으로 반복되는 특정 부위에 대하여 염기서열 분

*Corresponding author Tel 031-273-4147 Fax 031-203-7431
E-mail: yskwon@seed.go.kr

석하고 primer를 제작하여 유전자형에 따른 단순 염기 서열의 차이를 분석하는 기법으로서 PCR 수행시 annealing이 높은 온도에서 이루어지므로 실험의 재현성이 높을 뿐만 아니라, 대립유전자의 수가 많이 검출되어 품종 및 개체 간에 다형성을 보이는 빈도가 높고, 특히 marker가 co-dominant로 분리되기 때문에 품종 식별과 유전적 유연관계 분석, F₁ 품종의 순도 검정, 유전자 지도 작성 등에 적합한 방법으로 알려지고 있다 (Rakoczy-trojanowska and Bolibok 2004).

토마토의 SSR marker는 미국 (Broun and Tanksley 1996), 네덜란드 (Smulders et al. 1997), 독일 (Areshchenkova and Ganai 1999), 이스라엘 (Suliman-pollatchek et al. 2002), 캐나다 (He et al. 2003)에서 이미 개발되어 분자 육종 연구에 활용되고 있으며, 최근에 국제가지과 식물 유전체 컨소시엄이 조직되면서 608개 이상의 SSR marker를 개발하여 그 결과를 공개하고 있다 (<http://www.sgn.cornell.edu>). 특히 네덜란드에서는 20개의 SSR marker를 이용하여 토마토 521 품종을 분석하여 이를 D/B화 한 바 있고 (Bredemeijer et al. 2002), 영국에서는 토마토 품종보호 출원품종의 균일성 분석에 SSR marker의 이용 가능성을 제시한 바 있으나 (Cooke et al. 2003), 이들 marker의 염기서열 자체는 공개되어 있지 않고 있는 실정이다. 우리나라의 경우 토마토의 조직배양이나 형질전환 기법에 대한 다양한 연구가 수행되어 왔으나 (Park et al. 2002), 분자표지인자를 이용한 품종식별에 대한 연구결과는 거의 없는 실정이다.

따라서 본 연구에서는 SSR marker에 의한 토마토 유통품종의 판별체계에 대한 기초 자료를 얻고자, 국내에서 재배되고 있는 대표적인 토마토 품종과 SSR marker와의 관계를 분

석하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

재료 및 방법

식물재료

본 연구에서는 일반형 토마토 ‘슈퍼도태랑’의 15품종과 체리형 토마토 ‘스위트’의 11품종을 공시품종으로 선정하였다 (Table 1). 공시품종의 종자를 원예 상토가 담긴 50공 tray에 공당 3립씩 파종하여 약 25일간 육묘한 다음 유식물의 어린 잎을 액체질소를 이용하여 마쇄한 다음 Nucleospion® Plant Kit (Macherey-Nagel Cat no. 740.270.540.)를 이용하여 genomic DNA를 분리하였다. 추출된 DNA는 spectrophotometer를 이용하여 260 nm에서 비색 정량하고 최종 농도가 5 ng/μL가 되도록 희석한 다음 SSR 분석에 이용하였다.

SSR 분석

SSR marker에 의한 토마토 품종식별에 적합한 primer를 선별하기 위하여, ‘스위트’, ‘슈퍼도태랑’, ‘도태랑 챔피언’, ‘초복파워’, ‘레지나’, ‘조이폴’, ‘미니골드’, ‘캔디킹’, ‘썸머킹’, ‘마이로꾸’의 genomic DNA와 캐나다, 네덜란드, 독일, 이스라엘, 미국과 국제 가지과 식물게놈 컨소시엄에서 개발된 SSR marker 219개를 분석하여 다형성을 보이는 SSR marker를 선별하였다 (Table 2). 선별된 SSR marker는 Table 1에서 공시된 품종과 PCR 반응시켜 다형성 정도를 확인하였다. SSR marker의 다양성을 조사하기 위하여 아래의 공식을 이용하여 PIC

Table 1. Tomato varieties surveyed in this study.

