

분자마커를 이용한 토마토 시들음병 race 3 저항성 토마토 유전자원 탐색

허은숙* · 노나영 · 고호철 · 김상규 · 이주희 · 광재균 · 오세종

국립농업과학원 농업유전자원센터

Screening for Resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* Race 3 Using Molecular Marker in Tomato Germplasm

On Sook Hur*, Na Young Ro, Ho Cheol Ko, Sang Gyu Kim, Ju Hee Rhee,

Jae Gyun Gwag and Se Jong Oh

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

(Received on October 5, 2012; Revised on December 13, 2012; Accepted on December 14, 2012)

Fusarium wilt, caused by three races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, is one of the most important disease of tomato (*Solanum lycopersicum*) worldwide. A total of 1,906 tomato accessions were screened for the resistance to Fusarium wilt using I-3 SNP marker and high resolution melting analysis. Results showed that 97 accessions were homozygous resistant, 8 accessions were heterozygous resistant and 1,801 were homozygous susceptible. Accessions containing resistance were identified in 65 accessions of *S. lycopersicum* var. *lycopersicum*, 13 accessions of *S. lycopersicum* var. *cerasiform*, 8 accessions of *S. pimpinellifolium*, 3 accessions of *S. habrochaites*, 3 accessions of *S. corneliomulleri*, 1 accession of *S. galapagense*, 3 accessions of *S. peruvianum*, 1 accession of *S. chilense*. For accurate evaluation of the Fusarium wilt resistance, however, screening to race 1 and race 2 and bio-assay still remain to be evaluated.

Keywords : Fusarium wilt, I-3, Resistant resources

서론

토마토 시들음병(Fusarium wilt)은 미국에서 처음 발견되었으며(Clayton, 1923), 우리나라에서는 1958년 처음으로 보고되었다(Park, 1958). 곰팡이 균이 유관속에서 생장하여 물의 흡수를 방해해 잎이 황화되거나 시들고 지상부의 생장이 위축되어 점차 말라 죽는 전신성 병해(Davies, 1982)로 토마토 생산액의 80%까지 손실을 입힌다(Malhotra와 Vashistha, 1993; McGrath 등, 1987).

토마토 시들음병을 일으키는 병원균은 *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*이며, 현재까지 race 1, race 2 및 race 3로 분화된 것으로 보고되었다(Alexander와 Tucker, 1945; Bohn과 Tucker, 1939; McGrath 등, 1987). Race 1과 2가

전 세계적으로 분포하고 있는 반면 race 3은 호주(Grattidge와 O'Brien, 1982), 뉴질랜드, 미국(Volin과 Jones, 1982), 멕시코(Valenzuela-Ureta 등, 1996), 브라질(Ries 등, 2004) 등 일부 지역에 제한적으로 발생이 보고되고 있다.

Race 1에 대한 저항성 유전자 *I-3*는 *Solanum pimpinellifolium* PI79532에서(Bohn과 Tucker, 1939), race 2에 저항성인 *I-2* 유전자는 *S. pimpinellifolium*과 *S. lycopersicum* 사이의 F₁인 PI126915에서(Alexander와 Tucker, 1945; Stall과 Walter, 1965) 발견되었으며, race 3에 대한 저항성 유전자 *I-3*는 *S. pennellii* PI414773(McGrath 등, 1987)과 LA716(Scott과 Jones, 1989)에서 밝혀졌다.

국내의 토마토 시들음병 발병 양상을 살펴보면, 1993년 토마토 시설재배단지인 충남 세도와 경북 안강의 이병토로부터 분리한 균을 조사한 결과 race 1과 2였으며, race 3은 존재하지 않았으며(Yoo 등, 1995), 이후에도 race 3의 국내 발생보고는 없다. 또한 전 세계적으로 각 race별 저항성 유전자를 도입한 저항성 품종이 개발되고 있고(Gabe,

*Corresponding author

Phone) +82-31-299-1856, Fax) +82-31-294-6029

Email) oshur09@korea.kr

1975; Jones 등, 1991), 국내에서도 마커 연관 선발 프로그램을 이용하여 다양한 병 저항성 유전자를 가진 우수한 품종을 만들려는 노력이 이어지고 있지만 시들음병 race 3에 대하여 *I-3* 유전자를 가지고 있는 일부 육성계통이 있음을 확인할 뿐이고 국내에 상용화된 품종이 없다(Kim 등, 2011). 이에 본 연구는 농촌진흥청 농업유전자원센터 보존하고 있는 토마토 유전자원 1,906점에 대하여 토마토 시들음병 race 3에 대한 저항성 유전자 *I-3*의 보유여부를 분자마커로 탐색하고, 선발된 저항성 자원들을 토마토 육종가 및 병 연구자에게 제공하고자 수행하였다.

