

찰옥수수 자식계통의 주요 품질특성과 관련된 SSR마커

정태욱* · 문현귀* · 손범영* · 김선림* · 김순권**†

*작물과학원, **경북대학교

SSR Marker Related to Major Characteristics Affected Kernel Quality in Waxy Corn Inbred Lines

Tae-Wook Jung*, Hyeon-Gui Moon*, Beom-Young Son*, Sun-Lim Kim*, and Soon-Kwon Kim**†

*National Institute of Crop Science, RDA, Suwon 441-857, Korea

**Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea

ABSTRACT This experiment was conducted to assess genetic diversity of waxy corn inbred lines and to identify SSR markers related to major characteristics affected kernel quality for improving waxy corn F₁ hybrid with good quality. Diversity of 64 waxy corn inbred lines was evaluated using 30 microsatellite markers. The 30 microsatellite markers representing 30 loci in the maize genome detected polymorphisms among the 64 inbred lines and revealed 225 alleles with a mean of 7.5 alleles per primer. The polymorphism information content (PIC) value ranged from 0.14 to 0.87, with an average of 0.69. Based on Nei's genetic distances, the 64 inbred lines were classified into 9 groups by the cluster analysis. The group I included 26 inbred lines (41%), other groups included 3 to 9 inbred lines. One-way analysis of variance was conducted to identify significant relationship between individual markers and major characteristics that affect kernel quality. The analysis showed that umc1019 was related to amylopectin and crude protein content, umc1020 to amylopectin content and peak viscosity, and bnlg1537 to 100-kernel weight, kernel length, and kernel width.

Keywords : maize, waxy corn, inbred line, kernel quality, SSR

옥수수는 잎의 길이가 길고 폭이 넓어 햇볕을 받는 면적이 많고 C₄ 식물로 탄소동화작용 능력이 우수해 세계 3대 작물 중에서도 가장 생산성이 높고 용도가 다양한 작물이다. 찰옥수수의 경우 1908년 중국에서 수집된 옥수수중에 배유의 형태가 불투명하면서 밀랍형태의 모양(waxy)이 발견되었다

는 보고를 통해 미국 등지에 알려지기 시작하였다(Collins, 1909). 이러한 찰옥수수는 9번 염색체에 위치한 단일열성 유전자인 wx 유전자에 의해 조절되며 발견된 원산지에 따라 Chinese waxy(wx-c)로 불리어 지기도 하여 찰옥수수의 원산지는 중국으로 알려져 있다(Coe *et al.*, 1988). 국내의 찰옥수수 유전자원은 다양하면서도 전 세계적으로도 그 품질이 우수하여 고품질의 찰옥수수 품종을 개발 할 수 있는 기본적 여건을 갖추고 있다. 하지만 그동안 국내에서의 찰옥수수 육종은 조기출하 하여 고소득이 가능한 조숙종 품종 개발 쪽으로 치우쳐져 이삭의 상품성이 높고 식미가 우수한 품종 개발, 수확 후 관리기술 개발 및 품질관련 기초연구에 대해서는 소홀히 해온 경향이였다. 홍 등(1994)은 국내에서의 찰옥수수 품질고급화를 위해서는 해외에서 많은 연구가 이루어지고 있는 단, 초당옥수수 보다는 전통적으로 재배되어 온 찰옥수수를 대상으로 질감성(tenderness) 개선 등 식미 개선과 영양가 증진을 위한 연구가 이루어 져야 한다고 주장하였다. 국내에서의 찰옥수수 품질에 관련된 연구는 대부분 씹힘성(chewiness)과 관련된 과피에 대한 연구가 대부분이었으나(최 등, 1993; 이 등, 1993; Purdy & Crane, 1967) 근래 들어 흰색과 검정색 찰옥수수의 품질관련 특성을 비교하거나(정 등, 2001) 찰옥수수 교잡종을 대상으로 식미와 관련된 주요특성들에 대해 분석하고자 하였으며(정 등, 2005a) 찰옥수수 자식계통들을 대상으로 식미관련 특성 및 계통분류를 시도하여 고품질 찰옥수수 육종을 위한 교배 모, 부분 선정의 기초자료로 이용하기도 하였다(정 등, 2005b). 하지만 찰옥수수의 품질과 관련된 분자마커의 이용에 관한 보고는 전무하기에 본 연구에서는 작물과학원에서 육성된 찰옥수수 자식계통들에 대하여 분자마커를 이용한 유전적

†Corresponding author: (Phone) +82-53-950-6707
(E-mail) kimsk@knu.ac.kr

다양성을 검토하고 식미관련 형질들과 연관되어있는 분자마커를 선발하여 품질육종의 효율성을 높이고자 수행하였다.

