Simple Sequence Repeat (SSR) 마커를 이용한 장미 품종 식별

홍지화* · 권용삼 · 서정남 · 최근진

농림수산식품부 국립종자원 재배시험과

Identification of Rose (*Rosa x hybrida*) Varieties Using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers

Jee-Hwa Hong*, Yong-Sham Kwon, Jung-Nam Suh, and Keun-Jin Choi

Variety Testing Division, Korea Seed & Variety Service, Ministry for Food, Agriculture, Forestry and Fisheries, Suwon 443-400, Korea

Abstract : The objective of this study was to evaluate the suitability of simple sequence repeat markers for variety identification in 69 rose (*Rosa x hybrida*) varieties. A set of 112 SSR primer pairs was evaluated and 43 primer pairs showed polymorphism in 12 varieties. Twenty-two primer pairs out of 43 primer pairs showed high levels of polymorphism and reproducibility. The genetic relationship of 69 varieties was analyzed based on the marker genotypes of 22 SSRs. A total of 114 polymorphic amplified fragments were obtained by using 22 SSR markers. Two to ten SSR alleles were detected for each locus with an average of 5.18 alleles per locus. Average polymorphism information content (PIC) was 0.621, ranging from 0.211 to 0.813. A total of 114 marker loci were used to calculate Jaccard's distance coefficients for cluster analysis using unweighted pair-group method with arithmetical average (UPGMA). Cluster analysis of genetic diversity revealed that these SSR marker sets identified each genotypes of 69 rose varieties. These SSR markers may be used for wide range of practical application in variety identification of rose.

Keywords : Rose, SSR marker, Variety identification

서 언

장미(*Rosa x hybrida*)는 장미과(Rosaceae)에 속하며 150 개 이상의 종과 수천개 이상의 품종이 분포하고 있어 전세계적으로 중요한 화훼작물 중 하나이다(Gudin 2000). 국내에 품종보호 출원된 장미는 871품종이며, 품종보호 등록된 품종은 681품종(국립종자원 2012)일 정도로 국내에서 출원품종 수가 가장 많은 작물이기 때문에 품종보호 침해 등과 같은 지식재산권 문제가 발생할 우려가 높다고 볼 수 있다. 따라서 장미 품종을 효율적으로 관리하기 위한 방법중의 하나가 품종식별 분자마커를 활용하여 이를 데이터베이스화 하는 것이며, 실제로 유럽에서는 토마토(Bredemeijer et al. 2002), 감

자(Reid et al. 2011) 등의 작물에 대한 품종별 DB를 구축하였고, 우리나라에서는 보리(Kwon et al. 2011) 등의 작물에 대해 품종별 DB를 구축하여 품종보호에 활용하고 있다.

장미에 대한 분자마커 연구 동향을 살펴보면, 외국의 경우 국제 장미과 게놈 프로젝트(Rosaceae genome project)가 수행되어 유전자 지도, 분자마커 정보 등을 DB화 하고 있으며 (<http://www.rosaceae.org>), 유전자 지도 작성(Yan et al. 2005) 및 농업형질과 연관된 양적형질유전자좌(Quantitative Trait Locus: QTL) 분석(Hibrand-Saint Oyant et al. 2008) 등에 대한 연구결과가 네덜란드와 프랑스에서 발표된 바 있다. 분자마커에 의한 장미 품종식별의 경우 네덜란드에서 simple sequence repeat (SSR) 마커를 활용한 품종식별 방법을 연구 보고한 이래(Esselink et al. 2003), 일본에서는 genomic library 유래 SSR 마커를 개발하였으며(Kimura et al. 2006), 북송아에서 유래된 SSR 마커를 장미과 내 7개 종(species) 간의 활용 여부에 대한 연구를 수행한 바 있다(Nishitani et al. 2007).

*Corresponding author (E-mail: hongjh19@korea.kr, Tel: +82-31-8008-0221, Fax: +82-31-203-7431)

(Received on October 24, 2012. Revised on May 2, 2013.
Accepted on May 8, 2013.)

