

초당옥수수 자식계통들에 대한 형태적 특성 연구

고우리* · 최홍집** · 사규진* · 조진웅***† · 이주경*†

*강원대학교 농업생명과학대학 식물자원응용공학과, **경상북도농업기술원,
***충남대학교 농업생명과학대학 식물자원학과

Analysis of Morphological Characteristics Among Super Sweet Corn Inbred Lines

Woo Ri Ko*, Hong-Jib Choi**, Kyu Jin Sa*, Jin-Woong Cho***†, and Ju Kyong Lee*†

*Division of Bio-resource Sciences, College of Agriculture and Life Science, Kangwon National University,
Chuncheon 200-701, Korea

**Gyeongsangbuk-do Agricultural Research and Extension Services, Daegu 702-320, Korea

***Crop Science, College of Agriculture and Life Science, Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

ABSTRACT We evaluated the morphological characteristics in 100 super sweet corn inbred lines, which were developed to breeding super sweet corn variety at Gyeongsangbuk-do Agricultural Research and Extension Services, by examining six quantitative and two qualitative characteristics. On the result of evaluation of two qualitative traits, most of inbred lines showed yellow (91 inbred lines) at seed color (QL1) and weak (68 inbred lines) at seedling vigor (QL2). In the survey of six quantitative traits, the average value for each trait indicated as follows: days of tasseling (QN1, 41.0 to 55.0 days), days of silking (QN2, 44.0 to 59.0 days), anthesis-silking interval (QN3, 2.0 to 7.0 days), tillering (QN4, 0.0 to 2.0), plant height (QN5, 96.0 to 187.0 cm) and ear height (QN6, 30.0 to 86.0 cm). In PCAs (principal component analysis) for 8 morphological characteristics, seedling vigor (QL2) and tillering (QN4) greatly contributed in negative direction and the days of tasseling (QN1) and days of silking (QN2) greatly contributed in positive direction on the first principal component. While, ear height (QN6) and plant height (QN5) contributed in positive direction on the second principal component. Thus these morphological traits, which were greatly contributed in the first and second principal components, might be considered to be useful for discrimination in 100 super sweet corn inbred lines. In our study, the results of morphological variation and PCAs for 100 super sweet corn inbred lines will be helpful for super sweet corn breeding programs such activities as planning crosses for hybrid and line development.

Keywords : super sweet corn, inbred line, morphological variation, principal component analysis

옥수수(*Zea mays* L.)는 벼, 밀과 함께 세계 3대 식량작물 중 하나로 우리나라를 포함하여 전세계적으로 식용, 간식용, 사료용, 공업용 등 다양한 용도로 이용되고 있다. 우리나라에서는 주로 식용 및 간식용 옥수수를 재배·이용하고 있다. 국내에서 재배되는 간식용 옥수수에는 찰옥수수, 단옥수수, 초당옥수수 등이 있으며, 그 중에서 초당옥수수는 높은 당도와 아삭한 식감때문에 젊은 세대들에게 선호도가 높다고 한다(Seo *et al.*, 2002). 현재 우리나라에서 개발되어 이용되고 있는 초당옥수수 품종에는 초당옥1호, 경초옥, 감미옥 등이 있지만, 수량성 및 품질 등이 외국품종들보다 열등하여 아직까지 국내에서 개발된 품종보다 외국품종이 주로 재배되고 있다. 특히 초당옥수수는 종실옥수수 및 찰옥수수와 비교하여 낮은 발아율, 초기생육 불량 및 낮은 균일성, 수확 후 당이 전분으로 변하는 이화학적 작용 등으로 수량 및 품질이 떨어지는 단점을 가지고 있다(Berger and Wolf, 1974; Lee *et al.*, 1987; Seo *et al.*, 2002). 따라서 이러한 단점을 보완하기 위해서 수량, 품질 및 저장성 등이 우수한 고품질의 초당옥수수 품종개발이 절실한 상황이다.