재료 및 방법

본 시험은 이미 보고된 바 있는 찰옥수수 자식계통 식미관련 특성 및 계통분류(정 등, 2005b) 연구와 연계된 시험이어서 64개 자식계통들의 종실특성, 이화학적 특성 및 아밀로그래프 분석의 주요결과(표 3, 4, 5)는 상기 논문의 자료를 이용하였기에 이의 자세한 시험방법에 대해서는 생략하였고 이러한 종실 품질특성과 관련된 SSR 마커 분석 및 SSR 마커를 이용한 자식계통들의 유전적 다양성에 관한 시험의 분석방법에 대해서만 보고하고자 한다.

SSR 마커 선발

많은 육종재료를 일일이 이화학적 성분분석을 하지 않고도 이와 관련된 분자마커를 탐색하여 고품질 찰옥수수의 선발지표로 활용하기 위하여 SSR 분석을 수행하였으며 이를 위해 옥수수 10개 염색체에 골고루 분포하는 전체 132개의 SSR 프라이머(Maize Genetics and Genomics Database, Research Genetics Co.)를 선택한 후 64개 찰옥수수 자식계통들에 대한 다형상과 재현성을 보이는 프라이머 30개를 선발하여 본 시험에 이용하였다.

옥수수 DNA 추출 및 PCR에 의한 DNA 증폭

품종별로 pot에서 재배한 옥수수의 어린잎을 2~3잎 정도 채취하여 액체질소에 급속 동결시켜 마쇄 후 15 ml tube에 3~4 ml 정도만 담아 마쇄한 시료가 녹기 전에 extraction buffer(5M NaCl 100 ml, 1M Tris-HCl 100 ml, 20% SDS 62.5 ml, 0.5M EDTA 200 ml, dH₂O make up to 1,000 ml, 3.8 g Na₂S₂)를 시료와 동량을 넣어주고 65°C water-bath에서 30분 동안 10분 간격으로 잘 섞어서 tube의 sample 용액과 똑같은 부피의 chloroform/isoamylalcohol(24/1)을 첨가한 후 20분간 shaking 해준 다음 3,000 rpm, 25~30분간 원심분리 하였다. 상등액을 새 tube에 옮겨 95% Ethanol을 sample량의 2~2.5배를 첨가시켜 DNA를 침전시킨 후 침전된 DNA를 hooked pipet으로 감아 올려서 1.5 ml tube에 옮겨 담고 세척을 위해 70% Ethanol 1 ml을 첨가한 후 tapping하였다. Ethanol을 조심스럽게 따라 버리고 37°C incubator에서 tissue에 싸서 1시간~1시간 30분정도 건조시킨 후 ethanol이 모두 휘산된 DNA에 TE buffer(pH8.0)를 sample당 100 µl씩 넣어서 DNA를 녹여 안정화시켰다. 완

전히 용해된 DNA에 Rnase 2.5 µl를 첨가한 다음 37°C incubator에 30분 정도 둔 후 추출된 DNA의 농도를 점검하기 위해 λDNA(#D-2510, Bioneer)를 함께 0.8% agarose gel에 loading하여 전기영동한 후 SSR 분석을 하기 위해 농도를 10 ng/µl로 조정하였다.

PCR을 하기위해 PCR plate에 한 sample당 10 ng genomic DNA 8 µl, PCR buffer(10×) 2 µl, MgCl₂(25 mM) 1.2 µl, dNTP(2.5 mM) 1 µl, Taq(5 u/µl) 0.2 µl primer F, R 각각 1 µl, dH₂O 5.6 µl를 첨가하여 total volume이 20 µl로 만든 후 증발을 막기 위해 각 hole마다 mineral oil을 한 방울씩 첨가하였다. PCR 온도 조건은 95°C에서 5 min incubation 후에 95°C에서 1 min, 55°C에서 1 min, 72°C에서 2 min의 35 cycle, 그리고 72°C에서 5 min 최종 incubation을 수행하였다. 증폭된 DNA는 4% acrylamide gel에서 전기영동한 후 silver staining(Panaud *et al.*, 1996)하여 APC film(promega)으로 사진촬영 하였다.