우리나라의 경우 장미의 형태적 특성과 randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) 마커 간의 상관관계 분석에 대한 연구가 수행되어 왔으나(Kim et al. 2011), RAPD 분석방법은 반복 재현성 등과 같은 문제점이 상존하기 때문에 국제 식물 신품종보호연맹(International Union for the Protection of New Varieties of Plants : UPOV)에서도 이 분석 기술의 활용은 권고하지 않고 있는 실정이다. 따라서 국내외 장미 품종식별에 대한 연구를 종합해 볼 때 외국의 경우 상당한 수준의 연구성과가 있었으며, 국내의 경우 Park et al. (2010)이 UPOV가 제안하는 DNA 검정기술인 SSR 분석법을 활용하여 장미 품종을 식별한 바 있으나, 정확한 대립유전자의 크기 분석이 어려워 장미의 품종식별과 품종별 DB 구축을 위해서는 정밀하고 체계적인 연구가 필요한 것으로 판단되었다.

따라서 본 연구에서는 장미 품종보호 출원시 유사품종 탐색을 위한 기존 품종의 관리 및 품종보호 제도에 분자마커 활

용에 대한 기초 자료를 얻고자, SSR 마커를 이용한 장미 69 품종에 대한 품종식별 연구를 수행하여 얻어진 결과를 보고하는 바이다.

재료 및 방법

식물재료 및 DNA 추출

국내외에서 육성 및 수집된 장미 69품종을 SSR 분석 재료로 활용하였다(Table 1). 2 ml 튜브에 공시 품종의 신선한 잎과 텅스텐 구슬 2개를 넣은 다음 액체 질소를 이용하여 급속 동결시켜 샘플을 곱게 마쇄 하였다. 충분히 마쇄된 조직은 NucleoSpin® Plant II (Macherey-Nagel Cat. 740 770.250) 키트를 이용하여 게놈 DNA를 추출하였다. 추출된 DNA는 1% 아가로스 겔에서 전기영동하여 DNA 농도를 확인한 후 μ 당 20 ng 의 농도로 희석하여 PCR 분석에 이용하였다.

Table 1. Rose varieties surveyed for variety identification using simple sequence repeat markers.

No.	Varieties	No.	Varieties	No.	Varieties
1	Pink Bell	24	Pinocchio	47	Pinky
2	Noblesse	25	Hanaro Pink	48	Red King
3	Pink Lime	26	Enjoy	49	Sasha
4	Happy Day	27	To You	50	Orange Define
5	Lemon Tea	28	Vital	51	Apricot
6	Sunny Lady	29	Say You	52	Full Time
7	Cherry Tea	30	Pretty You	53	Orange Macarena
8	Little Marble	31	Revue	54	Haedogi
9	Snow Day	32	Tan02424	55	Tiamo
10	Tineke	33	Schirus	56	Everal88
11	Shimhong	34	Austew	57	Everal52
12	Seoul	35	Ausimmon	58	Everal74
13	Cheonga	36	Ausjameson	59	Tiny Pink
14	Juvena	37	Goyanglho	60	Heidi
15	Kim'shong	38	Gemini	61	Cute
16	Laser	39	Olidragon	62	Lunar
17	Lover Shy	40	Olimode	63	Bell Flower81
18	Asami Red	41	Red Love	64	Neopredewsi
19	Top Grace	42	Remember You	65	Speheo
20	Lollipop	43	Vallet	66	Spejest
21	Pretty Velvet	44	Pink Aurora	67	Empara
22	Red Calypso	45	Gowooni	68	Scratroye
23	Pink Grace	46	Magic Eye	69	New Man

