한작지(Korean J. Crop Sci.), 65(4): 485~495(2020)
DOI : https://doi.org/10.7740/kjcs.2020.65.4.485

ISSN 0252-9777(Print)
ISSN 2287-8432(Online)

Original Research Article

멜론 유전자원의 형태적 특성 및 유전적 구성 평가

이승범[1,§] · 장익[2,§] · 현도윤[3] · 이정로[3] · 김성훈[3] · 유은애[3] · 이수경[3] · 조규택[4,†] · 이경준[1,†]

Evaluation of Morphological Traits and Genetic Composition in Melon Germplasm

Seungbum Lee[1,§], Ik Jang[2,§], Do Yoon Hyun[3], Jung-Ro Lee[3], Seong-Hoon Kim[3], Eunae Yoo[3], Sookyeong Lee[3], Gyu-Taek Cho[4,†], and Kyung Jun Lee[1,†]

ABSTRACT Melon (*Cucumis melo* L.), one of the most important fruit crop species, is cultivated worldwide. In this study, a total of 206 melon accessions conserved at the National Agrobiodiversity Center (NAC) in RDA were characterized for nine morphological characteristics according to the NAC descriptor list. In addition, to confirm the genetic composition of each melon accession, genetic profiling was performed using 20 SSR markers. Among the 206 melon accessions, 159 (77.2%) were collected from Asia. The color of fruit flesh and skin were mostly 'white' (56.0%) and 'green' (49%), respectively. Days to female flowering (FD) and maturity (MD) of the accessions ranged from 58 to 72 and 17 to 63, respectively. The fruit length and width of the accessions ranged from 6.0 to 29.3 and 3.6 to 17.2 cm, respectively. The sugar content (SU) ranged from 2.5% to 13.2% with an average of 7.0%. In correlation analysis, SU showed positive and negative correlations with MD and FD, respectively. The accessions were classified into four clusters by cluster analysis. From the results of genetic profiling using 20 SSR markers, three accessions (K189118, K100486, and K190292) were expected to be inbred lines among 206 melon accessions. These results could expand the knowledge of the melon germplasm, providing valuable material for the development of new melon varieties to suit consumer tastes.

Keywords : genetic resources, melon, morphological traits

멜론(*Cucumis melo* L.)은 다양한 국가에서 상업적으로 재배되는 중요한 작물로 우리나라에서도 국민 소득 향상과 건강 식품의 선호로 인하여 소비자들에게 인기가 높아지고 있다(Jung *et al*., 2015; Youn *et al*., 2011). 멜론은 우리나라를 비롯하여 태평양제도와 남미, 아시아, 아프리카, 오스트레일리아 등 전 대륙에 걸쳐 발견되는데 국가와 지역마다 재래종과 품종들이 혼재되어 재배되고 있다(Kerje & Grum, 2000). 특히, 타식성 작물로서 자연 교잡률이 높을 뿐만 아니라, 종간 혹은 아종간 교배로 인한 중간형 변종들이 존재하여 매우 높은 형태적 다양성을 보인다고 알려져 있다(Burger *et al*., 2009; Yi *et al*., 2004).

많은 유전자원센터들은 유전자원을 수집, 보존하고 그들 중 우량 육종 소재를 효율적으로 제공하는 역할을 하고 있다(Park *et al*., 2018). 수집된 자원은 그 기원과 특성에 따라 분류 관리하며 어떤 육종 목표에 적절한 재료로 활용할 수 있는지에 대한 정리 또한 중요하다(Nam *et al*., 2004).

[1)]농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터 박사전문연구원 (Doctor Degree Researcher, National Agrobiodiversity Center, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), RDA, Jeonju 54874, Korea)
[2)]농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터 석사전문연구원 (Master Degree Researcher, National Agrobiodiversity Center, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), RDA, Jeonju 54874, Korea)
[3)]농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터 농업연구사 (Junior Research Scientist, National Agrobiodiversity Center, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), RDA, Jeonju 54874, Korea)
[4)]농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터 농업연구관 (Senior Research Scientist, National Agrobiodiversity Center, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), RDA, Jeonju 54874, Korea)

[§]Author Contributions: Seungbum Lee and Ik Jang contributed equally

[†]Corresponding author: Gyu-Taek Cho; (Phone) +82-63-238-4881; (E-mail) gtcho@korea.kr
Kyung Jun Lee; (Phone) +82-63-238-4861; (E-mail) lkj5214@korea.kr
<Received 8 July, 2020; Revised 13 August, 2020; Accepted 14 September, 2020>

ⓒ 본 학회지의 저작권은 한국작물학회지에 있으며, 이의 무단전재나 복제를 금합니다.
This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터는 신품종 개발, 신물질 탐색 및 생명공학 연구의 기본재료인 다양한 유전자원을 확보하고 있으며 수요자들에게 원활한 공급을 위해 종자량 확보 및 활력검정, 자원의 특성조사를 수행하고 있다(Kim *et al*., 2013).

유전자원의 특성 조사에는 수리분류학(Numerical taxonomy)의 발전에 따라 잎과 과실 및 화기 등에 대한 양적·질적 특성들은 물론 식물체내에 존재하는 페놀 화합물이나 당 등의 성분 조성의 차이, 처리 간의 생장 반응 등 다양한 형질들이 대상이 되고 있으며, 이러한 자료들에 기초하여 요인분석, 주성분 분석과 군집분석 등의 여러 다변량 분석법이 적용되고 있다(Kim & Ko, 1995).

타식성 작물 육종에 있어서 다양한 유전자원의 수집, 특성평가뿐만 아니라 수집된 자원들의 유전적 다양성, 계통유연관계 및 집단 구조를 평가하는 것은 품종 개발을 위한 자식계통 육성 및 발굴, 그리고 교배조합 예측 등에 효율적으로 이용될 수 있다(Jang *et al*., 2013). 형태적 특성을 통한 다양성 분석은 1차적인 방법으로 여타 방법에 비해 비용 및 시간 소모가 적고 기술적 지식이 필요치 않으나 재배 환경에 영향을 받을 수 있어 정밀한 다른 방법을 사용하기 이전에 큰 범주의 그룹화를 위해 활용된다(Khalid *et al*., 2010; Malek *et al*., 2014). 이에 비해 분자마커를 이용한 분석은 환경의 영향을 받지 않으며 높은 재현성을 보여 형태적 분석보다 자원의 정밀한 다양성 분석에 이용될 수 있다(Smith *et al*., 1997).