재료 및 방법

식물 재료. 시들음병 저항성 연구를 위하여 농촌진흥청 농업유전자원센터에서 보유하고 있는 *S. lycopersicum* var. *lycopersicum* 1,319점, *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* 335점, *S. pimpinellifolium*을 비롯한 기타 야생근연종 252점 등 총 1,906점을 분양받아 시험 재료로 이용하였다(Table 1). 각각의 종자는 50공 플러그트레이에 원예용상토를 채우고 파종하여 비닐하우스에서 7주간 육묘하였다. 육묘한

묘는 4월 하순에 비가림하우스에 정식하였고 농촌진흥청 표준재배법에 따라 재배하였다. 7월 초에 어린잎을 채취하여 DNA를 추출하였고, 이후 과실 특성을 조사하였다.

Genomic 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 hexa decyltrimethyl ammonium 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.

High Resolution Melting 분석. Park 등(2009)의 방법을 참고하여 HRM 분석을 진행하였다. Wang 등(2007)이 개발한 pGot-2 SNP 마커를 이용하여 primer 염기서열은 forward primer: 5'-AGTGGCAGTGAAAAGTCAGTTG-3', reverse primer: 5'-CCAAGTAAACCAACATTTCCAGTAG-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*

Table 1. Diversity of tomato germplasm for evaluation of resistance against *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3

Species (No. of accession)	Origins ^a
<i>S. lycopersicum</i> var. <i>lycopersicum</i> (1319)	027(5), ARG(3), ARM(2), AUS(10), AZE(1), BGR(127), BOL(3), BRA(1), BYS(2), CAN(21), CHN(162), COL(2), CRI(1), CSK(6), CUB(2), DEU(10), DNK(2), ECU(1), EST(1), EHT(2), FRA(9), GBR(2), GTM(5), HND(2), HUN(6), IND(6), ITA(10), JPN(19), KOR(119), LVA(1), MDA(6), MEX(3), MMR(6), MNG(3), MYS(4), NLD(10), NPL(16), PAK(5), PAN(1), PER(7), PHL(81), POL(2), PRK(6), RUS(149), THA(8), TUR(13), TWN(41), UKR(24), USA(47), UZB(34), VEN(2), VNM(2), ZWE(3), unknown(303)
<i>S. lycopersicum</i> var. <i>cerasiforme</i> (335)	027(3), BRA(4), CAN(1), CHN(6), COL(2), CRI(36), ESP(5), FRA(3), GBR(7), GTM(8), HND(75), IND(1), ISR(1), ITA(3), JPN(9), KOR(20), MEX(24), NIC(20), PAN(2), PER(6), PHL(1), SLV(23), TWN(1), USA(27), unknown(47)
<i>S. pimpinellifolium</i> (125)	ARG(1), CAN(2), ECU(7), GTM(1), JAP(1), MEX(7), NLD(4), PAN(1), PER(88), USA(7), VEN(3), unknown(3)
<i>S. peruvianum</i> (62)	CHL(17), ECU(4), NLD(1), PER(33), POL(2), USA(4), unknown(1)
<i>S. habrochaites</i> (23)	ECU(9), GBR(2), NLD(2), PER(7), POL(1), SLV(1), unknown(1)
<i>S. corneliomulleri</i> (12)	IND(1), NLD(1), PER(9), USA(1)
<i>S. galapagense</i> (7)	ECU(5), SLV(1), unknown(1)
<i>S. chilense</i> (6)	CHL(1), ECU(1), NLD(2), PER(2)
<i>S. cheesmaniae</i> (5)	ECU(4), MMR(1)
<i>S. neorickii</i> (5)	PER(5)
<i>S. chmielewskii</i> (3)	PER(3)
<i>S. pennellii</i> (2)	PER(2)
<i>S. arcanum</i> (2)	PER(2)
<i>S. melongena</i> (1)	CHN(1)

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

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 68°C에서 90°C 까지 초 당 0.1°C 간격으로 형광량을 측정하였다. Melting curve를 분석하기 위해 Lightscanner(Idaho Technology, USA)의 software version 2.0을 이용하였다.