자료의 분석

각 SSR 마커의 밴드를 allele로 하여 그 개수를 구하였고 다양성의 정도를 알아보기 위해 PIC(Polymorphism Informative Content) value를(Anderson *et al.*, 1993) 산출하였다. 각 자식계통들 사이에서 전체 마커들에 대한 공통된 밴드를 나타낸 마커들의 비율에 따라 퍼센트 단위로 유전적 근연도를 구하였고(Nei & Li, 1979) 이를 바탕으로 NTSYS-pc 프로그램을 이용하여 UPGMA 방법으로 군집분석을 하였다. 그리고 microsatellite 마커와 식미관련 형질과의 연관 여부를 검토하기 위하여 일반선형모형(GLM)을 이용하여 one-way ANOVA 분석을 실시하였다. 분석시 제 1형의 오류를 줄이기 위해 $p=0.01$ 혹은 그 이하의 값을 보일 경우 유의성을 인정하였다.

결과 및 고찰

SSR 마커에 의한 찰옥수수 자식계통의 분류

작물과학원에서 육성한 찰옥수수 64개 자식계통의 genomic DNA 증폭에 의해 30개의 SSR 마커를 이용하여 표 2와 같이 전체 225개, 평균 7.5개의 밴드가 관찰되었고 64개 자식계통들은 모두 SSR 유전자좌에서 한개씩의 밴드를 보여 순수한 동형접합체 상태임을 알 수 있었다. 권 등(2002)은 몇 가지 벼 품종의 경우 사용된 SSR 마커 별로 일부 유전자좌에서 이형접합체 상태를 보인다고 하였는데 이러한 이유는 특정 유전자좌에서 이형접합 상태를 유지하는 것이

Table 1. List of tested 64 waxy corn inbred lines.

Entry No.	Inbred line	Origin	Entry No.	Inbred line	Origin
1	KW1	Pyeongchang	33	KBW16	Jumunjin
2	KW2	Hongcheon	34	KBW17	Jumunjin
3	KW3	Gosung/Gansung	35	KBW18	Cheolwon
4	KW6L	Pyeongchang	36	KBW19	Thailand
5	KW7	Pyeongchang	37	KBW21	Thailand
6	KW29	Pyeongchang	38	KBW22	Thailand
7	KW33	China	39	KBW23	Thailand
8	KW35	Bosung/Jewon	40	KBW24	Cheongwon
9	KW37	Jilin China	41	KBW25	Cheongwon
10	KW39	Hongcheon	42	KBW26	Harbin China
11	KW40	S9060/A632wx	43	KY1	Jilin China
12	KW41	Chungung	44	KY2	Jilin China
13	KW42	Chungnam	45	KY3	Jilin China
14	KW43	Chalok1/KW3	46	KY6	Jewon
15	KW44	KS8804-1	47	KY7	Unknown
16	KW45	KS8845	48	KY8	Jilin China
17	KW46	KS8845-2	49	KY9	Jilin China
18	KW47	Kimje	50	KY10	Jilin China
19	KW48	Chalok1/S7094	51	KY11	Jilin China
20	KW49	Yanggu	52	KY12	Jilin China
21	KW51	Jilin China	53	KY13	Jilin China
22	KW52	Unknown	54	KY14	Jilin China
23	KBW1	Yanggu	55	KY15	Jilin China
24	KBW2	Yanggu	56	KY17	Jilin China
25	KBW6	Cheongwon	57	KY18	Jilin China
26	KBW7	Yanggu	58	KY20	China
27	KBW8	Jecheon	59	KY21	China
28	KBW10	Jhejiang China	60	KY23	Pyeongchang
29	KBW12	Uiyeongbu/Chungwon	61	KY25	KS75/KW2A
30	KBW13	Unknown	62	KY26	Pyeongchang
31	KBW14	Yanggu/CBW1	63	KY27	Pyeongchang
32	KBW15	Chelwon	64	KY28	Pyeongchang

개체군 유지에 유리하고 선발과정에서 이점으로도 작용할 수 있다고 하였다. 표 2에는 각각의 SSR 마커에 의해 증폭된 대립유전자 수와 각 마커의 다양성을 알 수 있는 PIC값을 나타내었다. 마커에 의해 발생된 대립유전자의 수는 2~13개로 다양한 분포를 보였으며 마커 당 7.5개의 많은 대립인자수가 나타나 보유 자식계통들의 유전적 다양성이 매우 큰 것으로 추정된다. PIC값은 최소치 0.14(umc1036), 최대

치 0.87(umc1035)로 나타났고 평균치는 0.69였다.