No.	Varieties	Fruit types & color	Companies	No.	Varieties	Fruit types & color	Companies
1	Sweet	Cherry-red	Takii	15	Segeon	Classic-red	Sakata
2	Legend	Classic-red	Haesung Seeds	16	Homara 114	Classic-red	Sakata
3	Challenge Tintin	Classic-red	Koregon	17	Marry Road	Classic-red	Sakata
4	Super Dotaerang	Classic-red	Koregon	18	Happy Road	Classic-red	Sakata
5	House Challenge	Classic-red	Koregon	19	Hoyong	Classic-red	Sakata
6	Dotaerang Champion	Classic-red	Takii	20	Mini Gold	Cherry-yellow	Syngenta
7	Picolino	Cherry-red	De Ruiters Seeds	21	Candy King	Cherry-red	Dongseo seed
8	Chersita	Cherry-red	De Ruiters Seeds	22	Bboto	Cherry-red	Nongwoo Bio
9	Shofuku Power	Classic-red	Kooij Korea Seeds	23	Seonmyung	Classic-red	Nongwoo Bio
10	Trust	Classic-red	De Ruiters Seeds	24	Whawha	Cherry-red	Seminis Korea
11	King Carol	Cherry-red	Sakata	25	Supersan Cherry	Cherry-red	Seminis Korea
12	Regina	Cherry-red	Sakata	26	Royal 1402	Classic-red	Seminis Korea
13	Joyful	Cherry-red	Sakata	27	Summer King	Cherry-red	ChungNam ARAES
14	Supersun Road	Classic-red	Sakata	28	Mairoku	Classic-red	Sakata

(polymorphism information content) 값을 산출하였다. 여기에 서 P_{ij} 는 마커 i 의 밴드들 중에서 j 번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다 (Anderson et al. 1993).

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

본 연구에서 SSR 분석에 이용된 PCR의 반응액 조성은 토마토 genomic DNA 25 ng을 template DNA로 이용하여, 2.5 mL 10 × buffer (500 mM KCl; 100 mM Tris-HCl, pH 8.3; 15 mM MgCl₂), 2.0 mL의 dNTP mixture (2.5 mM), 50 pmol의 SSR primer, 1 units의 *Taq* DNA polymerase를 첨가하여 실시하였다. PCR은 UNO II Thermocycler (Biometra, Germany)에서 35 cycle을 실시하며, denaturation은 94°C에서 1분, annealing은 55~60°C에서 1분, 그리고 extension을 72°C에서 1분간 수행하였다. 증폭된 DNA 산물은 6% polyacrylamide sequencing gel에 2시간 전기 영동한 다음 Silver sequence™ staining reagents (Promega, USA)로 염색하여 band를 확인하였다. SSR 분석을 통하여 재현성이 높고 다형성을 보이는 밴드를 marker로 선발하여 밴드의 유무 (dominant marker scoring : present = 1, absent = 0)에 따라 NTSYSpc (version 2.10b) (Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램에 입력하고 Jaccard 방법 (Sneath and Sokal 1973)에 준하여 유전적 유사도 값을 계산하였다. 유전적 유사도를 이용하여 Unweighted pair-group method with arithmetical average (UPGMA) (Sneath and Sokal 1973) 방법으로 집괴 분석하여 dendrogram을 작성한 다음 품종간 유전적 유연관계를 비교 분석 하였다.

결과 및 고찰

SSR 분석

토마토 품종 식별에 적합한 SSR marker를 선발하기 위하여, SSR marker와 ‘스위트’의 9품종을 공시하여 품종간 다형성 정도를 조사한 바 (Table 2), 국제 가지과 식물 유전체 컨

소시업에서 개발된 SSR marker의 경우 분석 maker 100개중 27개 marker가 다형성을 나타내었으며, 그 외의 연구자에 의해 개발된 SSR marker의 경우 공시품종 내에서 다형성을 보이는 marker가 0~4개일 정도로 낮은 양상을 보였다. 이상의 분석 결과로부터 총 219개의 SSR primer중 다형성을 보이는 38개를 선발할 수 있었다. 그러나 이들 primer들 중 20개는 토마토의 과실색이 노란색인 ‘미니골드’와 극단간 체리형 토마토인 ‘레지나’에서만 다형성을 보여 이들 marker는 28품종의 분석에 제외하였다.