결 과

토마토 시들음 병원균 race 3 저항성 유전자원 탐색.

토마토 유전자원 1,906점에 대하여 *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3에 대한 저항성 유전자 *I-3*의 보유 여부를 확인코자 high resolution melting 분석법을 이용하여 유전형 분석을 실시한 결과 97점이 저항성, 8점이 이형 접합성, 1,801점이 감수성으로 나타났다(Table 2). 이를 종별로 세분하면, 일반형 토마토인 *S. lycopersicum* var. *lycopersicum*은 1,319점 중 65점이 저항성으로 나타났으며, 8점이 이형접합성, 1,246점이 이병성으로 나타나다. 방울토마토형인 *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*는 총 335점 중 13점이 저항성으로, 322점이 이병성으로 나타났다. *S. pimpinellifolium*를 비롯한 12종의 야생근연종 252자원 중

Table 2. Result for evaluation of 1,906 accessions of tomato germplasm to *I-3*

Species	<i>I-3</i>		
	R ^a	H	S
<i>Solanum lycopersicum</i> var. <i>lycopersicum</i>	65	8	1,246
<i>S. lycopersicum</i> var. <i>cerasiforme</i>	13	○	322
<i>S. pimpinellifolium</i>	8	○	117
<i>S. habrochaites</i>	3	○	20
<i>S. corneliomulleri</i>	3	○	9
<i>S. galapagense</i>	1	○	6
<i>S. peruvianum</i>	3	○	59
<i>S. chilense</i>	1	○	5
<i>S. cheesmaniae</i>	○	○	4
<i>S. neorickii</i>	○	○	5
<i>S. chmielewskii</i>	○	○	3
<i>S. pennellii</i>	○	○	2
<i>S. arcanum</i>	○	○	2
<i>S. melongena</i>	○	○	1
Total	97	8	1,801

^aR, RR (homozygous resistant); H, Rr (heterozygous resistant); S, rr (homozygous susceptible).

에서 저항성 자원은 *S. pimpinellifolium* 8점, *S. habrochaites* 3점, *S. corneliomulleri* 3점, *S. galapagense* 1점, *S. peruvianum* 3점, *S. chilense* 1점으로 총 19점이었다.

저항성을 나타낸 야생근연종 자원들의 원산지를 살펴 보면 페루, 칠레, 에쿠아도르 등 토마토의 기원지로 알려진 국가에서 수집된 자원이 14자원이었다(Table 3). 특히 IT173873은 미국 식물유전자원센터(National Plant Germplasm System)에서 PI79532로 부터 시들음병 저항성 유전자 *I*를 선발하기 위해 10세대 이상 자가교배를 통하여 인위적으로 만든 자원으로 원산지는 미국으로 되어 있지만 PI79532로 부터 나온 자원이므로 그 기원은 페루 자원과 동일하다고 할 수 있다. 또한 이들 야생종 자원들은 세균성 반점병, 토마토황화잎말림바이러스, 토마토모자이크바이러스에 대해서도 하나 또는 세 가지 종류의 병 모두에 저항성 유전자를 가지고 있는 자원들이라 추후 재검정 및 생물검정을 통하여 병 저항성 자원으로 활용가치가 높다(자료 미제시).