작물의 품종 개발을 성공적으로 수행하기 위해서는 먼저 그 작물에 대한 유전자원의 수집과 탐색 그리고 수집된 유전자원들에 대한 유전적 변이의 다양성을 측정 평가하고 이

†Corresponding author: (Phone) +82-33-250-6415 (E-mail) jukyonglee@kangwon.ac.kr
(Phone) +82-42-821-5725 (E-mail) jwcho@cnu.ac.kr

<Received 26 April, 2015; Accepted 19 May, 2015>

해하는 것이 매우 중요하다. 다양한 수집자원이나 육성된 계통들에 대하여 변이성을 측정하기 위해 이용되는 다변량 분석법(Multivariate analysis)은 형태적 특성에 기초하여 집단 및 계통들 내에서 유전변이를 분석하는데 유용한 방법 중 하나이다(Nielsen and Munck, 2003). 그 중에서 주성분 분석법(Principal component analysis, PCA)은 집단 간 그리고 집단 내 변이를 측정하는데 효과적인 분석방법으로, 형태학적 및 분자생물학적 특성을 이용하여 수집된 식물 집단의 유전적 다양성 및 유전자원 분류 등에 많이 이용되고 있는 분석법이다(Khorasani *et al.*, 2011). 이전의 선행연구에서 주성분분석은 다양한 옥수수 품종 및 계통들의 분류에 이용되었다. 예를 들면 Jung *et al.* (2005)은 64개 찰옥수수 자식계통들을 대상으로 백립종, 과피두께 등 14개의 농업형질을 이용하여 육성된 자식계통들을 분류하였다. Chang *et al.* (2013)은 79개 튀김옥수수 자식계통들을 대상으로 웅수색, 간장, 착립장 등 13개의 농업형질을 이용하여 자식계통들을 분류하였으며, Park *et al.* (2014)은 156개 종실옥수수 자식계통들에 대하여 14개의 질적 및 양적 형질을 이용하여 자식계통들을 분류하고, 또한 자식계통들의 집단을 구분

하는데 유용한 농업형질을 확인하였다.

현재 경상북도 농업기술원에서는 고품질 다수확 초당옥수수를 생산하기 위하여 교배조합에 이용할 자식계통들을 분리, 육성하고 있다. 더욱이 KSH4와 KSH11을 교잡하여 당도가 높고 품질이 우수한 초당옥수수인 ‘감미옥’을 개발하였다. 그러나 아직 이들 자식계통들의 형태적 특성 변이에 대한 연구가 부족하기 때문에 이들 계통들에 대한 형태적 특성을 명확히 밝히기는 것은 앞으로 초당옥수수의 품종 개발을 위한 육종 연구에 유용한 정보를 제공할 것으로 기대된다. 따라서 본 연구는 경상북도 농업기술원에서 초당옥수수 신품종 육성을 위해서 고정시킨 100개 자식계통들에 대하여 형태적 특성 변이를 조사하고자 하였다.

재료 및 방법

실험재료

본 연구에서 분석에 이용한 초당옥수수 자식계통들의 육성내력에 대한 기본 정보는 Table 1에 나타내었다. 이들 초당옥수수 자식계통들은 경상북도 농업기술원에서 초당옥수

Table 1. Derivation of 100 super sweet corn inbred lines used in this study.