토마토의 SSR marker의 개발은 미국의 Broun 등 (1996)이 유전자 지도 작성을 위해 10개를 개발하여 토마토 품종의 유전적 유연관계에 적용한 결과 분석되는 평균 대립 유전자의 수는 1.5개 정도임을 보고한 바 있고, Smulders 등 (1997)은 가지과 작물의 Genbank database를 이용하여 80개의 SSR marker를 개발하여 토마토, 감자, 담배, 페추니아 등의 유전자원에 이용가능성을 제시한 바 있으며, 이들 marker중 토마토 7품종에 다형성을 보이는 10개의 SSR primer를 선발하였다. 독일의 Areshchenkova와 Ganal (1999)은 22개의 토마토 SSR marker를 개발하여 유전자 지도 작성에 활용한 바 있으며, He 등 (2003)도 158개의 SSR primer를 개발하여 19개의 토마토 유전자원에 대해 분석하였을 때 65개가 다형성을 나타내었다고 보고하였다. 한편 이스라엘에서는 114개의 SSR primer를 제작하여 10개의 유통품종에 이용하였을 때 13개의 maker가 다형성을 보인다고 보고하였다 (Suliman-pollatschek et al. 2002). 그러나 본 연구에서는 이들 연구자들이 개발한 SSR marker를 이용하여 품종간 다형성 정도를 분석하였을 때 Smulders 등 (1997)과 Suliman-pollatschek 등 (2002)과 He 등 (2003)의 연구결과 보다 SSR marker의 품종간 다형성 정도가 낮게 나타났는데 이러한 연구결과는 SSR marker의 선발에 이용된 품종의 유전적 거리가 좁거나 본 연구에 이용된 품종이 F₁이기 때문에 나타난 결과라고 추정되며 Suliman-pollatschek 등 (2002)도 1대 잡종 품종의 SSR 분석시 다형성 정도가 아주 낮게 나타남을 지적한 바 있다. 그러나 국제 가지과 작물

Table 2. SSR markers analysed in this study.

No of tested markers	Type of amplified SSR marker		SSR marker sources
	Mono (%)	Poly (%)	
100	73 (73.0)	27 (27.0)	http://www.sgn.cornell.edu/
46	43 (93.5)	3 (6.5)	He C et al. (2003)
44	40 (90.9)	4 (9.1)	Smulders MJM et al. (1997)
17	15 (88.2)	2 (11.8)	Areshchenkova T & Ganal MW (1999)
11	9 (81.8)	2 (18.2)	Suliman-pollatschek et al. (2002)
1	1 (100.0)	0 (0.0)	Broun et al. (1996)
Total 219	181 (82.6)	38 (17.4)	

유전체 컨소시엄에서 개발된 16개와 네델란드에서 Smulders 등 (1997)과 Suliman-pollatschek 등 (2002)에 의해 개발된 각각 1개의 marker는 공시 품종 간에 다양한 대립유전자 형태를 나타내어 토마토 28품종의 식별에 이용하였다.

따라서 최종 선발된 18개의 SSR primer와 토마토 28품종의 다형성 정도를 조사한 바 (Table 3, Figure 1), SSR marker에 의해 검출된 대립유전자의 수는 2~9개였고 총 60개의 대립유전자가 분석되었으며, marker당 평균 대립유전자의 수는 3.3개로 나타났다. 한편 각 marker 별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.476~0.800까지 나타났으며, 평균 값은 0.607로 조사되었다.

SSR marker를 이용한 토마토의 유전적 유연관계 및 품종 식별에 대한 연구는 네델란드에서 20개의 SSR marker와 500 품종을 분석하였을 때 PIC value는 0.05~0.70 범위이고 대립유전자의 수는 2~8개 정도가 분석됨을 지적하였고 (Bredemeijer et al. 2002), 이스라엘에서 토마토 F₁ 품종 10개와 8개의 SSR marker와의 관계를 분석하였을 때 대립유전자의 수는 2~5개 정도임을 보고하였으며 (Suliman-pollatschek et al. 2002), 캐나다의 경우 19개의 토마토 유전자원을 공시하여 65개의 SSR marker를 적용한 바, 평균 대립유전자의 수는 2.7개이며 PIC value는 0.09~0.67 수준임을 밝힌 바 있다 (He et al. 2003).