SSR 마커 선발

장미 품종식별에 효과적인 SSR 마커를 선발하기 위하여 ‘노블레스’, ‘핑크라임’, ‘해피데이’, ‘레몬티’, ‘씨니레이디’, ‘체리티’, ‘리틀마블’, ‘스노우데이’, ‘티네케’, ‘심홍’, ‘서울’, ‘청아’ 품종의 게놈 DNA와 프랑스, 네덜란드, 일본에서 개발된 112개의 SSR 마커를 이용하였다. PCR 반응은 장미 게놈 DNA 20 ng, 0.1 μ M의 SSR primer, 2 μ l dNTP mixture (2.5 mM), *Taq* polymerase 1 units, 2.5 μ l의 10 x PCR buffer (50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl, pH 8, 2 mM $MgCl_2$) (Genet Bio, Korea)에 증류수를 첨가하여 총 반응액을 25 μ l로 조정하였다. PCR은 TprofessionalTM thermocycler (Biometra Co., Germany)에서 40회 실시하며, denaturation은 94 $^{\circ}$ C에서 30초, annealing은 50~60 $^{\circ}$ C에서 30초, extension은 72 $^{\circ}$ C에서 45초로 수행하였다. PCR을 통한 유전자 증폭 산물은 6% polyacrylamide gels을 이용하여 전기영동한 다음 silver sequenceTM staining reagents (Promega, USA)로 염색하여 각 품종별 대립유전자(밴드)의 차이를 분석하여 다형성을 보이는 마커를 선발하였다. 다형성을 보이는 마커 중 반복간 재현성이 높고 밴드가 선명한 마커를 선정한 후 프라이머의 정방향에 FAM, VIC, NED, PET의 화학 물질 중 한가지로 형광 표지하여 마커 선발할 때와 동일한 조건을 이용하여 장미 69품종을 PCR 하였다. PCR이 완료된 후 4 μ l의 증폭산물을 2% 아가로스 젤에서 전기영동하여 증폭 여부를 확인한 다음, 증류수 200 μ l에 PCR 산물을 증폭량에 따라 1~3 μ l씩 첨가하여 희석하였다. 희석된 PCR 증폭 산물 1 μ l는 탈이온된 포름아마이드(deionized formamide) 10 μ l, size marker (LIZ500 size standard) 0.25 μ l를 혼합한 다음 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 denaturation 시켰다. 변성시킨 PCR 증폭 산물은 자동 염기서열 분석장치(Genetic Analyzer 3130XL, Applied Biosystem)를 활용하여 전기영동하고, GeneMapper 컴퓨터 프

로그램(Applied Biosystem)을 이용하여 마커별 대립 유전자의 크기를 분석하였다.

데이터 분석

SSR 분석을 통하여 증폭된 대립유전자(밴드)의 유무에 따라 유 = 1, 무 = 0로 기록하였다. SSR 마커의 다형성을 조사하기 위하여 아래의 공식을 이용하여 polymorphism information content (PIC) 값을 산출하였다. 식에서 P_{ij} 는 마커 i 의 밴드들 중에서 j 번째 공통 밴드 패턴의 빈도수이다(Anderson et al. 1993).

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

증폭된 밴드의 유무를 NTSYSpc (version 2.10b) (Rohlf 2000) 컴퓨터 프로그램에 입력하고 Jaccard 방법(Sneath and Sokal 1973)에 따라 유전적 유사도 값을 계산한 후 unweighted pair-group method with arithmetical average (UPGMA) (Sneath and Sokal 1973) 방법을 통해 dendrogram을 작성하였다. 품종식별에 적합한 최소 분자표지 세트를 선정하기 위하여 Mantel test 방법에 의해 상관계수를 분석하였다(Mantel 1967).

결과 및 고찰

SSR 분석

장미 품종식별에 효과적인 마커를 선발하기 위하여 ‘노블레스’ 등 12품종을 공시하고 112개의 SSR 마커를 이용하여 다형성 정도를 조사한 바(Fig. 1), 총 112개 마커 중에서 43개가 다형성을 나타내었다(Table 2). 프랑스에서 Hibrand-Saint Oyant et al. (2008)이 개발한 SSR 마커의 경우 분석

Table 2. Simple sequence repeat markers tested in this study.

No. of tested markers	Type of SSR makers	Polymorphism (%) of amplified SSR markers	SSR marker source
14	genomic-SSR of rose	12 (85.7%)	Hibrand-Saint Oyant et al. (2008)
26	EST-SSR of rose	21 (80.8%)	
21	genomic-SSR of rose	7 (33.3%)	Yan et al. (2005)
13	genomic-SSR of rose	3 (23.1%)	Kimura et al. (2006)
38	genomic-SSR of peach	0 (0.0%)	Nishitani et al. (2007)
Total 112		43

Fig. 1. Polymorphism of simple sequence repeat markers, C187, CL2845, H22C01 and Rw62D8. The PCR products were separated on 6% polyacrylamide gels and then silver stained by silver sequencing kit. Lane1: Noblesse, 2: Pink Lime, 3: Happy Day, 4: Lemon Tea, 5: Sunny Lady, 6: Cherry Tea, 7: Little Marble, 8: Snow Day, 9: Tineke, 10: Shimhong, 11: Seoul, 12: Cheonga.

Table 3. Characteristics of simple sequence repeat markers selected for identification of rose varieties.