Entry No.	Pedigree	Sources	Entry No.	Pedigree	Sources
ksh1	12wsh 1-1	jubilee	ksh21	12wsh 4-3	jubilee
ksh2	12wsh 1-2	jubilee	ksh22	12wsh 4-4	jubilee
ksh3	12wsh 1-3	jubilee	ksh23	12wsh 4-5	jubilee
ksh4	12wsh 1-4	jubilee	ksh24	12wsh 5-1	jubilee
ksh5	12wsh 1-5	jubilee	ksh25	12wsh 5-2	jubilee
ksh6	12wsh 1-6	jubilee	ksh26	12wsh 5-3	jubilee
ksh7	12wsh 1-7	jubilee	ksh27	12wsh 5-4	jubilee
ksh8	12wsh 1-8	jubilee	ksh28	12wsh 5-5	jubilee
ksh9	12wsh 1-9	jubilee	ksh29	12wsh 5-6	jubilee
ksh10	12wsh 2-1	jubilee	ksh30	12wsh 5-7	jubilee
ksh11	12wsh 2-2	jubilee	ksh31	12wsh 5-8	jubilee
ksh12	12wsh 2-3	jubilee	ksh32	12wsh 5-9	jubilee
ksh13	12wsh 2-4	jubilee	ksh33	12wsh 6-1	jubilee
ksh14	12wsh 2-5	jubilee	ksh34	12wsh 6-2	jubilee
ksh15	12wsh 2-6	jubilee	ksh35	12wsh 6-3	jubilee
ksh16	12wsh 3-1	jubilee	ksh36	12wsh 7-1	jubilee
ksh17	12wsh 3-2	jubilee	ksh37	12wsh 7-2	jubilee
ksh18	12wsh 3-3	jubilee	ksh38	12wsh 7-3	jubilee
ksh19	12wsh 4-1	jubilee	ksh39	12wsh 7-4	jubilee
ksh20	12wsh 4-2	jubilee	ksh40	12wsh 7-5	jubilee

Table 1. Continue.

Entry No.	Pedigree	Sources	Entry No.	Pedigree	Sources
ksh41	12wsh 8-1	jubilee	ksh71	12dm 25-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh42	12wsh 8-2	jubilee	ksh72	12dm 32-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh43	12wsh 8-3	jubilee	ksh73	12dm 33-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh44	12wsh 9-1	jubilee	ksh74	12dm 36-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh45	12wsh 9-2	jubilee	ksh75	12dm 37-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh46	12wsh 9-3	jubilee	ksh76	12dm 38-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh47	12wsh 9-4	jubilee	ksh77	12dm 38-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh48	12wsh 9-5	jubilee	ksh78	12dm 39-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh49	12wsh 9-6	jubilee	ksh79	12dm 39-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh50	12w10B-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh80	12dm 45-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh51	12w10B-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh81	12dm 46-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh52	12w10B-3	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh82	12dm 47-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh53	12w10B-4	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh83	12dm 47-3	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh54	12dm 1-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh84	12dm 51-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh55	12dm 2-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh85	12dm 60-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh56	12dm 3-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh86	12dm 67-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh57	12dm 4-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh87	12dm 73-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh58	12dm 5-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh88	12dm 80-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh59	12dm 6-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh89	12dm 80-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh60	12dm 6-3	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh90	12dm 91-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh61	12dm 8-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh91	12dm 93-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh62	12dm 9-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh92	12dm 95-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh63	12dm 10-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh93	12dm 98-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh64	12dm 14-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh94	12dm 99-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh65	12dm 16-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh95	12dm 100-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh66	12dm 17-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh96	12dm 101-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh67	12dm 18-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh97	12dm 102-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh68	12dm 18-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh98	12dm 102-2	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh69	12dm 22-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh99	12dm 103-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross
ksh70	12dm 24-1	progeny of <i>sh/wx</i> cross	ksh100	12dm 103-3	progeny of <i>sh/wx</i> cross

수 신품종을 육성하기 위하여 jubilee 또는 찰옥수수과 초당 옥수수의 교배 조합 후대에서 만들어진 계통들에서 분리 육성한 자식계통들이다(Table 1).

형태적 변이 조사

초당옥수수 자식계통들에 대한 형태적 변이를 측정하기 위해서 경상북도 농업기술원의 시험포장에서 2014년에 각 계통별로 20립씩 종자를 파종하여 20개체를 심었으며, 개

체 간 거리는 30 cm, 계통 간 거리는 60 cm로 하여 일반 관행 재배법으로 재배하였다. 형태적 특성 조사는 각 계통 별로 10개체씩 생육시기별로 형태조사를 실시하였으며, 조사한 형질들은 종피색(QL1)과 유묘활력(QL2)과 같은 2개의 질적 형질과 출용일수(QN1), 출사일수(QN2), 출용기-출사기 간격(QN3), 분얼수(QN4), 간장(QN5), 착수고(QN6)의 6개 양적 형질 등 총 8개의 질적 및 양적 형질들에 대하여 각 계통들의 생육시기별로 조사하였다(Table 2).

