(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2012년11월20일
(11) 등록번호 10-1202971
(24) 등록일자 2012년11월14일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
A01H 5/00 (2006.01) *A01H 1/00* (2006.01)
C12Q 1/68 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2009-7022928
(22) 출원일자(국제) 2008년04월30일
심사청구일자 2009년11월02일
(85) 번역문제출일자 2009년11월02일
(65) 공개번호 10-2009-0126321
(43) 공개일자 2009년12월08일
(86) 국제출원번호 PCT/EP2008/055374
(87) 국제공개번호 WO 2008/135510
국제공개일자 2008년11월13일
(30) 우선권주장
07119649.7 2007년10월30일
유럽특허청(EPO)(EP)
07290556.5 2007년05월02일
유럽특허청(EPO)(EP)
(56) 선행기술조사문헌
Entomologia Experimentalis et Applicata 113:149-155(2004)
Phytopathology 93(1):96-101(2003)
전체 청구항 수 : 총 22 항

(73) 특허권자
신젠타 파티서페이션즈 아게
스위스 4058 바젤 슈바르츠발달레 215
(72) 발명자
린데르스 엔리코 헤라르뒤스 알베르투스
네덜란드 엔엘-1601 비케이 엔크하위젠 베스테인드 62
니콜레 장 루이 마리 에두아르
프랑스 에프-84260 사리앙 도멘 뒤 물렝
판 베익 헨리퀴스 요하네스
프랑스 에프-31790 셍-소뵈르 베빼 27 슈멩 드 로비 12
(74) 대리인
장훈

심사관 : 김정희

(54) 발명의 명칭 **곤충 내성 식물**

(57) 요 약

본 발명은 곤충에 내성인 신규 고추 식물 및 당해 식물의 종자 및 열매에 관한 것이다. 본 발명은 또한 당해 식물 및 이의 열매를 생산하고 사용하는 방법에 관한 것이다. 본 발명은 또한 곤충 내성 형질을 확인하기 위한 마커 및 마커 보조 육종에서 이의 용도에 관한 것이다. 특히 본 발명은 트리피대 과 및/또는 베미시아 속의 곤충에 의한 감염 특히 베미시아 타바시 및 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스에 의한 감염에 대해 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공한다.

특허청구의 범위

청구항 1

재배된 카프시쿰 아눔 (*Capsicum annuum*) 식물로서,

당해 식물은 베미시아 (*Bemisia*) 감염에 내성이고, 당해 내성은 실시예 2A에 기재된 바와 같은 표준 내성 분석으로 평가될 수 있으며, 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석으로 동일한 환경적 조건 하에 평가되는 경우, 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 (*Capsicum annuum*) 식물 주 061M4387로 수득할 수 있는 스코어로부터 3 이하의 스케일로 이탈하는 내성 스코어가 수득되며,

당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 함유하고, 당해 QTL은 하나 이상부터 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고, 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되며, 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 2

삭제

청구항 3

삭제

청구항 4

삭제

청구항 5

제1항에 있어서, 당해 식물이 베미시아 내성에 기여하고 염색체 5상에 위치하는 제2의 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 함유하고, 당해 QTL이 하나 이상부터 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌가 염색체 5에 위치하고, 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되며, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 6

삭제

청구항 7

삭제

청구항 8

삭제

청구항 9

제1항 또는 제5항에 있어서, 양적 형질 유전자좌 (QTL)가 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 공여체 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득될 수 있는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 10

삭제

청구항 11

삭제

청구항 12

삭제

청구항 13

삭제

청구항 14

삭제

청구항 15

삭제

청구항 16

삭제

청구항 17

제1항 또는 제5항에 있어서, 베미시아에 대한 내성과 연관된 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 대립형질 유전자가 당해 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자가 각각의 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물로 특징지어지는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 18

삭제

청구항 19

제17항에 있어서, 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 대립형질 유전자가 염색체 3 상의 하나 이상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고 당해 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자가 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물로 특징지어지고, 당해 증폭 생성물이 당해 프라이머쌍 1 내지 6으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로

부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 20

제17항에 있어서, 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 대립형질 유전자가 염색체 5 상의 하나 이상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고 당해 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자가 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물로 특징지어지고, 당해 증폭 생성물이 당해 프라이머쌍 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 21

삭제

청구항 22

삭제

청구항 23

제1항 또는 제5항에 있어서, 식물이 표준 절차에 따라 재배되는 경우, 성숙시에 2g 이상의 무게를 갖거나 길이가 1cm 이상이고 직경이 0.5cm 이상인 열매를 생산하는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 24

제1항 또는 제5항에 있어서, 감미 고추 식물, 벨 고추, 대형 직사각형 고추, 원뿔 고추, 긴 원뿔 고추 또는 벽돌형 고추인, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 25

제23항에 있어서, 식물의 성숙한 열매가 에버그린, 황색, 오렌지색, 아이보리색 또는 적색인, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 26

제1항 또는 제5항에 있어서, 근교계, 이반수체 또는 잡종인, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 27

제1항 또는 제5항에 있어서, 웅성 불임인, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 28

제1항 또는 제5항에 있어서, 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자가, 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 유리한 대립형질 유전자를 포함하는 이의 자손 또는 선조로부터 수득될 수 있는, 재배된 카프시쿰 아눔 식물.

청구항 29

삭제

청구항 30

제1항 또는 제5항에 따른 식물의 종자.

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

제1항 또는 제5항에 따른 식물의 열매.

청구항 34

베미시아 (*Bemisia*) 에 대한 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 하나 이상의 대립형질 유전자를 당해 대립형질 유전자가 결핍된 카프시쿰 아눔 (*Capsicum annuum*) 식물에 도입하는 방법으로서,

a) 제1항 또는 제5항에 따른 제1 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

b) 당해 제1 카프시쿰 아눔 식물을 당해 대립형질 유전자가 결핍된 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키는 단계 및

c) 베미시아에 대한 증가된 내성을 나타내고 당해 베미시아 내성과 함께 공동 분리되는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자를 포함하는, 교배로부터 생성된 식물을 확인하는 단계를 포함하고,

베미시아 내성과 함께 공동 분리되는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자가,

a) 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯된 프라이머쌍을 포함하는, 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍; 또는

b) 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯된 프라이머쌍을 포함하는, 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물로 특징지어지는 방법.

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

제34항에 있어서, 단계 c)에서 확인된 카프시쿰 아눔 식물을 선택하는 단계를 추가로 포함하는 방법.

청구항 42

삭제

청구항 43

제34항에 있어서, 제1 카프시쿰 아눔 식물이, 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물주 061M4387 또는 이의 자손인 방법.

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

a) 제1항 또는 제5항에 따른 식물을 성장시키는 단계;

b) 당해 식물이 열매를 생성하도록 하는 단계 및

c) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계를 포함하는, 고추 열매를 생산하는 방법.

청구항 50

a) 제1항 또는 제5항에 따른 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

b) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계 및

c) 당해 열매로부터 종자를 추출하는 단계를 포함하는, 고추 종자를 생산하는 방법.

청구항 51

대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 (*Capsicum annuum*) 식물주 061M4387로부터 또는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 이의 자손 또는 선조로부터 유래된 염색체 3 또는 5에 위치한 베미시아 내성에 기여하는 QTL에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 베미시아 (*Bemisia*)에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법으로서,

a) 베미시아에 민감한 수용체 고추 식물 또는 베미시아 감염에 내성을 부여하는 QTL 대립형질 유전자를 함유하지 않는 식물을 제공하는 단계;

b) 염색체 3 또는 염색체 5상에 내성 QTL 대립형질 유전자의 존재로 인해 베미시아 감염에 대해 내성을 나타내는 공여체 고추 식물을 제공하는 단계;

c) 수용체 및 공여체 식물을 교배하여 유리한 QTL 대립형질 유전자가 존재하도록 분리되는 자손 식물을 생산하는 단계; 및

d) 염색체 3 또는 염색체 5상의 QTL의 영역에서 재조합에 대해 자손 식물의 게놈을 스크리닝하는 단계를 포함하고,

게놈의 스크리닝이 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되거나 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 서열번호 13 내지 26의

정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물로 특징지어지는 하나 이상의 마커에 유전학적으로 연결된 분자 마커를 사용하여 수행되는 방법.

청구항 52

삭제

청구항 53

삭제

청구항 54

삭제

청구항 55

삭제

청구항 56

삭제

청구항 57

삭제

청구항 58

삭제

청구항 59

삭제

청구항 60

삭제

청구항 61

제51항에 있어서, 자손 식물이 단계 c)에서의 교배로부터 수득된 F1 식물의 자가수분에 의해 또는 당해 교배로부터 수득된 F1 식물을 또 다른 고추 식물과 교배시킴에 의해 생성된 분리 집단의 식물인 방법.

청구항 62

베미시아 (*Bemisia*) 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 카프시쿰 아눔 식물에서 확인하는 방법으로서,

a) 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍; 또는

b) 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마

커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 PCR 반응에서 사용함을 포함하는 방법.

청구항 63

삭제

청구항 64

삭제

청구항 65

삭제

청구항 66

삭제

청구항 67

삭제

명 세 서

발명의 상세한 설명

[0001] 본 발명은 곤충에 내성인 신규 고추 식물 및 당해 식물의 종자 및 열매에 관한 것이다. 본 발명은 또한 당해 식물 및 이의 열매를 생산하고 사용하는 방법에 관한 것이다. 본 발명은 또한 곤충 내성 형질을 확인하기 위한 마커 및 마커 보조 육종에서 이의 용도에 관한 것이다.

[0002] 고추는 전세계적으로 중요한 작물이고 이의 상업적 가치는 연간 약 5억 달러인 것으로 추정된다. 고추는 카프시쿰 (*Capsicum*) 속의 가지과 (Solanaceas)이고 카프시쿰 아눔 (*Capsicum annuum*), 카프시쿰 프루테센스 (*Capsicum frutescens*) 및 카프시쿰 치넨스 (*Capsicum chinense*) 종을 포함한다. 시판 고추는 n=12인 염색체를 갖는 이배수체이다. 고추는 전세계적으로 벨 (bell) 고추와 같은 단 (sweet) 고추 또는 매운 칠리 고추, 얄라페노 고추 (jalapeno pepper) 및 TABASCO® 고추로서; 또는 파프리카와 같은 다양한 색상의 무수 분말 공급원으로서 재배되고 사용된다. 재배 고추 유형은 매움, 열매 형태, 색상 및 크기에 따라 상이할 수 있다 (문헌참조: 예를 들어 미국 특허 제6,498,287호).

[0003] 또한 일반적으로 "페퍼"로서 언급되는 고추 열매는 매우 썩기 쉽다. 이들은 수분을 손실하여 오그라드는 경향이 있고 이는 소비자에 대한 구매력을 떨어뜨린다. 고추 식물은 또한 다수 질환에 대한 숙주이다. 당해 질환은 작물 생산량을 감소시킬 뿐만 아니라 열매의 외형에 영향을 주어 이들이 시판될 수 없게 한다. 특히 곤충은 상당한 작물 손상의 원인이 되어 상당한 상업적 손실을 유발한다. 몇몇 경우에, 곤충은 직접 식물 또는 열매에 영향을 주고 다른 경우에 이들은 식물 바이러스에 대한 매개체로서 작용한다. 일반적으로 곤충 손상은 식물 성장을 감소시키지만 일반적으로 식물을 사멸시키지는 않는다. 화학적 조절 및 윤작을 사용하여 곤충에 의해 유발되는 손상을 감소시킬 수 있지만 이들 전략은 고비용이고 때로는 불편하다.

[0004] 고추에 영향을 주는 해충중에는 백색의 해충 (베미시아 타바시 (*Bemisia tabaci*) (헤미프테라 (*Hemiptera*): 알레이로디대 (*Aleyrodidae*)) 및 꽃 노랑 총채벌레 (Western Flower Thrips): 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스 (*Frankliniella occidentalis*), 오니온 트립스 (Onion Thrips): 트립스 타바시 (*Thrips tabaci*), 칠리 트립스 (Chilli Thrips) 시르토트립스 도살리스 (*Scirtothrips dorsalis*)와 같은 다양한 총채벌레 (thrips)종이 있고

멜론 트립스 (Melon Thrips) 트립스 팔미 (*Thrips palmi*)가 특히 파괴적이다.

[0005] 약 5000개 종의 총채벌레 (티사노프테라 목에 속하는 곤충)가 있는 것으로 보고되었다. 고등 식물을 먹이로 하는 종은 대부분 트리피대 (*Thripidae*) 과에 존재한다. 당해 과는 야생 및 온실에서 관상용 작물, 채소 작물 및 열매 작물의 심각한 해충을 포함하는 중요한 해충 종을 포함한다. 총채벌레에 의한 섭취 및 산란은 채소의 잎 및 열매를 뒤틀고 탈색시키고 은색화 (silvering)시키고 변색시켜 시장 가치를 감소시킨다. 몇몇 총채벌레 종은 분야바이러스 (분야비리대 (*Bunyaviridae*) 과, 토스포바이러스 (*Tospovirus*) 속, 종 유형 토마토 반점 윌트 (tomato spotted wilt))의 매개체이다. 해마다 심한 전염병이 세계의 열대 및 아열대 지역에서 식품, 섬유 및 관상용 작물상에서 발생한다.

[0006] 꽃노랑총채벌레 (프랭클리니엘라 옥시덴탈리스)는 온실에서 다수의 경작물에 심하게 영향을 주는 기회주의적 해충이다. 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스는 과거 20년에 걸쳐 거의 전세계적으로 전파되었다. 당해 총채벌레 종은 매우 해롭고 방제하기가 어렵다. 이는 고추상에서 쉽게 번식하여 육종 초기 단계에서 경작 말기에 이르기까지 식물, 꽃 및 열매에 물리적 손상을 유발한다. 유충 및 성충은 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포를 섭취하다. 이들은 열매의 표피에 영향을 주고 시장 가치를 하락시킨다. 채소와 같은 고가치의 온실 작물은 특히 총채벌레 피해와 관련된 경제적 손실에 취약할 수 있다. 총채벌레는 또한 경작자에게 큰 손실을 입히는 파괴 바이러스인 토마토 반점 윌트 (Tomato Spotted Wilt) 바이러스 (TSWv)의 효율적인 매개체이다. 감염된 식물은 식물 및 열매상에 강한 모자이크 및 괴저를 나타낸다.

[0007] 총채벌레는 화학적 제품을 통해 방제하기 어려운데 이는 당해 곤충이 과거 15년에 걸쳐 사용되는 여러 살충제에 대해 내성을 나타내기 때문이다. 온실 조건하에, 고온 조건에서 오리우스 (*Orius*) 또는 작물에서 총채벌레를 낮은 수준으로 유지시키는 냉각 조건에서 암블리세이우스 (*Amblyseius*)를 사용하는 생물학적 포식자의 사용이 널리 보급되었지만 충분히 실용화되지 않았다.

[0008] 흰색 곤충인 베미시아 타바시에 대해, 2개 이상의 생물유형이 보고되었다: 베미시아 아르젠티폴리 (*Bemisia argentifolii*)와 동일한 B형, 및 Q형.

[0009] 베미시아 및 총채벌레의 방제는 특히 어려운데 이는 또한 광범위한 식물을 숙주로 하기 때문이다. 베미시아 및 총채벌레 종은 토마토, 콩, 오이, 멜론, 쓴 멜론, 카프시쿰, 가지, 호박, 스쿼시 (squash) 및 서양 호박 (zucchini)를 포함하는 광범위한 채소 작물을 공격한다. 카프시쿰은 가장 심각하게 영향받는 작물에 속한다.

[0010] 식물 및 열매에 대한 손상 및 파괴적 바이러스의 전염 때문에, 이들 해충으로부터 고추 작물을 보호하기 위한 간편하고 경제적으로 지속될 수 있는 전략에 대한 필요성이 충족되지 않고 있다. 숙주 식물 내성은 베미시아 및 총채벌레에 대해 양호한 방제 전략이다. 이는 살충제를 대신하는 친환경적 대안이고 생물학적 방제 선택의 효율성을 증가시킬 수 있고 성공적인 통합 해충 관리 프로그램에 기여할 수 있다.

[0011] 본 발명은 곤충에게는 덜 매력적이고/이거나 곤충 감염 및/또는 발육, 예를 들어, 산란 및/또는 번데기 발육에 저항할 수 있음에 따라 상당한 정도로 곤충 감염, 특히 백색의 곤충 베미시아 타바시 및/또는 총채벌레의 감염으로부터 보호될 수 있는 내성 고추 식물을 제공함에 의해 당해 필요성을 해결한다.

[0012] 본 발명은 트리피대 과 및/또는 베미시아 속의 곤충에 의한 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이지만 특별히 베미시아 타바시 및 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스에 대해서 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공한다.

[0013] "베미시아 감염에 대한 내성" 또는 "베미시아 내성 식물"은 곤충에 의한 공격, 감염 또는 군집화에 저항하는 식물의 능력을 언급한다. 특정 식물에 의해 나타나는 내성 수준은 예를 들어, 하기 본원의 실시예 2A에 기재된 바와 같은 표준화된 곤충 내성 분석을 수단으로 감염 정도를 평가하기 위한 1 내지 9의 스케일을 사용하여 스코어를 평가할 수 있다.

[0014] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때, 당해 내성은 표준 내성 분석, 특히 하기 실시예 2A에 기재된 바와 같은 분석으로 평가될 수 있고 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로 수득할 수 있는 스코어로부터 3 이하의 스케일, 특히 2 이하의 스케일, 특히 1 이하의 스케일로 이탈하는 내성 스코어가 수득되는 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공한다.

[0015] 하나의 양태에서, 곤충 발육, 특히 식물상의 산란 및/또는 번데기 발육에 저항할 수 있는 베미시아 내성 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 표준 내성 분석, 특히 하기 실시예 2A에 기재된 바와 같은 분석으로 결정된 식물 잎상

의 번데기 수가, 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로 수득할 수 있는 번데기 수로부터 20인자 이하로, 특히 15인자 이하로, 보다 특히 10인자 이하로, 보다 더 특히 5인자 이하로, 특히 2인자 이하로 이탈한다.

[0016] 하나의 양태에서, 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387와 동일한 정도로 곤충 발육, 특히 식물상의 산란 및/또는 번데기 발육에 저항할 수 있는 베미시아 내성 카프시쿰 아눔 식물이 제공된다.

[0017] 하나의 양태에서, 곤충 발육, 특히 식물상의 산란 및/또는 번데기 발육에 저항할 수 있는 베미시아 내성 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 이때 당해 내성은 표준 내성 분석, 특히 하기 실시예 2A에 기재된 바와 같은 분석으로 평가될 수 있고 내성 스코어는 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 표준 민감성 상업적 품종, 예를 들어, 베르가사 (Vergasa) 또는 비킹고 (Bikingo)로 수득된 내성 스코어보다 2 이상의 스케일, 특히 3 이상의 스케일, 보다 특히 4 이상의 스케일, 특히 5 이상의 스케일로 수득된다.

[0018] 하나의 양태에서, 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이고, 특히 에프.옥시덴탈리스에 의한 감염에 내성이고, 특히 카프시쿰 아눔 식물의 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포상에서의 총채벌레의 섭취에 의해 유발되어 은색화 (silvering), 잎 색상의 상실 및 발육 열매의 기형을 유도하는 식물 손상을 예방함에 의해 당해 감염에 내성인 재배된 카스피쿰 아눔 식물이 제공된다. 총채벌레에 의해 유발되는 섭취 손상을 예방하는 카프시쿰 식물의 능력은 표준 내성 분석, 특히 1 내지 9의 스케일에 따른 은색화 손상 정도를 결정함에 의한 하기 실시예 2B에 기재된 바와 같은 분석으로 평가할 수 있다.

[0019] 본 발명의 하나의 양태에서, 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이고, 특히 에프.옥시덴탈리스에 의한 감염에 내성이고, 특히 카프시쿰 아눔 식물의 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포상에서의 총채벌레의 섭취에 의해 유발되는 식물 손상을 예방함에 의해 당해 감염에 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 내성은 표준 내성 분석, 특히, 하기 실시예 2B에 기재된 바와 같은 분석으로 평가할 수 있고, 이때 당해 내성스코어는 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로 수득할 수 있는 스코어로부터 2 이하의 스케일, 특히 1 이하의 스케일, 특히 0.5 이하의 스케일로 이탈시킴에 의해 수득된다.

[0020] 본 발명의 하나의 양태에서, 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이고, 특히 에프.옥시덴탈리스에 의한 감염에 내성이고, 특히 카프시쿰 아눔 식물의 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포상에서의 총채벌레의 섭취에 의해 유발되는 식물 손상을 예방함에 의해 당해 감염에 내성인 재배된 카스피쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 내성은 표준 내성 분석, 특히, 하기 실시예 2B에 기재된 바와 같은 분석으로 평가할 수 있고, 이때 관찰된 은색화 손상은 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387상에 나타나는 손상으로부터 8% 이상, 특히 5% 이상, 보다 특히 2% 이상, 보다 더 특히 1% 이상, 특히 0.5% 이상으로 이탈하지 않는다.

[0021] 본 발명의 하나의 양태에서, 본 발명은 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이고, 특히 에프.옥시덴탈리스에 의한 감염에 내성이고, 특히 카프시쿰 아눔 식물의 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포상에서의 총채벌레의 섭취에 의해 유발되는 식물 손상을 예방함에 의해 당해 감염에 내성인 재배된 카스피쿰 아눔 식물을 제공하고 당해 내성 정도는 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387과 본질적으로 동일하다.

[0022] 하나의 양태에서, 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이고, 특히 베미시아 타바시 및 에프.옥시덴탈리스에 의한 감염에 내성이고, 특히 베미시아의 산란 및/또는 번데기 발육을 예방하고 카프시쿰 아눔 식물의 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포상에서의 총채벌레의 섭취에 의해 유발되는 식물 손상을 예방함에 의해 당해 감염에 내성인 재배된 카스피쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 내성은 표준 내성 분석, 특히, 하기 실시예 2A 및 실시예 2B에 기재된 바와 같은 분석으로 평가할 수 있고, 이때 베미시아에 대해 내성 스코어는 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로 수득할 수 있는 스코어로부터 3

이하의 스케일, 특히 2 이하의 스케일, 특히 1 이하의 스케일로 이탈하는 것에 의해 수득되고 총채벌레에 대한 내성 스코어는 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로 수득할 수 있는 스코어로부터 2 이하의 스케일, 특히 1 이하의 스케일, 특히 0.5 이하의 스케일로 이탈하는 것에 의해 수득된다.

[0023] 하나의 양태에서, 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성이고, 특히 베미시아 타바시 및 에프.옥시덴탈리스에 의한 감염에 내성이고, 특히 베미시아의 산란 및/또는 번데기 발육을 예방함에 의해 및 카프시쿰 아눔 식물의 잎, 싹, 꽃 및 열매의 상피 세포상에서의 총채벌레의 섭취에 의해 유발되는 식물 손상을 예방함에 의해 당해 감염에 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 내성 정도는 통계학적으로 유의적인 정도로 동일한 분석 및 동일한 환경적 조건, 특히, 동일한 곤충 압박하에 평가되는 경우 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387과 본질적으로 동일하다.

[0024] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때, 당해 식물이 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고, 본 발명은 특히 베미시아 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고, 이때 QTL은 염색체 3 및/또는 염색체 5에 위치한다.

[0025] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 2개 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고, 이때 제1 QTL은 염색체 3에 위치하고 제2 QTL은 염색체 5에 위치한다.