***I-3* 유전자를 보유한 재배종 토마토 유전자원의 과실특성.** *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3에 대한 저항성 유전자 *I-3*를 보유한 자원은 *S. lycopersicum* var. *lycopersicum* 65자원, *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* 13자원으로 총 78자원이었다. 원산지 미상인 자원 11점을

Table 3. Passport data for the resistant accessions of tomato wild relatives to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3

Accession No.	Species	Origin	Donor	Doner No.
IT119954	<i>Solanum peruvianum</i>	CHL	GRIN	PI128650
IT173739	<i>S. habrochaites</i>	PER	AVRDC	L00643
IT173769	<i>S. pimpinellifolium</i>	PER	AVRDC	L00712
IT173772	<i>S. habrochaites</i>	PER	AVRDC	L00733
IT173773	<i>S. peruvianum</i>	PER	AVRDC	L00736
IT173824	<i>S. corneliomulleri</i>	PER	AVRDC	L01745
IT173842	<i>S. peruvianum</i>	PER	AVRDC	L01948
IT173873	<i>S. pimpinellifolium</i>	USA	AVRDC	L03545
IT173884	<i>S. pimpinellifolium</i>	ECU	AVRDC	L03692
IT173892	<i>S. pimpinellifolium</i>	PER	AVRDC	L03708
IT173894	<i>S. pimpinellifolium</i>	PER	AVRDC	L03710
IT173897	<i>S. pimpinellifolium</i>	PER	AVRDC	L03713
IT174025	<i>S. pimpinellifolium</i>	PER	AVRDC	L04881
IT199475	<i>S. corneliomulleri</i>	USA	VIR	WIR5039
IT199476	<i>S. corneliomulleri</i>	NLD	VIR	WIR5045
IT199488	<i>S. chilense</i>	NLD	VIR	WIR5031
IT203405	<i>S. pimpinellifolium</i>	PER	GRIN	PI126933
K019073	<i>S. galapagense</i>	ECU	VIR	WIR3970
K036370	<i>S. habrochaites</i>	GBR	VIR	WIR5044

Table 4. Fruit characteristics of resistant accessions of tomato to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3

Accession No.	Species	Origin	Status	Fruit characteristics			
				Soluble (°Brix)	Length (mm)	Width (mm)	Weight (g)
K047465	<i>S. l.</i> var. <i>cerasiforme</i>	GBR	Unknown	7.0	–	32.9	19.6
IT 240812	<i>S. l.</i> var. <i>cerasiforme</i>	Unknown	Unknown	6.4	–	33.3	18.1
IT 142181	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	Unknown	Unknown	5.4	59.1	68.9	165.6
IT 147539	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	JPN	AC	4.6	53.0	70.3	144.8
803132	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	RUS	Unknown	4.5	57.4	77.7	204.2
805827	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	DNK	Unknown	4.8	57.4	60.8	139.2
807692	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	UZB	Unknown	4.8	50.0	66.8	120.8
902721	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	Unknown	Unknown	4.2	61.3	68.3	181.5
K005237	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	Unknown	AC	5.1	58.5	63.7	137.1
K012918	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	KOR	Breeding line	6.2	40.4	44.5	54.1
K047441	<i>S. l.</i> var. <i>cerasiforme</i>	MEX	Landrace	7.3	13.7	13.1	2.2
K047471	<i>S. l.</i> var. <i>cerasiforme</i>	NIC	Unknown	6.3	28.1	23.2	9.9
K156301	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	BGR	Landrace	4.4	62.6	64.6	156.6
K156726	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	BGR	Landrace	5.3	70.4	93.9	344.9
K160197	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	5.2	64.8	68.3	167.2
K160203	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	5.3	63.2	69.0	182.2
K160212	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	5.2	59.5	55.1	108.1
K160218	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	6.2	35.0	27.9	16.0
K160221	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	4.1	60.8	65.9	161.8
K160224	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	5.3	67.3	70.3	191.9
K160230	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	4.9	57.3	59.9	128.4
K160240	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	6.1	49.2	48.7	68.2
K160271	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	Breeding line	4.5	65.4	72.9	205.1
K160294	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	AC	6.6	23.9	21.1	7.0
K160309	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	AC	5.2	64.6	60.5	112.0
K166324	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	UZB	Unknown	6.6	45.7	43.4	46.9
K166745	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	UZB	AC	5.3	58.7	64.0	137.8
K169982	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	AC	4.8	58.5	59.9	114.9
K169985	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	AC	4.8	54.2	61.1	117.2
K169994	<i>S. l.</i> var. <i>lycopersicum</i>	CHN	AC	4.1	58.9	66.6	151.5

–: not measured, AC: Advanced cultivar.