Table 2. Characters used in the morphological analysis in 100 super sweet corn inbred lines.

Abbreviation	Character	When/how measured	Category
QL1	Seed Color (SC)	after harvest	1-yellow, 2-white
QL2	Seedling Vigor (SV)	at seedling	1-high, 2-middle, 3-low
QN1	Days of Tasseling (DT)	at flowering stage	days
QN2	Days of Silking (DS)	at flowering stage	days
QN3	Anthesis-Silking Interval (ASI)	at flowering stage	days
QN4	Tillering (TR)	at flowering stage	number
QN5	Plant Height (PH)	at flowering stage	cm
QN6	Ear Height (EH)	at flowering stage	cm

Table 3. Mean, standard deviation, range and inbred line number for 8 quantitative and qualitative characters in 100 super sweet corn inbred lines.

Morphological character	Unit	Mean±SD or inbred line number	Maximum	Minimum
QL1 (Seed Color)	color	yellow (91*), white (9)	-	-
QL2 (Seedling Vigor)	degree	high (3), middle (29), low (68)	-	-
QN1 (Days of Tasseling)	days	45.9±3.1	55.0	41.0
QN2 (Days of Silking)	days	49.6±3.4	59.0	44.0
QN3 (Anthesis-Silking Interval)	days	3.7±1.1	7.0	2.0
QN4 (Tillering)	number	1.2±0.9	2.0	0.0
QN5 (Plant Height)	cm	141.4±15.3	187.0	96.0
QN6 (Ear Height)	cm	55.3±11.4	86.0	30.0

* Inbred line number of 100 super sweet corn inbred lines for each character.

통계 분석

초당옥수수 100개 자식계통들로부터 측정된 8개의 질적 및 양적 형질들에 대한 통계분석은 Microsoft Excel 통계 프로그램 및 NTSYS 2.1 프로그램을 이용하여 수행하였다. 통계분석은 100개의 자식계통들에서 조사한 형질들에 대하여 평균 및 편차 등 각 계통들에 대한 형질별 변이 분포를 조사하였고, 또한 100개의 자식계통들에서 총 6개의 양적 형질들 사이의 연관성을 확인하기 위해서 상관분석을 실시하였다. 그리고 100개의 자식계통들에 대한 집단 및 계통들 사이에서 형태적 변이 수준을 이해하기 위해 총 8개의 질적 및 양적 형질을 이용하여 주성분분석을 실시하였다.

결과 및 고찰

초당옥수수 자식계통들의 형태적 변이

초당옥수수 100개의 자식계통들에 대하여 8개의 질적 및 양적 형질을 조사한 결과는 Table 3에 나타내었다. 100개의 자식계통들에 대하여 2개의 질적 형질인 종피색(QL1)과 유

묘활력(QL2)을 조사한 결과에 의하면, 종피색(QL1)의 경우 100계통들 중에서 황색을 나타내는 것이 91계통, 백색을 나타내는 것이 9계통으로 대부분의 계통들이 황색을 나타내었다. 유묘활력(QL2)의 경우 3계통들은 강하게 나타났고, 29계통들은 중간 특성을 나타냈으며, 그리고 68계통들은 약한 특성을 나타내었다(Table 3).