자식계통간 유전적 거리를 이용하여 계통군을 분류하기 위해 SSR 마커들에 의해 증폭된 밴드들의 유무를 바탕으로 품종간 유전적 거리를 구하였으며 이를 근거로 군집분석을 실시하였다(그림 1). 그 결과 64개 찰옥수수 자식계통들을 크게 9개 군으로 분류할 수 있었다. 특히 I군의 경우 64개 계통 중 41%인 26계통이 포함되었으며 나머지 군들은 3~

Table 2. Number of alleles and PIC values detected by SSR marker.

No.	Marker	No. of alleles	GL [†]	PIC	No.	Marker	No. of alleles	GL	PIC
1	bnlg1179	7	1.01	0.80	16	umc1008	6	4.00-4.01	0.63
2	bnlg1627	10	1.02	0.79	17	umc1017	5	4.01	0.66
3	umc1035	13	1.06	0.87	18	umc1031	8	4.05	0.79
4	bnlg1025	6	1.07	0.55	19	bnlg1917	10	4.1	0.78
5	bnlg1347	8	1.1	0.61	20	umc1002	8	6	0.77
6	umc1009	5	1.11	0.30	21	umc1006	5	6.01-6.03	0.72
7	bnlg1537	8	2.03	0.79	22	umc1020	5	6.05	0.65
8	bnlg1904	9	3.04	0.82	23	umc1036	2	7.01-7.02	0.14
9	umc1019a	8	3.04	0.83	24	umc1016	9	7.02	0.65
10	umc1025	7	3.04	0.82	25	bnlg1056	12	8.08	0.84
11	umc1030	9	3.04	0.79	26	bnlg1724	6	9	0.57
12	bnlg1117	5	3.05	0.71	27	bnlg1506	7	9.07-9.08	0.76
13	bnlg1047b	9	3.06	0.84	28	bnlg1451	7	10.02	0.45
14	bnlg1798	11	3.06	0.86	29	bnlg1716	5	10.03	0.63
15	bnlg1605	7	3.07	0.72	30	bnlg1185	8	10.05	0.74

[†]GL : Genomic location, PIC : Polymorphic information content value

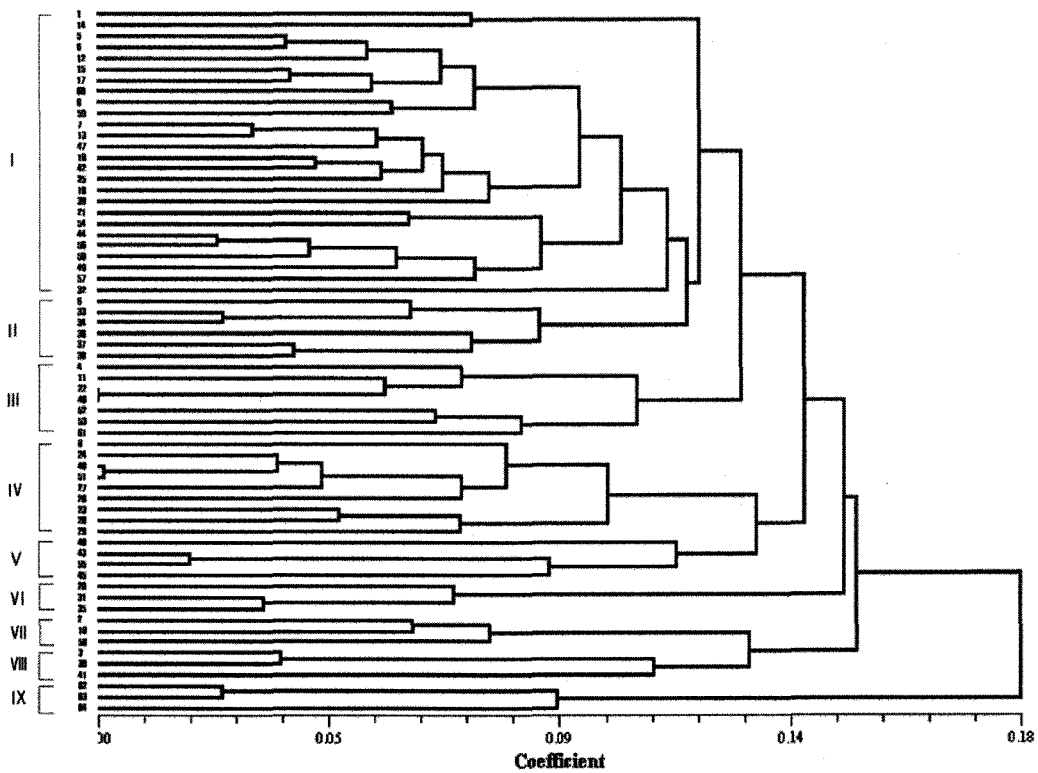


Fig 1. Dendrogram of 64 waxy corn inbred lines clustered by the similarity coefficients based on 225 polymorphic bands.