[0026] 하나의 양태에서, 본 발명은 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때, 당해 식물은 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고, 본 발명은 특히 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때 당해 식물은 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고, 이때 QTL은 염색체 5에 위치한다.

[0027] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고 이때, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL) 및 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 각각 포함하는 게놈을 포함한다. 특히 본 발명은 이전에 기재된 바와 같이 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고 이때, 베미시아 내성에 기여하는 QTL은 염색체 3 및/또는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성에 기여하는 QTL은 염색체 5에 위치한다.

[0028] 하나의 양태에서, 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 이때, 당해 식물은 베미시아 및 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고 이때, 베미시아 내성에 기여하는 제1 QTL은 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성에 기여하는 제2 QTL은 염색체 5에 위치하고 당해 총채벌레 내성에 기여하는 당해 QTL은 염색체 5에 위치한다.

[0029] 하나의 양태에서, 염색체 5상의 QTL은 베미시아 및 총채벌레 내성 둘다에 기여하는 단일 QTL이다.

[0030] 하나의 양태에서, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 식물, 특히 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물로부터, 특히, 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428로 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있다.

[0031] 추가의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따른 및 이전에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 포함하고 이때, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라

이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있다.

[0032] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 이때, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 공여체 식물, 특히, 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물, 특히 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있고, 공여체 식물에서 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1 내지 12에 제시된 바와 같은 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0033] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따른 및 이전에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 당해 식물은 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 포함하고 이때, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌, 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있다.

[0034] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 이때, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 공여체 식물, 특히, 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물, 특히 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있고, 공여체 식물에서 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0035] 추가의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따른 및 이전에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 2개 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 함유하고, 이때,

[0036] a) 제1 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향

프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있고,

[0037] b) 제2 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있다.

[0038] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 내성에 기여하는 2개 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 이때, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 공여체 식물, 특히, 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물, 특히 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있고, 이때, 제1 QTL은 공여체 식물에서 염색체 3에 위치하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1 내지 12에 제시된 바와 같은 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍 1 내지 6에 의해 확인될 수 있고, 제2 QTL은 공여체 식물에서 염색체 5에 위치하고, 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0039] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따른 및 이전에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 당해 식물은 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈을 포함하고 이때, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌, 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있다.

[0040] 하나의 양태에서, 본 발명은 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 포함하는 게놈

을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 이때, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 공여체 식물, 특히, 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물, 특히 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있고, 공여체 식물에서 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0041] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL) 및 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 각각 포함하는 게놈을 포함하고, 이때,

[0042] a) 베미시아 내성에 기여하는 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있고,

[0043] b) 총채벌레 내성에 기여하는 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있다.

[0044] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL) 및 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 각각 포함하는 게놈을 포함하고, 이때,

[0045] a) 베미시아 내성에 기여하는 당해 QTL은,

[0046] i. 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인

하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있고/있거나,

[0047] ii. 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있음을 특징으로 하고,

[0048] b) 총채벌레 내성에 기여하는 QTL은, 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있음을 특징으로 한다.

[0049] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL) 및 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 각각 포함하는 게놈을 포함하고,이때, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 공여체 식물, 특히, 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물, 특히 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있고, 이때,

[0050] a) 베미시아 내성에 기여하는 제1 QTL은 공여체 식물에서 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1 내지 12에 제시된 바와 같은 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있고/있거나,

[0051] b) 베미시아 내성에 기여하는 제2 QTL은 공여체 식물에서 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제

시된 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있고,

[0052] c) 총채벌레 내성에 기여하는 QTL은 공여체 식물에서 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0053] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레 감염에 내성 특히 중간정도로 내성인 배양 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고, 이때, 당해 식물은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL) 및 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL)을 각각 포함하는 게놈을 포함하고, 이때, 당해 QTL은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 공여체 식물, 특히, 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물, 특히 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있고, 이때,

[0054] a) 공여체 식물에서 베미시아 내성에 기여하는 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1 내지 12에 제시된 바와 같은 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있고,

[0055] b) 공여체 식물에서 총채벌레 내성에 기여하는 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0056] 본 발명의 하나의 양태에서, 하나 이상의 프라이머 또는 프로브, 특히 하나 이상의 프라이머쌍, 특히 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 하나 이상의 프라이머쌍은 당해 하나 이상의 프라이머 또는 프로브 또는 당해 하나 이상의 프라이머쌍을 사용하고, 특히 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머를 조합함으로써 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되는 염색체 3상의 하나 이상의 마커 유전자좌를 확인가능하게 하는 프라이머쌍을 수득함으로써 본 발명에 따른 마커 유전자좌를 확인하기 위해 확립될 수 있다.

[0057] 본 발명의 하나의 양태에서, 하나 이상의 프라이머 또는 프로브, 특히 하나 이상의 프라이머쌍, 특히 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 하나 이상의 프라이머쌍은 당해 하나 이상의 프라이머 또는 프로브 또는 당해 하나 이상의 프라이머쌍을 사용하고, 특히 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머를 조합함으로써 총채벌레 및/또는 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되는 염색체 5상의 하나 이상의 마커 유전자좌를 확인가능하게 하는 프라이머쌍을 수득함으로써 본 발명에 따른 마커 유전자좌를 확인하기 위해 확립될 수 있다.

[0058] 본 발명은 또한 프라이머 및/또는 프로브, 특히 프라이머쌍, 특히 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 제시된 것과 90% 이상, 95% 이상, 96% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 또는 99% 이상 동일한 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 및 역방향 프라이머로 이루어진 프라이머쌍 및 또한 당해 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯된 프라이머쌍을 포함한다

[0059] 특히, 염색체 3에 위치하는 본 발명에 따른 베미시아 내성 형질은 서열번호 1에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 2에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 4에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌

2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 6에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 8에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 10에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 12에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0060] 하나의 양태에서, 염색체 5에 위치하는 본 발명에 따른 총채벌레 내성 형질 및/또는 베미시아 내성 형질은 서열번호 13에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 14에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 16에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17에 제시된 서열과 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 18에 제시된 서열과 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 20에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 22에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 24에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 정방향 프라이머 및 서열번호 26에 제시된 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 서열을 갖는 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 및/또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0061] 본 발명의 하나의 양태에서, 올리고뉴클레오타이드 프라이머, 특히 프라이머쌍, 특히 배지에서, 특히 중간 내지 높은 엄중 조건, 특히 높은 엄중 조건하에서, 표 10에 나타낸 서열번호 1 내지 12에 제시된 정방향 및 역방향 프라이머 서열의 뉴클레오타이드 서열과 하이브리드화하고 표 11에 제시된 서열번호 13 내지 26에 제시된 정방향 및 역방향 프라이머 서열의 뉴클레오타이드 서열과 하이브리드화하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 및 역방향 프라이머로 이루어진 프라이머쌍이 포함된다.

[0062] 하나의 양태에서, 본 발명은 올리고뉴클레오타이드 서열, 특히 프라이머 및/또는 프로브로서 사용될 수 있는 올리고뉴클레오타이드 서열, 특히 프라이머쌍, 특히 배지에서, 특히 중간 내지 높은 엄중 조건, 특히 높은 엄중

조건하에서, 표 10에 나타낸 서열번호 1 내지 12에 제시된 정방향 및 역방향 프라이머 서열의 뉴클레오타이드 서열과 하이브리드화하고 표 11에 제시된 서열번호 13 내지 26에 제시된 정방향 및 역방향 프라이머 서열의 뉴클레오타이드 서열과 하이브리드화하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 및 역방향 프라이머를 사용하여 수득할 수 있는 뉴클레오타이드 서열과 하이브리드화하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 및 역방향 프라이머로 이루어진 프라이머쌍에 관한 것이다.

[0063] 본 발명의 또 다른 양태에서, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 식물은 베미시아에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 3상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯된 프라이머쌍을 포함하는 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 당해 프라이머쌍 1 내지 6으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응한다.

[0064] 특히, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은 베미시아에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 3상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 당해 프라이머쌍 1 내지 6을 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0065] 본 발명의 또 다른 양태에서, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 식물은 베미시아에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 5상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯된 프라이머쌍을 포함하는 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 당해 프라이머쌍 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0066] 특히, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은 베미시아에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 5의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8;서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프

라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 상기 확인된 프라이머쌍 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0067] 본 발명의 또 다른 양태에서, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 식물은 총채벌레에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 5상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯된 프라이머쌍을 포함하는 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 당해 프라이머쌍 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0068] 특히, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은 총채벌레에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 5의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 상기 확인된 프라이머쌍 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0069] 본 발명의 하나의 양태에서, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고 당해 식물은 베미시아에 대한 내성과 관련된 하나 이상의 양적 형질 유전자좌 (QTL) 및 총채벌레에 대한 내성과 관련된 하나의 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 각각 포함하고, 당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 3 및 염색체 5상의 마커 유전자좌 각각에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은,

[0070] a) 염색체 3상의 제1 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자 (당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 한다), 및

[0071] b) 염색체 5상의 제2 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자 (당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머에 의해 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍 또는 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라

이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 한다)에 의해 추가로 한정되고,

[0072] 프라이머쌍은 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합 및 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯되는 프라이머쌍을 포함하고, 당해 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 당해 프라이머쌍 1 내지 6 및 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0073] 특히, 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은,

[0074] a) 베미시아에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL) (당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 3상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 임의의 다른 마커 유전자좌를 특징으로 한다) 및

[0075] b) 총채벌레 및/또는 베미시아에 대한 내성과 관련된 양적 형질 유전자좌 (QTL) (당해 QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 염색체 5의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 QTL은 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서 하나 이상의 마커 대립형질 유전자에 의해 추가로 한정되고, 당해 마커 대립형질 유전자는 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물 또는 총채벌레 및/또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌를 특징으로 한다)

[0076] 를 포함하고, 각각의 증폭 생성물은 각각의 마커 유전자좌가 여전히 당해 카프시쿰 식물에 존재하는 경우, 당해 프라이머쌍 1 내지 6 및 7 내지 13 각각으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있다.

[0077] 하나의 양태에서, 본 발명은 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6 및 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 각각 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 프라이머쌍을 포함하는 PCR 반응에서 수득할 수 있는 증폭 생성물에 관한 것이고, 당해 프라이머쌍은 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26 각각의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯되는 프라이머쌍, 또는 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3 및/또는 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍을 포함하고, 당해 증폭 생성물은 당해 프라이머쌍 1 내지 6 및 7 내지 13 각각으로부터 수득가능한 동일한 프라이머 또는 각각의 마커 유전자좌가 카프시쿰 식물에 여전히 존재하고/하거나 이의 대립형질 유전자로 간주될 수 있는 경우 프라이머쌍의 조합을 사용하는 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응한다.

[0078] 또한, 당해 증폭 생성물의 서열과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상의 서열 동일성을 갖는 폴리뉴클레오타이드가 포함된다.

[0079] 본 발명의 하나의 양태에서, 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26 각각의 정방향 및 역방향 프라이머의 조합으로부터 비롯되는 프라이머쌍을 포함하는, 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6 및 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 각각 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 포함하는 PCR 반응에서 수득할 수 있는 증폭 생성물의 뉴클레오타이드 서열과 하이브리드화하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 폴리뉴클레오타이드가 포함된다.

[0080] 특정 양태에서, 본 발명은 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 포함하는 PCR 반응에서 수득가능한 증폭 생성물에 관한 것이고, 당해 증폭 생성물은 각각 마커 유전자좌가 당해 카프시쿰 식물에 여전히 존재하는 경우 상기 확인된 프라이머쌍 1 내지 6으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응한다.

[0081] 또 다른 특정 양태에서, 본 발명은 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 포함하는 PCR 반응에서 수득가능한 증폭 생성물에 관한 것이고, 당해 증폭 생성물은 각각 마커 유전자좌가 당해 카프시쿰 식물에 여전히 존재하는 경우 상기 확인된 프라이머쌍 7 내지 13으로부터 수득가능한 동일한 프라이머를 사용한 PCR 반응에서 근교계 061M4387 (NCIMB 41428)로부터 수득가능한 증폭 생성물에 상응한다.

[0082] 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 당해 증폭 생성물은 이어서 베미시아 및/또는 총채벌레에 대한 내성과 연관된 QTL과 유전학적으로 연결된 마커 유전자좌, 특히 각각 염색체 3 및/또는 5상의 마커 유전자좌를 확인하기 위해 사용될 수 있는 신규 프라이머 또는 프로브를 제조하는데 사용될 수 있다.

[0083] 하나의 양태에서, 본 발명은 마커, 특히 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 증폭 생성물로부터 당업계에 공지된 방법에 의해 개발된 프라이머 또는 프로브에 관한 것이다.

[0084] 본 발명의 하나의 양태에서, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고, 이때 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자 또는 대립형질 유전자들은 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 염색체 3 및/또는 염색체 5상의 QTL에서 각각 동일한 유전자 구조를 갖는 임의의 다른 식물주로부터 또는 당해 QTL 또는 QTL 구조를 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득가능하다.

[0085] 이것은 또한 본원에 구체적으로 기재된 마커가 재조합 제거됨에 따라 식물 게놈에 더 이상 존재하지 않는 식물을 포함한다.

[0086] 본 발명의 하나의 양태에서, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물이 제공되고, 이때 총채벌레에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자는 대표적 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 염색체 5상의 QTL에서 동일한 유전자 구조를 갖는 임의의 다른 식물주로부터 또는 당해 QTL 또는 QTL 구조를 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득가능하다.

[0087] 이것은 또한 본원에 구체적으로 기재된 마커가 재조합 제거됨에 따라 식물 게놈에 더 이상 존재하지 않는 식물을 포함한다.

[0088] 본 발명의 하나의 측면에서, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질에 대해 이형접합성이다.

[0089] 본 발명의 하나의 측면에서, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질에 대해 동형접합성이다.

[0090] 본 발명의 하나의 양태에서 본 발명의 하나의 측면에서, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 재배된 카프시쿰 아눔 식물은 *c* 유전자좌 (Blum et al. (2002) Genome, 45: 702-705) 또는 *pun1* 대립형질 유전자 (Stewart et al. (2005) The Plant Journal, 42: 675-688) 또는 *c* 유전자좌 및 *pun1* 대립형질 유전자에 대해 동형접합성이다.

[0091] 본 발명의 또 다른 측면에서, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 식물은 야생 또는 온실에서 일반적인 경작 관행에서 재배자에 의해 일반적으로 사용되는 성장 조건하에 성장하는 경우 성숙기에 2g 이상의 무게가 나가거나 길이가 1cm 이상이고 직경이 0.5cm 이상이고 총채벌레 및/또는 베미시아에 의해 유발되는 섭취를 보이지 않은 열매를 포함한다.

[0092] 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 식물은 감미 고추 식물, 벨 고추, 대형 직사각형 고추, 원뿔 고추, 긴 원뿔 고추 또는 벽돌형 고추일 수 있다. 당해 식물의 열매는 에버그린이거나, 황색이거나 오렌지색이거나 아이보리색 또는 적색의 열매일 수 있다.

[0093] 본 발명에 따른 식물은 고온 고추 식물, 예를 들어, 새로운 시장을 위해 사용되고 긴 하트 모양의 얇은 과육의 앵커형 및 길고 끝이 무디고 얇은 과육의 투스칸형 고추를 포함하는 가공을 위해 사용되는 약간 매운 고추, 중간 과육 두께를 갖는 약간 더 매운 칠리 고추 열매 및 과육 시장 및 길고, 실린더형의 두터운 과육의 얄라페노, 소형의 늘씬하고 끝이 뾰족한 세라노 및 불규칙 형태의 얇은 과육의 카이엔 (Cayenne) 고추를 포함하는 가공 둘 다에 사용되는 매운 고추일 수 있다.

[0094] 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 식물은 근교계, 이배수체 또는 잡종 및/또는 웅성 불임일 수 있다.

[0095] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 식물로부터 수득가능한 식물 재료에 관한 것이고 본 발명에 따른 내성 표현형을 나타내고 특히 식물로 성장하는 경우 내성 표현형을 여전히 나타내는 식물의 잎, 줄기, 뿌리, 꽃 또는 꽃 일부, 열매, 화분, 난 세포, 접합자, 종자, 자른가지, 세포 또는 조직 배양물 또는 식물의 다른 부분 또는 생성물을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0096] 본 발명은 추가로 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 식물로부터 수득가능한 식물 기관에 관한 것이고 본 발명에 따른 내성 표현형, 특히, 식물로 성장하는 경우 내성 표현형을 나타내는, 식물 종자, 식물 기관, 예를 들어, 뿌리, 줄기, 잎, 꽃눈 또는 싹 등, 배주, 화분 미세공, 식물 세포, 식물 조직, 식물 세포 배양물, 예를 들어, 프로토플래스트, 세포 배양물 세포, 다양한 발육 단계에서 식물 조직, 화분, 화분관, 배주, 배낭, 접합자 및 싹중의 세포를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0097] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0098] a) i) PCR 증폭 생성물, 특히, PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍, 특히 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍을 사용함에 의해 수득 가능한 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자 또는

[0099] ii) PCR 증폭 생성물, 특히, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호

20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍을 사용함에 의해 수득 가능한 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자 또는

[0100] iii) i) 및 ii)의 조합

[0101] 을 포함하는, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히, 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

[0102] b) 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 당해 핵산이 없는 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키는 단계; 및

[0103] c) 베미시아에 대해 증가된 내성을 나타내고 당해 하나 이상의 마커 대립형질 유전자를 포함하는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하거나, 임의로

[0104] d) 베미시아에 대해 증가된 내성을 나타내고 단계 a)에서 확인된 당해 마커 대립형질 유전자가 없는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하는 단계를 포함하는, 베미시아에 대한 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 대립형질 유전자를 당해 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔으로 도입하기 위한 방법에 관한 것이다.

[0105] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0106] a) PCR 증폭 생성물, 특히, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍을 사용함에 의해 수득 가능한 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자를 포함하는 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

[0107] b) 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 당해 핵산이 없는 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키는 단계; 및

[0108] c) 총채벌레에 대해 증가된 내성을 나타내고 당해 하나 이상의 마커 대립형질 유전자를 포함하는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하거나, 임의로

[0109] d) 베미시아에 대해 증가된 내성을 나타내고 단계 a)에서 확인된 당해 마커 대립형질 유전자가 없는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하는 단계를 포함하는, 총채벌레에 대한 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 대립형질 유전자를 당해 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔으로 도입하는 방법에 관한 것이다.

[0110] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0111] a) i) PCR 증폭 생성물, 특히, PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍, 특히 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴

클레오타이드 프라이머쌍 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍을 사용함에 의해 수득 가능한 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자 및

[0112] ii) PCR 증폭 생성물, 특히, 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12; 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍 또는 총채벌레 및/또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍을 사용함에 의해 수득 가능한 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자를 포함하는, 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

[0113] b) 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 당해 핵산이 없는 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키는 단계; 및

[0114] c) 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 증가된 내성을 나타내고 당해 내성과 함께 공동 분리되는 2개 이상의 마커 대립형질 유전자를 포함하는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하거나, 임의로

[0115] d) 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 증가된 내성을 나타내고 단계 a)에서 확인된 당해 마커 대립형질 유전자가 없는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하는 단계를 포함하는, 베미시아에 대한 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 적어도 제1 대립형질 유전자 및 총채벌레 및/또는 베미시아에 대한 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 적어도 제2 대립형질 유전자를 당해 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔 식물에 도입하는 방법에 관한 것이다.

[0116] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0117] a) 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포하하는 게놈을 포함하고, 당해 QTL이 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌가 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍, 특히 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있는 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

[0118] b) 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 당해 핵산이 없는 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키는 단계; 및

[0119] c) 베미시아에 대해 증가된 내성을 나타내고 당해 QTL을 포함하는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하는 단계를 포함하는, 베미시아에 대한 내성에 기여하는 QTL을 당해 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔으로 도입하는 방법에 관한 것이다.

[0120] 또 다른 측면에서, 본 발명은,

[0121] a) 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 포함하는 게놈을 포함하고, 당해 QTL이 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌, 보다 더 특히 4개 이상

의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌가 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있는, 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

[0122] b) 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 당해 핵산이 없는 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키는 단계; 및

[0123] c) 총채벌레에 대해 증가된 내성을 나타내고 당해 QTL을 포함하는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하는 단계를 포함하는, 총채벌레 내성에 기여하는 QTL을 당해 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔 식물로 도입하는 방법에 관한 것이다.

[0124] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0125] a) i) 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL) (여기서, QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3에 위치하고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있음을 특징으로 한다) 및

[0126] ii) 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL) (여기서, QTL은 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌, 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있음을 특징으로 하고, 당해 마커 유전자좌가 염색체 5에 위치하고 총채벌레 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련된 염색체 5상의 임의의 다른 마커 유전자좌에 의해 확인될 수 있음을 특징으로 한다)을 포함하는 게놈을 포함하는 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 수득하는 단계;

[0127] b) 카프시쿰 속의 제1 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물을 당해 핵산이 없는 제2 카프시쿰 아눔 식물과 교배시키

는 단계; 및

[0128] c) 베미시아 및 총채벌레에 대해 증가된 내성을 나타내고 당해 QTL을 포함하는, 교배로부터 비롯된 식물을 확인하는 단계를 포함하는, 베미시아 및 총채벌레에 대한 내성에 기여하는 QTL을 당해 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔 식물로 도입하는 방법에 관한 것이다.

[0129] 본 발명의 특정 양태에서, 제1 카프시쿰 아눔 식물은 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물 주 061M4387의 유전학적 배경, 특히 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 유전자좌의 유전학적 구조를 갖는 식물 또는 이의 자손 또는 선조, 특히 식물주 061M4387의 QTL에서 유전학적 배경 또는 구조를 갖는 식물 또는 이의 자손 또는 선조, 특히 식물주 061M4387의 식물 또는 이의 자손 또는 선조이다.

[0130] 본 발명의 또 다른 특정 양태에서, 본원에 기재된 방법중 어느 하나의 단계 c)에서 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 증가된 내성을 나타내고 본 발명에 따른 QTL을 포함하는 카프시쿰 식물의 확인은 실시예 2A 및 2B 각각에 기재된 바와 같은 등급 스케일을 사용하는 표현형 평가에 의해 또는 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 분자 마커를 사용함에 의해 또는 이의 조합에 의해 수행한다.

[0131] 하나의 측면에서, 본 발명은 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물 주 061M4387의 유전학적 배경, 특히 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 유전자좌의 유전학적 구조를 갖는 식물 또는 이의 자손 또는 선조, 특히 식물 주 061M4387의 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 내성에 기여하는 QTL에서 유전학적 구조를 갖는 식물 또는 이의 자손 또는 선조, 특히 식물주 061M4387 또는 이의 자손 또는 선조로부터 수득할 수 있는 대립형질 유전자 또는 QTL을 사용하여 베미시아 내성 및 총채벌레 내성 각각과 연관된 대립형질 유전자가 없는 카프시쿰 아눔 식물에게 베미시아 및/또는 총채벌레에 대한 내성을 부여하는 것에 관한 것이다.

[0132] 본 발명은 추가로 베미시아에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 포함하고, 당해 식물은 베미시아에 민감한 카프시쿰 아눔 식물을 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물 주 061M4387 또는 이의 자손 또는 선조와 교배시키고 서열번호 1 내지 12에 나타낸 것과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련되는 염색체 3상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍에 의해 PCR 반응에서 확인될 수 있는 QTL을 포함하는 식물을 선별함에 의해 수득할 수 있다.