100개의 자식계통들에 대하여 6개의 양적 형질을 조사한 결과에 의하면, 출용일수(QN1)의 경우는 41.0~55.0일의 범위로, 평균 45.9±3.1일을 나타내었으며, 출사일수(QN2)는 44.0~59.0일의 범위로, 평균 49.6±3.4일의 값을 보였다. 그리고 분석에 이용된 100개의 자식계통들에서 출용일수와 출사일수의 평균을 비교한 결과, 출사일수가 약 3.7일 늦은 것으로 확인되었다. 이전의 연구에 따르면 출사일수는 수량에 간접적인 영향을 주는 것으로 알려져 있어서(Zheng *et al.*, 2012), 옥수수 육종 시 고려되어야 할 중요한 형질인 것으로 생각된다. 출용기-출사기 간격(QN3)의 경우는 2~7일의 범위로, 평균 3.7±1.1일을 나타내었으며, 분얼수(QN4)는 0~2개의 범위로, 평균 1.2±0.9개의 값을 보였다. 일반적으

Table 4. Pearson correlation coefficient among 6 quantitative traits in 100 super sweet corn inbred lines.

	QN2 (DS)	QN3 (ASI)	QN4 (TR)	QN5 (PH)	QN6 (EH)
QN1 (DT)	0.940**	0.016	-0.325**	0.047	-0.041
QN2 (DS)		0.356**	-0.357**	-0.034	-0.150
QN3 (ASI)			-0.158	-0.229*	-0.328**
QN4 (TR)				0.162	0.263**
QN5 (PH)					0.603**

*, ** : Significant at 5% and 1% levels, respectively

로 한발 상태에서 출용기-출사기 간격은 종실수량과 매우 높은 상관관계를 가지며, 높은 유전력을 갖는 것으로 알려져 있다(Chapman and Edmeades, 1999). 또한 분얼수는 재식밀도에 영향을 받게 되며, 또한 최종 수량에 영향을 미친다고 알려져 있다(Lee *et al.*, 2007). 본 연구에 이용된 집단의 경우 대부분의 계통들에서 2개 이하의 분얼수를 확인하였다. 간장(QN5)은 96.0~187.0 cm의 범위로, 평균 141.4±15.3 cm의 값을 나타내었다. 착수고(QN6)의 경우는 평균 55.3±11.4 cm로 최소 30.0에서 최대 86.0 cm의 범위를 나타내었다. 일반적으로 내도복성은 옥수수 재배 시 매우 중요한 형질 중의 하나이며, 내도복성을 나타내는 계통들은 대부분 착수고율이 50% 내외로 알려져 있다(Ryu *et al.*, 2001). 본 연구에서 조사된 100개의 초당옥수수 자식계통들 중에서 3계통을 제외한 모든 계통들은 50% 미만의 착수고율을 나타내었으므로 대부분의 계통들이 내도복성을 갖는 것으로 생각되었다.

한편 본 연구에서는 100개의 자식계통들에서 조사된 6개의 양적 형질들에 대하여 95%와 99%의 유의수준에서 상관관계 분석을 실시하였다. 그 결과, 6개의 양적 형질들 중에서 출용일수와 출사일수 사이(0.940**)에서 99% 유의수준에서 높은 정의 상관관계를 나타냈다. 출용기-출사기 간격과 간장 사이(-0.229*)에서는 95% 유의수준에서 부의 상관관계를 나타내었고, 착수고는 출용기-출사기 간격(-0.328**)과는 99% 유의수준에서 부의 상관관계를 나타내었지만, 분얼수(0.263**), 간장(0.603**) 사이에서는 정의 상관관계를 나타내었다(Table 4). 모든 상관계수를 비교한 결과, 출용일수와 출사일수(0.940) 사이에서 가장 높은 상관계수를 나타내었으며, 착수고는 나머지 3개의 형질과 유의한 상관관계를 보였다. 일반적으로 간장 및 착수고는 재식밀도, 도복,

Table 5. Eigen vector and cumulative variance of the first and second principal components.

Traits	Eigen vector	
	PC1	PC2
QL2 (SV)	-0.712	-0.172
QN4 (TR)	-0.579	0.105
QN6 (EH)	-0.423	0.756
QN5 (PH)	-0.291	0.782
QL1 (SC)	0.295	0.052
QN3 (ASI)	0.412	-0.424
QN1 (DT)	0.802	0.473
QN2 (DS)	0.890	0.298
Cumulative variance (%)	35.0	21.5

식물체의 건물중 등과 매우 높은 상관관계를 나타내는 것으로 알려져 있으며, 옥수수에서 주요 육종 형질로 보고되었다(Cai *et al.*, 2012). 본 연구 결과에서 비교적 높은 상관관계를 나타내는 형질들은 앞으로 옥수수 육종연구에서 계통선발 시 유용한 정보를 제공할 것으로 기대된다.