본 연구에서는 선발된 SSR marker의 평균 PIC value는 0.607로 분석되었고 대립 유전자의 수는 2~9개로 나타나 다른 연구자들에 비해 PIC 값이 높고 대립유전자의 수도 많은 것으로 조사되었는데 이러한 연구결과는 본 연구에 이용된 SSR marker의 repeat motif가 복잡하고 반복 염기서열의 수가 많기 때문에 나타난 결과라고 생각되며, Kwon 등 (2005)도 고추의 SSR 분석에서 이러한 연구결과를 지적한 바 있다.

품종간 유연관계 분석

SSR marker를 이용하여 토마토 28품종에 대한 품종간 유전적 거리를 조사한 바 (Figure 2), 공시품종의 전체 유사도 지수는 0.35~0.97의 범위로 나타났으며, 유사도 지수 0.36을 기준으로 할 때 28개 품종은 2개 그룹으로 구분되었다. 제 1 그룹은 체리형 토마토 12품종이 포함되었으며, 제 2 그룹은 일반형 토마토 16품종이 속하였다.

제 1 그룹에 속하는 체리형 토마토의 유사도 지수는 0.44~0.94의 범위에 속하였고, 화분 재배용인 '레지나'와 충남농업기술원에서 육성된 '썸머킹' 및 과실의 표면의 색이 노란색인 '미니골드'는 다른 품종들과 유전적 거리가 아주 먼 것으로 나타났으며, '스위트'와 '캔디킹'의 유사도 지수가 0.94로 조

Table 3. Description and polymorphism information content (PIC) values of the microsatellite selected for the variety identification of tomato.

SSR markers	Repeat motif	Annealing Temp (°C)	PCR product length (bp)	Chromo. no.	No. of alleles	PIC value
SSR 9 ^a	(ATA)10	53	168	1	3	0.611
SSR13 ^a	(AAG)6	53	104	5	4	0.476
SSR19 ^a	(AT)16	52	188	9	3	0.548
SSR20 ^a	(GAA)8	53	157	12	3	0.688
SSR22 ^a	(AT)11	53	217	3	2	0.668
SSR26 ^a	(CGG)7	53	178	2	2	0.504
SSR28 ^a	(CT)13	52	164	9	9	0.653
SSR32 ^a	(TTC)7	52	186	2	3	0.527
SSR47 ^a	(AT)14	52	191	6	5	0.548
SSR50 ^a	(TC)6(CTTC)2	53	205	2	2	0.585
SSR63 ^a	(AT)39	50	250	8	2	0.622
SSR65 ^a	(AG)5(TG)7	53	230	1	4	0.733
SSR76 ^a	(CGG)7	53	199	11	3	0.679
SSR86 ^a	(AG)10	53	210	3	3	0.689
SSR92 ^a	(CT)11	53	172	1	4	0.800
SSR94 ^a	(AT)11	53	187	4	2	0.477
LEE8 ^b	(TA)5	50	182	-	3	0.491
TOM166 ^c	(CA)11(CT)8	50	166	-	3	0.629
Mean					3.33	0.607

^a <http://www.sgn.cornell.edu/>, ^b Smulders MJM et al. (1997), ^c Suliman-pollatschek et al. (2002).

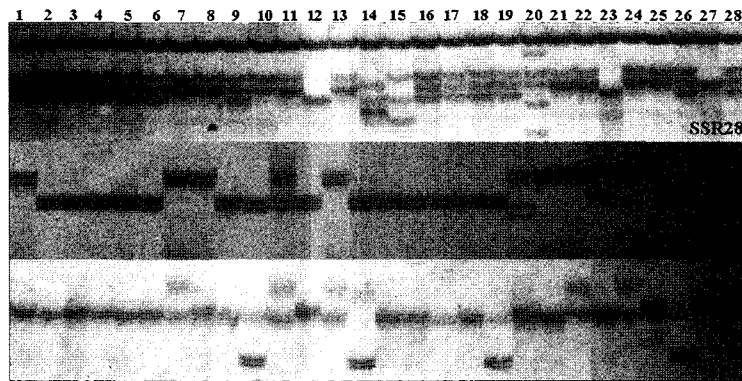


Figure 1. Polymorphism for SSR marker SSR28, SSR32, and SSR47. The amplified products were separated on 6.0% polyacrylamide gels. Numbers 1-28 refer to the list of varieties in Table 1.