[0133] 하나의 양태에서, 본 발명은 총채벌레에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 포함하고, 당해 식물은 총채벌레에 민감한 카프시쿰 아눔 식물을 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물 주 061M4387 또는 이의 자손 또는 선조와 교배시키고 서열번호 13 내지 26에 나타낸 것과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 총채벌레 내성 형질과 통계학적으로 상호관련되는 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍에 의해 PCR 반응에서 확인될 수 있는 QTL을 포함하는 식물을 선별함에 의해 수득할 수 있다.

[0134] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고, 당해 식물은 베미시아 및/또는 총채벌레에 민감한 카프시쿰 아눔 식물을 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 식물 주 061M4387 또는 이의 자손 또는 선조와 교배시키고 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 나타낸 것과 90% 이상, 특히 95% 이상, 특히 96% 이상, 특히 97% 이상, 특히 98% 이상, 특히 99% 이상 동일한 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 또는 각각 총채벌레 및 베미시아 내성 형질과 통계학적으로 상호관련되는 염색체 3 및 염색체 5상의 마커 유전자좌를 확인하는 임의의 다른 프라이머 또는 프라이머쌍에 의해 PCR 반응에서 확인될 수 있는 QTL을 포함하는 식물을 선별함에 의해 수득할 수 있다.

[0135] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0136] a) 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

[0137] b) 당해 식물에 열매를 생성시키는 단계; 및

[0138] c) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계를 포함하는, 고추 열매를 생산하는 방법에 관한 것이다.

[0139] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0140] a) 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 총채벌레에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

[0141] b) 당해 식물에 열매를 생성시키는 단계; 및

[0142] c) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계를 포함하는, 고추 열매, 특히 베미시아 및/또는 총채벌레에 의해 유발된 섭취 손상이 근본적으로 없는 고추 열매를 생산하는 방법에 관한 것이다.

[0143] 하나의 측면에서, 본 발명은,

[0144] a) 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및 총채벌레에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

[0145] b) 당해 식물에 열매를 생성시키는 단계; 및

[0146] c) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계를 포함하는, 고추 열매, 특히 총채벌레에 의해 유발된 섭취 손상이 근본적으로 없는 고추 열매를 생산하는 방법에 관한 것이다.

[0147] 또 다른 측면에서, 본 발명은,

[0148] a) 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

[0149] b) 당해 식물에 열매를 수확하는 단계; 및

[0150] c) 당해 열매로부터 종자를 추출하는 단계를 포함하는, 고추 종자를 생산하는 방법에 관한 것이다.

[0151] 또 다른 측면에서, 본 발명은,

[0152] a) 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 총채벌레에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

[0153] b) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계; 및

[0154] c) 당해 열매로부터 종자를 추출하는 단계를 포함하는, 고추 종자를 생산하는 방법에 관한 것이다.

[0155] 또 다른 측면에서, 본 발명은,

[0156] a) 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및 총채벌레에 대해 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 특히 중간정도로 내성인 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 성장시키는 단계;

[0157] b) 당해 식물의 열매를 수확하는 단계; 및

[0158] c) 당해 식물로부터 종자를 추출하는 단계를 포함하는, 고추 종자를 생산하는 방법에 관한 것이다.

[0159] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 당해 식물은 염색체 3에 위치한 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서, 특히, 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 이의 자손 또는 선조로부터 유래된 QTL에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 방법은,

[0160] a) 베미시아에 민감한 수용체 고추 식물 또는 베미시아 감염에 내성을 부여하는 QTL 대립형질 유전자를 함유하지 않는 식물을 제공하는 단계;

[0161] b) 염색체 3상에 내성 QTL 대립형질 유전자의 존재로 인해 베미시아 감염에 대해 내성을 나타내는 공여체 고추 식물을 제공하는 단계;

[0162] c) 수용체 및 공여체 식물을 교배하여 유리한 QTL 대립형질 유전자가 존재하도록 분리되는 자손 식물을 생산하는 단계; 및

[0163] d) 염색체 3상의 QTL의 영역에서 재조합에 대해 자손 식물의 게놈을 스크리닝하는 단계를 포함한다.

[0164] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 당해

식물은 염색체 3 및/또는 염색체 5상에 위치한 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서, 특히, 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 이의 자손 또는 선조로부터 유래된 QTL에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 방법은,

[0165] a) 베미시아에 민감한 수용체 고추 식물 또는 베미시아 감염에 내성을 부여하는 QTL 대립형질 유전자를 함유하지 않는 식물을 제공하는 단계;

[0166] b) 염색체 3 및/또는 염색체 5상에 내성 QTL 대립형질 유전자의 존재로 인해 베미시아 감염에 대해 내성을 나타내는 공여체 고추 식물을 제공하는 단계;

[0167] c) 수용체 및 공여체 식물을 교배하여 유리한 QTL 대립형질 유전자가 존재하도록 분리되는 자손 식물을 생산하는 단계; 및

[0168] d) 염색체 3 및 염색체 5상의 QTL의 영역에서 재조합에 대해 자손 식물의 게놈을 스크리닝하는 단계를 포함한다.

[0169] 하나의 양태에서, 본 발명은 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 당해 식물은 염색체 5에 위치한 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서, 특히, 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 이의 자손 또는 선조로부터 유래된 QTL에서 총채벌레에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 방법은,

[0170] a) 총채벌레에 민감한 수용체 고추 식물 또는 총채벌레 감염에 내성을 부여하는 QTL 대립형질 유전자를 함유하지 않는 식물을 제공하는 단계;

[0171] b) 염색체 5상에 내성 QTL 대립형질 유전자의 존재로 인해 총채벌레 감염에 대해 내성을 나타내는 공여체 고추 식물을 제공하는 단계;

[0172] c) 수용체 및 공여체 식물을 교배하여 유리한 QTL 대립형질 유전자가 존재하도록 분리되는 자손 식물을 생산하는 단계; 및

[0173] d) 염색체 5상의 QTL의 영역에서 재조합에 대해 자손 식물의 게놈을 스크리닝하는 단계를 포함한다.

[0174] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 당해 식물은 염색체 3에 위치한 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자 및 염색체 5상에 위치한 총채벌레 및/또는 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)에서, 특히, 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물 주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 이의 자손 또는 선조로부터 각각 유래된 염색체 3 및 5상에 위치한 QTL에서 총채벌레 및 베미시아에 대한 내성과 연관된 대립형질 유전자를 포함하고, 당해 방법은,

[0175] a) 베미시아 및/또는 총채벌레에 민감한 수용체 고추 식물 또는 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 내성을 부여하는 QTL 대립형질 유전자를 함유하지 않는 식물을 제공하는 단계;

[0176] b) 각각 염색체 3 및/또는 염색체 5상에 내성 QTL 대립형질 유전자의 존재로 인해 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 대해 내성을 나타내는 공여체 고추 식물을 제공하는 단계;

[0177] c) 수용체 및 공여체 식물을 교배하여 유리한 QTL 대립형질 유전자가 존재하도록 분리되는 자손 식물을 생산하는 단계; 및

[0178] d) 염색체 3 및/또는 5상의 QTL의 영역에서 재조합에 대해 자손 식물의 게놈을 스크리닝하는 단계를 포함한다.

[0179] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 당해 자손 식물은 단계 c)에서의 당해 교배로부터 수득된 F1 식물의 자가 수분에 의해 또는 당해 교배로부터 수득한 F1 식물을 또 다른 고추 식물과 교배시킴에 의해 생성된 분리 집단 식물이다.

[0180] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 단계 c)에서 수득한 분리 집단은 예를 들어, 각각 실시예 2A 및 2B에 기재된 내성 분석과 같은 표준 내성 분석에 적용할 수 있다.

[0181] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 내

성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 단계 d)에서의 자손 식물의 스크리닝은 예를 들어, 각각 실시예 2A 및 2B에 기재된 내성 분석과 같은 내성 분석을 수행함에 의해 지지될 수 있는 마커 기반 스크리닝이다.

[0182] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 게놈의 스크리닝은 각각 염색체 3 및/또는 염색체 5에 유전학적으로 연결된 분자 마커를 사용하여 수행한다.

[0183] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 게놈의 스크리닝은 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커에 유전학적으로 연결된 분자 마커를 사용하여 수행한다.

[0184] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 게놈의 스크리닝은 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커에 유전학적으로 연결된 분자 마커를 사용하여 수행한다.

[0185] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 베미시아에 대해 내성을 여전히 부여하는 QTL에서 감소된 게놈 절편을 포함하는 자손 식물이 확인되고 선택되며 이때, 공여체 식물에서 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서, 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자로의 연결이 절단되어 있다.

[0186] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 베미시아에 대해 내성을 여전히 부여하는 QTL에서 감소된 게놈 절편을 포함하는 자손 식물이 확인되고 선택되며 서열번호 1 내지 12의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1 내지 6의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 모든 마커 대립형질 유전자로의 연결이 절단되어 있다.

[0187] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 총채벌레에 대해 내성을 여전히 부여하는 QTL에서 감소된 게놈 절편을 포함하는 자손 식물이 확인되고 선택되며 이때, 공여체 식물에서 QTL에 연결된 하나 이상의 마커 유전자좌에서, 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 하나 이상의 마커 대립형질 유전자로의 연결이 절단되어 있다.

[0188] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 이때 총채벌레에 대해 내성을 여전히 부여하는 QTL에서 감소된 게놈 절편을 포함하는 자손 식물이 확인되고 선택되며 서열번호 13 내지 26의 정방향 및 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택된 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍의 PCR 증폭 생성물을 특징으로 하는 모든 마커 대립형질 유전자로의 연결이 절단되어 있다.

[0189] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레에 대해 내성을 나타내는 고추 식물을 생산하는 방법에 관한 것이고, 베미시아 및/또는 총채벌레에 대한 내성을 여전히 부여하는 QTL에서 게놈 절편, 특히 감소된 게놈 절편을 포함하는 식물은 마커 기반 스크리닝 또는 내성 분석의 수행 또는 이 둘다의 조합, 특히 마커 기반 스크리닝에 의해 확인되고, 이때 QTL 영역에 위치하고 하나 이상의 마커 유전자좌로 유전학적으로 연결된 마커가 사용되고 단, 당해 마커는 동일한 집단에서 분리된다.

[0190] 하나의 양태에서, 본 발명은 PCR 반응에서 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이

머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 사용함을 포함하는 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 확인하는 방법에 관한 것이다.

[0191] 하나의 양태에서, 본 발명은 PCR 반응에서 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 사용함을 포함하는 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 확인하는 방법에 관한 것이다.

[0192] 하나의 양태에서, 본 발명은 PCR 반응에서,

[0193] a) 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍 및

[0194] b) 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 사용함을 포함하는 베미시아 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 확인하는 방법에 관한 것이다.

[0195] 하나의 양태에서, 본 발명은 PCR 반응에서 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 사용함을 포함하는 총채벌레 내성에 기여하는 양적 형질 유전자좌 (QTL)를 확인하는 방법에 관한 것이다.

[0196] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 방법에 의해 확인된, 베미시아 내성에 기여하고 염색체 3에 위치한 QTL에 관한 것이다.

[0197] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 방법에 의해 확인된, 베미시아 내성에 기여하고 염색체 5에 위치한 QTL에 관한 것이다.

[0198] 하나의 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 방법에 의해 확인된, 총채벌레 내성에 기여하고 염색체 5에 위치한 QTL에 관한 것이다.

[0199] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고, 이때, QTL은 염색체 3에 위치하고 하나 이상의 QTL은, 연결 불균형에 있고/있거나 QTL 영역에 연결되어 있고/있거나 위치하는 분자 마커 및 QTL의 기본이 되는 실제 유발 돌연변이를 나타냄에 따라서 표현형 형질과 통계학적으로 상호관련성을 나타내는 마커에 의해 확인될 수 있고, 이때 마커는 서열번호 1 내지 12에 기재된 바와 같은 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 개발될 수 있다.

[0200] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 내성에 기여하는 2개 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고, 이때, QTL은 염색체 3 및 5에 위치하고 2개 이상의 QTL은, 연결 불균형에 있고/있거나 QTL 영역에 연결되어 있고/있거나 위치하는 분자 마커 및 QTL의 기본이 되는 실제 유발 돌연변이를 나타냄에 따라서 표현형 형질과 통계학적으로 상호관련성을 나타내는 마커에 의해 확인될 수 있고, 이때 마커는 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26 각각에 기재된 바와 같은 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 개발될 수 있다.

[0201] 하나의 양태에서, 본 발명은 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고, 이때, QTL은 염색체 5에 위치하고 하나 이상의 QTL은, 연결 불균형에 있고/있거나 QTL 영역에 연결되어 있고/있거나 위치하는 분자 마커 및 QTL의 기본이 되는 실제 유발 돌연변이를 나타냄에 따라서 표현형 형질과 통계학적으로 상호관련성을 나타내는 마커에 의해 확인될 수 있고, 이때 마커는 서열번호 13 내지 26에 기재된 바와 같은 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 개발될 수 있다.

[0202] 하나의 양태에서, 본 발명은 베미시아 및 총채벌레 내성에 기여하는 2개 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물을 제공하고, 이때, QTL은 염색체 3 및 5에 위치하고 2개 이상의 QTL은, 연결 불균형에 있고/있거나 QTL 영역에 연결되어 있고/있거나 위치하는 분자 마커 및 QTL의 기본이 되는 실제 유발 돌연변이를 나타냄에 따라서 표현형 형질과 통계학적으로 상호관련성을 나타내는 마커에 의해 확인될 수 있고, 이때 마커는 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26 각각에 기재된 바와 같은 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 개발될 수 있다.

[0203] 정의

[0204] 본원의 범위내에 사용된 기술적 용어 및 표현은 일반적으로 하기에 다르게 지시되지 않는 경우 식물 육종 및 재배 관련 분야에 통상적으로 적용되는 의미이다.

[0205] "재배된 카프시쿰 아눔"은 본 발명의 범위내에서 더 이상 천연 상태에 있지 않지만 사람 관리에 의해 및 사람 용도를 위해 및/또는 소비를 위해 발육된 식물을 언급하는 것으로 이해된다.

[0206] 본원 명세서 및 청구항에 기재된 바와 같이, 단수 형태 ("a", "an" 및 "the")는 문단에서 명백히 다르게 지시하지 않는 경우 복수의 대상물을 포함한다. 따라서, 예를 들어, 단수의 식물 ("a plant")에 대한 언급은 하나 이상의 식물을 포함하고 단수의 세포 ("a cell")에 대한 언급은 세포 및 조직등의 조합체를 포함한다.

[0207] "대립형질 유전자"는 본 발명의 범위에서 상동 염색체에서 동일한 유전자좌에 위치하기 때문에 유전에서 선택적인 상이한 유형의 유전자 또는 임의의 종류의 확인가능한 유전자 요소와 동일하거나 이와 연관된 다양한 유전자 단위의 대용물 또는 변이체를 언급하는 것으로 이해된다. 당해 대용물 또는 변이체는 단일 뉴클레오타이드 다형태, 삽입, 역위, 전위 또는 결실의 결과, 또는 예를 들어, 화학적 또는 구조적 변형, 전사 조절 또는 해독후 변형/조절에 의해 유발되는 유전자 조절의 결과일 수 있다. 이배수체 세포 또는 유기체에서, 소정의 유전자 또는 유전자 요소의 2개의 대립형질 유전자는 전형적으로 상동 염색체 쌍 상에 상응하는 유전자좌에 위치한다.

[0208] 양적 형질과 연관된 대립형질 유전자는 단일 유전자 또는 다중 유전자 또는 이들의 생성물 또는 심지어 QTL에 의해 나타나는 표현형에 기여하는 유전자 인자에 의해 조절되거나 이를 파괴하는 유전자와 동일하거나 이와 연관되는 것들을 포함하는 다양한 유전자 단위들의 대용물 또는 변이체를 포함할 수 있다.

[0209] 본원에 사용된 용어 "마커 대립형질 유전자"는 다양한 표현형 형질에 기여하는 염색체 상의 대립형질 유전자를

함유하는 유전자 좌의 위치를 밝히기 위한 마커로서 사용되는 경우, 상기 정의된 바와 같은 유전학적 단위의 대용물 또는 변이체를 언급한다.

[0210] 본원에 사용된 용어 "육종" 및 이의 문법적 변형어구는 자손 개체를 생성시키는 임의의 과정을 언급한다. 육종은 유성 또는 무성 생식 또는 이의 조합일 수 있다. 육종의 비제한적인 예는 교배, 자가수분, 이반수체 유도체 생성 및 이의 조합을 포함한다.

[0211] 본원에 사용된 용어 "확립된 육종 집단"은 육종 프로그램, 예를 들어, 상업적 육종 프로그램에서 모계로서 사용되고/되거나 이에 의해 생성되는 잠재적인 총체적인 육종 파트너를 언급한다. 확립된 육종 집단의 구성체는 전형적으로 유전학적으로 및/또는 표현형적으로 널리 특징 분석되어 있다. 예를 들어, 목적하는 여러 표현형적 형질은 예를 들어, 상이한 환경적 조건하에서, 다중 위치에서 및/또는 상이한 시점에서 평가될 수 있다. 또한 또는 추가로, 표현형 형질의 발현과 연관된 하나 이상의 유전자 좌가 확인되었고 육종 집단의 구성체중 하나 이상은 하나 이상의 유전자좌와 연관된 하나 이상의 유전학적 마커에 대해서 뿐만 아니라 하나 이상의 유전자 좌에 대해 유전자형 분류되었다.

[0212] 본원에 사용된 용어 "이배수체 개체"는 전형적으로 각각 하나씩 부모로부터 받은 2 세트의 염색체를 갖는 개체를 언급한다. 그러나, 몇몇 양태에서, 이배수체 개체는 식물이 자가수분되어 후속 세대의 식물을 생성하는 경우와 같이 동일한 단일 유기체로부터 이의 "모계" 및 "부계"의 염색체 세트를 수용할 수 있다.

[0213] "동형접합체"는 본 발명의 범위내에서 상동 염색체상에서 하나 이상의 상응하는 유전자좌에서 유사 대립형질 유전자를 언급하는 것으로 이해된다.

[0214] "이종접합체"는 본 발명의 범위내에서 상동 염색체상에서 하나 이상의 상응하는 유전자좌에서 비유사 대립형질 유전자를 언급하는 것으로 이해된다.

[0215] "역교배"는 본 발명의 범위에서 잡종 자손이 반복적으로 부모중 하나로 반복적으로 역교배되는 과정을 언급하는 것으로 이해된다. 상이한 반복 부모가 후속 역교배에 사용될 수 있다.

[0216] "유전자좌"는 본 발명의 범위내에서 형질에 기여하는 유전자 또는 임의의 다른 유전학적 요소 또는 인자를 포함하는 염색체상의 영역을 언급하는 것으로 이해된다.

[0217] 본원에 사용된 "마커 유전자좌"는 개체의 게놈에 존재하고 목적하는 하나 이상의 유전자좌와 연관되거나 형질에 기여하는 유전자 또는 임의의 다른 유전학적 요소 또는 인자를 포함할 수 있는 뉴클레오타이드 또는 뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 염색체상의 영역을 언급한다. "마커 유전자좌"는 또한 프로브로서 사용되는 핵산의 서열과 같은 게놈 서열에 상보적인 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 염색체상의 영역을 언급한다.

[0218] "유전학적 연결"은 본 발명의 범위내에서 유전자좌간의 재조합 % (centi-Morgan, cM)에 의해 측정되는 동일한 염색체상에 유전자들이 인접하게 위치함으로 인한 유전에서 연합된 특성들을 언급하는 것으로 이해된다.

[0219] 본원에 사용된 용어 "양적 형질"은 수치적으로 기재될 수 있는 (즉, 정량화된 또는 적정된) 표현형 형질을 언급한다. 양적 형질은 전형적으로 집단 개체간에 계속되는 변이를 나타내고, 즉, 표현형 형질의 수치적 값의 차이는 근소하고 서로간에 등급화된다. 흔히, 양적 표현형 형질의 집단에서 빈도 분포는 벨 모양의 곡선 (즉, 두 극단 간의 정규 분포를 나타낸다)을 나타낸다. 본 경우에, 양적 형질은 베미시아 속 및/또는 티사노프테라 목의 곤충에 대한 내성 측면에서 집단 개체간에 계속되는 변화를 나타내고 이러한 내성은 감염의 중증도를 평가하기 위해 1 내지 9 스케일을 사용하는 표준화된 곤충 내성 분석을 수단으로 스코어를 평가한다. 양적 형질은 전형적으로 환경과 유전자 좌가 상호작용한 결과 또는 다중 유전자 좌 (QTL)가 서로 상호작용하거나 환경과 상호작용한 결과이다. 양적 형질의 예는 식물 키 및 수확량을 포함한다.

[0220] 본 발명의 목적상, 용어 "공동 분리"는 형질에 대한 대립형질 유전자 및 마커에 대한 대립형질 유전자가 이들이 물리적으로 동일한 염색체상에 함께 인접하게 위치 (동일한 염색체상에 인접하게 위치하기 때문에 이들간의 재조합이 감소됨)하여 동일한 염색체상의 이들이 인접하게 위치한 결과로서 이들의 대립형질 유전자의 비무작위 연합을 유발하기 때문에 함께 유전될 수 있는 경향이 있다는 사실을 언급한다. "공동 분리"는 또한 단일 식물내에 2개 이상의 형질이 존재함을 언급하고 당해 형질중 하나 이상은 유전학적인 것으로 공지되어 있고 이것은 우연으로는 쉽게 설명될 수 없다.

[0221] 본원에 사용된 용어 "양적 형질 유전자좌" (QTL) 및 "마커 형질 연합"은 유전학적 마커와, 목적하는 형질의 표현형에 영향을 주는 염색체 영역 및/또는 유전자간의 연합을 언급한다. 전형적으로, 이것은 통계학적으로 예를

들어 문헌에 공개된 하나 이상의 방법을 기초로 결정된다. QTL은 표현형 형질 (양적 형질 또는 정성적 형질)에 상이하게 영향을 주는 2개 이상의 대립형질 유전자를 갖는 염색체 영역 및/또는 유전자 좌일 수 있다.

[0222] 본원에 사용된 용어 "QTL에서 유전학적 구조"는 통계학적으로 목적하는 표현형 형질과 통계학적으로 상호관련되고 목적하는 표현형 형질의 기초가 되는 유전학적 기본을 나타내는 게놈 영역을 언급한다.

[0223] 본원에 사용된 바와 같이 현재 기재된 주요 요지의 문맥에서 용어 "유성 교배" 및 "유성 생식"은 자손을 생성하기 위한 (예를 들어, 식물내 수분작용에 의해 종자를 생성하는 것과 같은 수정에 의해) 배우자의 융합을 언급한다. "유성 교배" 또는 "교배-수정"은 몇몇 양태에서 하나의 개체의 다른 개체 (예를 들어, 식물내 교배-수분작용)에 의한 수정이다. 몇몇 양태에서, 용어 "자가수분"은 자가 수정 또는 자가-수분작용에 의한 종자의 생성을 언급하고, 즉 화분 및 배주는 동일 식물 기원이다.