초당옥수수 자식계통들의 주성분분석

본 연구에서는 100개의 초당옥수수 자식계통들 사이에서 계통들의 형태적 변이를 식별하기 위하여 2개의 질적 형질과 6개의 양적 형질을 이용하여 주성분분석을 수행하였다. 그 결과, 제 1 차 및 제 2 차 주성분들은 각각 35.0%와 21.5%의 변이를 나타내어 전체 56.5%의 변이를 나타내었다(Table 5). 분석에 이용된 8개의 질적 및 양적 형질들 중에서 유묘 활력(QL2), 분얼수(QN4)은 제 1 주성분에서 음의 방향에 크게 기여하였고, 출용일수(QN1)와 출사일수(QN2)는 제 1 주성분에서 양의 방향으로 크게 기여하였다. 반면에 제 2 주성분에서는 착수고(QN6)와 간장(QN5)는 양의 방향으로 크게 기여하였다(Table 5). 따라서 본 연구에서 제 1축 및 제 2축의 주성분에서 양과 음의 방향에 크게 기여한 형질들은 분석에 이용한 100개의 초당옥수수 자식계통들을 식별하는데 유용한 형질들인 것으로 생각되었다.

본 연구에서는 주성분분석 결과를 바탕으로 100개의 초당옥수수 자식계통들에 대하여 scatter diagram을 나타내었다(Fig. 1). 그 결과, 제 1축과 제 2축을 기준으로 4개의 사분면으로 나누어졌으며, 제 1사분면에는 ksh95를 비롯하여 총 20개의 계통들이 위치하였다. 그리고 제 2사분면에는 ksh42을 포함하여 총 27개의 계통들이 포함되었고, 제 3사분면에는 ksh28를 포함한 총 28개의 계통들이 포함되었다.