농업유전자원센터에는 국내외에서 수집한 멜론 4834자원이 보존되고 있다. 본 연구에서는 멜론 유전자원의 육종소재 평가에 필요한 정보를 제공하고자 형태적, 지리적으로 다양하게 수집된 멜론 206자원을 대상으로 형태적 특성을 조사하고 그 결과를 바탕으로 다변량 분석을 통한 그들의 특성을 확인하였다. 또한 20개 simple sequence repeat (SSR) 마커를 이용하여 그들의 유전적 구성을 확인하고 육종소재로 활용가능한 자원 선별을 위한 기초자료를 확보하였다.

재료 및 방법

식물재료 및 특성조사

공시된 멜론(*Cucumis melo* L.) 206자원은 농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터에 보존 중인 자원을 분양받아 실험을 수행하였다(Table 1). 2018년 4월 20일에 농업유전자원센터 비닐 하우스 시설을 이용하여 자원당 4~6개체씩 주간 40 cm, 열간 200 cm 간격으로 농촌진흥청 표준시비법에 따라 재배하였다. 형질특성조사는 농업유전자원센터 멜론 특성조사기준을 참고하여 과실에 관한 7개의 특성(과장, 과폭, 과육 두께, 과형지수, 당도, 과피색, 과육색)과 개화일수, 성숙일수를 포함한 9개의 특성을 평가하였다(Table 2).

DNA 추출

멜론 206자원의 Genomic DNA는 Qiagen DNA extraction kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 사용하여 추출하였으며 추출 방법은 kit 내 사용방법을 따랐다. 추출된 DNA는 1% agarose gel에 전기영동, Spectrophotometry (Epoch, BioTek, Winooski, VT, USA)를 이용하여 DNA를 확인하고 최종 농도를 20 ng/ul로 맞춘 후 SSR마커 분석에 이용하였다.

멜론 유전자원의 유전적 구성 분석을 위한 PCR 수행

멜론 유전자원의 유전적 상태를 알아보기 위하여 Fukino *et al*. (2007)이 보고한 50개의 SSR 마커 중 PIC값이 0.5이상이며 PCR조건이 확립된 20개의 SSR 마커를 선발하였다(Table 3). PCR 반응은 Lee *et al*. (2019)의 방법을 따라 수행을 하였다. PCR 증폭 산물은 ABI prism 3500 DNA sequence (ABI3500, Thermo Fisher Scientific Inc., Wilmington, DE, USA)와 Gene Mapper Software (Version 4.0, Thermo Fisher Scientific Inc.)를 이용하여 분석하였다.

통계분석

멜론 유전자원의 기술통계, 양적형질 간 상관관계, 주성분 분석은 PAST3 (Hammer *et al*., 2001)를 이용하여 분석을 하였으며 군집 분석 및 그룹 간 최소유의차 검정은 R 소프트웨어(http://www.r-project.org)에서 제공하는 패키지 *agricolae*, *gplot2*를 이용하여 분석하였다.

멜론 유전자원의 유전적 구성 판단

멜론 206자원의 유전적 구성에 대한 평가는 Lee *et al*. (2019)에서 제시한 방식에 따라 판단하였다(Table 4). 분석에 사용한 20개의 SSR 마커의 증폭 산물이 동일한 패턴을 보이는 경우는 근교계(Inbred) 또는 F1, 다른 패턴을 보일 경우에는 F2 이후의 분리세대 또는 종자 혼립의 4가지 형태로 자원을 구분하였다.

결 과

멜론 유전자원 분포

본 연구에서 사용된 206개의 멜론 유전자원은 대륙별로

Table 1. List of melon accessions used in this study.

Acc. No.	Origin	Acc. No.	Origin	Acc. No.	Origin	Acc. No.	Origin	Acc. No.	Origin
K189601	AFG*	K153014	CZE	K189247	IND	K190163	MMR	K190020	TUR
K189627	AFG	K190669	CZE	K189256	IND	907364	MNG	K190415	TUR
K189630	AFG	K190857	EGY	K189445	IND	k014456	MNG	K190416	TUR
K189633	AFG	K189159	ESP	K189829	IND	k014547	MNG	K100483	UKR
K189669	AFG	K189210	ESP	K190078	IND	807357	PHL	K260967	UKR
K189678	AFG	K190335	ESP	K190323	IND	K100486	RUS	K100482	USA
k189685	AFG	K190604	ESP	K100480	IRN	K261008	RUS	K260944	USA
K189686	AFG	K190605	ESP	K189769	IRN	K261043	RUS	K260947	USA
K189690	AFG	K190628	ESP	K190190	IRN	K261077	RUS	K260949	USA
K189698	AFG	K190644	ESP	K190197	IRN	K190899	SYR	K260951	USA
K190236	AFG	K190646	ESP	K190313	IRN	K190900	SYR	K260954	USA
K190283	AFG	K190655	ESP	K190332	IRN	805446	TJK	K260957	USA
K190292	AFG	K190776	ESP	K190346	IRN	k003009	TJK	K260994	USA
K266894	ARM	K190788	ESP	K190349	IRN	k003019	TJK	K260995	USA
K266912	ARM	K190801	ESP	K190439	IRN	K247297	TJK	805354	UZB
K266917	ARM	K190806	ESP	K190447	IRN	K247726	TJK	805457	UZB
K266920	ARM	K190824	ESP	K190691	IRN	K247809	TJK	805504	UZB
K266936	ARM	K190833	ESP	K190693	IRN	K247831	TJK	805507	UZB
K266940	ARM	K190837	ESP	K260979	IRN	K264288	TJK	908855	UZB
K266942	ARM	K254420	GEO	K190035	IRQ	K264289	TJK	908861	UZB
K267070	ARM	K257488	GEO	K190699	ISR	k003004	TKM	908862	UZB
K267102	ARM	K257494	GEO	K190884	ISR	k003007	TKM	k003008	UZB
K267118	ARM	K257496	GEO	803591	JPN	k003013	TKM	k003011	UZB
K127079	BGR	K257497	GEO	805440	KAZ	K044199	TKM	k003012	UZB
K156332	BGR	K257499	GEO	903224	KAZ	K100474	TKM	k003018	UZB
K156378	BGR	K257500	GEO	k003015	KAZ	K100478	TKM	k003020	UZB
K156600	BGR	K261163	GEO	K247306	KAZ	K100481	TKM	K014702	UZB
k189746	CAN	K261164	GEO	K264285	KAZ	k003014	TUR	K044196	UZB
K189748	CAN	K261165	GEO	k003010	KGZ	K134068	TUR	K044202	UZB
K189757	CAN	K266733	GEO	K121370	KGZ	K134120	TUR	K100475	UZB
k014348	CHN	K266735	GEO	K166774	KOR	K134175	TUR	K100479	UZB
K051419	CHN	K266738	GEO	K166780	KOR	K134188	TUR	K100484	UZB
K051446	CHN	K266739	GEO	K166782	KOR	K134207	TUR	K100488	UZB
K051448	CHN	K266740	GEO	K166784	KOR	K134279	TUR	K260984	UZB
K189116	CHN	K268475	GEO	K175600	KOR	K145123	TUR	K264291	UZB
K189118	CHN	K268477	GEO	K175601	KOR	K145188	TUR	K226862	VNM
K189480	CHN	K268478	GEO	K190742	KOR	K145216	TUR	K190710	ZWE
K189809	CHN	K190755	HUN	K246072	KOR	K189947	TUR	K190721	ZWE
K190944	CHN	K190756	HUN	K247642	KOR	K189956	TUR		
K190949	CHN	K018961	IND	K252703	KOR	K189970	TUR		
K190960	CHN	K018962	IND	K166351	MDV	K189988	TUR		
K166368	COL	K189237	IND	K190690	MEX	K190003	TUR		