[0224] 본원에 사용된 용어 "유전학적 마커"는 목적하는 하나 이상의 유전자좌와 연관된 개체의 게놈의 특징 (예를 들어, 개체의 게놈에 위치하는 뉴클레오타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 서열)을 언급한다. 몇몇 양태에서, 유전학적 마커는 내용에 따라 목적하는 집단에서 다형성이거나 다형성이 존재하는 유전자좌에서 다형성이다. 유전학적 마커는 많은 다른 예 중에서, 예를 들어, 단일 뉴클레오타이드 다형성 (SNP), 인델 (indel) (즉, 삽입/결실), 단순한 서열 반복체 (SSR), 제한 단편 길이 다형성 (RFLP), 무작위 증폭된 다형성 DNA (RAPD), 절단 증폭된 다형성 서열 (CAPS) 마커, 다양성 어레이 기술 (DArT) 마커 및 증폭된 단편 길이 다형성 (AFLP)을 포함한다. 예를 들어, 유전학적 마커를 사용하여 표현형 형질의 다양성에 기여하는 염색체상의 대립형질 유전자를 함유하는 유전자 좌를 위치화할 수 있다. 용어 "유전학적 마커"는 또한 프로브로서 사용되는 핵산의 서열과 같은 게놈 서열에 상보적인 폴리뉴클레오타이드 서열을 언급할 수 있다.

[0225] 유전학적 마커는 물리적으로 이것이 연합된 유전자 좌 내부 또는 외부 (즉, 각각 내인성 또는 외인성)에 있는 염색체상에 위치할 수 있다. 다른 방식으로 언급하면, 유전학적 마커는 전형적으로 예를 들어, 목적하는 유전자좌에 상응하는 유전자 외부의 조절 요소 내에서 유전자 또는 기능성 돌연변이의 염색체상에서 위치가 확인되지 않은 경우 및 목적하는 유전학적 마커와 목적하는 유전자좌 사이에서 재조합이 비-제로 (non-zero) 율인 경우 사용되는 반면, 현재 기재된 주요 요지는 또한 물리적으로 유전자 좌 경계 (예를 들어, 유전자의 인트론 또는 엑손내의 다형성으로 제한되지 않은, 유전자에 상응하는 게놈 서열 내부)내에 있는 유전학적 마커를 사용할 수 있다. 현재 기재된 주요 요지의 몇몇 양태에서, 하나 이상의 유전학적 마커는 1개 내지 10개의 마커를 포함하고 몇몇 양태에서 하나 이상의 유전학적 마커는 10개 이상의 유전학적 마커를 포함한다.

[0226] 본원에 사용된 용어 "유전자형"은 세포 또는 유기체의 유전자 구성을 언급한다. 개체의 "유전자 마커 세트에 대한 유전자형"은 개체의 반수체형에 존재하는 하나 이상의 유전학적 마커 유전자좌에 대한 특이적 대립형질 유전자를 포함한다. 당업계에 공지되어 있는 바와 같이, 유전자형은 단일 유전자좌 또는 다중 유전자좌와 관련될 수 있고 당해 유전자좌들은 관련되거나 관련되지 않고/않거나 연결되거나 연결되지 않든 상관 없다. 몇몇 양태에서, 개체의 유전자형은 유전자중 하나 이상이 목적하는 표현형 (예를 들어, 본원에 정의된 바와 같은 양적 형질)의 발현에 관여하는 관련된 하나 이상의 유전자에 관한 것이다. 따라서, 몇몇 양태에서 유전자형은 양적 형질의 하나 이상의 유전자 좌에서 개체내에 존재하는 집약된 하나 이상의 대립형질 유전자를 포함한다. 몇몇 양태에서, 유전자형은 반수체형 (하기에 정의된 바와 같은)으로 발현된다.

[0227] 본원에 사용된 용어 "생식질"은 집단 또는 다른 개체 그룹 (예를 들어, 종)의 총체적 유전자형을 언급한다. 용어 "생식질"은 또한 식재 (plant material); 예를 들어, 다양한 대립형질 유전자에 대한 저장소로서 작용하는 식물 그룹을 언급할 수 있다. 용어 "적응된 생식질"은 예를 들어, 소정의 환경 또는 지리학적 영역에 대해 입증된 유전학적 우성을 갖는 식재를 언급하고 용어 "비-적응된 생식질", "미가공 생식질" 및 "신종 생식질"은 예를 들어, 소정의 환경 또는 지리학적 영역에 대해 공지되어 않거나 입증되지 않은 유전학적 가치가 있는 식재를 언급하고; 예를 들어, 당해 용어 "비-적응된 생식질"은 몇몇 양태에서 확립된 육종 집단의 일부가 아니고 확립된 육종 집단 구성체와 공지된 관계를 갖지 않는 식재를 언급한다.

[0228] 본원에 사용된 용어 "잡종", "잡종 식물" 및 "잡종 자손"은 유전학적으로 상이한 부모로부터 생성된 개체 (예를 들어, 유전학적 이형접합성 개체 또는 대부분 이형접합성 개체)를 언급한다.

[0229] 본원에 사용된 용어 "단일 교배 F_1 잡종"은 2개의 근교계간의 교배로부터 생성된 F_1 잡종을 언급한다.

[0230] 본원에 사용된 용어 "근교계"는 유전학적 동종접합성 또는 거의 동종접합성 집단을 언급한다. 근교계는 예를 들어, 여러 사이클의 형제 웅성/자성 육종 또는 자가수분으로부터 또는 이반수체 생성에서 유래될 수 있다. 몇몇 양태에서, 근교계 육종은 목적하는 하나 이상의 표현형 형질에 대해 사실이다. "근교계", "근교계 개체",

또는 "근교계 자손은 근교계로부터 샘플 채취한 개체이다.

[0231] 본원에 사용된 용어 "이반수체주"는 또 다른 배양으로부터 기원하는 안정한 근교계를 언급한다. 특정 배지 및 환경상에 재배된 몇몇 화분 낟알 (반수체)은 n개의 염색체를 함유하는 묘목으로 발육할 수 있다. 이들 묘목은 이어서 이배수체화되어 2n의 염색체를 함유한다. 이들 묘목의 자손은 "이반수체"로서 명명되고 근본적으로 더 이상 분리되지 않는다 (안정함).

[0232] 본원에 사용된 용어 "연결" 및 이의 문법적 변형어구는 몇몇 양태에서 물리적으로 인접해 있는 결과로서 이들의 전달이 독립적인 경우, 예상되는 것보다 더 많이 함께 분리되는, 동일 염색체상에서의 상이한 유전자좌에서 대립형질 유전자의 경향을 언급한다.

[0233] 본원에 사용된 용어 "유전자좌"는 염색체 (예를 들어, 유전자, 유전학적 마커 등)상의 위치를 언급한다.

[0234] 본원에 사용된 용어 "핵산"은 뉴클레오타이드의 중합체 (예를 들어, 전형적인 DNA, cDNA 또는 RNA 중합체), 변형된 올리고뉴클레오타이드 (예를 들어, 생물학적 RNA 또는 DNA에 전형적이지 않은 염기를 포함하는 올리고뉴클레오타이드, 예를 들어, 2'-O-메틸화된 올리고뉴클레오타이드) 등을 포함하는 연속 배열된 뉴클레오타이드에 상응할 수 있는 임의의 물리적 연속 배열된 단량체 유닛을 언급한다. 몇몇 양태에서, 핵산은 일본쇄, 이본쇄, 다중쇄 또는 이의 조합일 수 있다. 달리 지시되지 않는 경우, 현재 기재된 주요 요지의 특정 핵산 서열은 임의로 명백히 지시된 임의의 서열 뿐만 아니라 상보적인 서열을 포함하거나 암호화한다.

[0235] 본원에 사용된 용어 "표현형 형질"은 게놈, 프로테옴 및/또는 메타볼롬과 환경과의 상호작용으로부터 비롯되는 개체의 외관 또는 다른 검출가능한 특성을 언급한다.

[0236] 본원에 사용된 용어 "내성"은 유사한 환경적 조건 및 해충 또는 병원체 압박하에 민감한 식물과 비교하여 식물의 특정 해충 또는 병원체의 성장 및 발육 및/또는 당해 해충 또는 병원체가 유발하는 손상을 제한하는 식물의 능력을 언급한다.

[0237] 근본적으로 2개 수준의 내성이 구분되어야만 한다. "높거나 표준인 내성"은 민감한 상대물과 비교하는 경우 정상의 해충 또는 병원체 압박하에 특정 해충 또는 병원체의 성장 및 발육을 매우 제한하는 식물을 언급한다. 이들 식물은 그러나 과중한 해충 또는 병원체 압박하에 몇몇 증상 또는 손상을 나타낼 수 있다.

[0238] "적당/중간정도의 내성"은 해충을 혼란시키고/시키거나 특정 해충 또는 병원체의 성장 및 발육을 제한하고 민감한 대등물과 비교하여 감소된 손상을 나타내지만 높은/표준 내성 식물과 비교하여 보다 큰 범위의 증상 또는 손상을 나타낼 수 있는 식물을 언급한다. 적당/중간정도의 내성 식물은 유사한 환경 조건 및/또는 해충 또는 병원체 압박하에 성장하는 경우 민감한 식물 보다 유의적으로 덜 격심한 증상 또는 손상을 여전히 나타낸다.

[0239] 본원에 사용된 용어 "민감성"은 특정 해충 또는 병원체의 성장 및 발육을 적절히 제한하는 식물의 무능력을 언급한다.

[0240] 본원에 사용된 용어 "베미시아 내성" 또는 "베미시아 감염에 대한 내성" 또는 "베미시아 내성 식물"은 곤충에 의한 공격, 감염 또는 군집화에 저항하는 식물 능력을 언급한다. 특정 식물에 의해 나타나는 내성 수준은 예를 들어, 감염의 중증도를 평가하기 위해 1 내지 9 스케일을 사용하여 하기에 본원의 실시예 2A에 기재된 바와 같이 표준 곤충 내성 분석을 수단으로 스코어를 평가할 수 있다.

[0241] 당해 곤충 내성 분석에서 스코어 1의 식물은 번데기로 완전히 뒤덮이고 심하게 곰팡이에 감염되고 성장이 저해되는 반면, 스코어 9의 식물은 번데기가 완전히 없고 따라서 완전히 내성이다. 표준 "민감한 변종" (예를 들어, 베르가사 (Vergasa) F1 또는 비킹고 (Bikingo) F1)은 본 발명의 목적상 실시예 2A에 기재된 바와 같은 곤충 내성 분석에서 스코어가 3 내지 4인 식물을 언급하고, 이때 당해 식물은 잎상에 밀집된 많은 번데기 (100 내지 400/잎)를 보여주고 일반적으로 검은 곰팡이를 수반한다.

[0242] "베미시아 내성 식물"은 본 발명의 목적상 하기의 본원 실시예 2A에 기재된 바와 같은 표준 곤충 내성 분석에서 스코어가 6 및 9를 포함하는 6 내지 9의 범위인 식물을 언급한다.

[0243] 베미시아 감염에 대해 적당하거나 중간정도의 내성은 스코어 6에서 시작하고 이때 식물은 상대적으로 적당히 낮은 수의 번데기 (20 - 50/잎)를 보여주고 당해 번데기는 잎상에 보다 균일하게 분포되어 있다. 스코어 7에서는 단지 몇몇 번데기 (5-20/잎)가 존재하고 당해 번데기는 잎상에 불균일하게 산재되어 있다. 스코어 8의 식물은 단지 소수 (1-5/잎)의 번데기를 보여주고 성장 또는 열매 발육에 현저하게 영향을 받지 않는다.

[0244] 따라서, 본 발명의 목적상, 베미시아 감염에 대해 "적당히 또는 중간정도로 내성"인 식물이란 하기의 본원 실시

예 2A에 기재된 바와 같은 표준 곤충 내성 분석에서 결정된 1 내지 9 범위의 스케일상에서 스코어가 6 내지 8인 식물로 이해되어야만 한다. 식물은 이것이 9를 포함한 8 내지 9의 범위로 스코어가 평가되는 경우 베미시아에 대해 "고도로 내성"인 것으로 이해된다.

[0245] 본원에 사용된 용어 "총채벌레 내성" 또는 "총채벌레 감염에 대한 내성" 또는 "총채벌레 내성 식물"은 곤충에 의한 공격, 감염 또는 군집화에 저항하는 식물 능력을 언급한다. 특정 식물에 의해 나타나는 내성 수준은 예를 들어, 관찰된 섭취 손상 (은색화)를 기초로 판단되는 감염의 중증도를 평가하기 위해 스케일 1 내지 9를 사용하는, 하기의 본원 실시예 2B에 기재된 바와 같은 표준 곤충 내성 분석을 수단으로 스코어를 평가할 수 있다.

[0246] 당해 곤충 내성 분석에서 스코어 1의 식물은 잎의 대부분 (40% 초과의 은색화)이 손상된 매우 심한 은색화를 보여주는 반면, 스코어 9의 식물은 어떠한 은색화 손상을 나타내지 않고 (0% 은색화) 따라서 완전히 내성이다. 표준 "민감성 변종" (예를 들어, 록시 (Roxy) F1 및/또는 스누커 (Snooker) F1)은 본 발명의 목적상 식물 2B에 기재된 바와 같은 곤충 내성 분석에서 스코어가 3 (11% 내지 20% 은색화) 내지 4 (6% 내지 10% 은색화)인 식물을 언급하고 이때 당해 식물은 많은 큰 은색화 반점이 전체 잎상에 분포되어 있음을 보여준다.

[0247] "총채벌레 내성 식물"은 본 발명의 목적상 하기의 본원 실시예 2B에 기재된 바와 같은 표준 곤충 내성 분석에서 스코어가 5 및 9를 포함한 5 내지 9의 범위에 있는 식물을 언급한다.

[0248] 총채벌레 내성에 대한 적당한 또는 중간정도의 내성은 스코어 5에서 시작하고 이때 당해 식물은 적당한 수의 반점이 잎상에 보다 균일하게 분포 (3% 내지 5% 은색화)되어 있음을 보여준다. 스코어 7에서 식물은 특히 중간엽맥 또는 잎 가장자리 (0.1% 내지 1% 은색화) 근처에서 단지 약간의 작은 반점을 보여준다. 스코어 8인 식물은 단지 작은 반점을 보여주고 성장 또는 열매 발육에서 현저하게 영향받지 않는다 (<0.1% 은색화).

[0249] 따라서, 본 발명의 목적상 총채벌레 감염에 대해 "적당히 또는 중간정도로 내성"인 식물이란 하기의 본원 실시예 2B에 기재된 바와 같은 표준 곤충 내성 분석에서 결정된 1 내지 9 범위의 스케일상에서 스코어가 5 내지 8, 특히 6 내지 8의 범위에 있는 식물로 이해된다. 식물은 이것이 9를 포함하는 8 내지 9로 스코어가 평가되는 경우 총채벌레에 대해 "고도로 내성"인 것으로 이해된다.

[0250] 당해 용어 "염색체 3" 및 "염색체 5"는 각각 용어 "연결 그룹 3 및 5" 및/또는 "연결 그룹 3 및 5의 염색체 등가물"를 포함하는 것으로 의미되고 본원에서는 이와 동의어로 사용된다.

[0251] 본원에 사용된 용어 "다수"는 하나 이상을 언급한다. 따라서, "다수의 개체"는 2개 이상의 개체를 언급한다. 몇몇 양태에서, 용어 다수는 전체의 절반 이상을 언급한다. 예를 들어, 몇몇 양태에서 "다수의 집단"은 당해 집단 구성체의 절반 이상을 언급한다.

[0252] 본원에 사용된 용어 "자손"은 특정 교배의 후손들을 언급한다. 전형적으로, 자손은 2개의 개체의 육종으로부터 비롯되지만 몇몇 종 (특히 몇몇 식물 및 자웅동체 동물)은 자가수분 (즉, 동일한 식물이 웅성 및 자성 둘다의 생식체로서 작용한다)될 수 있다. 후손들은 예를 들어 F_1, F_2 또는 임의의 후속 세대일 수 있다.

[0253] 본원에 사용된 용어 "양적 형질"은 주요 표현형 효과를 나타내는 하나 또는 몇개의 유전자에 의해 조절되는 표현형 형질을 언급한다. 이 때문에, 양적 형질은 전형적으로 단순하게 유전된다. 식물에서의 예는 꽃 색상, 열매 색상 및 여러 공지된 질환 내성, 예를 들어, 세균성 반점 내성을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0254] "마커 기반 선택"은 본 발명의 범위내에서 예를 들어, 식물로부터 하나 이상의 핵산을 검출하기 위한 유전학적 마커의 사용을 언급하고 이때 핵산은 목적하는 형질과 연관되어 목적하는 (또는 목적하지 않는) 형질에 대한 유전자를 함유하는 식물을 확인하여 당해 식물이 선택적 육종 프로그램에서 사용 (또는 회피)될 수 있도록 한다.

[0255] "미세위성 또는 SSR (단순한 서열 반복체) 마커"는 본 발명의 범위내에서 식물의 게놈 전반에 걸쳐 유전자좌에서 발견되고 고도의 다형성 가능성을 갖는, DNA 염기의 단축 서열의 많은 반복체로 이루어진 유전학적 마커 유형을 언급하는 것으로 이해된다.

[0256] "PCR (폴리머라제 연쇄 반응)"은 본 발명의 범위내에서 게놈의 비교적 대량의 DNA 또는 서브세트의 특정 영역을 생성하여 당해 영역을 기초로 한 다양한 분석이 가능하게 하는 방법을 언급하는 것으로 이해된다.

[0257] "PCR 프라이머"는 본 발명의 범위내에서 DNA의 특정 영역의 PCR 증폭에 사용되는 비교적 짧은 단편의 단일쇄 DNA를 언급하는 것으로 이해된다.

[0258] "표현형"은 본 발명의 범위내에서 유전학적으로 조절된 형질의 구분가능한 특성을 언급하는 것으로 이해된다.

[0259] "다형성"은 본 발명의 범위내에서, 집단에서, 2개 이상의 상이한 형태의 유전자, 유전학적 마커 또는 유전된 형질 또는 예를 들어, 선택적 스플라이싱, DNA 메틸화등을 통해 수득가능한 유전자 생성물의 존재를 언급하는 것으로 이해된다.

[0260] "선택적 육종"은 본 발명의 범위내에서 부모로서 목적하는 형질을 소유하거나 나타내는 식물을 사용하는 육종 프로그램을 언급한다.

[0261] "테스터 (tester)" 식물은 본 발명의 범위내에서 시험될 식물에서 유전학적으로 형질의 특성을 분석하기 위해 사용되는 카프시쿰 속의 식물을 언급하는 것으로 이해된다.

[0262] 전형적으로, 시험될 식물은 "테스터" 식물과 교배시키고 교배의 자손에서 형질의 분리 비율을 스코어를 평가한다.

[0263] 본원에 사용된 "프로브"는 특이적 표적 분자 또는 세포 구조를 인지할 수 있고 이에 결합함에 따라 표적 분자 또는 구조의 검출을 가능하게 하는 원자 또는 분자 그룹을 언급한다. 특히, "프로브"는 분자 하이브리드화에 의해 상보적 서열의 존재를 검출하고 이를 정량하는데 사용될 수 있는 표지된 DNA 또는 RNA 서열을 언급한다.

[0264] 본원에 사용된 용어 "하이브리드화"는 통상적인 하이브리드화 조건, 바람직하게는 5 x SSPE, 1 % SDS, 1 x Denhardts 용액이 용액으로서 사용되고/되거나 하이브리드화 온도가 35℃ 내지 70℃, 바람직하게는 65℃인 하이브리드화 조건을 언급한다. 하이브리드화 후 세척은 바람직하게는 35℃ 내지 75℃, 특히 45℃ 내지 65℃, 특히 59℃의 온도에서 먼저 2 x SSC 및 1 % SDS로 수행하고 이어서 0.2 x SSC로 수행한다[SSPE, SSC 및 Denhardts 용액의 정의에 관하여 문헌 (참조: Sambrook et al. loc. cit)을 참조한다]. 문헌 (참조: Sambrook et al, supra)에 기재된 바와 같은 고 엄중 하이브리드화 조건이 특히 바람직하다. 특히 바람직한 엄중 하이브리드화 조건은 예를 들어, 하이브리드화 및 세척이 상기된 바와 같이 65℃에서 일어나는 경우 존재한다. 예를 들어, 하이브리드화 및 세척이 45℃에서 수행되는 비-엄중 하이브리드화 조건은 덜 바람직하고 35℃에서는 더욱 덜 바람직하다.

[0265] "서열 상동성 또는 서열 동일성"은 본원에서 상호교환적으로 사용된다. 2개 이상의 핵산 또는 단백질 서열과 관련하여 용어 "동일한" 또는 % "동일성"은 하기의 서열 비교 알고리듬 또는 가시적 조사를 사용하여 측정된 바와 같이 최대로 상응하도록 배열되고 비교되는 경우, 동일하거나 특정 %의 아미노산 잔기를 갖거나 동일한 뉴클레오타이드를 갖는 2개 이상의 서열 또는 서브서열을 언급하고 서로 길이가 상이한 2개의 서열이 비교되어야만 하는 경우 서열 동일성은 바람직하게는 보다 긴 서열의 뉴클레오타이드 잔기와 동일한 보다 짧은 서열의 뉴클레오타이드 잔기의 %와 관련한다. 서열 동일성은 통상적으로 베스트피트 프로그램 (Bestfit program) (Wisconsin Sequence Analysis Package, Version 8 for Unix, Genetics Computer Group, University Research Park, 575 Science Drive Madison, WI 53711)과 같은 컴퓨터 프로그램을 사용하여 결정될 수 있다. 베스트피트는 2개의 서열간에 최고의 서열 동일성을 갖는 절편을 찾기 위해 국소 상동성 알고리듬 (Smith and Waterman, Advances in Applied Mathematics 2 (1981), 482-489)을 사용한다. 특정 서열이 예를 들어, 본 발명의 참조 서열과 95% 동일성을 갖는지의 여부를 결정하기 위해 베스트피트 또는 또 다른 서열 정렬 프로그램을 사용하는 경우, 파라미터는 바람직하게는 동일성 %가 참조 서열의 전체 길이에 걸쳐 계산되고 표준 서열에서 뉴클레오타이드 총수의 5% 이하의 상동성 갭이 허용되도록 조정된다. 베스트피트를 사용할때, 소위 선택적 파라미터는 바람직하게는 이들의 프리셋 ("디폴트") 값에 남겨진다. 소정의 서열과 본 발명의 상기된 서열 간의 비교에서 나타나는 오차는 예를 들어, 부가, 결실, 치환, 삽입 또는 재조합에 의해 유발될 수 있다. 당해 서열 비교는 또한 바람직하게는 프로그램 "fasta20u66" (버전 2.0u66, September 1998 by William R. Pearson and the University of Virginia; 참조: W. R. Pearson (1990), Methods in Enzymology 183, 63-98, 첨부된 실시예 및 http://workbench.sdsc.edu/)을 사용하여 수행될 수 있다. 이러한 목적을 위해 "디폴트" 파라미터 세팅이 사용될 수 있다.

[0266] 2개의 핵산 서열이 실질적으로 동일하다는 또 다른 지시는 2개의 분자가 엄중 조건하에서 서로 하이브리드화한다는 것이다. 용어 "특이적으로 하이브리드화하는"은 서열이 복합 혼합물 (예를 들어, 총 세포성) DNA 또는 RNA에 존재하는 경우 엄중 조건하에서 분자의 단지 특정 뉴클레오타이드 서열로의 결합, 듀플렉스 형성 또는 하이브리드화를 언급한다. "실질적으로 결합하는"은 프로브 핵산과 표적 핵산간의 상보적 하이브리드화를 언급하고 소수의 불일치를 포함함지만 이는 하이브리드화 배지의 엄중 조건을 감소시켜 표적 핵산 서열의 목적하는 검출을 성취함으로써 수용될 수 있다.