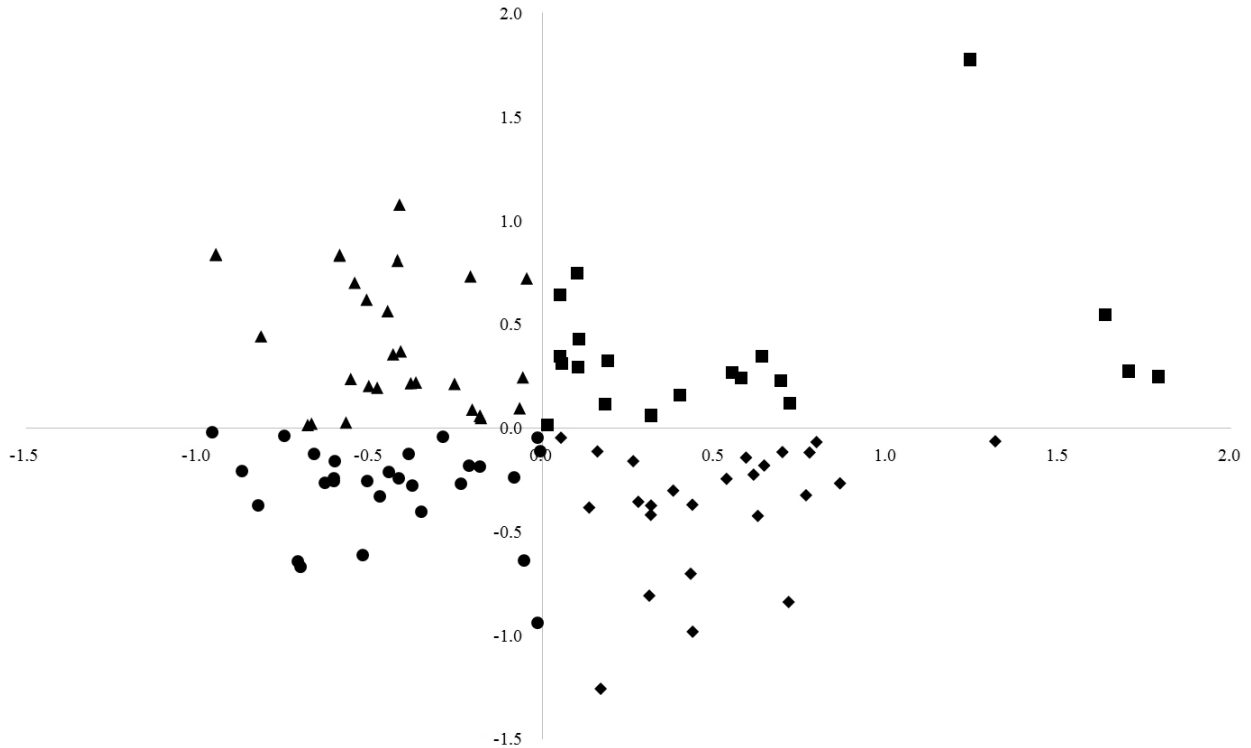


Fig. 1. Scatter diagram of 100 super sweet corn inbred lines based on principal components I (PC1) and II (PC2).

마지막으로 제 4사분면에는 ksh9를 비롯한 총 25개의 계통들이 포함되었다. 이상의 결과에 의하면 형태특성조사에서 출용일수(QN1)와 출사일수(QN2)가 비교적 짧은 계통들은 대부분 제 3사분면에 위치하고 있으며, 간장(QN5)과 착수고(QN6)가 비교적 높은 계통들은 대부분 제 2사분면에 위치하고 있었다. 더욱이 유묘활력(QL2)이 강한 계통들은 단지 3계통들(ksh9, ksh94, ksh95)만이 제 1사분면과 제 4사분면에 위치하였다. 이전의 많은 연구결과, 초당옥수수는 일반적으로 종자와 유묘의 활력이 다른 종류의 옥수수와 비교하여 다소 낮은 경향을 나타낸다고 하였다(Ordás *et al.*, 2010). 따라서 유묘활력이 높은 품종을 육종하기 위하여 조사에 이용한 계통들 중에서 특히 ksh9, ksh94, ksh95와 같은 계통들은 앞으로 육종연구에서 유용한 육종소재로 생각되었다. 이상으로 본 연구에서 분석에 이용한 100개 초당옥수수 자식계통들에 대한 형태적 변이 및 주성분분석의 결과는 앞으로 국내 초당옥수수 품종 개발을 위한 계통 선발 및 교배조합 구성 등에 유용한 정보를 제공할 것으로 생각된다.

적 요

본 연구는 경상북도 농업기술원에서 초당옥수수 품종개

발을 위하여 육성한 100개의 자식계통들에 대하여 총 8개의 질적 및 양적 형질들을 이용하여 형태적 변이 연구를 수행하였다. 2개의 질적 형질들의 조사 결과에서, 종피색(QL1)은 황색을 나타내는 계통(91계통)들이 가장 많았고, 유묘활력(QL2)은 대부분의 계통(68계통)이 약한 특성을 나타내었다. 6개의 양적 형질들에 대한 조사에서, 각 형질 별 평균값은 출용일수(QN1) 45.9±3.1일, 출사일수(QN2) 49.6±3.4일, 출용기-출사기 간격(QN3) 3.7±1.1일, 분얼수(QN4) 1.2±0.9개, 간장(QN5) 141.4±15.3 cm, 착수고(QN6) 55.3±11.4 cm를 각각 나타내었다. 주성분분석에서 분석에 이용한 8개의 형질들 중 유묘활력(QL2)과 분얼수(QN4)는 제 1 주성분에서 음의 방향에 크게 기여하였고, 출용일수(QN1)와 출사일수(QN2)는 양의 방향으로 크게 기여하였다. 반면에 제 2 주성분에서는 착수고(QN6)와 간장(QN5)은 양의 방향에 크게 기여하였다. 따라서 제 1축 및 제 2축의 주성분에서 크게 기여한 형질들은 100개의 초당옥수수 자식계통들을 식별하는데 유용한 형질들인 것으로 생각되었다. 본 연구에서 100개의 초당옥수수 자식계통들에 대한 형태적 변이 및 주성분분석의 결과는 국내 초당옥수수 품종개발을 위한 계통육성 및 교배조합 구성 등에 유용한 정보를 제공할 것으로 기대된다.