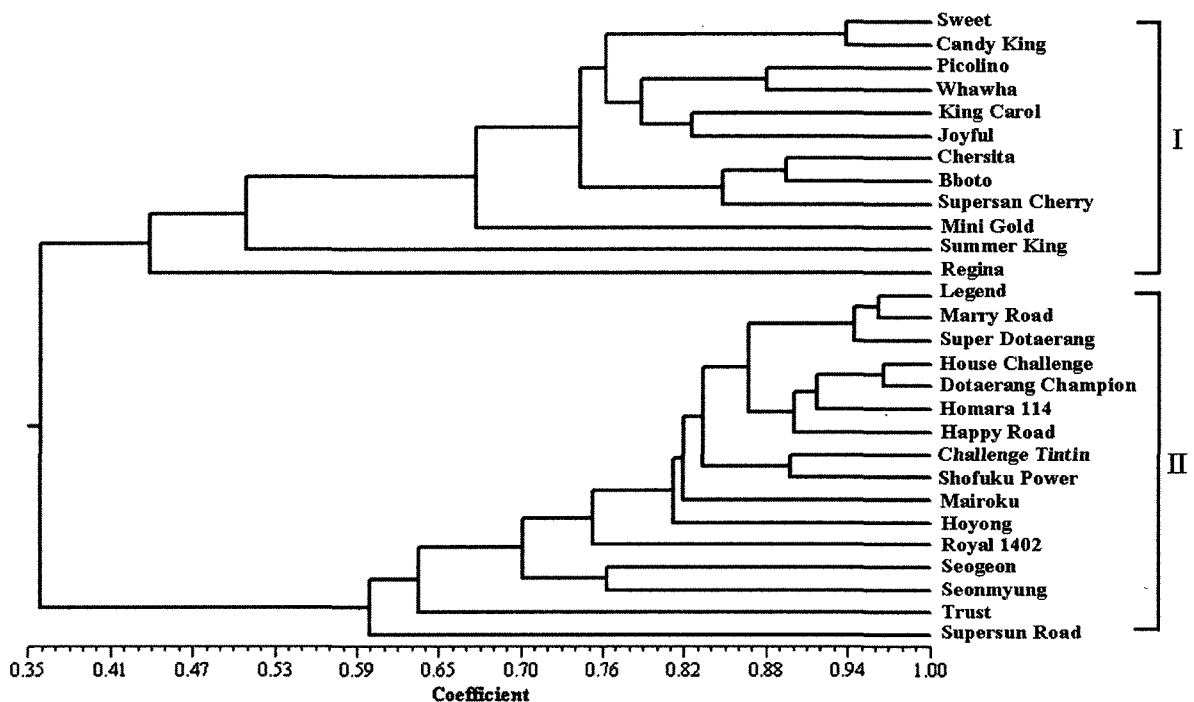


Figure 2. Dendrogram of the 28 tomato varieties based on SSR markers. The major clusters are marked on the right side of the dendrogram. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

사되어 이들 품종은 유전적으로 가까운 것으로 분석되었다. 제 II그룹의 일반형 토마토의 유전적 유사도의 범위는 0.60~0.97로 분석되었으며, '슈퍼선로드'와 '트러스트'의 유전적 거리가 가장 먼 것으로 나타났고, 나머지 14품종의 유전적 유사도는 0.70~0.97 범위에 속하였으며, 특히 '레전드'와 '메리로드', '하우스챌린지'와 '도태랑 챔피언'의 유전적 유사도는 0.96이상 높게 나타났다. 따라서 본 연구에서 선발된 18개의 SSR marker를 이용한다면 우리나라에서 유통되고 있는 토마토 28품종의 유전적 유연관계 설정뿐만 아니라 품종식별도 가능할 것으로 추정되었다.