[0267] 서던 및 노던 하이브리드화와 같은 핵산의 하이브리드화 실험과 관련하여 "엄중 하이브리드화 조건" 및 "엄중

하이브리드화 세척 조건"은 서열 의존적이고 상이한 환경적 파라미터하에서 상이하다. 보다 긴 서열은 높은 온도에서 특이적으로 하이브리드화한다. 핵산의 하이브리드화에 대한 광범위한 지침이 문헌[참조: Tijssen (1993) Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology-Hybridization with Nucleic Acid Probes part I chapter 2 "Overview of principles of hybridization and the strategy of nucleic acid probe assays" Elsevier, New York]에서 발견된다. 일반적으로 고도의 엄중 하이브리드화 및 세척 조건은 한정된 이온 강도 및 pH에서 특정 서열에 대한 열적 융점 (T_m)보다 5℃ 낮도록 선택된다. 전형적으로, "엄중 조건"하에, 프로브는 이의 표적 서열과 하이브리드화하지만 다른 서열과는 하이브리드화하지 않는다.

[0268] T_m은 한정된 이온 강도 및 pH하에 표적 서열의 50%가 완벽하게 일치된 프로브에 하이브리드화하는 온도이다. 매우 엄격한 조건은 특정 프로브에 대한 T_m과 동일하도록 선택된다. 서던 또는 노던 블롯에서 필터상에서 100개 이상의 상보적 잔기를 갖는 상보적 핵산의 하이브리드화를 위한 엄중 하이브리드화 조건의 예는 42℃에서 헤파린 1mg과 함께 50%의 포름아미드이고 하이브리드화는 밤새 수행된다. 고도의 엄중 세척 조건의 예는 72℃에서 약 15분 동안의 0.1 5M NaCl이다. 엄중 세척 조건의 예는 15분 동안 65℃에서 0.2배 SSC이다 (문헌참조: Sambrook, infra, SSC 완충액의 설명). 흔히, 배경 프로브 시그날을 제거하기 위한 낮은 엄중 세척에 이어서 높은 엄중 세척을 수행한다. 예를 들어, 100개 이상의 이본쇄에 대한 중간 엄중 세척의 예는 15분 동안 45℃에서 1배 SSC이다. 예를 들어, 100개 이상의 뉴클레오타이드의 이본쇄에 대한 낮은 엄중 세척의 예는 15분 동안 40℃에서 4 내지 6배 SSC이다. 단축 프로브에 대해 (예를 들어, 약 10 내지 50개 뉴클레오타이드), 엄중 조건은 전형적으로 pH 7.0 내지 8.3에서 약 1.0M 미만의 Na 이온의 염 농도, 전형적으로 약 0.01 내지 1.0M Na 이온 농도 (또는 기타 염)를 포함하고 온도는 전형적으로 약 30℃ 이상이다. 엄중 조건은 또한 포름아미드와 같은 불안정화제를 첨가하여 성취될 수 있다. 일반적으로, 특정 하이브리드화 분석에서 관련되지 않은 프로브에 대해 관찰된 것보다 시그날 대 노이즈 비율이 2배 (또는 그 이상)인 경우 특정 하이브리드화의 검출을 나타낸다. 엄중 조건하에서 서로 하이브리드화하지 않는 핵산은 이들이 암호화하는 단백질이 실질적으로 동일한 경우 여전히 실질적으로 동일하다. 이것은 예를 들어, 핵산 카피가 유전자 암호에 의해 허용되는 최대 코돈 축퇴성을 사용하여 생성되는 경우 발생한다.

[0269] "식물"은 임의의 발육 단계에 있는 식물, 특히 종자 식물이다.

[0270] "식물 세포"는 식물의 구조적및 생리학적 단위이고 프로토플래스트 및 세포벽을 포함한다. 식물 세포는 분리된 단일 세포 또는 배양 세포 형태 또는 고등 기관 단위의 일부, 예를 들어, 조직, 식물 기관 또는 전체 식물일 수 있다.

[0271] "식물 세포 배양"은 다양한 발육 단계에서, 예를 들어, 프로토플래스트, 세포 배양 세포, 식물 조직중 세포, 화분, 화분관, 배주, 배낭, 접합자 및 배를 의미한다.

[0272] "식재"는 잎, 줄기, 뿌리, 꽃, 꽃 일부, 열매, 화분, 난세포, 접합자, 종자, 자른가지, 세포 또는 조직 배양물 또는 식물의 임의의 다른 부분 또는 생성물을 언급한다.

[0273] "식물 기관"은 식물의 구분되는 가시적인 구조를 갖고 분화된 부분, 예를 들어, 뿌리, 줄기, 잎, 화단 또는 배이다.

[0274] 본원에 사용된 "식물 조직"은 구조 및 기능 단위로 구성된 식물 세포 그룹을 의미한다. 플란타 (planta) 또는 배양에서 식물의 임의의 조직이 포함된다. 당해 용어는 전체 식물, 식물 기관, 식물 종자, 조직 배양물 및 구조 및/또는 기능 단위로 구성되는 식물 세포의 임의의 그룹을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 상기 열거되거나 당해 정의에 의해 포함되는 임의의 특이적 유형의 식물 조직과 연계되거나 이의 부재하의 당해 용어의 사용은 임의의 다른 유형의 식물 조직을 배제하고자 하는 것은 아니다.

[0275] 본 발명은 곤충, 특히 베미시아 속 및/또는 티사노프테라 목의 곤충, 보다 특히 베미시아 타바시 (흰색 곤충) 및/또는 총채벌레, 보다 특히 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스에 대해 내성, 특히 중간정도로 내성인 신규 고추 식물, 특히 카프시쿰 아눔 식물, 추가로 당해 식물의 종자 및 열매에 관한 것이다. 본 발명은 또한 당해 식물 및 이의 열매를 생산하고 사용하는 방법에 관한 것이다.

[0276] 본 발명에 따른 식물은 2개 이상의 모계 유전자형을 교배시킴에 의해 수득될 수 있고 당해 유전자형중 하나 이상은 하나 이상의 대립형질 유전자, 특히 베미시아 및/또는 총채벌레 내성에 기여하는 상응하는 QTL에서 하나 이상의 대립형질 유전자를 가질 수 있고 당해 대립형질 유전자는 다른 모계 유전자형이 없거나 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 식물을 수득하기 위해 다른 유전자형을 보완한다. 하나 이상의 QTL이 내성 형질의

발현에 기여하고 2개의 본래의 모계 유전자형이 전체 세트의 대립형질 유전자를 제공하지 않는 경우, 다른 공급원이 육종 집단에 포함될 수 있다. 다른 모계 유전자형은 시장에서 요구되는 열매 품질을 포함하는 목적하는 형질, 예를 들어, 180g 범위의 무게, 블록형, 연한 표피, 밝은 적색에 기여할 수 있다. 열매 품질 뿐만 아니라 농업적으로 중요한 특징 분석, 예를 들어, 우수한 식물 구조, 고생산성 및 TMV (담배 모자이크 바이러스) 및 TSWV (토마토 반점 윌트 바이러스)에 제한되지 않는 질환에 기본 내성이 또한 추가로 요망되는 형질이다.

[0277] 이들 모계 유전자형은 서로 교배하여 자손 종자를 생성할 수 있다. 모계 유전자형은 야생으로부터 선택된 이형접합성 식물을 비조절되거나 개방적 수분작용으로 자가수분하고 반복적인 선별 과정을 사용함에 의해 발육된 근교계일 수 있다. 우성 식물을 자가수분시키고 후속 세대에서 선택한다. 연속 세대에서 이형접합성 조건은 자가수분 작용 및 선별의 결과로서 균일한 식물주가 되게 한다. 근교계의 연속 세대와 함께 당해 식물은 보다 더 동형접합성이 되고 후손 식물내에서 균일하게 된다. 전형적으로 자가수분 및 계통 선택된 5 내지 7이상의 세대 (F1 내지 F2; F3 내지 F4; F4 내지 F5)를 사용하여 식물 및 종자 특성이 균일하고 계속되는 자가 수정하에 균일해진 근교계를 수득할 수 있다.

[0278] 근교계 동안에 이형접합성 유전자좌에서 많은 목적하지 않은 대립형질 유전자는 보다 유리한 대립형질 유전자로 대체되고 유리하지 않거나 목적하지 않은 대립형질 유전자는 자손으로부터 제거된다. 더욱이, 마커 기반 선택을 통해 다수의 유리한 대립형질 유전자가 최대화될 수 있고 이때 보다 유리하지 못한 대립형질 유전자가 확인되고 연속적으로 보다 유리한 대립형질 유전자로 대체된다.

[0279] 하나의 측면에서, 본 발명에 따른 식물은 선조 식물, 특히 야생 선조 식물로부터 곤충 내성 형질을 재배 고추 식물, 특히 재배된 카프시쿰 아눔 식물, 보다 특히 *c* 유전자좌 (Blum et al. (2002) Genome, 45: 702-705) 또는 *pun1* 대립형질 유전자 (Stewart et al. (2005) The Plant Journal, 42: 675-688) 또는 당해 유전자좌 둘다에 대해 동형접합성인 카프시쿰 아눔 식물에 유전자 이입하여 수득할 수 있다.

[0280] 본 발명의 하나의 특정 양태에서, 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질이 수득될 수 있는 야생형 선조는 기탁기관 (the Instituut voor de Veredeling van Tuinbouwgewassen (현재: Centre for Genetic Resources), Wageningen, Netherlands)으로부터 입수가능한 야생형 카프시쿰 아눔 수탁번호 CGN16975이다. 당해 형질을 발현하는 식물에게 베미시아 속 및/또는 티사노프테라 목의 곤충의 감염에 대한 중간정도의 내성, 보다 특히 베미시아 타바시 (흰색 곤충) 및/또는 총채벌레, 보다 특히 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스에 대한 중간정도의 내성 수준은 또한 샘플이 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB Ltd에 기탁된 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387 또는 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질을 포함하는 식물주 061M4387의 자손 또는 선조로부터 수득될 수 있다.

[0281] 따라서, 본 발명의 특정 양태에서, 내성 형질에 기여하는 모계 유전자형은 기탁된 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387의 본 발명의 관련 형질, 즉 베미시아 및/또는 총채벌레 내성과 연관된 QTL에서 동일한 게놈 구조를 갖는 근교계 (이의 종자 샘플은 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 2006년 8월 10일자로 기탁되었다)이다.

[0282] 본 발명의 또 다른 특정 양태에서, 내성 형질에 기여하는 모계 유전자형은 기탁된 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387의 본 발명의 관련 형질, 즉 베미시아 및/또는 총채벌레 내성과 연관된 QTL에서 동일한 게놈 구조를 갖는 잡종 (이의 종자 샘플은 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 2006년 8월 10일자로 기탁되었다)이다.

[0283] 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387은 내성 형질의 공여체로서 기관 (the Centre for Genetic Resources, Wageningen, Netherlands)으로부터 수득가능한 야생형 수탁번호 CGN16975와 카프시쿰 아눔 근교계의 교배로부터 비롯된다. 이러한 교배의 베미시아 및 총채벌레 내성 후손은 추가로 상이한 유전학적 배경의 근교계와 교배하여 최종적으로 식물주 061M4387을 수득한다.

[0284] 따라서, 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387 또는 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387의 베미시아 및/또는 총채벌레 내성 형질을 함유하는 임의의 다른 식물주는 당해 내성 형질을 임의의 목적하는 유전자 배경으로 유전자 이입하여 베미시아 속 및/또는 티사노프테라 목의 곤충 감염에 대해 고도로 내성 또는 중간정도로 내성, 보다 특히 베미시아 타바시 (흰색 곤충) 및/또는 총채벌레에 고도로 내성 또는 중간정도로 내성인 고추 식물을 수득하기 위한 공급원 물질로서 사용될 수 있다. 보다 특히 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스는 추가로 시장에서 요구되는 열매 품질 형질과 같은 하나 이상의 목적하는 형질, 예를 들어, 180g 범위의 무게, 블록형, 연한 표피, 밝은 적색을 함유할 수 있다. 열매 품질 뿐만 아니라 농업적으로 중요한 특징 분석, 예를 들어, 우수한 식물 구조, 고생산성 및 TMV (담배 모자이크 바이러스) 및 TSWV (토마토 반점 윌트 바이러스)에 제한되지 않는 질환에 대한 기본 내성이 또한 추가로 요망되는 형질이다.

[0285] 본 발명의 기재를 기초로, 카프시쿰 아눔 식물주 061M14387 (이의 샘플은 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기

탁되었다) 또는 베미시아에 대한 내성과 연관된 염색체 3상의 QTL 및/또는 상기된 바와 같이 총채벌레 및 베미시아 각각에 대한 내성과 연관된 염색체 5상의 QTL을 함유하는 이의 자손 또는 선조를 소유한 당업자는 본 발명의 베미시아 내성 형질 및/또는 총채벌레 내성 형질을 당업계에 널리 공지된 육종 기술을 사용하여 다양한 유형의 다른 고추 식물에게 전달하는데 어려움이 없다. 본 발명의 형질은 예를 들어, 벨 고추, 감미 고추, 매운 고추, 대형 직사각형 고추, 원뿔 고추 (긴 원뿔 고추를 포함) 또는 블록형 고추와 같은 다양한 유형 또는 형태 또는 예를 들어, 에버그린, 적색, 황색, 오렌지 또는 아이보리색의 열매를 생성하는 고추 식물에게 전달될 수 있다. 따라서, 하나의 양태에서 본 발명의 식물은 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 씨.아눔 식물이고 당해 식물은 본 발명에 따른 벨 고추 또는 감미 고추, 매운 고추, 대형 직사각형 고추, 원뿔 고추 또는 긴 원뿔 고추이다. 하나의 양태에서, 본 발명의 식물은 에버그린, 적색, 황색, 오렌지색 또는 아이보리 고추 열매를 생성할 수 있다. 본 발명의 또 다른 양태에서, 고추 식물은 (잡종) 종자 또는 상업적 고추 생성을 위해 성장시킨다.

[0286] 따라서, 또 다른 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따른 베미시아 내성 형질 및/또는 총채벌레 내성 형질을 당해 형질이 없는 고추 식물에게 전달하는 방법을 기재하고 있고, 당해 방법은, a) 당해 형질을 포함하는 식물을 수득하는 단계; b) 당해 식물을 당해 형질이 없는 식물과 교배시키는 단계; c) 단계 b)의 교배 식물을 수득하는 단계; d) 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 단계 c)의 식물을 선택하는 단계를 포함한다. 하나의 양태에서, 당해 방법은 추가로 e) 단계 d)로부터 수득한 식물을 고추 식물과 역교배키는 단계 및 f) 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 고추 식물을 선별하는 단계를 포함한다. 하나의 양태에서, 당해 방법은 추가로 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 근교계 고추 식물을 수득하는 단계를 추가로 포함하고 하나의 양태에서, 당해 방법은 추가로 근교계 고추 식물을 또 다른 고추 식물과 교배시켜 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 잡종 고추 식물을 생성시키는 단계를 추가로 포함한다. 하나의 양태에서, 고추 식물은 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 대한 내성 스코어를 결정함에 의해 선택한다. 하나의 양태에서, 당해 형질을 포함하는 단계 a)의 식물은 카프시쿰 아눔 식물주 061M14387 (이의 샘플은 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB Ltd로 기탁되었다) 또는 당해 식물의 자손 또는 선조이다.

[0287] 본 발명의 특정 양태에서, 표준 곤충 내성 분석은 하기의 본원 실시예 2에 기재된 바와 같이 사용하여 상기 교배중 하나로부터 비롯된 자손 식물의 내성 수준을 결정하고 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 중간정도로 내성인 추가의 육종을 위한 당해 자손 식물을 선택한다.

[0288] 하나의 양태에서, 본 발명은 당해 방법중 어느 하나에 의해 수득가능한 씨.아눔 식물을 기재하고 있고, 당해 식물은 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레의 감염에 저항할 수 있다.

[0289] 또 다른 양태에서, 본 발명은 본 발명에 따른 베미시아 내성 형질 및/또는 총채벌레 내성 형질을 포함하는 식물을 당해 형질이 없는 고추 식물로부터 생성시키는 방법을 기재하고 있고, 당해 방법은, a) 당해 형질을 포함하는 식물을 수득하는 단계; b) 당해 식물을 당해 형질이 없는 식물과 교배시키는 단계; c) 단계 b)의 교배 식물을 수득하는 단계; d) 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 단계 c)의 식물을 선택하는 단계를 포함한다. 하나의 양태에서, 당해 방법은 추가로 e) 단계 d)로부터 수득한 식물을 고추 식물과 역교배키는 단계 및 f) 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 고추 식물을 선별하는 단계를 포함한다. 하나의 양태에서, 당해 방법은 추가로 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 근교계 고추 식물을 수득하는 단계를 추가로 포함하고 하나의 양태에서, 당해 방법은 추가로 근교계 고추 식물을 또 다른 고추 식물과 교배시켜 본 발명에 따른 베미시아 및/또는 총채벌레에 의한 감염에 저항할 수 있는 잡종 고추 식물을 생성시키는 단계를 추가로 포함한다. 하나의 양태에서, 고추 식물은 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 대한 내성 스코어를 결정함에 의해 선택한다. 하나의 양태에서, 당해 형질을 포함하는 단계 a)의 식물은 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387 (이의 샘플은 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB Ltd로 기탁되었다) 또는 당해 식물의 자손 또는 선조이다.

[0290] 하나의 양태에서, 본 발명은 당해 방법중 어느 하나에 의해 수득가능한 씨.아눔 식물을 기재하고 있고, 당해 식물은 본원에 기재된 바와 같은 베미시아 및/또는 총채벌레의 감염에 저항할 수 있다.

[0291] 본 발명의 교시를 기준으로, 당업자는 형질, 특히 내성 형질, 특히 베미시아 속 및/또는 티사노프테라 목의 곤충에 대한 새로운 내성 공급원을 모색하기 위한 프로그램을 디자인할 수 있다.

[0292] 본 발명의 하나의 측면에서, 곤충 내성 형질을 발현하고, 베미시아 속의 곤충에 의한 감염에 대해 내성, 특히 중간 수준의 내성을 나타내는 식물은 고추 육종 분야에서 통상적으로 사용되고 인지되는 내성 평가를 유도하는

표준 베미시아 내성 시험을 사용함에 의해 확인할 수 있고 선택할 수 있다.

[0293] 특히, 식물은 표준 과정에 따라 기르고 재배되며 특정 디자인에 따라 이식한다.

[0294] 식물은 줄당 고정된 수의 식물을 여러 줄에 이식한다. 각각의 줄에서 한 측면은 전착제 (spreader) 줄로서 사용하고 민감한 엔트리주 또는 민감한 모계주를 이식한다. 줄의 다른 부분은 곤충 내성에 대해 시험될 엔트리로 이식한다. 시험 엔트리는 여러 블록 각각에서 완전히 무작위이고 블록당 1개 이상의 식물/엔트리이다.

[0295] 베미시아 발육은 매주 또는 격주로 각각의 줄에서 동일거리의 위치상의 고정된 수의 전착제 줄 식물 (예를 들어, 식물 1, 38, 75, 112, 150)을 평가함에 의해 모니터한다. 최종 평가는 모니터링된 전착제 식물의 평균 감염이 약 4의 내성 평가에 도달하는 경우, 즉, 번데기가 잎당 100개 이상의 수로 잎상에 밀집되는 경우 수행한다. 통상적으로, 당해 단계는 제1 열매가 무르익는 시점 (이식 후 3 내지 4개월)에서 도달한다.

[0296] 데이터는 시험 엔트리당 평균을 계산하고 민감한 엔트리 (예를 들어, 민감한 전착제 줄 또는 기타)와 비교하여 분석한다. 평균의 다중 비교 (예를 들어, LSD)는 시험 엔트리가 상호 상이하고 민감한 대조군과 상이한 경우를 지시한다.

[0297] 중증도를 평가하기 위해, 1 내지 9의 스케일을 사용한다 (표 1). 식물의 잎의 배축 측면을 조사하고 약 5개의 최악으로 영향받은 잎의 평균을 스케일 1 내지 9에 따라 평가한다. 모든 시험 식물은 당해 방식으로 스코어를 평가한다.

[0298] 본 발명의 하나의 측면에서, 곤충 내성 형질을 발현하고, 티사노프테라 목의 곤충에 의한 감염에 대해 내성, 특히 중간 수준의 내성을 나타내는 식물은 고추 육종 분야에서 통상적으로 사용되고 인지되는 내성 평가를 유도하는 표준 총채벌레 내성 시험을 사용함에 의해 확인할 수 있고 선택할 수 있다.

[0299] 특히, 식물은 표준 과정에 따라 기르고 재배되며 특정 디자인에 따라 이식한다.

[0300] 또 다른 대안으로, 마커 보조 육종을 사용하여 본원에 기재된 바와 같은 본 발명 관련 유전자좌, 특히 본 발명 관련 QTL 유전자좌 및/또는 플랭킹 마커 유전자좌 또는 여기에 필수적으로 연결된 마커 유전자좌가 유리한 유전자형, 특히 동형접합성의 유리한 유전자형을 갖는 개체를 확인할 수 있다.

[0301] 본 발명의 하나의 양태에서, 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 대한 내성은 표현형 평가로 기록한다.

[0302] 또 다른 양태에서, 목적하는 형질에 연결된 분자 마커를 기준으로 선택한다.

[0303] 하나의 양태에서 분자 마커 및 표현형 평가의 조합을 기준으로 선택한다.

[0304] 마커 기반 선택은 이미 근교계 발육 조기 단계에서 사용할 수 있고, 흔히 대개 가시적으로 결정될 수 있는 표현형 특징을 기본으로 하고, 상업적 잡종 생산에 사용될 식물의 적합성과 관련된 주요 수행능 지수, 예를 들어, 식물 생장력, 마디간 길이, 분기, 곤충 내성, 예를 들어 베미시아 및/또는 총채벌레 감염에 대한 내성, 바이러스 내성, 예를 들어, TMV (담배 모자이크 바이러스) 및 TSWVF (토마토 반점 윌트 바이러스)에 대한 내성에 관련된 스크리닝 방법과 조합한다. 선택은 또한 분자 마커를 기본으로 할 수 있고 당해 마커는 목적하는 형질에 연결되거나 연결되지 않을 수 있다.

[0305] 특히, 마커 기반 선택은 표현형 선택과 조합하여 또는 이후에 표현형 선택을 수행함에 의해 적용하여 본원에 기재된 발명 관련 모든 유전자좌가 동형접합성 유리한 유전자형을 갖는 개체를 확인할 수 있다.

[0306] 제한 단편 길이 다형성 (RFLP), 다형성 DNA의 무작위 증폭 (RAPD), 증폭된 제한 단편 길이 다형성 (AFLP), 단일 서열 반복체 (SSR) 및 단일 뉴클레오타이드 다형성 SNP를 포함하지만 이에 제한되지 않는 마커 기반 선택에서 사용될 수 있는 여러 유형의 분자 마커가 있다.

[0307] RFLP는 특정 짧은 제한 부위에서 염색체 DNA를 절단하는 제한 효소의 사용을 포함하고 다형태는 제한 부위에서 돌연변이 부위 사이의 복제 또는 결실로부터 비롯된다.

[0308] RAPD는 균주 특정 배열의 불명의 DNA 단편을 생성하기 위한 임의의 서열을 갖는 단일 프라이머를 사용하는 낮은 엄중 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR) 증폭을 사용한다. 당해 방법은 단지 소량의 DNA 샘플을 필요로 하고 다수의 다형성 유전자좌를 분석한다.