9개의 자식계통이 포함되었다. 이것을 바탕으로 기존에 육성된 찰옥수수 품종들과 비교해 본 결과 찰옥1호(KW1/KW2)의 모, 부분인 KW1(1번), KW2(2번)는 각각 I군과 VII

군에 속해 있으며 찰옥2호(KW7/KW3)의 모, 부분인 KW7(5번), KW3(3번)은 각각 I군과 VIII군에 속해 있으므로 이들은 유전적으로 상당히 원연간에 교잡이 이루어진 것으로

나타났다. 또한 식미가 우수한 것으로 나타난 찰옥4호와 일미찰의 경우에도 찰옥4호(KW33/KW35)의 모, 부분인 KW33(7번)과 KW35(8번)는 I군과 IV군에 각각 속해 있으며 일미찰(KW51/KW35)의 경우에도 모, 부분인 KW51(21번), KW35(8번)는 I군과 IV군에 속해 있어서 충분히 원연간에 교잡이 이루어진 것으로 판단되었다.

이를 기준으로 보았을 때 본 시험을 통해 유전적 거리에 의한 9개의 자식 계통군 별로 찰옥수수의 교배조합을 작성하고 이것을 이미 보고한 바와 같이 정 등(2005b)의 시험에서 수행된 품질관련 특성들을 이용한 주성분 분석을 통해 자식계통군을 군집분석한 결과와 비교한다면 고품질 찰옥수수 품종육성의 기초 자료로 이용될 수 있을 것으로 판단된다.

주요 종실 품질특성과 관련된 SSR 마커 탐색

64개 자식계통들에 대하여 30개의 SSR 프라이머를 사용하여 분석된 다형상을 기초로 근연계수에 의해 군집분석을 하였을 때 9개의 군으로 나누어지며 이 들 각각의 군에 속한 자식계통들의 종실특성, 단백질, 아밀로그램 특성 및 아밀로펙틴 함량을 비교한 주요 결과는 표 3, 4, 5에 각각 요약하였다. SSR 마커에 의해 발생된 대립인자와 품질관련 특성들과의 연관성을 분석한 결과는 표 6과 같다. 표 3의 종실길이는 자식계통 군 간의 유의성을 보이지 않았고 표 4의 아밀로그램 특성 중에서 Peak viscosity가 군 간의 유의성을 어느 정도 보였다. 표 6에서는 마커와 형질 간에 통계적으로는 연관성이 있는 것으로 나타났지만 어느 한,두개의 대립인자에 집중적으로 자식계통들이 분포한 마커는 한쪽

Table 3. Mean and range of kernel shape in 64 fresh waxy corn inbred lines.

Group	100-grain wt. (g)			Kernel length (mm)			Kernel width (mm)		
	Mean±s.d	Max.	Min.	Mean±s.d	Max.	Min.	Mean±s.d	Max.	Min.
I	26.2±5.2 a [†]	35.6	11.7	8.1±0.9 a	9.6	5.8	8.4±0.8 ab	10.0	6.5
II	25.5±4.3 ab	31.0	19.2	8.0±0.5 a	8.8	7.4	8.2±0.6 ab	8.6	7.1
III	23.1±4.5 ab	28.1	15.0	8.3±0.5 a	9.1	7.7	8.2±0.7 ab	9.4	7.2
IV	27.8±7.0 a	37.3	16.9	8.5±0.6 a	9.4	7.4	8.3±0.9 ab	9.8	6.9
V	28.3±3.2 a	30.9	23.7	8.6±0.4 a	9.2	8.4	8.5±0.3 ab	9.0	8.3
VI	29.1±3.1 a	32.7	27.2	7.8±0.6 a	8.4	7.2	8.9±0.4 a	9.3	8.5
VII	18.3±5.2 b	22.9	12.6	7.7±0.6 a	8.3	7.1	7.7±0.1 b	7.8	7.7
VIII	25.3±2.2 ab	27.8	23.6	8.0±0.3 a	8.3	7.7	8.4±0.6 ab	8.9	7.8
IX	25.1±1.8 ab	26.3	23.0	8.2±0.1 a	8.3	8.2	7.7±0.4 b	8.1	7.3

[†]Means with the same letter within a column are not significantly different at 5% level by DMRT.