* AFG, Afghanistan.; ARM, Armenia; BGR, Bulgaria; CAN, Canada; CHN, China; COL, Colombia; CZE, Czech; EGY, Egypt; ESP, Spain; GEO, Georgia; HUN, Hungary; IND, India; IRN, Iran; IRQ, Iraq; ISR, Israel; JPN, Japan; KAZ, Kazakh-stan; KGZ, Kazkhstan; KOR, Korea; MDV, Maldives; MEX, Mexico; MMR, Myanmar; MNG, Mongolia; PHL, Philippines; RUS, Russia; SYR, Syria; TJK, Tajikstan; TKM, Turkmenistan; TUR, Turkey; UKR, Ukraine; USA, America; UZB, Uzbekistan; VNM, Vietnam; ZWE, Zimbabwe.

Table 2. Descriptor for characterization of morphological traits of melon accessions.

	Characteristics	Note
Fruit	Length (FL)	Measure
	Width (FW)	Measure
	Shape index (length/width, L/W)	Calculate
	Color (SC)	1, White; 2, Green; 3, Yellow
Flesh	Color (FC)	1, White; 2, Yellow; 3, Green
	Width (TH)	Width of flesh in longitudinal section
	Sugar content (SU)	Measure
Days to female flowering (FD)		Days after sowing
Days to maturity (MD)		Days after female flowering

Table 3. List of 20 SSR markers used in this study.

Locus	F	R	PIC*
CMN04_01	gaaaaggcgaaatgtttgaa	accaaaggaaaaagcggaag	0.80
CMN21_04	gagctttgcccaaaaatcag	gaagcaggatgggttttgaa	0.80
CMN21_25	tggaaactctgtgggtaggc	ttttgctgaaacgcaacaac	0.80
CMN09_76	gacaattgatctggacagttttt	ccgtgatcaacaactattgaattt	0.76
CMN05_75	gtggaccccactcgtaaaga	ggatgacggtcacaggaagt	0.75
CMN01_02	cgatccaagttggcaagaat	actcttctcagccgcagatt	0.71
CMN04_03	atcacagagaccgccaaaac	ggttgaagattgcgcttgat	0.71
CMN04_09	tcttaacaactcccacgcct	ataggatctgccattgggc	0.71
CMN04_19	ttcttcccaccaaacctacg	aaatggcagagagcgagaaa	0.71
CMN61_44	tgttggagtttaatgaggaagga	agagaagatgaatggggcac	0.78
CMN22_54	gtcgctacgtcagcctcttt	gacagggaagcaacgtaacc	0.67
CMN07_65	cttagctgccattgcctttc	gaatcgcatatggtttcggt	0.66
CMN21_82	attctggacgtcagattccg	tctccattcacgccttcttc	0.66
CMN05_17	aggaaacaccttttttgggga	aacccaggtcttgatgatgg	0.65
CMN53_36	tgtggcttgatctatcgcag	cgtcggctagaggagaaatg	0.59
CMN05_89	cttcatggctgggaagagaa	gtatggattgcctcctaccg	0.57
CMN07_70	cctacaactcacgtgccctt	aaaccatcaaccaccgaaag	0.54
CMN08_79	cgttcgcagatgtcaggtag	cttccgcacgaaacagattg	0.54
CMN01_35	ttccgaaatctttgaacctctcca	cagagcagcaaaatccacaca	0.52
CMN01_38	gctaaatatttgcaaactcgcc	agcttgacattccagaaggg	0.51

* Fukino *et al*., 2007.

Table 4. Prediction of genetic composition in 206 melon accessions.

Marker pattern	Description	Expected type	No of accessions
Same	All alleles are homozygotes	Inbred	3
	More than one allele are heterozygotes	F_1	8
Different	Not more than two sizes or alleles per SSR marker	Segregation	49
	More than two sizes or alleles per SSR marker	Mix	146

아시아 원산이 159자원(77.2%)으로 가장 많았으며 유럽 30자원(14.6%), 북아메리카 15자원(7.3%), 남아메리카와 아프리카 각 1자원(0.5%)씩 분포하였다(Fig. 1). 국가별로는 우즈베키스탄에서 수집한 자원이 21자원(10.2%)으로 가장 많았고 조지아, 터키에서 각각 18자원(8.7%), 스페인 16자원(7.8%) 순이었다(Table 1).

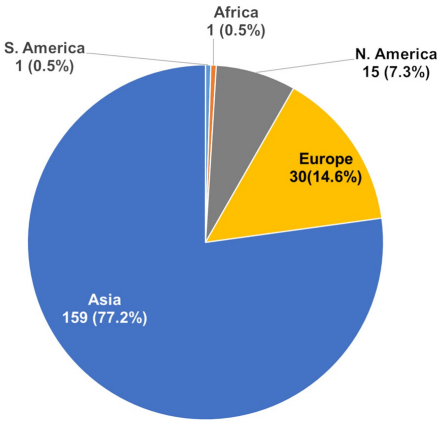

Fig. 1. Distribution of 206 melon accessions on different collection continents.