[0309] AFLP는 PCR을 사용하기 전 제한 효소를 사용한 세포 DNA의 분해와 특이적 단편을 증폭시키기 위한 프라이머에서 선택적 뉴클레오타이드를 필요로 한다. 수득된 단편을 가시화하기 위한 전기영동 기술을 사용하는 당해 방법으로 100개 이하의 다형성 유전자좌가 프라이머 조합당 측정될 수 있고 단지 소량의 DNA 샘플이 각각의 시험을

위해 필요하다.

[0310] SSR 분석은 진핵세포 게놈을 전반에 광범위하게 분산되어 있는 DNA 미세-위성 (짧은-반복체) 서열을 기초로 하고 당해 서열은 단순한 서열 반복체에서의 변화를 검출하기 위해 선택적으로 증폭된다. 단지 소량의 DNA 샘플이 SSR 분석을 위해 필요하다. SNP는 효율적으로 점 돌연변이를 집어내는 PCR 연장 분석을 사용한다. 당해 과정은 샘플당 미량의 DNA를 필요로 한다. 상기 방법중 하나 또는 2개는 전형적인 마커 기반 선택 육종 프로그램에서 사용할 수 있다.

[0311] 식물 게놈의 다형성 영역에 걸쳐 있는 뉴클레오타이드 단편의 증폭을 성취하는 가장 바람직한 방법은 이본쇄 형태에서 다형성을 한정하는 인접 서열에 하이브리드화할 수 있는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머를 포함하는 프라이머쌍을 사용하는 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR) (Mullis et al., Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol. 51 :263 273 (1986))을 사용하는 것이다.

[0312] 예를 들어, 특이적 표적을 지수적으로 증폭시키는 2개 쌍의 올리고뉴클레오타이드 프로브를 사용하는 "리가제 연쇄 반응" ("LCR") (Barany, Proc. Natl. Acad. Sci (USA) 88:189 193 (1991))과 같은 또 다른 방법을 사용하여 단편을 증폭시킬 수 있다. 각 쌍의 올리고뉴클레오타이드의 서열은 당해 쌍이 표적의 동일 가닥의 인접한 서열에 하이브리드화하도록 선택된다. 당해 하이브리드화는 주형-의존성 리가제에 대한 기질을 형성한다. PCR을 사용하는 경우와 같이, 후속 사이클 및 목적하는 서열에서 지수적 증폭에서 주형으로서 작용하는 수득한 생성물을 수득한다.

[0313] LCR은 다형태 부위의 동일 가닥의 인접 및 원거리 서열을 갖는 올리고뉴클레오타이드를 사용하여 수행할 수 있다. 하나의 양태에서, 올리고뉴클레오타이드는 다형성의 실제 다형성 부위를 포함하도록 디자인된다. 당해 양태에서, 반응 조건은 표적 분자가 올리고뉴클레오타이드 상에 존재하는 다형성 부위에 상보적인 특이적 뉴클레오타이드를 함유하거나 함유하지 않는 경우 올리고뉴클레오타이드가 함께 연결될 수 있도록 선택된다. 또한, 올리고뉴클레오타이드는 이들이 다형성 부위를 함유하지 않도록 선택될 수 있다 (문헌참조: Segev, PCT Application WO 90/01069).

[0314] 또한 사용될 수 있는 추가의 방법은 "올리고뉴클레오타이드 연결 분석"("OLA") (Landegren et al., Science 241 :1077 1080 (1988))이다. OLA 프로토콜은 표적의 단일 가닥의 인접 서열에 하이브리드할 수 있도록 디자인된 2개의 올리고뉴클레오타이드를 사용하다. LCR처럼 OLA는 특히 점 돌연변이의 검출을 위해 적합하다. 그러나 LCR과 달리, OLA는 표적 서열의 지수적 증폭보다는 "선형" 증폭을 수득한다.

[0315] 또한 사용될 수 있는 다른 방법은 단일 뉴클레오타이드 다형성 (SNP) 부위를 함유하는 DNA를 표적화하기 위해 대립형질 유전자 특이적 중첩 올리고뉴클레오타이드의 하이브리드화에 의해 형성된 3차원 복합체를 절단하는 구조 특이적 플랩 엔도뉴클레아제 (FEN)을 사용하는 "침입자 (Invader) 분석"이다. 표적 분자에서 SNP 대립형질 유전자에 상보적인 올리고뉴클레오타이드의 어닐링은 열안정성 FEN인 클리베이즈에 의한 올리고뉴클레오타이드의 절단을 유발한다. 절단은 여러 상이한 방법에 의해 검출될 수 있다. 가장 일반적으로, 절단 생성물은 형광 공명 에너지 전달 (FRET) 카세트상에서 2차 절단 반응을 유발하여 형광 시그날을 발산한다. 또는, 당해 절단은 형광 분극화 (FP) 프로브 또는 질량 분광기를 사용함에 의해 적집 검출될 수 있다. 공격적 절단 반응은 고도로 특이적이고 낮은 실패율을 가지며 표적 DNA의 젭토몰 (zeptomol) 량을 검출할 수 있다. 당해 분석은 통상적으로 반응당 하나의 샘플에서 하나의 SNP를 조사하는데 사용되는 반면 신규 칩- 또는 비드-기본 방법은 복합적이고 고처리량 SNP 유전자형 분석에 적용될 수 있는 효율적이고 정확한 분석을 하기 위해 시험되었다.

[0316] 니커슨 (Nickerson) 등은 PCR 및 OLA의 특성을 조합한 핵산 검출 분석을 기재하였다 (Nickerson et al., Proc. Natl. Acad. Sci. (U.S.A) 87:8923 8927 (1990)). 당해 방법에서, PCR을 사용하여 OLA를 사용하여 검출되는 표적 DNA의 지수적 증폭을 성취한다.

[0317] 수득한 "디-올리고뉴클레오타이드"의 서열을 갖는 핵산의 존재하에 2개 (또는 그 이상)의 올리고뉴클레오타이드의 연결에 의해 디-뉴클레오타이드를 증폭시키는 것을 기본으로 하는 계획은 또한 공지되어 있고 (Wu et al., Genomics 4:560 569 (1989)), 본 발명의 목적에 용이하게 적용될 수 있다.

[0318] 하나의 양태에서, 분자 마커는 PCR에 의해 증폭된 DNA 단편, 예를 들어, SSR 마커 또는 RAPD 마커이다. 하나의 양태에서, 증폭된 DNA 단편의 존재 또는 부재는 형질 자체 또는 형질에 대한 특정 대립형질 유전자의 존재 또는 부재를 지시한다. 하나의 양태에서 증폭된 DNA 단편의 길이에서의 차이는 형질의 특정 대립형질 유전자의 존재를 지시하고 따라서 형질의 상이한 대립형질 유전자를 구분할 수 있게 한다.

[0319] 발명의 특정 양태에서, 단순한 서열 반복체 (SSR) 마커를 사용하여 모계 식물 및/또는 이의 선조에서 뿐만 아니

라 당해 모계 식물의 교배로부터 비롯된 자손 식물에서 발명 관련 대립형질 유전자를 확인한다. 단순한 서열 반복체는 짧고 반복되는 DNA 서열이고 모든 진핵세포의 게놈에 존재하며 소정의 뉴클레오타이드 모티프의 수개 내지 100개 이상의 반복체로 이루어진다. 게놈내의 특정 위치에 존재하는 반복체 수는 흔히 식물중에서 상이하기 때문에 SSR은 특이적 대립형질 유전자의 부재 또는 존재를 결정하기 위해 분석될 수 있다.

[0320] 발명의 또 다른 양태에서, SNP 마커를 사용하여 모계 식물 및/또는 이의 선조 뿐만 아니라 당해 모계 식물의 교배로부터 수득한 자손 식물에서 발명 관련 대립형질 유전자를 확인한다.

[0321] 하나의 측면에서 본 발명은, 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 정방향 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 포함하는 마커 또는 2개 이상의 마커 및 6개 이하의 마커 세트에 관한 것이고, 당해 프라이머는 동일한 프라이머쌍을 사용하는 PCR 반응에서 카프시쿰 아눔 주 061M4387로부터 수득가능한 상응하는 PCR 증폭 생성물과 필수적으로 동일하거나 대립형질 유전자로서 간주될 수 있는 뉴클레오타이드 서열 또는 분자량을 나타내는 PCR 반응에서의 증폭 생성물을 유도한다.

[0322] 서열번호 1 내지 12에 나타낸 프라이머 서열의 그룹으로부터 선택된 정방향 및 역방향 프라이머의 임의의 다른 조합이 또한 PCR 반응에서 사용될 수 있다.

[0323] 하나의 측면에서, 본 발명은 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 포함하는 마커 또는 2개 이상의 마커 및 7개 이하의 마커 세트에 관한 것이고, 당해 프라이머는 동일한 프라이머쌍을 사용하는 PCR 반응에서 카프시쿰 아눔 주 061M4387로부터 수득가능한 상응하는 PCR 증폭 생성물과 필수적으로 동일하거나 대립형질 유전자로서 간주될 수 있는 뉴클레오타이드 서열 또는 분자량을 나타내는 PCR 반응에서의 증폭 생성물을 유도한다.

[0324] 서열번호 13 내지 26에 나타낸 프라이머 서열의 그룹으로부터 선택된 정방향 및 역방향 프라이머의 임의의 다른 조합이 또한 PCR 반응에서 사용될 수 있다.

[0325] 하나의 측면에서, 본 발명은 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 5; 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 6; 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍을 포함하는 마커 또는 2개 이상의 마커 및 13개 이하의 마커 세트에 관한 것이고, 당

해 프라이머는 동일한 프라이머쌍을 사용하는 PCR 반응에서 카프시쿰 아눔 주 061M4387로부터 수득가능한 상응하는 PCR 증폭 생성물과 필수적으로 동일하거나 대립형질 유전자로서 간주될 수 있는 뉴클레오타이드 서열 또는 분자량을 나타내는 PCR 반응에서의 증폭 생성물을 유도한다.

[0326] 서열번호 1 내지 26에 나타낸 프라이머 서열의 그룹으로부터 선택된 정방향 및 역방향 프라이머의 임의의 다른 조합이 또한 PCR 반응에서 사용될 수 있다.

[0327] 본 발명의 또 다른 양태에서, 연결 불균형에 있고/있거나 염색체 3 및 염색체 5상에 QTL 영역에 연결되고/되거나 위치한 분자 마커를 사용할 수 있고 당해 각각의 염색체는 QTL 기본 실제 원인 돌연변이를 나타내냄에 따라서 표현형 형질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 마커 뿐만 아니라 본 발명에 따른 베미시아 및 총채벌레 내성에 기여하는 QTL을 포함하고, 당해 마커는 각각 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 기재된 바와 같은 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 개발될 수 있다.

[0328] 제1 단계에서, DNA 또는 cDNA 샘플은 공지된 기술을 사용하여 DNA 또는 RNA를 추출함에 의해 잎 조직과 같은 적합한 식물 물질로부터 수득된다. 이어서 본원에 기재된 발명 관련 QTL내에 또는 이와 연결된 영역내에 SSR을 함유하는 영역을 플랭킹하는 프라이머는 당업자에게 널리 공지된 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR) 방법을 사용하여 DNA 샘플을 증폭시키기 위해 사용된다.

[0329] 기본적으로, PCR 증폭 방법은 증폭될 DNA 절편을 플랭킹하는 2개의 짧은 올리고뉴클레오타이드 프라이머 서열을 포함하는 프라이머 또는 프라이머쌍 또는 당해 DNA 절편에 연결된 아답터 서열의 사용을 포함한다. DNA의 가열 및 변성의 반복 사이클에 이어서 저온에서 프라이머의 상보적 서열에 프라이머를 어닐링시키고 어닐링된 프라이머를 DNA 폴리머라제를 사용하여 연장시킨다. 프라이머는 DNA 표적 서열의 반대편 가닥에 하이브리드화한다. 하이브리드화는 상보적 DNA 가닥의 어닐링을 언급하고 여기서, 상보적이라 함은 한쪽 가닥의 뉴클레오타이드가 반대편 가닥상의 뉴클레오타이드와 결합하여 이본쇄 구조를 형성할 수 있도록 하는 뉴클레오타이드 서열을 언급한다. 프라이머는 폴리머라제에 의한 DNA 합성이 프라이머 사이의 뉴클레오타이드 서열을 거쳐 양방향으로 진행하도록 배향된다. 당해 과정은 하나의 사이클에서 당해 DNA 절편의 양을 효과적으로 2배로 만든다. PCR 생성물은 프라이머에 상보적이고 프라이머에 결합할 수 있기 때문에 각각의 연속 사이클은 이전의 사이클에서 합성된 DNA의 양을 2배로 만든다. 당해 과정의 결과는 특이적 표적 단편을 지수적으로 축적시키고 이는 대략적으로 2^n이고 여기서, n은 사이클 횟수이다.

[0330] PCR 증폭을 통해 프라이머에 의해 플랭킹된 DNA 절편이 수백만개 카피로 제조된다. 상이한 대립형질 유전자에서 플랭킹 프라이머 사이에 위치한 당해 반복체를 플랭킹하는 영역에서 반복된 서열 또는 삽입 또는 결실 수의 차이는 증폭된 DNA 단편의 길이 변화에 반영된다. 이들 변화는 예를 들어, 전기영동적으로 겔상에서 증폭된 DNA 단편을 분리시키거나 모세관 서열분석기를 사용하여 검출될 수 있다. 겔 또는 프로필을 분석함에 의해 식물이 동형접합성 또는 이형접합성 상태를 함유하는지의 여부 또는 목적하거나 목적하지 않은 대립형질 유전자가 식물 게놈으로부터 결핍인지의 여부를 결정할 수 있다.

[0331] 마커 분석은 매우 어린 식물 또는 종자의 잎 조직으로부터 추출된 DNA 샘플을 사용하여 식물 조기 발육에서 수행될 수 있다. 이것은 육종 사이클 초기에서 목적하는 유전학적 구성을 갖는 식물을 확인하고 수분 전에 목적하는 발명 관련 대립형질 유전자를 함유하지 않는 식물을 버림에 따라서 육종 집단의 크기를 감소시키고 표현형 분류에 대한 필요성을 감소시킬 수 있도록 한다.

[0332] 또한, 분자 마커를 사용함에 의해, 발명 관련 QTL 유전자좌에서 2개 카피의 목적하는 발명 관련 대립형질 유전자를 함유하는 동형접합성 식물과 유리할 수 있는 대립형질 유전자의 어떠한 카피도 함유하지 않는 식물 및 단지 하나의 카피를 함유하는 이형접합성 식물들은 구분될 수 있다.

[0333] 본 발명의 하나의 양태에서, 당해 마커 유전자좌는 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 정방향 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있고, 당해 프라이머는 서열번호 1 내지 12에 나타낸 뉴클레오타이드 서열과 90% 내지 99%, 특히 95% 내지 98%의 서열 동일성을 공유하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 포함한다.

[0334] 본 발명의 하나의 양태에서, 마커 유전자좌는 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있고, 당해 프라이머는 서열번호 13 및 26에 나타낸 뉴클레오타이드 서열과 90% 내지 99%, 특히 95% 내지 98%의 서열 동일성을 공유하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 포함한다.

[0335] 본 발명의 범위내에서 또한 프라이머 또는 프로브, 특히 표 10에 나타낸 서열번호 1 내지 12 및 표 11에 나타낸 서열번호 13 내지 26에 제시된 정방향 및 역방향 프라이머 서열의 뉴클레오타이드 서열 또는 각각 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 정방향 및 역방향 프라이머 서열을 사용함에 의해 수득될 수 있는 서열과 하이브리드화는 뉴클레오타이드 서열과 중간, 특히 중간 내지 높은, 특히 고엄중 조건하에서 하이브리드화하는 뉴클레오타이드 서열을 나타내는 정방향 프라이머 및 역방향 프라이머로 이루어진 프라이머와 같은 올리고뉴클레오타이드 분자가 또한 사용될 수 있다.

[0336] 특히, 하이브리드화 반응은 고엄중 조건하에서 수행되고 이때 5 x SSPE, 1% SDS, 1 x Denhardts 용액이 용액으로서 사용되고/되거나 하이브리드화 온도는 35℃ 내지 70℃, 및 72℃이하, 바람직하게는 65℃이다. 하이브리드화 후, 세척은 35℃ 내지 70℃, 및 72℃이하, 바람직하게는 65℃의 온도에서 특히 먼저 2xSSC, 1 % SDS로 수행하고 이어서 0.2 x SSC로 수행한다 (SSPE, SSC 및 Denhardts 용액의 정의에 관하여 문헌 (Sambrook et al. loc. cit.) 참조).

[0337] 본 발명의 하나의 측면에서, 본원에 명백하게 기재되지 않거나 아직 확인되지도 않은 마커를 개발하고 사용할 수도 있다. 본원에 제공된 정보를 기준으로 당업자는 명백하게 기재되지 않았지만 QTL 또는 기재된 마커에 연결된 마커를 확인하거나 개발할 수 있다. 당업자는 기타 마커가 마커 보조 선택에서 적어도 동일한 유용성을 제공할 수 있음을 인지한다.

[0338] 따라서, 본 발명은 또한 불균형으로 연결되고/되거나 염색체 3 및 염색체 5상의 QTL 영역에 연결되고/되거나 위치하는 분자 마커에 관한 것이고 당해 염색체 각각은 QTL 기본 실제 원인 돌연변이를 나타내고 따라서 표현형 형질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 마커 뿐만 아니라 본 발명에 따른 베미시아 및 총채벌레 내성에 기여하는 QTL을 포함하고, 당해 마커는 각각 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 제시된 바와 같은 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 개발될 수 있다.

[0339] 게놈상에 QTL의 위치를 지시하는 연속적 게놈 마커는 원칙적으로 임의적이거나 비제한적이다. 일반적으로, QTL의 위치는 표현형 서질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 연속상의 마커에 의해 지시된다. 따라서 QTL 영역내에 위치한 다른 마커에 의해 QTL (및 이에 의한 표현형)의 존재 또는 부재 및 QTL의 위치를 지시할 수 있다.

[0340] 잠재적으로 유용한 마커의 수는 제한되지만 매우 클 수 있고 당업자는 본원에 기재된 것들에 대한 추가의 마커를 용이하게 확인할 수 있다. 본원에 기재된 바와 같은 내성에 연결되는 임의의 마커는 마커 보조 선택에서 사용될 수 있다.

[0341] 따라서, 또 다른 마커는 당업자에게 공지된 방법 및 양적 유전자좌 또는 본 발명에 따른 및 본원에 기재된 바와 같은 유전자좌의 대립형질 유전자 또는 대립형질 유전 세트를 갖는 식물을 확인하고 선택하는데 사용되는 방법에 의해 개발될 수 있다.

[0342] 예를 들어, 각각 표 10 및 표 11에 제시된 바와 같이 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 나타낸 프라이머쌍을 사용하는 PCR 증폭으로 수득된 증폭 생성물의 뉴클레오타이드 서열은 PCR 증폭 생성물에 대해 새롭게 결정된 뉴클레오타이드 서열을 기초로 디자인된 새로운 프라이머 또는 프라이머쌍 및 당업자에게 의해 수득될 수 있다. 추가로, 본 발명에 따라 및 본원에 기재된 바와 같은 마커는 고추 또는 기타 종, 특히, 솔라나세아 종의 유전자 지도상에서 위치화될 수 있고 동일체 또는 상동체 또는 오르톨로그 영역에 맵핑된 공지된 마커가 새로운 마커를 개발하기 위한 출발점으로서 사용될 수 있다.

[0343] 각각 표 10 및 11에 제시된 바와 같이 각각 서열번호 1 내지 12 및 서열번호 13 내지 26에 제시된 뉴클레오타이드 서열 또는 이의 일부를 나타내는 프라이머쌍을 사용하는 PCR 증폭에서 수득된 증폭 생성물의 뉴클레오타이드 서열은 또한 예를 들어, BAC 라이브러리를 스크리닝하거나 추가의 연결된 뉴클레오타이드 서열을 확인하기 위한 하이브리드화 프로브로서 사용될 수 있다.

[0344] 따라서, 본 발명에 구체적으로 기재된 마커는 또한 목적하는 QTL과 연관된 새롭거나 추가의 마커의 확인 및/또는 개발에 사용될 수 있고 당해 QTL은 마커 보조 육종 및/또는 QTL을 플랭킹하는 재조합체의 모색 및/또는 미세-맵핑 및/또는 QTL의 클로닝에서 사용될 수 있다.

[0345] 당업자에게 공지된 유용한 여러 방법 또는 접근법이 있고 이들은 불균형 연결 및/또는 QTL 영역에 연결되고/되거나 위치된 마커 및 QTL 기초 실제 원인 돌연변이를 나타내는 마커를 확인하고/하거나 개발하는데 사용될 수 있다. 완전하게 설명되는 것 없이 당업자에게 공지된 몇몇 접근법은 다음을 포함한다:

[0346] - 목적하는 영역내에서 다른 서열을 확인하기 위한 하이브리드화 접근법에서 기재된 서열/마커의 사용: 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열 및/또는 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열을 사용하여 결정될 수 있는 마커/유전자 서열(또는 이의 일부)는 마커를 플랭킹하고/하거나 게놈 핵산 샘플 및/또는 RNA 또는 cDNA 샘플 또는 샘플 풀로부터 QTL 영역에 대해 연결되고/되거나 연합되고/되거나 특이적인 핵산 서열/유전자를 분리하는데 (하이브리드화) 프로브로서 사용될 수 있다 (예를 들어, BAC 라이브러리와 같은 게놈 자원의 스크리닝 또는 gDNA 또는 cDNA 라이브러리 스크리닝).

[0347] - 목적하는 영역내에서 기타 서열을 확인하기 위한 PCR 접근법에서 기재된 서열/마커의 사용: 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열 및/또는 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열을 사용하여 결정될 수 있는 마커/-(후보물)유전자 서열(또는 이의 일부)는 게놈 핵산 샘플 및/또는 RNA 또는 cDNA 샘플 또는 샘플 풀 (특이적 식물 조직 및/또는 식물의 특이적 처리 후 및 카프시쿰 또는 원칙적으로 충분한 상동성을 갖는 임의의 다른 유기체로부터 분리되거나 분리되지 않은)에 대한 핵산 서열/유전자 플랭킹 및/또는 이에 연결되고/되거나 연합된 핵산 서열을 증폭시키기 위한 (PCR) 증폭 프라이머로서 사용될 수 있다.

[0348] - 목적하는 영역에서 기타 서열을 확인하기 위한 기재된 PCR 접근법에서 기재된 서열/마커의 사용: 하나 이상의 마커의 뉴클레오타이드 서열/유전자는 당해 마커 서열에 대한 내부 프라이머를 디자인하고 이를 사용하여 QTL 영역내 및/또는 형질과 유전학적으로 연결되고/되거나 연관된 추가의 플랭킹 서열/유전자를 추가로 결정화하기 위해 디자인하고 사용한 후 결정될 수 있다.

[0349] - 동일 영역내 마커를 확인하기 위한 맵핑 및/또는 비교 맵핑 접근법의 사용 (다른 맵상의 QTL의 위치화): 본원에 기재된 바와 같은 위치 정보 및/또는 마커 정보를 토대로, 임의의 유형의 마커는 유전자 맵핑 접근법, 궁극적으로 (이미 요구되는 경우) (고밀도) 유전자 맵 및/또는 통합 유전자 또는 컨센서스 맵상에서 기재된 마커의 위치화 (맵에 따른 공통된 마커를 기준으로 유전자 맵핑 또는 외삽에 의해)에 의해 확인될 수 있다. 이미 공지된 마커 및/또는 기재된 마커 및/또는 QTL 영역에 인접하게 유전학적으로 연결되고/되거나 위치된 새로운 마커는 확인되고/되거나 수득되고 궁극적으로 QTL (미세-) 맵핑 및/또는 QTL 클로닝 및/또는 MAS 육종 적용에 사용될 수 있다.