SSR marker	Repeat motif	Annealing temp (°C)	Product Size (bp)	No. of alleles	PIC value	Primer labeling
C187 ^z	(AAG)7	55	200~228	6	0.711	VIC
CL2845 ^z	(AAG)17	55	292~303	5	0.650	NED
H22E04 ^z	(AAG)7	55	241~250	4	0.658	PET
Rw54N22 ^z	(TC)9x(TC)8	55	211~223	5	0.700	VIC
Rw62D8 ^z	CT rich	55	246~276	3	0.665	NED
C172 ^z	(AAG)8	55	144~150	3	0.630	FAM
CL2002 ^z	(TCAT)4	55	186~204	8	0.733	PET
H22C01 ^z	(TC)9	55	218~246	8	0.702	VIC
Rh48 ^y	(AGG)5	55	247~250	2	0.497	NED
Rh93 ^y	(TTC)9	55	203~221	4	0.627	FAM
H1F03 ^z	(TG)9	55	151~161	4	0.401	PET
Rw16E19 ^z	(CT)14	55	204~208	3	0.473	VIC
Rw20I17 ^z	(CT)16	55	185~229	9	0.753	NED
Rw23F13 ^z	(TTC)7	55	197~223	7	0.804	FAM
Rw34L6 ^z	(AG)9x(AG)8	55	248~262	6	0.693	PET
Rw52D4 ^z	(AG)16	55	215~239	7	0.595	VIC
Rw35C24 ^z	(CT)10	55	241~253	4	0.211	NED
CL2980 ^z	(CT)11	55	208~220	6	0.697	FAM
H20D08 ^z	(TC)9	55	163~183	10	0.813	PET
H23O17 ^z	(AAG)6	55	223~233	4	0.638	VIC
Rw55E12 ^z	-	55	127~144	3	0.534	FAM
H9B07 ^z	-	55	239~269	3	0.467	PET
Total				114		
Mean				5.18	0.621	

^zHibrand-Saint Oyant et al. (2008)

^yYan et al. (2005)

마커 40개 중 33개가 다형성을 나타내었고, 네덜란드에서 Yan et al. (2005)이 개발한 SSR 마커는 21개 중 7개가 다형성을 나타내었다. 그러나 일본에서 Kimura et al. (2006)과 Nishitani et al. (2007)이 개발한 SSR 마커의 경우 공시품종 내에서 다형성을 보이는 비율이 적었을 뿐만 아니라 PCR의 반복 재현성에 문제점이 있는 것으로 분석되었다. C187, CL2845, H22C01, Rw62D8 등 22개의 마커는 다형성 정도와 반복간 재현성이 높아 이를 이용하여 장미 69품종의 유연관계를 분석하였다.

형광 표지된 선발 마커의 프라이머와 69품종의 게놈 DNA를 PCR한 다음 자동염기서열분석기를 이용하여 전기영동하여 각 프라이머에 따른 장미 69품종의 다형성 정도를 조사하였다(Table 3). SSR 마커에 의해 분석된 대립유전자의 수는 2~10개였고 총 114개의 대립유전자가 분석되었으며, 마커당 평균 대립유전자의 수는 5.18개로 나타났다. 각 마커 별로 유전적 다형성 정도를 나타내주는 PIC 값은 0.211~0.813까지 나타났으며, 평균값은 0.621로 조사되었다. 장미 품종식별에 대한 국외의 연구와 비교분석 한 바, 네덜란드에서 24개의 SSR 마커로 76품종을 분석하였을 때 대립유전자수는 3~10개로 분석됨을 보고하였으며(Esselink et al. 2003), 일본에서 24품종을 13개의 SSR 마커를 이용하여 분석하였을 때 power of discrimination (PD) 값은 0.29~0.93 범위이고 대립유전자의 수는 3~22개 정도가 나타남을 보고한 바 있어(Kimura et al. 2006), 대립유전자의 수나 PIC 값의 경우 본 연구결과와 유사한 경향을 나타내었다. 그러나 본 연구에서는 일본에서 개발된 13개의 SSR 마커를 이용하여 분석하였을 때 3개 마커에서만 다형성을 나타내어 Kimura et al. (2006)의 연구결과 보다 품종간 다형성 정도가 낮게 나타났다. 이러한 연구결과는 SSR 마커의 선발에 이용된 품종의 유전적 다양성 정도가 다르기 때문에 나타난 결과로 판단된다. 국내에서는 장미의 44품종을 16개의 RAPD 마커를 이용하여 분석하였을 때 8~18개의 대립유전자 수가 나타남을 보고한 바 있다(Kim et al. 2011). 본 연구에서 선발된 SSR 마커의 경우 2~10개의 대립 유전자의 수를 나타내어 RAPD 마커를 이용한 유전적 다양성 연구 결과에 비해 대립유전자 수가 적었다. 이는 RAPD 분석에 활용된 품종이 Hybrid Tea 계통이 17품종, Floribunda 계통이 16품종, Miniature 계통이 11품종으로 다양한 반면 본 연구에서는 국내외에서 육성 또는 출원된 품종과 유사한 품종을 대상으로 품종식별 마커를 선발하였기 때문인 것으로 판단된다. 그리고 RAPD 마커는 다수의 유전