제외하면 중국 원산의 육성계통 및 육성품종이 28점으로 가장 많았고, 불가리아 재래종 자원이 6점으로 그 뒤를 따랐다. 이는 최근 중국에서 육성된 많은 자원들이 유전자원센터에 도입되었고 지난 3년간 유전자원센터와 불가리아 간의 국제공동연구 결과, 불가리아 재래종 자원들의 도입으로 토마토 전체 보유자원 중 상대적 비중이 높은 이유에서 기인한 것으로 보인다.

IT119955를 포함한 14자원은 개화를 하지 않거나, 개화는 하였으나 착과가 안되는 등 재배환경이 맞지 않아 과실 특성을 조사할 수 없었다. 조사된 과실의 특성을 살펴

보면, 당도는 3.6–7.3 °Brix로 그리 높지 않았으며, 과중은 2.2–344.9 g으로, 야생근연종에 기원을 둔 방울토마토와 일반형 토마토를 한꺼번에 살펴본 결과 큰 편차를 나타냈다(자료 미제시). 이들 중 당도가 6 °Brix 이상이거나 과중이 100 g 이상인 자원은 시들음병 저항성이면서 과실 특성이 우수한 자원으로 육종소재로 이용 가치가 있으므로 그 특성을 정리하였다(Table 4). 일본, 중국 등의 시판 품종이 8자원 포함되어 있으며, 육성계통 10점, 멕시코, 불가리아의 재래종 3점으로 어느 정도 농업적 형질이 고정된 자원들이다.

고 찰

F. oxysporum f. sp. *lycopersici*는 토양병을 일으키는 대표적인 곰팡이로서, 토양 내 축적된 환경에서도 견딜 수 있는 내구체를 만들거나 토양내 남아 있는 식물체 조직 속에서 장기간 생존할 수 있도록 적응되어 있다(Kim과 Kim, 2002). 따라서 토마토에 발생하는 *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici*를 방제하기 위해서는 저항성 품종을 이용하는 것이 약제의 방제 효과도 높아져 농약이나 재배적 방법만을 사용하는 것보다 비용이나 효율적인 면에서 더 효과적이다(Jones와 Woltz, 1981). 기존에 밝혀진 3개의 race에 각각 저항성을 보이는 유전자들이 토마토 야생근연종에서 발견되어 이미 시판품종에 이입되어 있다(Gabe, 1975; Jones 등, 1991). 국내에서는 농우바이오에서 MAS 프로그램을 이용하여 기존에 Verticillium wilt, leaf mold 등 1-5개의 다양한 병 저항성을 가지고 있는 품종과 엘리트 계통에 추가로 TYLCV, ToMV, Fusarium wilt 저항성 유전자를 이입하여 최대 7종의 병 저항성 유전자를 보유하고 품종과 계통들을 보고한 바 있다(Kim 등, 2011).

농촌진흥청 농업유전자원센터는 총 4,000여 점의 토마토 유전자원을 보유하고 있으며, 매년 증식 및 평가를 통하여 보유자원의 활력을 갱신하고 자원에 대한 정확한 특성을 파악하여 관련 연구자들에게 우수한 자원을 널리 활용케 하고자 노력하고 있다. 본 연구도 2010-2012년 3년간의 증식 및 평가자원을 대상으로, 아직 국내에선 발병이 확인되지 않았지만 호주, 미국, 멕시코, 브라질, 일본 등지에서 확산되고 있는 토마토 시들음병 race 3에 대한 유전 분석을 실시하였다. 총 1,906자원을 대상으로 HRM을 통하여 I-3 유전자의 보유여부를 확인한 결과, 총 97점의 자원에서 homozygous resistant 피크가 확인되었으며 이들의 종 분포는 일반형 토마토인 *S. lycopersicum* var. *lycopersicum*가 65점, 방울토마토인 *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*가 13점, *S. pimpinellifolium*를 포함한 12종의 야생근연종이 19점이었다.