[0350] - QTL 영역내 추가의 서열/마커/(후보물) 유전자를 확인하기 위한 '인-실로코 (in-siloco)' 접근법에서 기재된 서열/마커의 사용: 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열 및/또는 본원에 기재된 프라이머 서열을 사용하여 또는 연결된 마커를 기준으로 결정될 수 있는 마커/(후보물) 유전자 서열 (또는 이의 일부)은 '인-실리코' 방법에서 사용하여 보원에 기재된 바와 같은 형질과 유전학적으로 연결되고/되거나 이와 연관된 및 QTL 영역에 위치한 (추가로) 플랭킹 서열 및/또는 상동체 서열/유전자 및/또는 대립형질 유전자 다양성 (게놈 및/또는 cDNA 서열 둘다 또는 단백질 및 둘다가 카프시쿰 및/또는 임의의 다른 유기체로부터 기원함)에 대해 서열 또는 단백질 데이터베이스 (예를 들어, BLAST)를 검색할 수 있다.

[0351] - 물리적 맵핑 접근법 (물리적 맵 또는 게놈 서열상의 QTL 위치 분석)에서 기재된 서열/마커의 사용: 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열 및/또는 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열을 사용하거나 본원에 기재된 마커에 유전학적으로 연결되고/되거나 QTL 영역에 위치한 다른 마커를 사용하여 결정될 수 있는 마커/유전자 서열 (또는 이의 일부)은 원칙적으로 QTL (미세-맵핑) 및/또는 QTL 클로닝 및/또는 MAS 육종적용에서 적용가능한 (후보물) 서열/마커/유전자를 확인하기 위해 충분한 상동성을 갖는 임의의 유기체의 물리적 맵 및/또는 (전체) 게놈 서열상에 위치될 수 있다.

[0352] - 다른 (물리적) 맵 또는 게놈 (고추에 대한 종을 거쳐, 토마토 및 감자와 같은 다른 솔라나세아가 주요 제1 목

적이지만 아라비도프시스와 같은 모델 종이 사용될 수 있다) 상의 QTL의 위치를 밝히기 위한 기재된 서열/마커의 사용: 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열 및/또는 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열을 사용하여 결정될 수 있는 마커/유전자 서열 (또는 이의 일부)는 비교 게놈 또는 합성 맵핑 접근법에 사용하여 QTL 영역에 유전학적으로 연결되고/되거나 위치된 상동성 영역 및 상동성 서열 및/또는 오르톨로그 서열/(후보물) 유전자를 확인할 수 있고 QTL (미세-맵핑) 및/또는 QTL 클로닝 및/또는 MAS 육종 응용에 적용가능하다.

[0353] - 적당한 개체를 선택하여 유전자 접근법에 의해 목적하는 영역에서 마커를 확인 가능하게 하는 기재된 서열/마커의 사용: 본원에 기재된 바와 같은 프라이머 서열 및/또는 마커를 사용하여 상이한/대조적인 QTL 대립형질 유전자를 갖는 개체를 선택할 수 있고 이때, 이들은 예를 들어, 유전자 연합 접근법 및/또는 벌크 분리체 분석 (BSA, Michelmore et al., 1991)에서 목적하는 특이적 영역 (QTL 영역) 및/또는 기재된 형질과 연관되거나 유전학적으로 연결된 특이적 영역에서 마커/유전자를 확인하기 위해 사용될 수 있다.

[0354] - (위치적) 후보물 유전자를 검색하기 위한 기재된 정보의 사용: 당해 기재된 정보를 사용하여 기재된 형질과 연관되고/되거나 유전학적으로 연결될 수 있는 위치적 및/또는 기능성 후보물 유전자를 확인할 수 있다.

[0355] 하나의 양태에서, 본 발명은 따라서 베미시아 내성에 기여하는 하나 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고 당해 QTL은 염색체 3상에 위치하고, 하나 이상의 QTL은 표현형 형질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 분자 마커에 의해 확인될 수 있고, 당해 마커는 당업자에게 공지된 방법에 의해 당해 QTL을 함유하는 DNA 절편으로부터 개발될 수 있고 당해 절편은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 식물, 특히 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물로부터, 특히 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득가능하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌로 한정되며, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3상에 있고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1의 정방향 프라이머 및 서열번호 2의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 1을 확인하는 프라이머쌍 1; 서열번호 3의 정방향 프라이머 및 서열번호 4의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 2를 확인하는 프라이머쌍 2; 서열번호 5의 정방향 프라이머 및 서열번호 6의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 3을 확인하는 프라이머쌍 3; 서열번호 7의 정방향 프라이머 및 서열번호 8의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 4를 확인하는 프라이머쌍 4; 서열번호 9의 정방향 프라이머 및 서열번호 10의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 5를 확인하는 프라이머쌍 5; 및 서열번호 11의 정방향 프라이머 및 서열번호 12의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 6을 확인하는 프라이머쌍 6의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0356] 하나의 양태에서, 본 발명은 따라서 베미시아 내성에 기여하는 2개 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고 당해 QTL은 염색체 3 및 5상에 위치하고, 2개 이상의 QTL은 표현형 형질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 분자 마커에 의해 확인될 수 있고, 당해 마커는 당업자에게 공지된 방법에 의해 당해 QTL을 함유하는 DNA 절편으로부터 개발될 수 있고 당해 절편은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 식물, 특히 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물로부터, 특히 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득가능하고 제1 QTL은 공여체 식물에서 염색체 3에 위치하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3상에 있고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1 내지 12에 제시된 바와 같은 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 1 내지 6의 쌍에 의해 확인될 수 있고, 제2 QTL은 공여체 식물에서 염색체 5에 위치하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고 이때 마커 유전자좌는 염색체 5상에 있고 베미시아 내성과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시한 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0357] 하나의 양태에서, 본 발명은 따라서 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고 당해 QTL은 염색체 5상에 위치하고, 하나 이상의 QTL은 표현형 형질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 분자 마커에 의해 확인될 수 있고, 당해 마커는 당업자에게 공지된 방법에 의해 당해 QTL을 함유하는 DNA 절편으로부터 개발될 수 있고 당해 절편은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖

는 식물, 특히 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물로부터, 특히 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득가능하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 보다 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 보다 더 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상 및 6개 이하의 마커 유전자좌로 한정되며, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3상에 있고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 13의 정방향 프라이머 및 서열번호 14의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 7을 확인하는 프라이머쌍 7; 서열번호 15의 정방향 프라이머 및 서열번호 16의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 8을 확인하는 프라이머쌍 8; 서열번호 17의 정방향 프라이머 및 서열번호 18의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 9를 확인하는 프라이머쌍 9; 서열번호 19의 정방향 프라이머 및 서열번호 20의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 10을 확인하는 프라이머쌍 10; 서열번호 21의 정방향 프라이머 및 서열번호 22의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 11을 확인하는 프라이머쌍 11; 서열번호 23의 정방향 프라이머 및 서열번호 24의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 12를 확인하는 프라이머쌍 12, 및 서열번호 25의 정방향 프라이머 및 서열번호 26의 역방향 프라이머로 나타내는, 마커 유전자좌 13을 확인하는 프라이머쌍 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0358] 하나의 양태에서, 본 발명은 따라서 베미시아 및 총채벌레 내성에 기여하는 2개 이상의 QTL을 포함하는 게놈을 포함하는 재배된 카프시쿰 아눔 식물에 관한 것이고 당해 QTL은 염색체 3 및 5상에 위치하고, 2개 이상의 QTL은 표현형 형질과 통계학적 상호관련성을 나타내는 분자 마커에 의해 확인될 수 있고, 당해 마커는 당업자에게 공지된 방법에 의해 당해 QTL을 함유하는 DNA 절편으로부터 개발될 수 있고 당해 절편은 식물주 061M4387의 유전자 배경을 갖는 식물, 특히 식물주 061M4387의 QTL에서 유전자 배경 또는 구조를 갖는 식물로부터, 특히 대표적인 종자가 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387로부터 또는 당해 QTL을 포함하는 자손 또는 선조로부터 수득가능하고 제1 QTL은 공여체 식물에서 염색체 3에 위치하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고, 당해 마커 유전자좌는 염색체 3상에 있고 베미시아 내성 형질과 함께 공동 분리되고 서열번호 1 내지 12에 제시된 바와 같은 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머 1 내지 6의 쌍에 의해 확인될 수 있고, 제2 QTL은 공여체 식물에서 염색체 5에 위치하고 하나 이상의 마커 유전자좌, 특히 2개 이상의 마커 유전자좌, 특히 3개 이상의 마커 유전자좌 및 특히 4개 이상의 마커 유전자좌, 특히 5개 이상의 마커 유전자좌, 특히 6개 이상의 마커 유전자좌 및 7개 이하의 유전자좌에 유전학적으로 연결되어 있고 이때 마커 유전자좌는 염색체 5상에 있고 베미시아 내성과 함께 공동 분리되고 서열번호 13 내지 26에 제시한 바와 같은 프라이머쌍 7 내지 13의 그룹으로부터 선택되는 PCR 올리고뉴클레오타이드 프라이머쌍에 의해 확인될 수 있다.

[0359] 본 발명에 따른 마커는 마커 보조 선택 및/또는 임의의 다른 방법에서 사용될 수 있고 이때 QTL을 갖거나 갖지 않는 식물이 추적된다. 당해 마커는 트랜스 또는 시스 마커일 수 있다. 트랜스 마커는 외인성 (공여체) DNA를 수용체 식물의 게놈으로 도입하여 수득된 다형성을 나타내고 이때 다형성은 수용체 게놈과 시스로 연결되고, 즉 반대 대립형질 유전자와 연결된다. 따라서 시스 마커는 목적하는 대립형질 유전자 (공여체로부터 유리한 QTL 대립형질 유전자)를 사용하여 연결되는 반면, 트랜스 마커는 반대 대립형질 유전자 (수용체로부터)와 연결된다.

[0360] 근교계의 용도 및 잡종 자손에 유전학적으로 기여하는 이의 잠재능을 결정하기 위해 시험 교배주는 다른 근교계와 함께 제조하고 수득한 자손을 표현형적으로 평가한다. 통상적으로 기록될 수 있는 형질은 뾰족하거나 뾰족하지 않은 열매, 맵거나 맵지 않은 적색, 황색 또는 오렌지색의 열매와 같은 열매 형태 및 열매 특성과 관련된 형질을 포함한다. 마디간의 길이, 성장력 및 분지와 같은 식물 특성이 또한 TMV (담배 모자이크 바이러스) 및 TSWV (토마토 반점 윌트 바이러스)와 같은 특이적 바이러스 내성과 함께 고려된다.

[0361] 유전자형 분류를 위해, QTL 맵핑 또는 연합 맵핑 DNA는 예를 들어, 잎 조직과 같은 적합한 식물 물질로부터 추출된다. 특히, 다수 식물의 다량의 잎을 수거한다. DNA 샘플은 다수의 다형성 SSR, SNP 또는 전체 고추 게놈을 포함하는 임의의 다른 적합한 마커 유형을 사용하여 유전자형 분류된다.

[0362] 유전자형 및 표현형 데이터의 공동 분석은 예를 들어, 소프트웨어 QTLCartographer 및 PlabQTL과 같은 표준 소프트웨어를 사용하여 수행될 수 있다. 식물 도입 및 생식질은 QTL에 연결된 마커 유전자좌에서의 마커 또는 각각 염색체 3 및 5에 위치하는 것으로 공지된 임의의 다른 마커의 뉴클레오타이드 서열 및 대립형질 유전자의 분자량을 기초로 본원에 기재되거나 당업자에게 공지된 기술중 하나 이상을 사용하여 표 10 및 표 11 각각에 기재된 상응하는 QTL에서 대립형질 유전자에 대해 스크리닝될 수 있다.

[0363] 본 발명의 기재된 마커, 연결된 마커 또는 QTL의 핵산 서열은 당업자에게 공지된 방법에 의해 결정될 수 있다. 예를 들어, QTL 또는 이의 내성 부여 부분을 포함하는 핵산 서열은 당해 식물의 게놈을 단편화하고 당해 QTL을 암시하는 하나 이상의 마커를 함유하는 당해 단편을 선택함에 의해 베미시아/총채벌레 내성 식물로부터 분리될 수 있다. 이어서, 또는 대안적으로, 당해 QTL을 암시하는 마커 서열(또는 이의 일부)은 게놈 핵산 샘플 또는 당해 식물로부터 수득된 게놈 단편으로부터 당해 QTL을 포함하는 핵산 서열을 증폭시키기 위한 (PCR) 증폭 프라이머로서 사용될 수 있다. 여기에 포함되는 QTL 및/또는 임의의 추가 마커의 뉴클레오타이드 서열은 표준 서열 분석 방법에 의해 수득될 수 있다.

[0364] 따라서, 본 발명은 또한 본 발명의 QTL 또는 베미시아/총채벌레 내성 부여 부분을 포함하는 분리된 핵산 (바람직하게는 DNA이지만 DNA에 제한되지 않는다) 서열에 관한 것이다. 따라서, 당해 마커는 하나 이상의 마커 또는 고추 또는 기타 채소 작물, 특히 베미시아/총채벌레 내성에 연결되어나 이를 암호화하는 솔라나세우스성 작물의 확인 및 분리를 위해 사용될 수 있다.

[0365] 본 발명의 추가 연결된 마커 또는 QTL의 뉴클레오타이드 서열은 예를 들어, QTL과 연관된 하나 이상의 마커의 뉴클레오타이드 서열을 결정하고 당해 마커서열의 외부 서열을 추가로 결정하기 위해 사용될 수 있는 당해 마커 서열에 대한 프라이머를 디자인함에 의해 분리될 수 있다. 예를 들어, 본원에 기재된 SSR 마커 또는 QTL 영역에서 추측되고/되거나 QTL에 연결된 임의의 다른 마커의 뉴클레오타이드 서열은 당업계에 널리 공지된 당해 마커의 PCR 증폭 생성물을 서열분석함에 의해 수득될 수 있다. 또한 예를 들어, 제한되지 않는 BAC 스크리닝에 의해 PCR에서 마커 서열 또는 연결된 뉴클레오타이드 서열을 확인하기 위한 하이브리드화 프로브를 사용한다.

실 시 예

[0366] 하기의 실시예는 예시적인 양태를 제공한다. 본 발명의 기재 및 당업계의 일반적 기술 수준에 비추어 당업자는 하기의 실시예가 단지 예시하고자 한 것이고 수많은 변화, 변형 및 대안이 본원에 청구된 주요 요지의 범위를 벗어나지 않고 사용될 수 있음을 인지할 것이다.

[0367] 실시예 1: 고추 육종 주 061M4387의 육종 내력

[0368] 적당한 재배 조건과 조합된 하기 실시예 2에 기재된 바와 같은 정량적 생분석을 사용하여 야생형 카프시쿰 아눔 기탁물을 베미시아 타바시 및 총채벌레 감염에 대한 내성의 공급원으로서 확인하였다. 수탁번호 CGN16975 및 기탁명: AC 1979의 당해 야생형 기탁물의 종자는 기관[Instituut voor de Veredeling van Tuinbouwgewassen (now Centre for Genetic Resources), Wageningen, Netherlands]으로부터 획득하였다. 베미시아 및 총채벌레에 대한 분리 집단은 당해 공여체 고추 식물을 민감한 수용체 고추 식물과 교배시켜 생산하였다. 총 333개의 DH 식물주로 이루어진 분리 집단은 베미시아 및 총채벌레 내성에 기여하는 하나 이상의 QTL의 확인을 위해 제조되었다.

[0369] 내성 야생형 기탁물 CGN16975의 초기 공급원을 웨스트랜드 (네덜란드)에서 선택된 신젠타의 네덜란드 근교계와 교배시켰다. 당해 교배주의 F3 자손은 알메리아 (스페인)에서 백색의 곤충 (가시적 관찰)에 내성, 특히 중간정도로 내성인 것으로서 확인되었다.

[0370] 이어서 (BC1) 교배주를 이전의 문단에 언급된 F3과 알메리아에서 발육된 신젠타 식물주 사이에서 생성시켰다. 당해 교배주의 후손은 백색 곤충 및 총채벌레(아가디르-모로코; 총채벌레-가시적 관찰)에 대해 내성, 특히 중간정도로 내성인 것으로서 확인되었고 다음 교배 (BC2)를 위해 사용하였다.

[0371] 당해 BC2는 알메리아 (스페인)에서 발육된 신젠타 이반수체 식물주와 함께 생성시켰다. 당해 교배의 F2에서의 식물 계통으로부터 다수 (=333)의 이반수체는 백색의 곤충 및 총채벌레에 대한 내성 형질의 유전 특성을 나타내도록 발육시켰다. 이들 중에서 수탁번호 NCIMB 41428하에 NCIMB에 기탁된 식물주 061M4387은 베미시아 타바시 및 총채벌레 감염에 대해 중간정도로 내성인 것으로 나타났다.

[0372] 실시예 2: 내성 분석

[0373] 2A 베미시아 내성 - 시험 프로토콜

[0374] 2A.1 식물 재배

[0375] 식물을 표준 과정에 따라 파종하고 재배하였다

[0376] 특히, 식물을 예를 들어, 배수가 잘 되는, pH 6.5 내지 7.5의 무른 토양으로 채워진 77 멀티트레이(4.2x4.2x5.9cm의 멀티팟)에 파종하고 터널에서 약 1개월 동안 성장시켰다. 당해 식물에 EC2의 N 4.0-6.0 P 0.35-1.0, K 4.0-6.0의 비료를 제공하였다.

[0377] 당해 식물을 특별한 디자인 (하기 참조)에 따라 이식하고 표준 과정에 따라 재배하였다. 식물 재배 동안에 식물은 종종 베미시아 이외의 기생충에 대해 보호될 필요가 있다. 화학적 처리는 베미시아의 집단 발육에 대해 최소의 영향만을 갖는 살충제로 실시하였다.

[0378] 2A.2 곤충 배양 및 접종

[0379] 베미시아 집단의 안정하고 균일한 발육을 보장하고 보다 엄격한 시험 조건을 수득하기 위해, 식물에 베미시아를 조기 접종하였다. 이를 위해 별도의 작은 플라스틱 온실을 사용하고 여기서 고추 작물을 표준 조건하에 재배하였다. 천연에 존재하는 베미시아 집단은 시험 물질을 접종하기 위해 사용하였다.

[0380] 2가지 방법이 접종을 위해 사용될 수 있다:

[0381] 1) 트랩 식물로서 호박을 사용하기 위해, 2 내지 3주된 호박 묘목을 작은 플라스틱 온실에 심고 베미시아를 4 내지 6시간 동안 배양하였다. 베미시아 성충은 호박을 강하게 선호하기 때문에 이들은 신속하게 호박 묘목으로 비행할 것이다. 베미시아 성충을 갖는 호박 식물을 이어서 플라스틱 백으로 주의깊게 포장하고 실험 터널로 이전시키고 식물상으로 균일하게 방출시킨다. 접종은 이식 후 약 10일에 개시하고 필요한 만큼 1 내지 2주 동안 계속할 수 있다.

[0382] 2) 트레이에서 재배된 어린 고추 묘목을 이식 4 내지 5일전에 온실에 심고 성충 베미시아가 어린 식물 상에 알을 낳도록 베미시아를 배양한다. 이후 당해 식물을 보다 큰 바이터널 (bitunnel)로 이식할 수 있다.

[0383] 2A.3 실험 디자인

[0384] 아가디르에서 대형 바이터널을 각각 약 2 x 150 식물의 8개 줄로 사용하였다. 각각의 줄에서 한 측면은 전착제 줄로 사용하고 민감한 엔트리 (현존의 F1, 예를 들면 Bikingo F1 또는 Vergasa F1, 또는 민감한 모계주)를 심었다. 줄의 다른 부분에는 시험 엔트리를 심었다. 시험 엔트리는 블록당 1개 이상의 식물/엔트리로 7개 이상의 블록 각각에서 완전히 무작위화하였다.

[0385] 2A.4 데이터 수집

[0386] 베미시아 발육은 각각의 줄에서 동일거리의 위치상의 5개 전착제 줄 식물 (식물 1, 38, 75, 112, 150)을 평가함에 의해 주마다 또는 격주마다 전착제 줄에서 모니터링하였다. 최종 평가는 일반적으로 제1 열매가 무르익는 시점에서 (이식 후 3 내지 4개월) 모니터링된 전착제 식물의 평균 감염이 대략 4 (표 1)인 경우 수행하였다.

[0387] 중증도를 평가하기 위해, 1 내지 9의 스케일을 사용하였다 (표 1). 식물의 배축 측면을 조사하고 약 5개 최악으로 영향받은 잎의 평균을 스케일 1 내지 9에 따라 평가하였다. 모든 시험 식물은 당해 방식으로 스코어를 평가하였다.

표 1

[0388] WF-내성에 대한 평가 스케일

스케일	WF 설명	번데기 수[1]
9	번데기 없음	0
8	번데기 거의 없음	1-5
7	잎에 불규칙하게 산재해 있는 몇몇 번데기	5-20
6		20-50

5	잎에 보다 규칙적으로 분포되어 있는 중간 정도의 번데기 수	50-100
4		100-200
3	잎에 조밀하게 밀집된 많은 번데기 (검은곰팡이 존재함)	200-400
2		400-700
1	식물이 번데기로 완전히 덮이고 곰팡이가 많이 나며 종종 성장이 정지됨	700-1000
[1]: 잎당 번데기 수의 평가: 속빈 번데기 수 및 성숙한 번데기		

[0389] 2A.5 데이터 분석

[0390] 데이터는 시험 엔트리당 평균을 계산하고 민감한 엔트리 (예를 들어, 민감한 전착제 줄 또는 기타)와 비교하여 분석하였다. 평균 (예를 들어, LSD)의 다중 비교는 시험 엔트리가 상호적으로 상이하고 민감한 대조군과 상이한 경우를 지시한다.

[0391] 2 A.6 결과

[0392] 2A.6.1 내성 시험

[0393] 표 2는 기탁된 식물주 061M4387 (QTL1 (본원에서 염색체 3상의 QTL로서 언급됨) 및 QTL2 (본원에서 염색체 5상의 QTL로서 언급됨)를 함유함, 실시예 3 참조)의 아가디르 (모로코)에서 베미시아 스크리닝, 이의 2개의 선조 및 내성 공여체에 대한 몇몇 결과를 보여준다. 육종 이력은 실시예 1에서 설명하였다. 기탁된 식물주 061M4387은 표준 민감한 변종 또는 식물주와 비교하여 다양한 곤충 압박, 계절 및 조건하에 상당히 우수한 것으로 입증되었다.