멜론 유전자원의 형태적 특성

멜론 유전자원의 형태적 특성은 개화일수, 성숙일수, 과장, 과폭, 과육 두께, 과형지수, 당도 등 7개의 양적 형질과 과피색과 과육색의 두가지 질적 형질을 조사하였다(Table 5).

개화일수는 57.5~86.0일로 분포하였으며 평균 65.2일로 나타났으며 성숙일수는 15.0~58일로 평균 42.3일로 분포하였다. 과장은 8.0~29.3 cm로 평균 17.7 cm, 과폭은 6.4~17.2 cm로 평균 11.5 cm를 보였으며 과형지수는 0.4~1.1로 평균 0.7로 나타났다. 과육의 두께는 10.7~50.0 mm로 평균 29.1 mm였으며 당도는 2.5~13.2 birx로 평균 7.0 brix를 보였다. 7개의 질적형질은 모두 자원간에 유의적 차이(p<0.001)를 보였으며 개화일수가 자원간 가장 낮은 변이계수(9.2%)를 보인 반면 당도가 가장 높은 변이계수(29.1%)를 보였다(Table 5).

과피색은 녹색 102자원(49%), 황색 90자원(44%), 백색

Table 5. Summary of seven agricultural traits in 206 melon accessions.

	Min	Max	Mean	SD	Median	Skewness	Kurtosis	CV (%)	F-value
FD*	57.5	86.0	65.2	6.0	63.8	1.0946	0.8213	9.2	5.468***
MD	15.0	58.0	42.3	6.5	42.3	-0.2097	0.6305	15.5	5.061***
FL	8.0	29.3	17.7	4.6	17.4	0.2297	-0.3449	26.3	8.538***
FW	6.4	17.2	11.5	2.0	11.5	-0.1842	0.0526	17.3	4.953***
L/W	0.4	1.1	0.7	0.2	0.7	0.5718	0.1122	22.0	8.362***
TH	10.7	50.0	29.1	7.6	29.0	-0.0801	0.0153	26.0	5.486***
SU	2.5	13.2	7.0	2.0	7.0	0.3517	-0.1888	29.1	5.431***

* FD: days to female flowering; MD: days to maturity; FL: fruit length; FW: fruit width; TH: flesh width; SU: sugar content; L/W: fruit shape index (FL/FW).

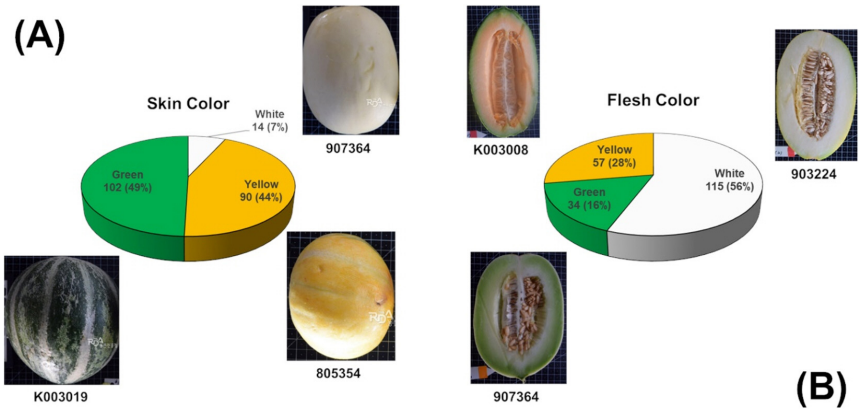

Fig. 2. Distribution of skin color (A) and flesh color (B) in 206 melon accessions.

14자원(7%)으로 분포를 하였으며(Fig. 2A), 과육색은 흰색 115자원(56%), 황색 57자원(28%), 녹색 34자원(16%)으로 조사되었다(Fig. 2B).

양적형질간 상관관계

멜론 유전자원의 7가지 양적형질들의 상관관계는 Table 6에 나타냈다. 과장은 과폭(r=0.558, p<0.0001), 과육두께(r=5.14, p<0.001), 성숙일수(r=0.325, p<0.001)와 정의 상관을 보였으며 과형지수(r=-0.736, p<0.001)와는 부의 상관을 보였다. 과폭의 경우에는 과육두께(r=0.837, p<0.001)와 성숙일수(r=0.240, p<0.001)와 정의 상관을 보였다. 과육 두께는 당도(r=0.147, p<0.05)와 성숙일수(r=0.157, p<0.05)와 정의 상관을 보였다. 당도의 경우에는 개화기(r=-0.146, p<0.05)와는 부의 상관을 보인데 비해 성숙일수(r=0.269, p<0.01)와 과형지수(r=0.202, p<0.01)와는 정의 상관을 보였다. 개화일수는 성숙일수(r=-0.553, p<0.001)와 성숙일수는 과형지수(r=-0.205, p<0.001)와 각각 부의 상관을 보였다(Table 6).

멜론 질적형질별 양적형질 특성

멜론 유전자원 과육 및 과피색에 따른 양적형질 조사결과는 Table 7과 같다. 과피색은 과폭을 제외한 6개 양적형질과 모두 유의한 차이를 보였다. 과피색 중 흰색 과피를 보인 자원들이 가장 짧은 과장, 과육두께, 개화일수를 보였으며 가장 높은 당도와 과형지수를 보였다. 과육색의 경우 과피색과는 달리 과육 두께와 개화일수의 2개 양적형질에서만 유의한 차이를 나타냈으며 과육이 흰색인 자원이 가장 얇은 과육 두께와 짧은 개화일수를 보였다(Table 7).

주성분 분석

멜론 유전자원의 7개 양적 형질을 이용하여 주성분 분석을 수행한 결과는 Table 8과 같다. 주성분 분석을 통하여 얻어진 각 특성들에 대한 고유값(Eigen value)은 제1주성분(PC1)의 경우 2.569로 전체 분산에 대하여 36.7%의 기여도가 있는 것으로 분석되었으며, 고유값이 1이상인 제2주성분(PC2)과 제3주성분(PC3)의 고유 값은 각각 1.549와 1.517로 전체 분산에 대하여 80.5%의 높은 기여도를 나타내고

Table 6. Correlation among seven agricultural traits.

