



“밀식 재배에 유리한 호박 육종 빨라진다” 관련 분자표지 개발

- 농촌진흥청, 동양계 호박의 잎 갈라짐 여부 판별하는 분자표지 2종 개발
- 빛 이용 효율과 통풍 고려한 밀식 재배용 품종 개발에 활용 기대
- 특허등록 완료, 민간 종자기업 기술이전으로 디지털 육종 지원

호박의 잎 모양은 햇빛을 받거나 통풍에 영향을 주는 중요한 육종 형질이다. 특히 잎 가장자리가 깊게 갈라진 호박은 빛이 잘 들고 바람이 잘 통해 밀식 재배*에 적합한 품종 개발에 활용 가치가 크다.

* 작물을 좁은 간격으로 촘촘히 심어 생산성을 높이는 방식

농촌진흥청(청장 이승돈)은 동양계 호박의 잎 가장자리 갈라짐(결각) 여부를 모종 단계에서 미리 판별할 수 있는 분자표지* 2종을 개발했다.

* 분자표지: 작물의 특정 형질과 관련된 DNA 차이를 확인해 원하는 특성을 지닌 개체를 신속하게 선발하는 데 활용하는 기술



결각형



비결각형

- 왼쪽처럼 잎 가장자리가 깊게 갈라진(결각형) 호박은 빛이 잘 들고 바람이 잘 통해, 밀식 재배 적합 품종을 개발하는 데 활용 가치가 큼

동양계 호박(*Cucurbita moschata*)은 국내에서 널리 재배하는 호박의 한 종류다. 잎 모양은 가장자리가 깊게 갈라져 여러 갈래로 나뉜 결각형과 갈라짐이 거의 없이 넓고 둥근 모양을 띠는 비결각형으로 구분된다.

결각형 잎은 잎 사이의 겹침과 그늘을 줄여 아래쪽 잎까지 빛이 잘 닿도록 도와준다. 또, 바람이 잘 통해 병 발생을 줄임으로써 밀식 재배용품종 개발에 활용 가치가 크다. 다만, 모종 초기 단계에서는 잎이 아직 충분히 자라지 않아 갈라짐의 유무가 뚜렷이 나타나지 않을 수 있다. 이 때문에 원하는 잎 모양을 눈으로 정확히 가려내려면, 파종 후 본잎이 더 자랄 때까지 2개월가량 기다려야 한다.

연구진은 동양계 호박 유전자원 167점의 유전체 정보를 분석해 신뢰도 높은 유전변이(단일염기다형성*) 1만 528개를 확보했다. 잎 모양 정보와 유전체 정보를 비교하는 전장유전체연관분석**을 수행한 결과, 동양계 호박 3번 염색체에서 잎의 갈라짐 유무와 가장 밀접한 관련이 있는 변이를 찾아냈다.

* 단일염기다형성(SNP): 유전체의 같은 위치에서 개체에 따라 DNA를 구성하는 염기 하나가 다르게 나타나는 유전변이

** 전장유전체연관분석(GWAS): 유전체 전반의 유전변이와 관찰한 특성을 비교해 특정 형질과 관련된 위치를 찾는 분석 방법

이를 바탕으로 잎의 갈라짐 유무를 구별할 수 있는 분자표지 2종을 개발했다. 또, 처음 분석에 쓰지 않은 동양계 호박 자원 35점(결각형 20점, 비결각형 15점)에 적용해 두 분자표지의 판별 결과가 실제 잎 모양 35점과 모두 일치함을 확인했다.

이번 기술을 활용하면 종자 기업은 원하는 잎 모양을 가진 개체를 모종 초기 단계에서 미리 골라낼 수 있다. 즉, 밭에서 직접 잎을 확인하는 데 드는 시간과 노동력을 줄여 품종 개발 효율을 높일 수 있을 것으로 예상된다. 아울러, 유전체 정보를 품종 개발에 활용하는 디지털 육종의 실용적인 선별 도구로도 활용할 수 있다.

이번 연구 결과는 올해 6월 국제학술지 ‘Horticulture, Environment, and Biotechnology(HEB)*’에 게재됐고, 관련 기술은 특허등록*을 마쳤다. 한국농업기술진흥원과 종자 기업 3곳에 기술이전도 완료했다.

* ‘동양계 호박의 유전적 다양성과 원예적 특성에 관한 전장유전체 연관분석’이란 제목으로 게재

** 특허등록명(번호): 동양계 호박 잎 결각 유무 판별 위한 분자마커 및 이의 용도(제 10-2894566호), 총 기술이전 금액: 1,900만 원

농촌진흥청 국립원예특작과학원 채소기초기반과 장윤아 과장은 “이번 기술은 종자 기업이 원하는 잎 모양을 가진 호박을 더 빠르고 정확하게 선발하는 데 도움이 될 것이다.”라며 “앞으로도 육종 현장에 필요한 형질의 분자표지를 개발하고 현장 활용을 지원해 우리 종자 기업의 디지털 육종 역량을 높여 나가겠다.”라고 말했다.

