

지정학적 기원에 따른 밀 유전자원의 유전적 다양성

작물시험장 : 김 홍식*

미시간주립대학교 : R.W. Ward

Genetic Diversity among Wheat Germplasm Pools with Diverse Geographical Origins

National Crop Exp. Stn. : Hong-Sik Kim

Michigan State University: R.W. Ward

1. 연구목적

육종재료로서의 밀 유전자원의 효율적인 활용을 목표로 잠재하고 있는 유전적 다양성을 측정하고자 함

2. 재료 및 방법

가. 공시재료 : 재배지역별 또는 육종기관기원 및 일부 종실특성별로 분류한 총 21 개 집단의 밀 (*Triticum aestivum* L.) 유전자원 338 재래수집종/품종/계통

나. RFLP 특성분석

- 제한효소 : *Hind*III
- Probe : 밀 게놈 DNA, 보리 및 귀리의 cDNA로부터 작성된 클론중 밀 전체 게놈을 임의로 대표하는 30 개 clone 선정
- Southern blotting

다. 가계지수 분석

- 미국 동부지역기원의 연결겨울밀 22 품종/계통을 대상으로 가계(pedigree) 추적 및 데이터베이스화
- 라. 조사항목 : 다형현상의 비율, PIC(Polymorphic Information Content)값, 유전적 유사성지수 (Genetic Similarity, GS), 가계지수(Coefficient of Parentage, COP)

3. 결과 및 고찰

가. 밀 공시재료들의 RFLP 변이는 재래수집종 및 현재 재배중이거나 육성중인 계통/품종에 상관없이 유전적 균일성의 정도가 높았다.

나. 상대적 유전적 다양성의 정도는 터어키기원의 재래종집단에서 보다 높게 나타났다. 한편 과학적 육종체계에 의해 육성된 품종/계통집단들 가운데 미국 동부지역기원의 적종피색 형질을 지닌 연결겨울밀이 가장 높은 RFLP 변이를 보였다.

다. RFLP 에 따른 genotype 들간의 유전적 관계는 공통적인 지리적 기원, 육종역사 및 가계에 의해서 크게 좌우되었다.

라. 미국동부지역에서 재배중인 연결겨울밀 품종/계통들중 근연관계가 두드러진 백색종피의 품종/계통(평균 COP=0.51)은 적종피의 품종(평균 COP=0.15)보다 훨씬 낮은 유전적 변이를 보였다. 유전적 관계를 측정하는 척도로써 COP 는 RFLP 에 기초한 GS 와 유의하게 상관하였다 ($r = 0.73^*$)

Table 1. The frequencies of RFLPs in the 21 germplasm pools of common wheat. RFLPs in each germplasm pool were generated by the *Hind*III restriction enzyme and 30 cDNA and genomic DNA probes.

Germplasm pool*	No. of accessions	Total No. of bands	No. of monomorphic bands	Freq. of monomorphic bands	No. of unique bands	Freq. of polymorphic probes	No. of RFLP patterns per probe	No. of unique RFLP patterns	Mean PIC index [†]
AFG	19	186	125	0.670	3	0.533	2.83	17	0.25
IRAN	20	184	124	0.674	0	0.667	2.86	10	0.29
TUR	16	191	118	0.620	4	0.867	3.17	11	0.38
CHN_XR	8	176	140	0.800	3	0.533	1.97	8	0.24
CHN_TW	7	174	134	0.770	0	0.533	1.83	0	0.26
CHN_YH	10	168	140	0.833	0	0.367	1.72	2	0.18
CHN_SW	13	172	134	0.779	1	0.633	1.93	4	0.23
ODESSA	10	171	131	0.766	0	0.533	2.28	3	0.24
ROM	10	169	130	0.769	0	0.500	2.17	7	0.22
RUS	13	170	130	0.765	0	0.433	2.28	4	0.22
UKR	10	170	134	0.788	1	0.500	2.10	3	0.24
YUG	8	166	136	0.819	0	0.467	1.79	1	0.20
FRA	20	182	123	0.676	0	0.600	2.72	2	0.26
GER	11	178	130	0.730	1	0.467	2.28	3	0.24
US_ER	22	193	120	0.622	9	0.733	3.21	12	0.34
US_EW	16	168	134	0.798	0	0.533	1.83	1	0.19
US_MSU	22	174	135	0.776	0	0.533	2.17	1	0.21
US_GP	17	177	118	0.667	1	0.700	2.79	7	0.28
US_W	17	176	123	0.699	0	0.700	2.66	3	0.30
ARG	5	169	130	0.769	0	0.433	1.86	1	0.24
IWWSN	18	179	120	0.670	1	0.700	3.00	6	0.26