Table 4. Mean and range of major amylogram properties in 64 fresh waxy corn inbred lines.

Group	Peak viscosity (RVU)			Final viscosity (RVU)			Breakdown (RVU)		
	Mean±s.d	Max.	Min.	Mean±s.d	Max.	Min.	Mean±s.d	Max.	Min.
I	113.4±21.4 ab [†]	147.2	64.2	143.2±21.4 ab	174.7	96.8	13.1±8.4 bc	32.7	5.1
II	61.0±38.9 cd	100.9	17.3	83.3±44.9 c	132.7	28.4	5.7±3.1 c	9.6	1.0
III	122.3±31.0 ab	157.7	84.3	146.9±17.1 a	168.0	124.0	22.6±10.5 ab	32.5	7.6
IV	99.2±31.3 bc	143.1	62.1	132.0±27.8 ab	170.8	93.3	7.8±4.6 c	16.5	1.6
V	113.0±33.0 ab	148.2	74.8	136.6±29.3 ab	164.6	96.6	10.9±7.1 c	20.3	3.4
VI	48.6±47.4 d	103.2	18.5	70.8±51.2 c	124.3	22.3	5.3±3.1 c	8.7	2.6
VII	108.3±33.1 b	138.5	73.0	149.4±24.2 a	174.7	126.5	12.5±3.1 bc	16.1	10.3
VIII	86.3±28.9 bcd	112.8	55.5	105.7±38.6 bc	145.5	68.4	7.3±7.8 c	16.1	1.8
IX	152.6±7.7 a	160.7	145.2	167.3±5.2 a	173.4	164.2	23.6±0.9 a	24.6	22.8

[†]Means with the same letter within a column are not significantly different at 5% level by DMRT.

Table 5. Mean and range of physico-chemical properties in 64 fresh waxy corn inbred lines.

Group	Crude protein (%)			Amylopectin (%)		
	Mean±s.d	Max.	Min.	Mean±s.d	Max.	Min.
I	12.3±1.6 ab [†]	15.8	8.7	92.3±0.7 ab	93.6	91.0
II	11.3±1.3 b	13.1	9.8	88.8±5.1 b	91.6	78.5
III	12.4±2.1 ab	15.1	9.8	91.6±0.9 ab	93.4	90.6
IV	10.8±1.0 b	11.9	9.2	90.3±3.7 ab	92.3	80.7
V	11.5±0.7 ab	12.5	10.9	91.4±0.4 ab	91.7	90.8
VI	10.8±1.5 b	11.8	9.2	83.2±7.8 c	92.2	78.6
VII	13.6±1.1 a	14.9	13.0	93.4±0.4 a	93.8	93.2
VIII	11.5±1.7 ab	13.2	9.9	91.7±0.4 ab	92.1	91.2
IX	10.4±1.3 b	12.0	9.5	90.8±0.8 ab	91.4	90.0

[†]Means with the same letter within a column are not significantly different at 5% level by DMRT.

Table 6. Mean and frequency of genotypes at SSR loci related with kernel quality.