	FL*	FW	TH	SU	FD	MD
FW	0.558*****					
TH	0.514***	0.837***				
SU	-0.041	0.108	0.147*			
FD	-0.086	-0.0274	0.049	-0.146*		
MD	0.325***	0.240***	0.157*	0.269***	-0.553***	
L/W	-0.736***	0.0672	-0.005	0.202**	0.0165	-0.205**

* FD: days to female flowering; MD: days to maturity; FL: fruit length; FW: fruit width; TH: flesh width; SU: sugar content; L/W: fruit shape index (FL/FW).
** Correlation is significant at the p-value: *, p<0.05; **, p<0.01; ***, p<0.001.

Table 7. Average for seven quantitative morphological traits of accessions per qualitative trait.

Trait		FL*	FW	TH	SU	FD	MD	L/W
Skin color	White	12.8 ± 4.4 c**	10.7 ± 2.4 ns	25.6 ± 9.6 b	8.3 ± 2.9 a	62.3 ± 5.8 b	42.2 ± 7.4 ab	0.89 ± 0.18 a
	Green	17.2 ± 5.5 b	11.4 ± 2.7	28.6 ± 9.9 a	6.9 ± 2.6 b	64.3 ± 7.3 a	41.7 ± 8.4 b	0.69 ± 0.16 b
	Yellow	18.5 ± 5.9 a	11.4 ± 2.5	29.2 ± 9.6 a	7.1 ± 2.7 b	64.6 ± 7.3 a	44.1 ± 8.4 a	0.66 ± 0.20 c
Flesh color	White	17.1 ± 6.0 ns	11.2 ± 2.6 ns	28.1 ± 9.6 b	7.1 ± 2.6 ns	63.9 ± 6.9 b	43.0 ± 8.2 ns	0.70 ± 0.20 ns
	Yellow	18.0 ± 5.4	11.7 ± 2.7	30.5 ± 10.0 a	7.2 ± 2.8	65.9 ± 8.0 a	42.8 ± 8.7	0.69 ± 0.18
	Green	18.0 ± 5.8	11.3 ± 2.5	28.9 ± 9.8 ab	7.1 ± 2.7	64.2 ± 7.3 b	43.3 ± 8.4	0.67 ± 0.19

* FD: days to female flowering; MD: days to maturity; FL: fruit length; FW: fruit width; TH: flesh width; SU: sugar content; L/W: fruit shape index (FL/FW).
** Marks in each column followed by the same letter are not significantly different according to Least significant difference at P<0.05.

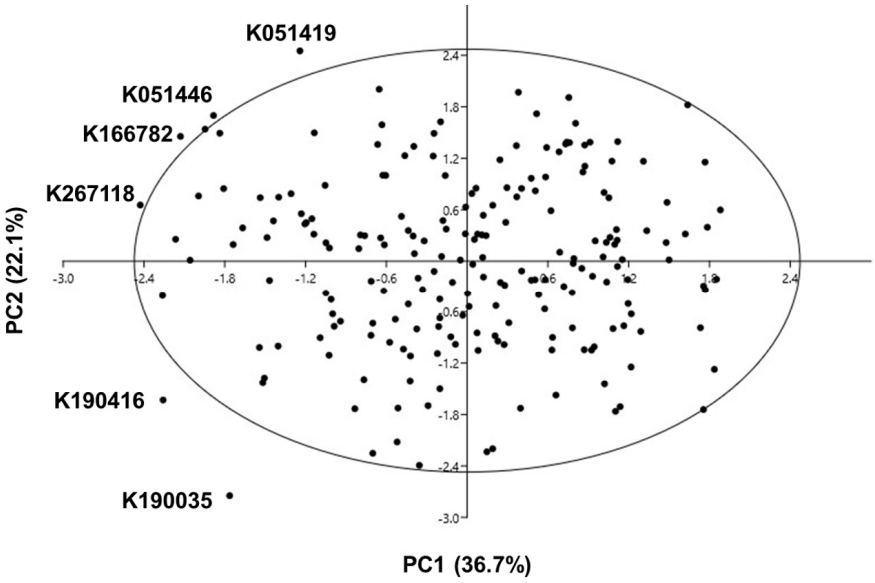

Fig. 3. The 2D scatter diagram of principal component analysis (PCA) of 206 melon accessions based on morphological traits.

Table 8. Eigen value, percentage of total variation, and component matrix for the principal component axes.

Principal Components	PC 1	PC 2	PC 3
Eigen value	2.569	1.549	1.517
% of Variance	36.7	22.1	21.7
Cumulative %	36.7	58.8	80.5
FL*	0.538	-0.243	-0.261
FW	0.501	-0.083	0.404
TH	0.484	-0.140	0.417
SU	0.105	0.475	0.269
FD	-0.157	-0.595	0.264
MD	0.345	0.504	-0.241
L/W	-0.266	0.286	0.628

* FD: days to female flowering; MD: days to maturity; FL: fruit length; FW: fruit width; TH: flesh width; SU: sugar content; L/W: fruit shape index (FL/FW).

있다.

주성분 분석결과 고유값이 1이상으로 전체 분산에 대하여 80.5%의 기여도를 나타낸 제1주성분부터 제3주성분까지의 특성간 상관관계를 분석한 결과, 제1주성분은 -0.2226 (과형지수) ~ 0.538 (과장)로 상관계수가 분포를 하였으며 과폭, 과장, 과육두께 등의 요인에 높게 편중되어 있다. 제2주성분의 경우 -0.595 (개화일수) ~ 0.504 (성숙일수)로 상관계수가 분포를 하고 있으며, 개화일수와는 높은 부의 상관관계를 성숙일수와 당도와는 높은 정의 상관관계를 나타내고 있다. 제3주성분에서는 -0.241 (과장) ~ 0.628 (과형지수)로 상관계수가 분포를 하고 있으며 과형지수에서 가장 높은 상관계수를 나타냈다.

PCA 분석결과의 제1주성분과 제2주성분값을 2차원 공간상에 배열한 뒤 Hotelling T2 test를 이용하여 95%신뢰구간을 표시한 결과는 Fig. 3과 같다. 멜론 6자원(K051419, K051446, K166782, K267118, K190416, K190035)을 제외하고는 모두 범위 안에 들어오는 것을 확인할 수 있었다. 특이점을 보인 멜론 6자원 중 K051419, K166782, K051446, K267118은 짧은 과장을 보였으며 K190416, K190035의 경우에는 늦은 개화기를 보였다.