사 사

본 논문은 골든씨드프로젝트(식량증자사업단, 213001-04-1-SBA10)의 지원에 의해 이루어진 것임.

인용문헌(REFERENCES)

- Berger, R. D. and E. A. Wolf. 1974. Control of seed borne and soil borne mycoses of 'Florida sweet' corn by seed treatment. *Plant Dis. Pptr.* 58 : 922-923.
- Cai, H., Q. Chu, L. Yuan, J. Liu, X. Chen, F. Chen, G. Mi, and F. Zhang. 2012. Identification of quantitative trait loci for leaf area and chlorophyll content in maize (*Zea mays*) under low nitrogen and low phosphorus supply. *Mol. Breed.* 30 : 251-266.
- Chang, E. H., K. J. Sa, J. H. Kim, and J. K. Lee. 2013. Analysis of morphological characteristics among popcorn inbred lines. *Korean J. Crop Sci.* 58(3) : 267-273.
- Chapman, S. C. and G. O. Edmeades. 1999. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations: II. Direct and correlated responses among secondary traits. *Crop Science* 39 : 1315-1324.
- Jung, T. W., S. L. Kim, H. G. Moon, B. Y. Son, S. J. Kim, and S. K. Kim. 2005. Major characteristics related on eating quality and classification of inbred lines of waxy corn. *Korean J. Crop Sci.* 50(S) : 161-166.
- Khorasani, S. K., K. Mostafavi, E. Zandipour, and A. Heidarian. 2011. Multivariate analysis of agronomic traits of new corn hybrids (*Zea mays* L.). *International Journal of AgriScience.* 1(6) : 314-322.
- Lee, S. S., S. J. Lee, and D. Y. Kim. 1987. Quality of sweet corn stored at different temperatures and duration. *Korean J. Crop Sci.* 32(2) : 137-143.
- Lee, S. S., S. K. Yang, and S. B. Hong. 2007. Optimum plant populations of a super sweet corn hybrid at different planting dates. *Korean J. Crop Sci.* 52(3) : 334-340.
- Nielsen, J. P. and L. Munck. 2003. Evaluation of malting barley quality using exploratory data analysis. I. Extraction of information from micromalting data of spring and winter barley. *J. Cereal Sci.* 38 : 173-180.
- Ordás, B., V. M. Rodríguez, M. C. Romay, R. A. Malvar, A. Ordás, and P. Revulla. 2010. Adaptation of super-sweet maize to cold conditions: mutant x genotype interaction. *Journal of Agricultural Science* 148 : 401-405.
- Park, J. Y., K. J. Sa, K. J. Park, and J. K. Lee. 2014. Analysis of morphological characteristics for normal maize inbred lines. *Korean J. Crop Sci.* 59(3) : 312-318.
- Ryu, S. H., J. Y. Park, N. K. Huh, and H. K. Min. 2001. Relationship between genentic distance and hybrid performance of black waxy corn (*Zea mays* L.). *Korea J. Breed. Sci.* 33(2) : 95-103.
- Seo, J. M., S. H. Yun, and S. S. Lee. 2002. Performance of imported sweet corn hybrids in Korea. *Korean J. Crop Sci.* 47(4) : 305-310.
- Zheng, Z. P., X. H. Liu, Y. B. Huang, X. Wu, C. He, and Z. Li. 2012. QTLs for days to silking in a recombinant inbred line maize population subjected to high and low nitrogen regimes. *Genet. Mol. Res.* 11(2) : 790-798.