좌(multilocus)를 가지기 때문에(Weising et al. 2005) PCR 분석시 증폭되는 부위가 많이 나타나 SSR 마커에 비해 대립유전자 수가 많이 분석됨이 보고된 바 있으나(Leal et al. 2010), 반복 재현성 등의 문제로 인해 정밀도 높은 품종식별을 위해서는 SSR 방법을 활용해야 될 것으로 사료된다.

최종 선발된 22개의 SSR 마커 중에서 PIC값이 0.70 이상인 C187, Rw54N22, CL2002, H22C01, Rw20I17, Rw23F13, H20D08 마커는 높은 다형성을 나타내었다. 총 7개 마커 중 C187, CL2002, H22C01, H20D08 마커는 expressed sequence tags (ESTs) 유래 SSR 마커이며, Rw54N22, Rw20I17, Rw23F13 마커는 genomic 유래 SSR 마커이다. EST에서 유래된 SSR 마커는 genomic SSR 마커에 비해 식별력이 낮은 것이 여러 연구자에 의해 보고한 바 있는데(Hibrand-Saint Oyant et al. 2008, Shiferaw et al. 2011) 이는 EST-SSR 마커가 발현된 유전자의 염기서열을 기반으로 개발된 마커이기 때문에 genomic SSR 마커보다 다형성을 찾기 힘든 것으로 Hibrand-Saint Oyant et al. (2008)에 의해 보고된 바 있다. 본 연구에서도 genomic SSR 마커가 EST-SSR 마커 보다 다소 높은 다형성을 나타내어 기존 연구 결과를 확인할 수 있었다(Table 2).

공시품종 간 식별이 가능한 최소 마커 세트를 결정하기 위하여 PIC 값이 높은 마커들을 이용하여 dendrogram을 작성한 결과, PIC 값이 0.69 이상인 마커 중 총 8개 마커(C187, Rw54N22, CL2002, H22C01, Rw20I17, Rw23F13, H20D08, Rw34L6) 세트를 이용하였을 때 69품종이 모두 식별되었다. 최종 선발된 22개의 마커 세트와 8개의 최소 마커 세트에 의해 작성된 dendrogram의 상관관계(Mantel test)를 분석한 결과, 상관관계수(r) 값은 0.717이었으며, 이를 통해 8개의 최소 마커 세트를 활용한다면 품종식별에 소요되는 시간 경비 등을 줄일 수 있을 것으로 판단된다.

품종의 유연관계 분석

22개의 SSR 마커를 이용하여 장미 69품종에 대한 유전적 유사도를 조사한 바(Fig. 2), 공시품종의 전체 유사도 지수는 0.41~0.87의 범위로 나타났으며, 모든 품종이 본 연구에서 선발된 SSR 마커의 유전자형(genotype)에 따라 구분이 됨을 확인할 수 있었다. 장미 품종에 대한 유연관계 분석에 대한 연구가 몇몇 연구자에 의해 보고되고 있는데 Esselink et al. (2003)은 Hybrid Tea 계통 46품종과 30개의 대목 식별을 위하여 24개의 SSR 마커를 개발하였고 SSR 마커에 의해 장미

Fig. 2. Phenetic dendrogram of 69 rose varieties based on simple sequence repeat markers. The scale at the bottom is Jaccard's coefficient of similarity.