형태적 특성을 활용한 군집분석

206개 멜론 유전자원의 양적 형질을 이용하여 군집분석을 수행한 결과 3개의 그룹으로 나뉘었다(Fig. 4 and Table 9). 그룹 I, II, III은 각각 107자원, 43자원, 56자원으로 구성되었다. 그룹 I은 과장, 과폭, 과육두께가 다른 그룹보다 크며 당도도 높다. 또한 개화일수와 성숙일수도 다른 그룹보다 긴 특징을 보였다. 그룹 II의 경우 가장 짧은 과장을 보였으며 과형지수도 다른 그룹보다 높았다. 그룹 III의 경우 가장 좁은 과폭과 과육 두께를 보였다. 또한 가장 낮은 당도와 가장 짧은 성숙일수를 보였다.

멜론 유전자원의 유전적 구성

206개 멜론 유전자원의 유전적 상태는 Table 4와 같다. 그들 중 11자원이 동일한 마커패턴을 보였으며 195자원이

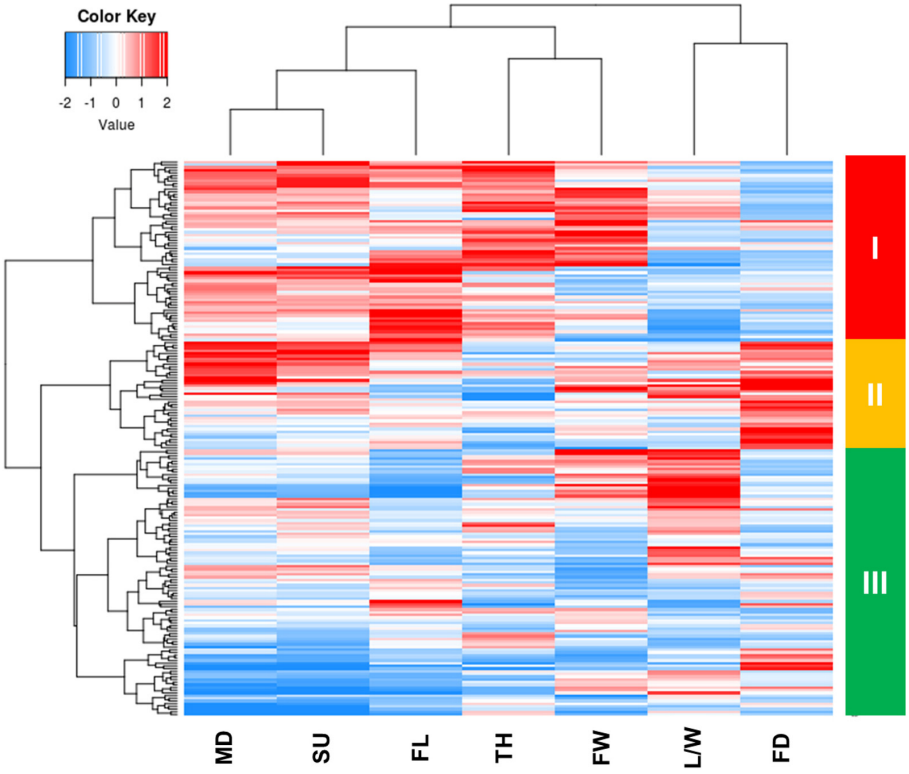

Fig. 4. Hierarchical cluster analysis of morphological traits in 206 melon accessions. FD, days to female flowering; MD, days to maturity; FL, fruit length; FW, fruit width; TH, flesh width; SU, sugar content; L/W, fruit shape index (FL/FW).

Table 9. Cluster average values for morphological traits of accessions per group.

	No. acc	FL*	FW	TH	SU	FD	MD	L/W
I	107	20.5 ± 5.2 a	12.5 ± 2.3 a	33.2 ± 8.9 a	7.8 ± 2.7 a	65.0 ± 8.2 a	45.4 ± 8.5 a	0.64 ± 0.15 b
II	43	13.2 ± 3.7 c	11.1 ± 2.1 b	26.4 ± 7.3 b	7.2 ± 2.7 b	62.9 ± 5.2 b	42.6 ± 6.5 b	0.88 ± 0.20 a
III	56	15.8 ± 5.3 b	9.6 ± 2.5 c	22.7 ± 9.0 c	6.0 ± 2.2 c	64.4 ± 6.7 a	39.5 ± 8.1 c	0.63 ± 0.16 b

* FD: days to female flowering; MD: days to maturity; FL: fruit length; FW: fruit width; TH: flesh width; SU: sugar content; L/W: fruit shape index (FL/FW).

** Marks in each column followed by the same letter are not significantly different according to Least significant difference at P<0.05.

다른 패턴을 보였다. 동일한 패턴을 보인 11자원 중에서 K189118, K100486, K190292은 20개의 SSR 마커에서 모두 동형접합형 대립유전자(homozygote allele)를 보여 근교계(Inbred)로 예측할 수 있다. 반면 803591, 805507, 805446, K190605, K267118, K190960, K189480, K189669의 경우 1~3개의 마커에서 모두 이형접합형 대립유전자(heterozygote allele)를 보였으므로 이들은 F1일 것이라 예측할 수 있다. 마커 패턴이 다른 195자원 중 49자원은 마커당 두개 이하의 크기(size)및 대립유전자(allele)를 보였으나 그 패턴이 다양하였고 이를 근거로 F2세대 이후 분리 세대로 예측할 수 있었으며 146자원은 하나의 마커에 3개 이상의 크기(size) 또는 대립유전자(allele)이 확인 되어 혼립으로 예상하였다.

고 찰

멜론은 아프리카와 아시아가 원산지일 것이라 추정하지만 우리나라 참외를 포함하여 태평양 제도, 남미, 오스트레일리아 등 전세계에 걸쳐 발견된다(Kerje & Grum, 2000). 본 연구에서 사용된 멜론 자원들의 77.2%는 아시아에서 수집된 자원들이며 아프리카에서 수집된 자원은 1자원뿐이었다. 아시아 국가에 편중된 자원 수집은 대상국가 또는 국제

기관에서 보유한 자원들 중 분양 가능한 자원들이 아시아 원산에 집중된 결과일 것이다. 또한 농업유전자원센터와 국제협력연구 등을 통해 자원의 수집, 도입이 활발했던 국가에서 도입된 자원이 다수를 차지한다. Lee *et al*. (2000)에 따르면 유전자원센터의 자원 구성은 62%가 국가와 국제기관으로부터 도입된 자원이라고 보고하였다. 본 연구에서 사용된 멜론 자원의 약 84.5% 또한 우즈베키스탄의 식물산업연구소(Uzbek Research Institute of Plant Industry), 미국 농무성 농업연구청(USDA-ARS), 러시아 바빌로프 연구소(Vavilov Research Institute) 등의 국가기관에서 도입이 되었으며 주로 재래종과 육성계통들로 구성되어 있다. 한편, 다른 대륙의 국가들과는 달리 아프리카 대륙에는 유전자원 관리기관을 운영하는 국가가 거의 없기 때문에 아프리카 자원의 분포가 적었을 것이라 생각된다(Mallor & Diaz, 2016).