Trait	Marker	Chr. no.	Marker genotype								F-value	P
			1	2	3	4	5	6	7	8		
Amylopectin content	umc1019	3	93.3 (5) [†]	91.7 (5)	92.6 (4)	92.2 (10)	88.5 (10)	86.7 (5)	91.7 (5)	91.7 (20)	3.97	0.0014
	umc1020	6	91.6 (12)	91.2 (21)	86.8 (8)	92 (14)	92.4 (9)				5.60	0.0007
Protein content	umc1019	3	13.7 (5)	11.6 (5)	12.4 (4)	12.7 (10)	10.5 (10)	11.5 (5)	12.5 (5)	11.4 (20)	3.74	0.0022
Peak viscosity	umc1008	4	107 (5)	111 (2)	65 (8)	97 (8)	110 (32)	126 (9)			3.55	0.0072
	umc1020	6	115 (12)	112 (21)	63 (8)	107 (14)	105 (9)				3.89	0.0071
Final viscosity	umc1008	4	138 (5)	162 (2)	87 (8)	127 (8)	136 (32)	154 (9)			4.87	0.0009
	bnlg1117	3	124 (1)	100 (7)	152 (17)	147 (13)	121 (26)				5.16	0.0012
Breakdown	bnlg1537	2	4.4 (1)	9.2 (15)	8.0 (3)	9.2 (14)	15.5 (4)	9.2 (6)	13.3 (2)	18.7 (19)	3.22	0.0059
100-grain wt.	umc1025	3	23.8 (15)	23.9 (11)	31.0 (9)	26.3 (15)	20.5 (4)	30.5 (3)	26.3 (7)		4.18	0.0015
	bnlg1537	2	32.5 (1)	22.8 (15)	33.6 (3)	25.8 (14)	26.8 (4)	30.7 (6)	31.0 (2)	24.3 (19)	4.36	0.0006
Kernel length	bnlg1537	2	9.0 (1)	7.9 (15)	8.6 (3)	8.2 (14)	8.3 (4)	8.8 (6)	9.4 (2)	7.9 (19)	3.49	0.0034
	umc1006	6	8.2 (3)	8.6 (4)	9.1 (10)	7.8 (23)	8.0 (19)	8.4 (1)	8.7 (4)		8.09	< 0.0001
Kernel width	bnlg1537	2	8.8 (1)	8.1 (15)	9.6 (3)	8.4 (14)	8.4 (4)	8.8 (6)	8.9 (2)	8.1 (19)	3.20	0.0061
	umc1019	3	8.0 (5)	8.9 (5)	9.3 (4)	7.9 (10)	8.1 (10)	8.1 (5)	8.1 (5)	8.5 (20)	2.98	0.0099
"	umc1025	3	7.8 (15)	8.2 (11)	8.9 (9)	8.5 (15)	8.1 (4)	9.3 (3)	8.4 (7)		4.19	0.0015
	umc1006	6	7.7 (3)	8.2 (4)	9.2 (10)	8.1 (23)	8.3 (19)	8.3 (1)	8.6 (4)		4.20	0.0015

[†]() : Number of inbred lines with genotype

으로 치우쳤을 가능성이 높아 제외하였고 각 밴드별로 다양하게 분포하는 마커 위주로 선발하였다. 그 결과 아밀로펙틴 함량 등 8개의 형질과 관련되는 마커들을 선발할 수 있었다. 아밀로펙틴 함량과 관련된 마커는 umc1019와 umc1020으로 8개와 5개의 대립인자를 각각 발생시켰다. 또한 3번 염색체에 위치하는 umc1019는 단백질 함량과 연관성을 보였다. 아밀로그램 분석에서 최고점도와 관련된 것으로 나타난 마커는 4번 염색체의 umc1008과 umc1020이며 각각 6개와 5개의 대립인자가 발생하였다. umc1008과 bnlgl1117은 최종점도와 연관된 것으로 나타났고 2번 염색체에 위치한 bnlgl1537은 8개의 대립인자를 나타냈으며 breakdown과 연관된 것으로 보였다. 조사된 마커들 중 옥수수 낱알의 크기나 무게 등과 관련된 마커들이 주로 많이 선발되었는데 백립종과 관련된 것으로 보이는 3번 염색체의 umc1025와 2번 염색체의 bnlgl1537은 각각 7개와 8개의 대립인자에 각각의 계통들이 골고루 분포되어 있었고 립장과 관련된 마커는 2번 염색체 bnlgl1537과 6번 염색체 umc1006이며 립폭과 관련된 마커로는 bnlgl1537과 umc1019, umc1025, umc1006의 4개의 마커가 상관이 있는 것으로 나타났다. 특히 2번 염색체에 위치한 bnlgl1537의 경우 백립종, 립장, 립폭의 3가지 형질에 모두 관여된 것으로 나타났으며 6번 염색체의 umc1006은 립장, 립폭 등 옥수수 낱알의 크기에 관여하는 2개의 형질에 관련된 것으로 나타났다. 비의 경우에도 SSR 마커와 RAPD 마커를 이용하여 식미총평, 알카리 붕괴도, 아밀로스 함량등과 연관된 마커들을 탐색하기도 하였다(권 등, 2000). 본 결과는 추후 보완 실험을 통해 좀더 정밀하게 검토한다면 고품질 품종육성에 있어서 선발효율을 높일 수 있는 기초 자료로 활용할 수 있을 것으로 기대된다.

적 요

작물과학원에서 육성한 찰옥수수 자식계통들을 대상으로 SSR 마커를 이용하여 자식계통간 유연관계 등을 분석하고 계통군화 시켜 교배 모, 부분 선정의 기초 자료로 이용하고자 하였으며 종실의 품질특성들과 연관되어 있는 분자마커를 선발하여 품질육종의 효율성을 높이고 고품질 찰옥수수 품종육성에 이용하기 위한 연구결과를 요약하면 다음과 같다.