붙임. 호박 잎 가장자리 모양과 분자표지 검정 결과, 주요 성과

담당 부서	국립원예특작과학원 채소기초기반과	책임자	과 장	장윤아 (063-238-6600)
		담당자	연구사	이은수 (063-238-6671)
농촌진흥청에서 연구·개발한 농업의 모든 것 농사로				



○ 동양계 호박 잎 가장자리 모양에 따른 구분

- 결각형: 잎 가장자리가 안쪽으로 깊게 들어가 여러 갈래로 나뉜 모양
- 비결각형: 깊은 갈라짐 없이 넓고 둥근 윤곽을 이루는 모양
- * 결각은 잎 가장자리가 안쪽으로 들어가 형성된 갈라진 부분을 의미



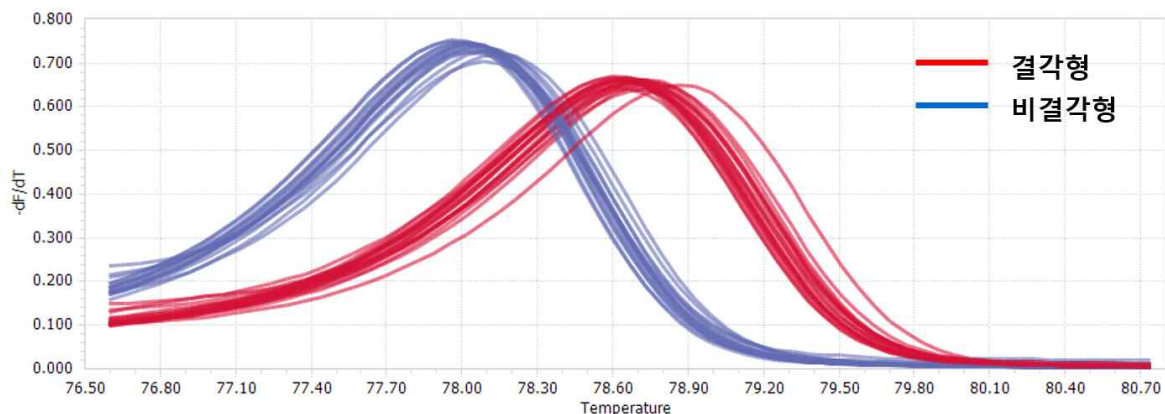
결각형



비결각형

○ 잎 결각 연관 분자표지 2종(HRM·KASP) 검정 결과

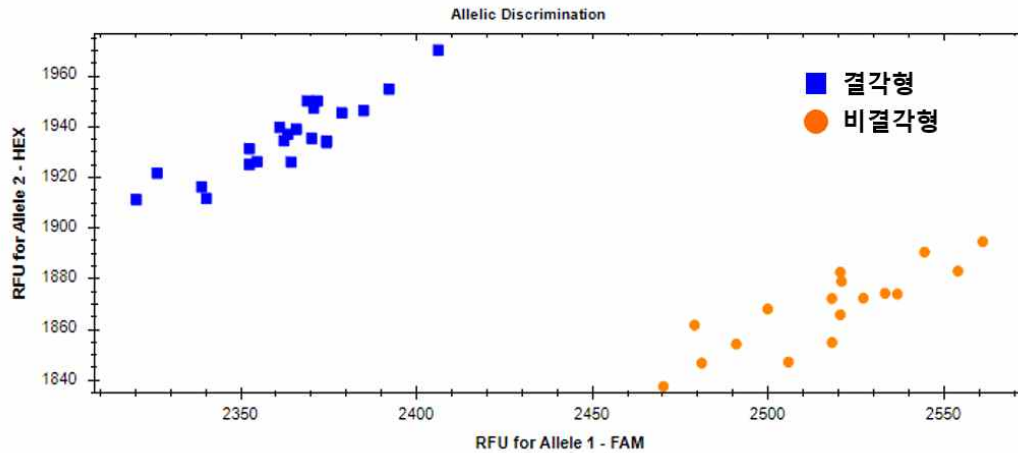
- 잎 결각과 연관된 변이 기반으로 HRM¹⁾과 KASP²⁾ 분자표지를 제작했으며, 35개 자원을 검정한 결과 분자표지 판별 결과가 실제 잎 모양과 모두 일치하였음(결각형 20점, 비결각형 15점)



HRM 분자표지 검정 결과

1) HRM(high-resolution melting): 온도가 증가하면서 DNA 이중나선에 결합한 형광(fluorescent dye)의 양이 감소하는데, 이때 염기 서열의 변이의 종류(SNP 등)에 따라 용융 곡선(melting curve) 달라지는 원리를 이용해 유전형을 판별하는 분자표지 기술

2) KASP(Kompetitive allele specific PCR): DNA의 중합효소연쇄반응(PCR) 후, 대립유전자별로 나타나는 두 종류의 형광 신호를 탐지해 유전자형을 신속하게 판별하는 분자표지 기술



KASP 분자표지 검정 결과

○ 주요 성과(논문과 특허)