멜론의 과실은 크기, 형태 색상 등 매우 다양하다고 보고되어 있다(Kirkbride, 1993; Nuñez-Palenius *et al*., 2008). 기존 보고에 따르면 과장이 4 cm에서 200 cm까지 다양한 크기를 보이며 무게도 50 g에서 15 kg까지 분포를 보인다고 하였다. 과형의 경우 소비자들의 선호도에 관여를 하는 형질로 멜론의 종류에 따라 다르지만 대체로 원형을 선호한다(농산업경영과, 2019). 본 연구에서도 멜론 206자원은 과장과 과폭, 과형지수 등이 다양하게 분포를 보였다 (Table 5). 특히 완전 구형(과형지수=1.0)인 8자원도 관찰되었다.

과육색에 있어서도 황색, 핑크색, 녹색, 흰색, 혼합색 등이 관찰되며, 과피색에서는 녹색, 황색, 백색, 오렌지색, 적색, 회색 등으로 다양한 자원이 관찰되었다는 보고가 있다(Goldman & Schrager, 2002; Kerje & Grum, 2000; Kirkbride, 1993). 과육색과 과피색의 경우 기존의 연구보고에서처럼 다양하지는 않으나 녹색, 황색, 백색의 자원들이 확인되었다. 멜론의 과육색은 엽록체와 carotenoid의 조합에 의해 결정되며 흰색, 녹색, 황색이 주요 색이다(Burger *et al*., 2009). Carotenoid 중에서 황색의 주 요소는 ß-carotene이며 ß-carotene의 함량에 따라 멜론의 과육색의 황색 정도가 결정된다(Nuñez-Palenius *et al*., 2008). 멜론의 ß-carotene은 비타민 A의 전구물질이며 중요한 항산화 성분으로 당근과 함께 프로비타민 A 섭취를 위한 식이 요소로 중요하다고 알려져 있다(Fleshman *et al*., 2011). 본 연구에서도 멜론 28자원이 과육색이 황색을 보였으며 이들의 ß-carotene 함량의 추가적 분석을 수행한다면 새로운 ß-carotene 함량을 목표로 하는 육종소재로 활용 가능할 것이다.

멜론의 품질을 결정하는 일차적인 기준은 당도이며 재배환경에 따라 차이를 보이나 2.1~14.8 brix를 보인다(Lee & Hyeon, 2003; Pitrat *et al*., 2000). 우리나라에서는 멜론의 종류에 따라 다르지만 12~13 brix이상의 과실이 유통되며 15 brix 이상의 멜론이 상품으로 인정되고 17~18 brix 이상이 초고품질 멜론으로 인정받고 있다(RDA, 2019). 일본의 경우 14 brix이상의 멜론이 상품으로 일본 시장에서 유통되고 있으며 15 brix이상의 품종들이 개발되어 있다(KFTC, 2018). (Burger *et al*., 2009)에 따르면 멜론의 당도가 최소 9brix 이상은 되어야 육종 소재로 육종가들이 활용할 수 있다고 하였다. 본 연구에서 멜론 206자원의 당도는 2.5~13.2 brix로 매우 다양한 분포를 보였으며 평균 7.0 brix로 낮은 편이었으나(Table 5) 이 중 33자원은 9 brix이상이었고 특히 803591의 경우 13.2 birx로 높은 당도를 나타내 새로운 육종소재로 이용 가능할 것이다.

기존에 우리는 수박 유전자원을 이용하여 그들의 유전적 구성을 SSR 마커를 이용하여 확인하고 그들 중 근교계(Inbred)로 예측되는 6자원을 보고하고 그들의 활용 방안에 대해 토의하였다(Lee *et al*., 2019). 본 연구에서는 20개의 SSR마커 결과를 토대로 유전적 구성을 예측하고 이중 근교계로 예측되는 멜론 3자원을 확인 할 수 있었다. 20개 마커는 12개의 멜론 염색체에 골고루 분포하며 높은 PIC값을 보여 유전적 구성 예측에 사용하기 적합하였다. 특히 근교계(Inbred)의 경우 20개의 마커가 모두 동형접합형 대립유전자(homozygote allele)의 결과를 보여야 하며 이는 매우 낮은 확률로 존재하기 때문에 유전적 구성 예측에 충분한 판단근거가 될 것이다. 타식성 작물의 유전자원 활용을 위해서는 재래종, 육성계통 등 다양한 집단을 수집하여 유용한 유전자 및 대립유전자를 보존하는 것이 매우 중요하다. 이와 더불어 수집한 자원의 유전적 상태를 확인하여 근교계, F1, 혼립 등을 구분하여 육종소재로 이용할 수 있도록 준비해야 한다. 타식성 작물의 육종에는 다양한 자원의 수집과 보존, 평가뿐만 아니라 우수한 자식계통을 얻기 위한 유전적 고정이 필요하다(Jang *et al*., 2013) 본 연구에서 근교계로 예측된 3자원은 멜론 육종 프로그램에 직접 활용할 경우 자식계통 육성 및 발굴을 위한 과정 없이 육종 연한을 단축할 수 있을 것이라 생각된다.

멜론은 2014년 이후 재배와 소비가 감소하는 추세를 보이고 있으나 국내에서는 아직도 선물용 고급 과일로 형태, 무게, 당도 등이 복합병저항성과 함께 중요한 육종 목표이다(RDA, 2019). 본 연구에서는 다양한 국가에서 수집된 멜론 206자원을 육종 소재로 활용하기 위하여 소비자가 선호하는 과형과 연관된 형질 - 과장, 과폭, 과육두께 - 및 당도를 중점으로 자원을 평가하였다. 본 연구의 평가 결과 형태 및 당도가 우수하여 멜론의 품질 향상에 도움이 될 수 있는 자원들을 확인 할 수 있었다. 또한 다양한 과육색을 갖는

자원들을 확인하여 기능성 멜론에 대한 기초 정보도 확보하였다. 이들 특성정보와 유전적 구성 분석 결과는 새로운 육종소재 개발에 유용할 것이며 추후, ß-carotene등을 포함한 기능성 물질 함량 및 복합병저항성 검정, 멜론 재배 적합 관련 특성 등의 분석이 필요할 것이다.