품종판별을 위해 SSR marker를 이용된 예는 Ashkenazi 등 (2001)이 2개의 SSR marker만으로 감자 12품종의 식별이 가능

함을 제시하였고, Bredemeijer 등 (2002)은 20개의 SSR marker로 토마토 508 품종중 468품종을 판별할 수 있음을 보고하였다. 본 연구에서도 18개의 SSR marker로 국내에서 가장 많이 유통되고 있는 토마토 28품종을 뚜렷하게 판별할 수 있는 것으로 나타나 SSR marker가 품종식별에 효과적이라는 측면에서 Ashkenazi 등 (2001)과 Bredemeijer 등 (2002)의 연구결과를 확인할 수 있었다.

품종의 구별성 판단에 있어서 분자표지인자의 활용에 대해 국제신품종보호연맹 (International Union for the Protection of New Varieties of Plants; UPOV)에서는 3가지의 이용 기준을 제시하고 있다. 첫째, 내병성 등과 같이 특정형질에 연관된 DNA marker를 이용하여 품종의 구별성 판별에 이용하는

경우, 둘째, 작물의 형태적 특성과 분자표지인자와의 상관관계를 밝혀 그 정도가 높으면 품종보호 출원품종의 구별성 판단시 대조품종의 선정에 활용하는 경우, 셋째, 분자표지인자의 genotype에 의해서만 품종의 구별성의 판단하는 경우를 제시하고 있다 (UPOV-BMT 2002). 그러나 첫 번째와 두 번째 경우는 UPOV에서도 분자표지인자의 활용을 인정하고 있으나 세 번째의 경우는 분자표지인자의 활용을 인정하지 않고 있으며 이용 가능성에 대한 논의가 진행 중이다. 그러나 세계 종자연합회 (International Seed Federation; ISF)와 세계 무성생식 관상 및 과수품종 육종가 협회 (International community of breeders of asexually reproduced ornamental and fruit-tree varieties; CIOPORA)에서는 품종보호권의 침해에 대해서 분자표지인자의 활용 의지를 UPOV의 제 9차 생화학 분자생물학 기술위원회 (BMT)에서 밝힌 바 있다 (UPOV-BMT 2005). 따라서 본 연구에서 선정된 SSR marker와 좀 더 많은 품종에 대한 분석이 이루어진 다음 이들 품종의 형태적 특성과의 상관관계가 구체적으로 밝혀진다면 토마토 품종보호 출원품종의 재배시험시 대조품종 선정과 농민과 종자회사간의 종자분쟁시 이를 해결하는 보조 자료로 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

적 요

국내에서 유통되고 있는 토마토 품종의 판별 방법에 SSR marker의 이용 가능성에 대한 연구를 수행하여 얻어진 결과를 요약하면 다음과 같다.

토마토 28품종을 18개의 SSR marker를 이용하여 분석하였을 때 대립유전자의 수는 2~9개로 비교적 다양한 분포를 나타내었으며 전체 60개의 대립유전자가 분석되었다. PIC 값은 0.476~0.800 범위에 속하였으며 평균값은 0.607로 나타났다. SSR marker를 이용하여 작성된 토마토 28품종의 품종간 유전적 거리는 0.35~0.97의 범위로 나타났고, 유사도 지수 0.36을 기준으로 할 때 28개 품종은 체리형 토마토 그룹과 일반형 토마토 그룹으로 나눌 수 있었으며, 공시 품종 모두 SSR marker의 genotype에 의해 뚜렷이 구분되었다. 이 연구결과는 토마토의 품종식별에 기초 자료로 유용하게 이용될 수 있는 것으로 나타났다.