Horticulture, Environment, and Biotechnology (2026) 67:587–599
https://doi.org/10.1007/s13580-026-00808-0

RESEARCH REPORT

Genetic diversity and genome-wide association study of horticultural traits in pumpkins (*Cucurbita moschata*) originating from East Asia

Eun Su Lee¹ · Yoon Jeong Jang¹ · Ye-Rin Lee¹ · Oakjin Lee¹ · Hee-Bum Yang² · Hye-Eun Lee¹ · Koeun Han¹ · Do-Sun Kim¹

Received: 19 August 2025 / Revised: 23 January 2026 / Accepted: 3 February 2026 / Published online: 10 March 2026
© The Author(s), under exclusive licence to Korean Society for Horticultural Science 2026

Abstract

Pumpkin (*Cucurbita moschata*) is an important crop used both for consumption and as a cucurbit rootstock. We evaluated the genetic diversity and performed a GWAS on 167 accessions, mostly from East Asia, using 10,528 high-quality SNPs obtained by genotyping-by-sequencing. Four traits were investigated: fruit shape, fruit rind color, leaf lobes, and leaf silver patches. Phylogenetic, PCA, and population structure analyses divided the accessions into three subpopulations which were consistent with the classification based on geographical origin and usage. Pairwise genetic differentiation values indicated the greatest divergence between subpopulations 1 and 3 (0.161), while AMOVA showed that most genetic variation (86.5%) occurred within populations, suggesting frequent gene flow. GWAS of four traits detected 25 significant loci explaining 4.4–23.0% of phenotypic variation, of which 23 were novel and two overlapped with known regions. The strongest association was near *OmoCh05G011730*, an ortholog of *CpDIL* in *C. pepo*, a key regulator of leaf lobes. Based on leaf SNPs, HEM and KASP markers were developed and validated in 53 additional accessions, showing complete genotype-phenotype concordance and confirming their utility for marker-assisted breeding.

Keywords Pumpkin · Genotyping-by-sequencing · Genetic differentiation · Genome-wide association study · Marker-assisted seedling selection

1 Introduction

Pumpkin (*Cucurbita* spp., $2n=2x=40$) is an economically important vegetable belonging to the Cucurbitaceae family, which includes cucumbers, melons, watermelons, and gourds (Chomicki et al. 2020). Among these species, *Cucurbita moschata* is cultivated worldwide and consumed in the form of fruit, seeds, leaves, flowers, and young stems (Fu et al. 2006). The mature fruit is rich in nutrients, such as

carotenoids, phenolics, flavonoids, vitamins, amino acids, and carbohydrates (Zhang et al. 2000). Moreover, *C. moschata* is used as a rootstock for cucurbit grafting in Asia, parts of Europe, and the Middle East (Masuya et al. 2019). Rootstocks enhance plant vigor by allowing plants to escape soil pathogens and overcome replant failure (Ruiz et al. 1997).

The reference genome of *C. moschata* was completed and is available in the Cucurbit Genomics Database (CuGenDB) for sequence alignment (Sun et al. 2017). Although whole-genome resequencing is efficient for identifying SNPs, it is not always cost-effective. Genotyping-by-sequencing (GBS) is an effective method for genotyping a large number of SNPs and is a high-throughput approach based on a sequencing platform (De Donato et al. 2013; He et al. 2014). Genome-wide association studies (GWAS) are an effective way to determine the relationship between markers and traits in germplasm collections and breeding lines (Kore and Farlow 2013). This approach has the advantage of high mapping resolution based on historical recombination rather than QTL analysis using bi-parental populations (Zhang et

Eun Su Lee and Yoon Jeong Jang contributed equally to this work.

Communicated by Ju-Ho Huh.

✉ Do-Sun Kim
gsun@kshrc.kr

¹ Vegetable Research Division, National Institute of Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration, Wajun 55365, Republic of Korea
² Smartfarm Business Department, AtomyAZA CO., LTD., Gyeongsu 51588, Republic of Korea

Springer

게재 논문(2026년 6월호 출판)
Horticulture, Environment, and
Biotechnology (IF: 2.4, mrnIF: 72.97)

특허증

CERTIFICATE OF PATENT

특허 제 10-2894566 호
Patent Number

출원번호 제 10-2022-0166603 호
Application Number

출원일 2022년 12월 02일
Filing Date

등록일 2025년 11월 28일
Registration Date

발명의명칭 Title of the Invention

동양계 호박 잎 결각 유무 판별 위한 분자마커 및 의 용도

특허권자 Patentee

등록사항관에 기재

발명자 Inventor

등록사항관에 기재

위의 발명은 「특허법」에 따라 특허원부에 등록되었음을 증명합니다.

This is to certify that, in accordance with the Patent Act, a patent for the invention has been registered at the Ministry of Intellectual Property.

지식재산처
Ministry of
Intellectual Property

2025년 11월 28일

지식재산처장
MINISTER
OF INTELLECTUAL PROPERTY

김용선



QR코드로 현재/기존
등록사항을 확인하세요



특허등록증
(제10-2894566호, 2025. 11. 28.)