1. 64개 자식계통의 genomic DNA 증폭에 의해 30개 microsatellite 마커를 이용하여 전체 225개, 마커 별로는 2~13개, 평균 7.5개의 alleles가 관찰되었으며 PIC값은 0.14~0.87의 범위였고 평균 0.69의 다양성을 보였다.

2. 증폭된 밴드의 유무를 이용하여 계통간 유전적 거리를 구하였으며 이를 근거로 군집분석을 한 결과 9개 군으로 분류할 수 있었고 특히 I군의 경우 64계통 중 41%인 26계통이 포함되었으며 나머지 군들은 3~9개의 자식계통이 포함되었다.

3. 유전적 거리에 의한 자식계통군의 분류 결과를 기존에 육성된 교잡종들과 비교해 본 결과 찰옥1호의 모, 부분인 KW1, KW2는 각각 I군과 VII군, 찰옥2호의 모, 부분인 KW7, KW3은 각각 I군과 VIII군에 속해 있었으며, 고식미 교잡종인 찰옥4호는 모, 부분인 KW33과 KW35는 I군과 IV군, 일미찰의 모, 부분인 KW51, KW35도 I군과 IV군에 속해 있어서 원연간에 교잡이 이루어진 것으로 나타났다.

4. 30개 SSR 마커에 의해 발생된 대립인자와 품질관련 특성들과의 연관성을 분석한 결과 아밀로펙틴 함량 등 8개 형질과 관련되는 마커를 선발하였다. 이 마커들 중 umc1019는 아밀로펙틴, 단백질 함량과 연관되었으며 umc1020은 아밀로펙틴 함량, 최고점도 및 전체적 기호도와 관련되었고 bnlgl1537은 백립종, 립장, 립폭과 관련이 높은 것으로 나타났다.

인용문헌

- Anderson J. A., G. A. Churchil, J. E. Autrigue, and S. D. Tanksley. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome* 36 : 181-186.
- 최봉호, 이원구, 백만기, 이희봉, 박승의. 1993. 식용 찰옥수수의 질감성에 관한 연구. *농업논문집(농업산학협동)* 35 : 33-44.
- Coe E. H., M. G. Neuffer Jr., and D. A. Hoisington. 1988. The genetics of corn. *Corn and Corn Improvement*. Sprague, G. F. and Dudley, J. W., Eds., American Society of Agronomy, Madison, WI. Chap. 3.
- Collins G. N. 1909. A new type of Indian corn from China. *U.S.D.A. Bur. Plant Ind. Bul.* p 167.
- 홍병희, 박문용, 김석동, 최봉호, 홍은희, 하용용. 1994. 전작물의 품질 고급화와 다양화 육종전략. *한육지*. 26(S) : 16-35.
- 정태욱, 김선림, 문현귀, 손범영, 김시주, 김순권. 2005a. 찰옥수수 교잡종의 식미관련 주요 특성. *한작지*. 50(S) : 152-160.
- 정태욱, 김선림, 문현귀, 손범영, 김시주, 김순권. 2005b. 찰옥수수 자식계통 식미관련 특성 및 계통 분류. *한작지*. 50(S) : 161-166.
- 정태욱, 문현귀, 차선우, 김선림, 김성국, 손범영. 2001. 흰색과 검정색 찰옥수수의 품질관련 특성비교. *한육지*. 33(1) : 40-44.
- 권수진, 안상남, 홍하철, 황흥구, 최해춘. 2002. 자포니카 벼 품

- 종의 SSR 다양성과 몇가지 농업형질과의 연관. 한육지. 34(1) : 57-63.
- 권수진, 안상낙, 서정필, 홍하철, 김연규, 황홍구, 문현팔, 최해춘. 2000. 우리나라 재래 벼의 유전적 다양성. 한육지. 32(2) : 186-193.
- 이인섭, 최봉호, 이원구, 이희봉. 1993. 찰옥수수 과피 두께에 관한 유전. 한작지. 38(6) : 489-494.
- Nei M., and W. H. Li. 1979 Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA. 76 : 5269-5273.
- Panaud O., X. Chen, S. R. McCouch. 1996. Development of microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*Oriza sativa* L.). Mol. Gen. Genet. 252 : 597-607.
- Purdy, J. L. and P. L. Crane. 1967. Influence of pericarp on differential drying rate in mature corn. Crop Sci. 7 : 379-381.