의 모든 품종이 식별되었음을 보고하였다. 본 연구에서도 SSR 마커를 이용하여 69품종을 뚜렷하게 식별할 수 있는 것으로 나타나 SSR 마커가 품종식별에 효과적이라는 측면에서 Esselink et al. (2003), Kwon et al. (2009)의 품종식별 연구 결과와 유사함을 확인할 수 있었다. 장미 품종간 유연관계 분석에 이용된 분자마커 종류와 공시품종이 다르지만 공시품종 중 중복되는 품종인 ‘노블레스’, ‘티아모’, ‘피노키오’, ‘리틀 마블’ 품종간의 유전적 유사도가 낮다는 점에서 Kim et al. (2011)의 연구결과와 유사한 경향을 나타내었다. 특히 ‘투유’와 ‘프리티유’는 유전적 유사도가 0.87로 높게 나타났는데 두 품종의 육성내역을 살펴볼 때 품종육종에 활용된 부분이 동일한 품종(미라바이: Mirabai)이기 때문에 나타난 결과라고 사료된다.

UPOV 산하 기술위원회 중의 하나인 분자생물학 및 생화학 실무작업반회의(Working Group on Biochemical and Molecular Techniques, and DNA-Profiling in Particular : BMT)에서 논의된 자료에 따르면 분자마커를 품종보호 분야에서 이용할 경우 몇 가지 이용 기준을 제시하고 있다. Option 1은 표현형과 밀접히 연관된 마커를 이용하여 품종의 구별성 판단에 활용하는 것이며, option 2는 기존품종 관리와 대조품종 선정에 활용 가능한 차원에서 표현형과 유전자형의 일치성 연구에 관련된 내용이며, option 3는 분자마커의 차이에 의해서 품종의 구별성을 판단하는 내용이다. 그리고 2010년 BMT 회의에서 새롭게 제안된 option 4는 표현형과 유전자형을 병합하여 상관 정도가 높은 품종을 대조품종으로 선정하는 경우를 제시하고 있다(UPOV-BMT 2010). Option 1, 2,

4는 UPOV에서도 품종보호 제도에 분자마커의 활용을 인정하고 있으나 option 3의 경우는 품종의 구별성 판단에 직접적 활용은 인정하지 않고 있다. 장미의 경우 네덜란드에서 option 2의 적용을 위해 장미 734품종에 대하여 11개의 SSR 마커를 활용하여 품종식별 연구를 수행한 바 있으나 유전적 유사도가 0.8 이상인 품종조합 16개중 꽃 색깔이 일치하는 조합은 4개로 유전적 유사도가 높아도 꽃 색깔이 다르게 나타나 표현형과 유전자형 사이의 상관관계가 없음을 보고한 바 있다(UPOV-BMT 2005). 이는 마커 분석에 사용한 SSR 마커 개수가 적고, EST-SSR 마커 등 표현형에 영향을 끼치는 마커가 부족하며, 특성조사시 양적형질에 대한 일관적인 데이터의 부족 등으로 인하여 상관관계가 낮게 나온 것으로 추정된다. 따라서 본 연구에서 선발된 SSR 마커와 69품종에 대한 형태적 특성과의 상관관계가 구체적으로 밝혀진다면 장미 품종보호 출원품종의 재배시험시 대조품종 선정과 분쟁발생시 이를 해결하는 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

적 요

본 연구는 국내외에서 육성 및 수집된 장미품종에 대하여 SSR 마커를 이용하여 품종식별 연구를 수행하였다. 장미 품종식별에 적합한 SSR 마커를 선정하기 위하여 112개의 SSR 마커를 12개의 주요품종을 대상으로 분석하였다. 최종 선발된 22개의 SSR 마커를 대상으로 69품종을 이용하여 분석하였을 때 대립유전자의 수는 2~10개의 분포를 나타내었으며 총 114개의 대립유전자가 분석되었다. PIC 값은 0.211~0.813의 범위에 속하였으며 평균값은 0.621로 나타났다. SSR 마커를 이용하여 작성된 장미 69품종의 품종간 유전적 거리는 0.41~0.87의 범위로 나타났고, 공시 품종 모두 SSR 마커의 유전자형에 의해 구분되었다. 본 연구결과는 장미 품종의 식별과 유전적 다양성 연구를 위한 기초 자료로 유용하게 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