인용문헌

- Alvarez AE, Van de Wiel CCM, Smulders MJM, Vosman B (2001) Use of microsatellites to evaluate genetic diversity and species relationships in the genus *Lycopersicon*. Theor Appl Genet 103: 1283-1292
- Anderson JA, Churchill GA, Autrigue JE, Tanksley SD (1993) Optimizing parental selection for genetic linkage maps. Genome 36: 181-186
- Areshchenkova T, Ganai MW (1999) Long tomato microsatellites are predominantly associated with centromeric regions. Genome 42: 536-544.
- Ashkenazi V, Chan E, Lavi U, Levy D, Hillel J (2001) Development of microsatellite markers in potato and their use in phylogenetic and fingerprinting analysis. Genome 44: 50-62
- Bredemeijer GMM, Arens P, Wouters D, Visser D, Vosman B (1998) The use of semi-automated fluorescent microsatellite analysis for tomato cultivar identification. Theor Appl Genet 98: 584-590
- Bredemeijer GMM, Cooke RJ, Ganai MW, Peeters R, Isaac P, Noordijk Y, Rendell S, Jackson J, Röder MS, Wendehake K, Dijcks M, Amelaine M, Wickaert V, Bertrand L, Vosman B (2002) Construction and testing of a microsatellite database containing more than 500 tomato varieties. Theor Appl Genet 105: 1019-1026
- Broun P, Tanksley SD (1996) Characterization and genetic mapping of simple repeat sequences in the tomato genome. Theor Appl Genet 250: 39-49
- Cooke RJ, Bredemeijer GMM, Ganai MW, Peeters R, Isaac P, Rendell S, Jackson J, Röder MS, Korzun V, Wendehake K, Areshchenkova T, Dijcks M, Laborie D, Bertrand L, Vosman B (2003) Assessment of the uniformity of wheat and tomato varieties at DNA microsatellite loci. Euphytica 132: 331-341
- Grandillo S, Ku HM, Tanksley SD (1999) Identifying the loci responsible for natural variation in fruit size and shape in tomato. Theor Appl Genet 99: 978-987
- He C, Poysa V, Yu K (2003) Development and characterization of simple sequence repeat (SSR) markers and their use in determining relationships among *Lycopersicon esculentum* cultivars. Theor Appl Genet 106: 363-373
- Jones CJ, Edwards KJ, Castaglione S, Winfield MO, Sala F, Van de Wiel C, Bredemeijer GGM, Vosman B, Matthes M, Daly A, Brettschneider R, Bettini P, Buiatti M, Maestri E, Malcevski A, Marmioli N, Aert R, Volckaert G, Rueda J, Linacero R, Vazquez A, Karp A (1997) Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of european laboratories. Molecular Breeding 3: 381-390
- Kwon YS, Lee JM, Yi GB, Yi SI, Kim KM, Soh EH, Bae KM, Park EK, Song IH, Kim BD (2005) Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and Stability (DUS) of pepper (*Capsicum annum* L.) varieties. Mol Cells 19: 428-435
- Park EJ, Lee HS, Kwon SY, Choi KS, Kwak SS (2002) Transgenic tomato plants that overexpress superoxide dismutase in fruits. Korean J Plant Biotechnology 29: 7-13
- Rakoczy-trojanowska M, Bolibok H (2004) Characteristics and a comparison of three classes of microsatellite-based markers and their application in plants. Cellular & Molecular Biology Letters 9: 221-238

- Rohlf FJ (2000) NTSYSpc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System-Version 2.10b. Applied Biostatistics Inc., New York
- Smulders MJM, Bredemeijer G, Rus-kortekaas W, Arens P, Vosman B (1997) Use of short microsatellites from database sequences to generate polymorphisms among *Lycopersicon esculentum* cultivars and accessions of other *Lycopersicon* species. Theor. Appl. Genet. 97: 264-272
- Sneath PHA, Sokal RR (1973) Numerical taxonomy : The Principles and Practice of Numerical Classification, W. H. Freeman, San Francisco
- Staub JE, Serquen FC (1996) Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. Hort-Science 31: 729-741
- Suliman-pollatchek S, Kashkush K, Shats H, Hillel J, Lavi U (2002) Generation and mapping of AFLP, SSRs and SNPs in *Lycopersicon esculentum*. Cellular & Molecular Biology Letters 7: 583-597
- UIPOV-BMT (2002) BMT/36/10 progress report of the 36th session of the technical committee, the technical working parties and working group on biochemical and molecular techniques and DNA-profiling in particular, Geneva
- UIPOV-BMT (2005) BMT/9/14 Report of the 9th session of BMT, the working group on biochemical and molecular techniques and DNA-profiling in particular, Washington, D.C

(접수일자 2006년 9월 8일, 수리일자 2006년 10월 20일)