* AFG - Afghanistan; IRAN - Iran; TUR - Turkey; CHN_XR - Xinjiang Rice wheat (China); CHN_TW - Tibetan Weedrace (China); CHN_YH - Yunnan Hulled wheat (China); CHN_SW - Sichuan White wheat (China); ROM - Romania; RUS - Russia; UKR - Ukraine; YUG - Yugoslavia; FRA - France; GER - Germany; US_ER - Eastern U.S. SRW wheat; US_EW - Eastern U.S. SWW wheat; US_MSU - SWW wheat breeding lines from Michigan State University; US_GP - U.S. Great Plains; US_W - Western U.S. SWW wheat; ARG - Argentina; ODESSA - wheat breeding lines from Odessa research station; IWWSN - wheat breeding lines from International Winter Wheat Screening Nursery

[†] Mean PIC Index = $(\sum PIC_i) / \text{number of probes}$, where i is a probe.

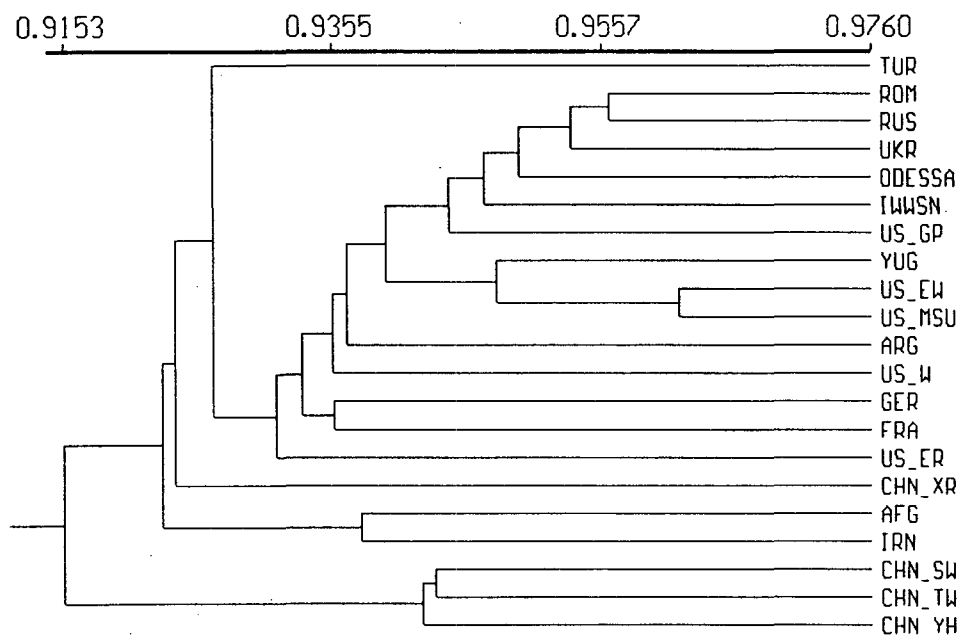


Figure 1. Dendrogram resulting from the cluster analysis of RFLP-based mean genetic similarity estimates within and between 21 germplasm pools