토마토 시들음병에 최초로 저항성을 나타내는 유전자인 I가 *S. pimpinellifolium* PI79532(Bohn과 Tucker, 1939)에서, race 2에 저항성인 I-2 유전자는 *S. pimpinellifolium*과 *S. lycopersicon* 사이의 F₁인 PI126915에서 발견(Stall과 Walter, 1965)되었고, race 3에 대한 저항성 유전자 I-3는 *S. pennellii* LA716(Scott과 Jones, 1989)에서 발견된 만큼 병 저항성 연구에 있어서 야생근연종은 최상의 재료라 할 수 있다. 1982년 이래로 일년에 한번 정도의 비율로 토마토 야생근연종에서 유래한 저항성이 보고되었으며(Rick과 Chetelat, 1995), 실제로 최근 상용화 되고 있

는 병 저항성 품종은 야생의 유전자재료로부터 육종된 것이다(D. Zamir, personal communication). 약 40개 이상의 저항성 유전자들이 *S. peruvianum*, *S. cheesmaniae*, *S. pennellii*를 비롯한 다른 야생근연종에서 비롯된 것들이다(Rick과 Chetelat, 1995).

야생근연종은 분자표지를 이용한 유용 유전자의 확인을 통해, 농업형질이 우수한 자원에 목적 유전자를 도입함으로써 빠르게 품종 육성에 도달할 수 있는 유용한 유전적 재료임에 틀림없다. 그동안 마커 연관 선발(Marker-assisted selection, MAS)은 다수의 시료에 대해 PCR 기반 마커를 사용하여 저비용으로 빠르고 신뢰할 만한 결과를 이끌어 내었다(Gu 등, 1995). 엘리트 라인에 원하는 형질을 도입하려면 4-6세대의 여교배를 수행해야 하고 형질이 안정적으로 발현되려면 또는 유전형질이 호모가 되기 위해서 최소한 3세대를 거쳐야 하는데(Kim 등, 2011), MAS는 희망하는 유전자좌에 유전적 고정을 이루는데 효과적으로 세대를 줄일 수 있는(Peleman과 Van Der Voort, 2003) 효과적인 방법이다. 하지만 보다 정확한 자원 선별을 위해서는 생물검정이 추가적으로 보완되어야 할 것이다.

따라서 농업유전자원센터가 보유하고 있는 토마토 유전자원을 대상으로 주요 병에 대한 저항성 유전자의 보유 여부를 밝히는 것은 토마토 육종 프로그램에 안정적이면서 지속적인 유전적 다양성을 확보하는 중요한 소재를 제공하게 되는 것이다. 또한 이러한 유전적 인자를 재배품종에 이입함으로써 이미 밝혀진 병 외에 또 다른 race의 출현에 대비할 수 있는 가능성을 기대할 수 있다.

요 약

세 개의 race가 보고되어 있는 *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*는 전 세계적으로 그 피해가 막대한 토마토 시들음병의 원인균으로 알려져 있다. 토마토 유전자원 1,906 자원을 대상으로 토마토 시들음병 race 3 저항성 유전자 I-3의 유전형질을 high resolution melting 법을 사용하여 분석하였다. 총 97점의 자원에서 homozygous resistant 피크가 확인되었으며, 8점은 이형접합성, 1,801점은 감수성으로 나타났다. 저항성 자원 97점의 종 분포는 *S. lycopersicum* var. *lycopersicum*가 65점, *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*가 13점, 12종의 야생근연종 중에서 저항성 자원은 *S. pimpinellifolium* 8점, *S. habrochaites* 3점, *S. corneliomulleri* 3점, *S. galapagense* 1점, *S. peruvianum* 3점, *S. chilense* 1점으로 총 19점이었다. 하지만 좀 더 정확한 시들음병 저항성 평가를 위하여 추후에 race 1과 2에 대한 유전분석과 생물검정이 필요하다.