표 2

기탁된 식물주 061M4387 및 이의 몇몇 선조에 대한 시험 결과

엔트리	내성 식물주	민감한 대조군[1]		시험	주의
CGN16975 (공여체)	매우 내성*				*육종 시험에서 육안으로 스코어를 평가함
BC1F3	매우 내성*	매우 민감*		2002년 봄	
	평균 n	평균	LSD[2]		
CGN16975 (공여체)	8.8 20	6.6	0.4	2002년 12월	곤충 압박이 상대적으로 낮음
BC1F4	8.5 20				
기탁된 식물주	평균 n	평균	LSD		
061M4387	8.0 7	4.2	1.2	2005년 8월	중간 내지 높은 곤충 압박
061M4387	6.4 7	3.0	1.5	2005년 11월	매우 높은 곤충 압박
061M4387	6.7 20	3.8	0.6	2006년 6월	높은 곤충 압박
061M4387	8.0 10	5.2	1.4	2007년 2월	중간 정도의 곤충 압박

[1]상기 시험에서 Vergasa F1, Bikingo F1 또는 모계 식물주(모두 민감성)를 민감한 대조군 및 전착제 줄 둘다로서 사용한다.
[2]LSD 간격(P<0.05)은 시험에 포함된 많은 엔트리의 평균 비교를 기준으로 한다 (나타내지 않음).

[0394]

[0395] 2A.6.2 내성과 연관된 QTL 확인

[0396] 표 3은 내성과 연관된 QTL을 확인할 목적으로 BC2F2로부터 발육된 333개 DH 식물주 세트의 스크리닝 결과를 보여준다 (실시예 1 및 3 참조). 2개의 시험은 DH-식물주에 대해 수행하였다: 시험 1은 2005년 봄에 심었고 8월에 스코어를 평가하였고 제2 시험은 2005년 9월에 심었고 11월에 스코어를 평가하였다. 8월에 평균 감염은 11월과 비교하여 낮았다 (표 3). 11월 시험에서 온실에서의 몇몇 반점은 매우 높은 곤충 압박을 가졌고 결과로서 어떠한 신임할 수 있는 표현형이 수득될 수 없었다. 따라서 당해 반점은 당해 분석으로부터 배제하였다.

[0397] 2개의 QTL을 확인하였다 (실시예 3 참조). 염색체 3상의 QTL (QTL1)은 최대의 LOD 값 (50 이하)을 가졌고 염색체 5상의 QTL (QTL2)는 보다 작은 LOD 값 (5 이하)을 가졌다.

[0398] 플랭킹 마커를 기준으로 69개 DH-식물주는 어떠한 QTL을 갖지 않았고 57개 DH 식물주는 QTL1만을 가졌고 38개

DH 식물주는 QTL2만을 갖고 63개 DH 식물주는 QTL1 및 QTL2를 함께 소유한 것으로서 확인되었다.

[0399] 2개의 시험에서 QTL1의 효과는 상당하였고 8월 시험에서 1.3 스케일 단위로 평가되었고 11월 시험에서는 1.9 스케일단위로 평가되었다 (표 3). 8월에 보다 낮은 감염으로 인해 많은 식물주는 식물주 간에 차이를 능히 최소화하는 천정값에 도달하는 7 내지 8의 스코어를 나타냈다. 11월 시험에서 식물주 간의 차이는 보다 높은 감염 수준으로 인해 보다 컸다.

[0400] QTL2의 효과는 11월 시험과 비교하여 8월 시험 (0.6 스케일 단위)에서 보다 현저하였다.

표 3

내성과 연관된 QTL을 확인할 목적으로 BC2F2로부터 발육된 333개의 DH 식물주 세트의 스크리닝 결과

	QTL 없음	QTL1	QTL2	QTL1&2
8월	5.9a*	7.2c	6.5b	7.6d
11월	4.1a	6.0b	4.3a	6.1b
평균	5.0	6.6	5.4	6.8

*: 유사한 문자는 관찰 기간내에 어떠한 통계학적 차이(LSD, P<0.05)도 나타내지 않는다.

[0401]

[0402] 2A.6.3 5개 BC3 계통에서 QTL1 효과의 시험

[0403] 상이한 배경 계통에서 QTL1의 효과를 평가하기 위해, 5개의 BC3은 5개의 상이한 BC-모계와 QTL1을 함유하는 유도체 내성 주로 제조하였다. 이들 BC3으로부터 유래된 556개 DH-주는 QTL1에 대해 유전자형 분류하였고 이전에 기재된 동일한 조건하에 아가디르 (2007년 2월, 표 4)에서 시험하였다. QTL1의 효과는 상이한 계통에 대해 1.8 내지 2.3 스케일 단위 사이에서 평가하였고 QTL1의 상당한 효과를 확인시켜 주었다 (이원 ANOVA, 평균 제곱 QTL1 = 521.3, F = 698.7, P < 0.001, 계통과 QTL1 존재간에 어떠한 상호작용도 없었다).

표 4

2007년 2월 아가디르에서 시험된 5개 BC3 계통에서 베미시아 감염에 대한 QTL1의 효과

계통	QTL1 존재	평균	n	차이
1	QTL 없음	5.2	51	1.8
	QTL1	7.0	46	
2	QTL 없음	4.7	47	2.0
	QTL1	6.8	38	
3	QTL 없음	5.2	60	2.1
	QTL1	7.3	145	
4	QTL 없음	4.9	37	2.2
	QTL1	7.2	57	
5	QTL 없음	4.9	42	2.3
	QTL1	7.3	33	
		합계	556	

[0404]

[0405] 2A.6.4 공여체 CGN16975와 2개 엘리트 고추 식물주의 교배로부터 유래된 60개 DH 식물주 세트에서 베미시아 손상에 대한 QTL 1 및 2의 효과 시험.

[0406] 내성 야생형 수탁번호 CGN16975의 초기 공급원을 2개의 엘리트 식물주 (A 및 B)와 교배시켰다. 이들로부터 총 60개 이반수체 식물주 (A주로부터 34개 및 B주로부터 26개)에서 2개의 F1이 유래되었다. 이들 식물주중 58개는 베미시아 내성에 대해 대부분 2배 (2003년 12월과 2004년 12월간에)인 것으로 시험되었다.

표 5

야생형 수탁번호 CGN16975와 2개의 엘리트 고추 식물주간의 F1으로부터 유래된 작은 DH 집단에서 베미시아 내성에 대한 QTL 1 및 2의 평가된 효과. 2회 시험에 대한 평균값을 제시한다.

	QTL 없음 n=11	QTL1 n=17	QTL2 n=17	QTL1&2 n=13
평균	4.0a*	5.9.0b	5.1ab	5.9b

*유사한 문자는 어떠한 유의적인 차이도 나타내지 않는다(ANOVA 이후, 피셔(Fisher)의 최소 유의차 방법 LSD로 평균을 비교함, P<0.05).
** P=0.06에서 QTL 없음과 유의적인 차이가 있음

[0407]

[0408] QTL1의 효과는 약 1.9 스케일 단위에 대해 평가되고 QTL 2의 효과는 이들 집단에서 1.1 스케일 단위에 대해 평가되었다.

[0409] 2B 총채벌레 내성 - 시험 프로토콜

[0410] 2B.1 식물 재배

[0411] 식물은 표준 이탄 토양에서 파종하고 14일 후 7x7x8xcm 팟에 이식하였다. 당해 식물을 20℃/18℃에서 및 16시간/18시간 낮/밤에서 온실에서 성장시켰다. 대략 파종 1개월 후에, 총채벌레가 케이지를 이탈하는 것을 막기 위해 나일론 메쉬 (0.07x0.27mm)로 보호된 1x1x1m 케이지로 이동시키고 각각의 경우 400 내지 500개 총채벌레가 방출된다. 이것을 1주 후에 반복하여 높은 곤충 압박이 보장되도록 한다. 제1 접종 3 내지 4주 후 관찰을 수행하였다.

[0412] 2B.2 곤충 배양 및 접종

[0413] 총채벌레의 생존가능한 배양을 유지하고 내성 실험을 위해 사용하였다.

[0414] 배양물로부터 400 내지 500개 총채벌레 (성충 및 유충 둘다를 포함하는)를 표준 곤충 흡입 장치를 사용하여 바이알에 수거하였다. 총채벌레를 갖는 당해 바이알을 이어서 시험 케이지에서 방출시켰다. 접종 후 온도를 계속 (낮/밤)해서 24℃로 상승시켰다.

[0415] 2B.3 실험 디자인

[0416] 각각의 케이지에서 하나 이상의 내성 대조군 (바람직하게는 CGN16975) 및 하나 이상의 민감한 대조군 (예를 들어, Roxy F1 및/또는 Snooker F1)을 심었다. 총 57개의 식물을 단일 케이지에 심을 수 있다. 당해 식물 (대조군 식물을 포함)을 각각의 케이지에 대해 무작위로 심었다. 베미시아에 대해 시험된 DH 식물주 (상기 실시예 1 참조)를 당해 방식으로 총채벌레 내성에 대해 시험하였다. 식물주당 (최대) 12개 식물과 함께 모든 333개 DH 식물주를 시험하기 위해 7회 연속 실험을 수행하였다.

[0417] 2B.4 데이터 수집

[0418] 최종 평가는 민감한 대조군 식물의 평균 감염이 3 내지 4인 경우 수행하였다 (표 6). 일반적으로 이것은 접종 3 내지 4주 후에 도달한다.

[0419] 은색화 손상을 평가하기 위해, 1 내지 9의 스케일을 사용하였다 (표 6). 식물 잎의 배축 측면을 조사하고 약 2 내지 3개의 최악의 영향받은 잎의 평균은 1 내지 9 스케일에 따라 평가하였다. 모든 시험 식물은 당해 방식으로 스코어를 평가하였다.

표 6

[0420] 프랭클리니엘라 옥시덴탈리스에 의해 유발된 은색화 손상에 대한 평가 스케일

스케일	총채벌레 손상 설명	은색화 %[1]
9	은색화 손상 없음	0
8	작은 반점	<0.1
7	특히 잎의 중간 엽맥 또는 잎 가장자리 근처에서 몇몇 작은 반점	0.1-1
6		1-2
5	잎에 보다 규칙적으로 분포된 중간 정도의 반점 수	3-5
4		6-10
3	잎 전체에 분포하여 존재하는 많은 큰 은색화 반점	11-20
2		21-40
1	매우 심한 은색화, 잎의 상당한 부분이 손상됨	>40
[1]: 2 내지 3개의 가장 영향받은 잎의 은색화 %에 대한 평가		

[0421] 2B.5 데이터 분석

[0422] 데이터는 시험 엔트리당 평균값을 계산하고 민감한 엔트리 (예를 들어, Roxy F1 및/또는 Snooker F1)와 비교하여 분석하였다. 평균값 (예를들어, LSD)의 다중 비교는 시험 엔트리가 상호간에 및 민감한 대조군으로부터 상이한지를 지시한다.

[0423] 2B.6 결과

[0424] 2B.6.1 내성 시험

[0425] 표 7은 CGN16975, 2개의 민감한 대조군 (Roxy F1 및 Snooker F1) 및 QTL1 및 QTL2를 소유하는 기탁된 식물주 061M4387의 결과를 예로서 보여준다. 각각 약 12식물/엔트리인 3개의 독립적인 시험 평균값이 주어진다. 기탁된 식물주는 2개의 민감한 대조군 식물주 Snooker F1 및 Roxy F1과 비교하여 상당히 적은 은색화를 나타냈으나 공여체 CGN16975와 비교하여 보다 많은 은색화를 나타내었다. 이것은 기탁된 식물주가 표준 변종과 비교하여 상승된 수준의 내성을 가짐을 지시한다.

표 7

기탁된 식물주 061M4387, CGN16975 및 2개의 민감한 변종(Roxy F1 및 Snooker F1)의 표현형검사 결과.

엔트리	n	은색화*
Snooker F1	36	3.5a
Roxy F1	36	3.8a
061M4387	31	5.8b
CGN16975	36	7.3c

* 유사한 문자는 어떠한 유의적인 차이도 나타내지 않는다 (ANOVA 이후, 피셔(Fisher)의 최소 유의차 방법 LSD로 평균을 비교함, P<0.05)

[0426]

[0427] 2B.6.2 총채벌레에 대한 내성과 연관된 QTL 확인

[0428] 333개 DH 식물주 (실시예 1 참조)에 대한 QTL-분석 (실시예 3 참조)은 염색체 5상의 QTL을 밝혔고 LOD 값은 12 이하이다. 당해 QTL은 베미시아 QTL 맵핑에서 확인된 QTL2와 동일한 영역에 위치하였다 (실시예 2A.6 참조). 염색체 5상의 베미시아에 대한 QTL과 총채벌레에 대한 QTL은 동일한 염색체 영역상에 위치한다. 이것은 베미시아 및 총채벌레 둘다에 대한 효과를 갖는 단일 QTL 또는 2개의 연결된 QTL일 수 있다.

[0429] 2B.6.3 BC2F2로부터 발육된 333개 DH 식물주 세트에서 총채벌레 손상에 대한 QTL2의 효과 시험

[0430] 총채벌레 QTL의 효과는 큰 333개의 DH 세트를 기준으로 베미시아 (2A.6 참조)에 대해 수행된 것과 유사하게 평

가하였다. QTL은 약 0.8 스케일 단위의 상당한 효과를 나타내었다 (표 8).

표 8

333개 DH 식물주의 큰 BC2F2 집단(가능한 재조합체는 배제되었다)에서 총채벌레 손상(은색화)에 대한 QTL2의 평가된 효과

	QTL 없음 n=122	QTL2 n=91
은색화	4.5	5.3*

* 유의적인 차이 (t-시험, t=-8.29, P<0.001).

[0431]

[0432] 2B.6.4 공여체 CGN16975와 2개의 엘리트 고추 식물주의 교배로부터 유래된 60개 DH 식물주 세트에서 총채벌레 손상에 대한 QTL2의 효과 시험.

[0433] 2개의 엘리트 식물주 (A 및 B, 섹션 2A.6.4 참조)와 교배된 수탁번호 CGN16975로부터 유래된 60개 DH 식물주의 동일 세트의 53개 DH 식물주를 총채벌레 시험에 2회 적용하고 QTL2의 존재 여부에 대해 검사하였다.

[0434] QTL2는 2B.6.3에서 기재된 큰 333개 DH 세트에서와 같이 상응할만한 수준 (표 8)으로 1.0 스케일 단위의 상당한 효과 (표 9)를 보여주었다.

표 9

야생형 수탁번호 CGN16975와 2개 엘리트 고추 식물주간의 F1으로부터 유래된 작은 DH 집단에서 총채벌레 손상(은색화)에 대한 QTL 2의 평가된 효과

	QTL 없음 n=26	QTL2 n=27
은색화	4.3	5.3*

* 유의적인 차이 (t-시험, t=-3.86, P<0.001).

[0435]

[0436] 실시예 3: QTL 맵핑

[0437] 3.1 베미시아 내성에 대한 QTL 맵핑

[0438] 적당한 성장 조건과 조합된 실시예 2A에 상기된 정량적 생분석을 사용하여 베미시아 내성에 대한 공급원을 확인하였다. 베미시아 내성에 대해 분리되는 집단은 공여체 고추 식물을 민감한 수용체 고추 식물과 교배시켜 생산하였다. 총 333개 DH 식물주로 이루어진 분리 집단은 베미시아 내성에 기여하는 QTL의 확인을 위해 제조하였다. DNA는 각각 표준 프로토콜 후 DH 식물주의 8개 개별 식물 및 집단의 모계 식물의 잎 풀로부터 추출하였다. 당해 집단의 모계는 수백개의 SSR을 사용하여 스크리닝함으로써 모계간에 다형성인 SSR을 확인하였다. 후속적으로 DH 집단은 확인된 다형성 SSR 마커를 사용하여 유전자형 분류되었다. 이와같이 수득된 분리 데이터를 기준으로 통상적으로 사용되는 소프트웨어 Mapmaker 및 Joinmap을 사용하여 분자 마커 맵을 제조하였다. 마커는 집단의 모계간의 다형성 게놈 영역을 나타낸다.

[0439] QTL 맵핑, 즉 유전자형 및 표현형 데이터의 공동 분석은 QTLCartographer 소프트웨어를 사용하여 수행하였다. 베미시아 내성에 연관된 것으로 입증된 염색체 3상의 QTL을 포함하는 상이한 염색체에 위치하는 QTL을 확인하였다. QTL은 유전자 맵상에 위치한 마커 및 QTL 영역에 위치하는 것으로 공지된 마커의 마커 대립형질 유전자를 수단으로 특징 분석하였다. 이로써 다중 내성 부여 DNA 서열의 위치가 확립되었다. 베미시아에 대한 내성과 연관된 QTL의 세부사항, 즉 QTL 영역에 위치된 플랭킹 마커 및 마커는 표 10에 나타낸다.

[0440] 3.2 총채벌레 내성에 대한 QTL 맵핑

[0441] 상기 실시예 3.1에 기재된 바와 같은 동일한 방법을 사용하여 총채벌레 내성과 연관된 QTL을 맵핑하였다.

[0442] 총채벌레 내성에 연관된 것으로 입증된 QTL은 염색체 5상에서 확인하였다. QTL은 유전자 맵상에 위치한 마커 및

QTL 영역에 위치하는 것으로 공지된 마커의 마커 대립형질 유전자를 수단으로 특징 분석하였다. 이로써 다중 내성 부여 DNA 서열의 위치가 확립되었다. 총채벌레에 대한 내성과 연관된 QTL의 세부사항, 즉 QTL 영역에 위치된 플랭킹 마커 및 마커는 표 11에 나타낸다.

표 10

베미시아에 대한 내성과 연관된 QTL의 세부 사항, 즉 플랭킹 마커 및 QTL 영역에 위치한 마커

베미시아 내성 QTL #	염색체 #	마커 유전자좌 연결된 마커	정방향 프라이머	정방향 프라이머 서열 ID 번호	역방향 프라이머	역방향 프라이머 서열 ID 번호
1	3	1 LM1001	TGCTGGGAAAGATCT CAAAAGG	서열번호 1	ATCAAGGAAGCAAACCA ATGC	서열번호 2
1	3	2 LM 1002	GCAGCGTTACCAAAT AACCG	서열번호 3	TGTTTGCTATTCAATATA TGCTTTGA	서열번호 4
1	3	3 LM 1003	GGAAGCTTAGCCACA CATC	서열번호 5	ACCATATTTCCGACTTTG AAC	서열번호 6
1	3	4 LM 1004	TCCATCATCGACTGG AGAC	서열번호 7	TGTTCAATTGGCTTCTGT G	서열번호 8
1	3	5 LM 1005	GCAAGTAGAACAAAG GGTAGG	서열번호 9	TATTTGAAGGTTGTGCG AC	서열번호 10
1	3	6 LM 1006	TCATCACATTCACTT CATTTTC	서열번호 11	TTGATTCATTTCAGATAG TTCAAG	서열번호 12

[0443]

표 11

총채벌레에 대한 내성과 연관된 QTL의 세부 사항, 즉 플랭킹 마커 및 QTL 영역에 위치한 마커

베미시아/총채벌레 내성 QTL#	염색체 #	마커 유전자좌 연결된 마커	정방향 프라이머	정방향 프라이머 서열 ID 번호	역방향 프라이머	역방향 프라이머 서열 ID 번호
2	5	7 LM 2001	CTTTGGAGGTAGCG GTATG	서열번호 13	CAACAAACGAACCACAA TG	서열번호 14
2	5	8 LM 2002	CCCGTTTACAAGCA AAGAG	서열번호 15	GACCCCTGAAGAACCTC TC	서열번호 16
2	5	9 LM 2003	TCTCTTGTCAGACA CGTCG	서열번호 17	CTTCTTGGAGGCATTTTT G	서열번호 18
2	5	10 LM 2004	TGTAGGATTACAAG AACATTATCG	서열번호 19	GCGAGCTATTACACCGA AG	서열번호 20
2	5	11 LM 2005	TAGGTGGGAATACA CTGGG	서열번호 21	CCCAGATCTACCAAGGA GTC	서열번호 22
2	5	12 LM 2006	TCGGCCTGACTAGT ATTGAC	서열번호 23	CGGGTACCAGATGTAGG G	서열번호 24
2	5?	13 LM 2007	ATCGTGAGGTGAGT ACGAG	서열번호 25	TACCTACATACCCCCACC C	서열번호 26

[0444]

[0445] 기탁

[0446] 출원인은 2006년 8월 10일 유효일에 기탁기관[NCIMB Ltd, Ferguson Building, Craibstone Estate, Bucksburn, Aberdeen, AB21 9YA1 Scotland]에 수탁번호 NCIMB 41428하에 카프시쿰 아눔 식물주 061M4387의 2500개 이상의 종자를 기탁하였다.

[0447] 상기 발명은 명백하게 이해할 목적으로 설명 및 실시예를 통해 상세하게 기재하였다. 그러나, 단일 유전자 변형 및 돌연변이와 같은 특정 변화 및 변형, 본 발명의 근교계 등의 식물의 큰 집단으로부터 선택된 체세포 클로날 변이체, 개별 변이체가 첨부된 청구항의 범위에서만 제한되는 바와 같이 본 발명의 범위내에서 수행될 수 있음은 명백할 것이다. 따라서, 상기 발명은 본원에서 일부 상세하게 기재하였지만 변화 및 변형이 첨부된 청구항의 범위에 의해서만 제한되는 바와 같이 본 발명의 범위내에서 수행될 수 있음은 명백할 것이다.

[0448] 본원에 인용된 모든 참조문헌은 이의 전반적인 내용이 본원에 참조로서 인용된다.

서 열 목 록

<110> Syngenta Participations AG
<120> Insect resistant plant

<130> N1070 PCT BS

<150> EP 07290556.5
<151> 2007-05-02

<150> EP 07119649.7
<151> 2007-10-30

<160> 26

<170> KopatentIn 1.71

<210> 1
<211> 22
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 1
tgctgggaaa gatctcaaaa gg 22

<210> 2
<211> 21
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 2
atcaaggaag caaaccaatg c 21

<210> 3
<211> 20

<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 3
gcagcgttac caaataaccg 20

<210> 4
<211> 26
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 4
tgtttgctat tcaatatatg ctttga 26

<210> 5
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 5
ggaagcttag ccacacatc 19

<210> 6
<211> 21
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 6
accatatttc cgactttgaa c 21

<210> 7
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 7
tccatcatcg actggagac 19

<210> 8
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 8
tgttcaattg gcttctgtg 19

<210> 9
<211> 21
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 9
gcaagtagaa caaagggtag g 21

<210> 10
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 10
tatttgaagg ttgtgcgac 19

<210> 11
<211> 22
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 11
tcatcacatt cacttcattt tc 22

<210> 12
<211> 24
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 12
ttgattcatt tcagatagtt caag 24

<210> 13
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 13
ctttggaggt agcggtatg 19

<210> 14
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>

<223> Capsicum annuum

<400> 14
caacaaacga accacaatg 19

<210> 15
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 15
cccgtttaca agcaaagag 19

<210> 16
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 16
gacccctgaa gaacctctc 19

<210> 17
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 17
tctcttgtca gacacgtcg 19

<210> 18
<211> 19
<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 18
cttcttggag gcatttttg 19

<210> 19
<211> 24
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 19
tgtaggatta caagaacatt atcg 24

<210> 20
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 20
gcgagctatt acaccgaag 19

<210> 21
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 21
taggtgggaa tacactggg 19

<210> 22
<211> 20
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 22
cccagatcta ccaaggagtc 20

<210> 23
<211> 20
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 23
tcggcctgac tagtattgac 20

<210> 24
<211> 18
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 24
cgggtaccag atgtaggg 18

<210> 25
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 25

atcgtgaggt gagtacgag 19

<210> 26
<211> 19
<212> DNA
<213> artificial sequence

<220>
<223> Capsicum annuum

<400> 26
tacctacata cccccaccc 19