인 용 문 헌

- Anderson JA, Churchill GA, Autrigue JE, Tanksley SD. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*. 36: 181-186.
- 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.
- Esselink GD, Smulders MJM, Vosman B. 2003. Identification of cut rose (*Rosa hybrida*) and rootstock varieties using robust sequence tagged microsatellite site markers. *Theor Appl Genet*. 106: 277-286.
- Gudin S. 2000. Rose: genetics and breeding. *Plant Breed Rev*. 17: 159-189.
- Hibrand-Saint Oyant L, Crespel L, Rajapakse S, Zhang L, Foucher F. 2008. Genetic linkage maps of rose constructed with new microsatellite markers and locating QTL controlling flowering traits. *Tree Genetics & Genomes*. 4: 11-23.
- Kim GJ, Song YH, Gi GY, Kim ST, Lee JH, Han TH. 2011. Application of UPOV data for the analysis of genetic variation in rose cultivars. *Korean J. Hort. Sci Technol*. 29: 240-246.
- Kimura T, Nishitani C, Iketani H, Ban Y, Yamamoto T. 2006. Development of microsatellite markers in rose. *Molecular Ecology Notes*. 6: 810-812.
- Kwon YS, Park SG, Yi SI. 2009. Assessment of Genetic Variation among Commercial Tomato(*Solanum lycopersicon*) Varieties Using SSR Markers and Morphological Characteristics. *Genes & Genomics*. 31: 1-10.
- Kwon YS, Hong JH, Choi KJ. 2011. Genetic diversity of Korean barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties using microsatellite markers. *Korean J. Breed. Sci*. 43: 254-261.
- Leal AA, Mangolin CA, Do Amaral Júnior AT, Gonçalves, Scapim CA, Mott AS, Eloi IBO, Cordovés V, Da Silva MFP. 2010. Efficiency of RAPD versus SSR markers for determining genetic diversity among popcorn lines. *Genet Mol Res*. 9: 9-18.
- Mantel N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res*. 27: 209-220.
- Nishitani C, Kimura T, Ueda E, Howad W, ArÚs P, Yamamoto T. 2007. Tri-/Hexanucleotide Microsatellite Markers in Peach Derived from Enriched Genomic Libraries and Their Application in Rosaceae. *Breed Sci*. 57: 289-296.
- Park YH, Ahn SG, Choi YM, Oh HJ, Ahn DC, Kim JG, Kang JS, Choi YW, Jeong BR. 2010. Rose (*Rosa hybrida* L.) EST-derived microsatellite markers and their transferability to strawberry (*Fragaria* spp.) *Sci Hortic*. 125: 733-739.
- Reid A, Hof L, Felix G, Rücker B, Tams S, Milczynska

- E, Esselink D, Uenk G, Vosman B, Weitz A. 2011. Construction of an integrated microsatellite and key morphological characteristic database of potato varieties on the EU common catalogue. *Euphytica*. 182: 239-249.
15. Rohlf FJ. 2000. NTSYSpc. Numerical Taxonomy and Multivariate analysis system-version 2.10b. Applied Bio-statistics Inc., New York.
16. Shiferaw E, Pè ME, Porceddu E, Ponnaiah M. 2011. Exploring the genetic diversity of Ethiopian grass pea (*Lathyrus sativus* L.) using EST-SSR markers. *Mol Breed*. 30: 789-797.
17. Sneath PHA, Sokal RR. 1973. Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. W. H. Freeman, San Francisco.
18. UPOV-BMT. 2005. BMT/9/12 Analysis of a Database of DNA Profiles of 734 hybrid Tea Rose (*Rosa Hybrida*) Varieties. The working group on biochemical and molecular techniques and DNA-profiling in particular, Washington, D.C.
19. UPOV-BMT. 2010. BMT/12/02 Reports on Developments in UPOV Concerning Biochemical and Molecular Techniques. The working group on biochemical and molecular techniques and DNA-profiling in particular, Ottawa.
20. Weising K, Nybom H, Wolff K, Kahl G. 2005. DNA fingerprinting in plants: principle, methods, and applications. CRC Press. p.39.
21. Yan Z, Denneboom C, Hattendorf A, Dolstra O, Debener T, Stam P, Visser PB. 2005. Construction of an integrated map of rose with AFLP, SSR, PK, RGA, RFLP, SCAR and morphological markers. *Theor Appl Genet*. 110: 766-777.