Acknowledgement

This study was supported by “2012 Agenda of National Academy of Agricultural Science (Project No. PJ906987042012)”, Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Alexander, L. J. and Tucker, C. M. 1945. Physiological specialization in the tomato wilt fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *J. Agric. Res.* 70: 303–313.
- Bohn, G. W. and Tucker, C. M. 1939. Immunity to Fusarium wilt in the tomato. *Science* 89: 603–604.
- Clayton, E. E. 1923. The relation of temperature to the Fusarium wilt of the tomato. *Am. J. Bot.* 10: 71–88.
- Davies, J. M. L. 1982. Verticillium and Fusarium wilt of tomato. Ministry of Agriculture, Fishery and Food (Publications), Northumberland NE22 2PR. 6 pp.
- Gabe, H. L. 1975. Standardization of nomenclature for pathogenic races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 64: 156–159.
- Grattidge, R. and O'Brien, R. G. 1982. Occurrence of a third race of Fusarium wilt of tomatoes in Queensland. *Plant Dis.* 66: 165–166.
- Gu, W. K., Weeden, N. F., Yu, J. and Wallace, D. H. 1995. Large scale, cost-effective screening of PCR products in marker assisted selection applications. *Theor. Appl. Genet.* 91: 465–470.
- Jones, J. B., Jones, J. P., Stall, R. E. and Zitter, T. A. 1991. Compendium of tomato diseases. American Phytopathological Society, St. Paul, MN.
- Jones, J. P. and Woltz, S. S. 1981. Fusarium-incited diseases of tomato and potato and their control. In: *Fusarium Diseases, Biology, and Taxonomy*, ed. by P. E. Nelson, T. A. Toussoun, and R. J. Cook, pp. 157–168. The Penn. State Univ. Press, University Park and London.
- 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, C. H. and Kim, Y. K. 2002. Present status of soilborne disease incidence and scheme for its integrated management in Korea. *Res. Plant Dis.* 8: 14–161. (In Korean)
- Kim, H. J., Lee, H. R., Hyun, J. Y., Won, D. C., Hong, D. O., Cho, H., Lee, K. A., Her, N. H., Lee, J. H. and Harn, C. H. 2011. Application of disease resistnace markers for developing elite tomato varieties and lines. *Korean J. Hort. Sci. Technol.* 29: 336–344. (In Korean)
- Malhotra, S. K. and Vashistha, R. N. 1993. Genetic of resistance to Fusarium wilt race 1 in current tomato (*Lycopersicon pimpinellifolium*). *Indian J. Agric. Sci.* 63: 246–347.
- McGrath, D. J., Gillespie, D. and Vawdrey, L. 1987. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* races 2 and 3 in *Lycopersicon pennellii*. *Aust. J. Agric. Res.* 38: 729–733.
- Park, J. S. 1958. Fungus disease of plants in Korea (I). College of Agric., Chungnam Nat'l. Univ. Bull. 1. 62 pp.
- 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.
- Peleman, J. D. and Van Der Voort, J. R. 2003. Breeding by design. *Trends Plant Sci.* 8: 330–334.
- Reis, A., Giordano, L. de B., Lopes, C. A. and Boiteux, L. S. 2004. Novel sources of multiple resistance to three races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* in *Lycopersicon* germplasm. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 4: 495–502.
- Rick, C. and Chetelat, R. 1995. Utilization of related wild species for tomato improvement, first international symposium on Solanacea for fresh market. *Acta Hort.* 412: 21–38.
- Rural Development Administration. 2009. Tomato. RDA, Suwon, Korea.
- Scott, J. W. and Jones, J. P. 1989. Monogenic resistance in tomato to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3. *Euphytica* 40: 49–53.
- Stall, R. E. and Walter, J. M. 1965. Selection and inheritance of resistance in tomato to isolates of race 1 and 2 of the Fusarium wilt organism. *Phytopathology* 55: 1213–1215.
- Valenzuela-Ureta, J. G., Lawn, D. A., Heisey, R. F. and Zamudionaloa, V. 1996. First report of Fusarium wilt race 3, caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, of tomato in Mexico. *Plant Dis.* 80: 105.
- Volin, R. B. and Jones, J. P. 1982. A new race of Fusarium wilt of tomato in Florida and sources of resistance. *Proceed. Florida State Hort. Soc.* 95: 268–270.
- Wang, G. P., Lim, G. T. T. and Jones, D. A. 2007. Development of PCR-based markers from the tomato glutamate oxaloacetate transaminase isozyme gene family as a means of revitalising old isozyme markers and recruiting new ones. *Mol. Breeding* 19: 209–214.
- Yoo, S. J., Lee, M. S. and Yu, S. H. 1995. Forma specials and races of *Fusarium oxysporum* isolates from tomato in Korea. *Korean J. Plant Pathol.* 11: 324–329. (In Korean)