적 요

농업유전자원센터에 보존 중인 멜론(*Cucumis melo* L.) 206자원에 대한 형태적 특성을 분석하였다. 형태적 특성은 과장, 과폭, 과형지수, 과육두께, 당도, 개화일수, 성숙일수 등 7가지 양적형질과 과피색, 과육색 등 2가지 질적형질을 조사하고 다변량분석을 하였다. 또한 20개 SSR 마커를 이용하여 그들의 유전적 구성을 분석하였다.

1. 멜론 유전자원 중 아시아 국가에서 수집한 자원이 77.2%로 가장 많았으며 국가별로는 우즈베키스탄에서 수집한 자원이 가장 많았다.
2. 7가지 양적형질중에서 개화일수가 자원간 가장 적은 변이(CV=9.2%)를 보였으며 당도(CV=29.1%)가 가장 높은 변이를 보였다.
3. 질적 형질 중 과피색은 녹색(102자원, 49%), 과육색은 흰색(115자원, 56%)이 가장 많았다.
4. 주성분 분석 결과 제1주성분(36.7%), 제2주성분(22.1%), 제3주성분(21.7%)이 전체 변량의 80.5%를 나타내었다.
5. 군집분석 결과 멜론 206자원은 3개의 그룹으로 나뉘었으며 각각 107자원, 43자원, 56자원으로 구성이 되었다. 이 중 그룹 I에 속한 자원들이 다른 그룹의 자원들 보다 과장, 과폭이 길고 당도가 높은 특징을 보였다.
6. SSR 마커를 이용한 유전적 상태 구분 결과 K189118, K100486, K190292은 모두 동형접합형 대립유전자(Homozygote allele)를 보였으며 이를 토대로 근교계(Inbred) 자원으로 예측 할 수 있었다.

본 연구 결과는 멜론 과일 품질 향상을 위한 육종 프로그램에 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 농업과학기반기술개발사업(과제번호: PJ013545)의 지원에 의해 이루어졌음.

인용문헌(REFERENCES)

Burger, Y., H. Paris, R. Cohen, N. Katzir, T. Tadmor, E. Lewinsohn, and A. A. Schaffer. 2009. Genetic Diversity of *Cucumis melo*. Horticul. Rev. 36 : 165-198.

Fleshman, M. K., G. E. Lester, K. M. Riedl, R. E. Kopec, S. Narayanasamy, R. W. Curley, S. J. Schwartz, and E. H. Harrison. 2011. Carotene and Novel Apocarotenoid Concentrations in Orange-Fleshed *Cucumis melo* Melons: Determinations of β-Carotene Bioaccessibility and Bioavailability. J. Agri. Food Chem. 59 : 4448-4454.

Fukino, N. Y. Sakata, M. Kunihisa, and S. Matsumoto. 2007. Characterisation of novel simple sequence repeat (SSR) markers for melon (*Cucumis melo* L.) and their use for genotype identification. J. Hort. Sci. Biotech. 82 : 330-334.

Goldman, A. and V. Schrager. 2002. Melons: For the Passionate Grower. Artisan.

Hammer, O., D. A. T. Harper, and P. D. Ryan. 2001. PAST: paleontological statistics software package for education and data analysis. Paleontol. Electron. 4 : 1-9.

Jang, J.-S., E.-H. Chang, K. J. Sa, B. W. Kim, J.-H. Kim, and J. K. Lee. 2013. Analysis of Population Structure and Association Mapping among Popcorn Inbred Lines using SSR markers. Korean J. Breed. Sci. 45 : 358-368.

Jung, J. S. Choi, J. Oh, N. Kim, D. Kim, B. Son, and Y. Park. 2015. Evaluation of horicultural traits and genetic relationship in melon germplasm. J. Plant Biotechnol. 42 : 401-408.

Kerje, T. and M. Grum. 2000. The origin of melon, Cucumis melo: A review of the literature. Acta Hort. 510 : 37-44.

KFTC. 2018. Melon market in Japan. Korea Agro-Fisheries & Food Trade Corporation.

Khalid, M., Farahatullah, N. U. Khan, A. Din, M. Y. Khan, M. Akmal, and N. Ali. 2010. Linkage of morphological markers in brassica. Pakistan J. Bot. 42 : 2995-3000.

Kim, C.-Y., G.-T.Cho, H.-J. Baek, S.-Y. Lee, M.-C. Lee, Y.-Y. Lee, and Y.-M. Choi. 2013. Customers' Needs Analysis for Distribution and Utilization of Plant Genetic Resources in RDA-Genebank. Korean J. Plant Res. 26 : 328-335.

Kim, T. and K. Ko. 1995. Classification of persimmon (*Diospyros kaki* thunb.) cultivars by multivariate analysis. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 36 : 513-521.

Kirkbride, J. H. 1993. Biosystematic monograph of the genus Cucumis (Cucurbitaceae): botanical identification of cucumbers and melons. Parkway Publishers.

Lee, D., H. T. Park, and G. H. Park. 2000. An improvement of management system for plant genetic resources. KREI Repository. 23 : 1-20.

Lee, K. J., J.-R. Lee, M.-J. Shin, S.-H. Kim, S. Lee, S.-H. Han, and D. Y. Hyun. 2019. Characterization of Watermelon (*Citrullus lanatus*) Accessions Introduced from USDA. Korean J. Breed. Sci. 51 : 357-366.

Lee, S. W. and K. Z. Hyeon. 2003. Path-Coefficient Analysis of Some Characters Affecting Fruit Sweetness in Melon (*Cucumis melo* sp.). J. Kor. Soc. Hort. Sci. 44 : 661-665.

Malek, M. A., M .Y. Rafii, M. Shahida Sharmin Afroz, U. K. Nath, and M. M. A. Mondal. 2014. Morphological Characterization and Assessment of Genetic Variability, Character Association, and Divergence in Soybean Mutants. The ScientificWorld Journal Article ID 968796.

Mallor, C. and A. Diaz. 2016. Melon Germplasm Characteristics, Diversity, Preservation and Uses. Novinka, pp. 1-26.

Nam, S.-Y., S.-T. Hong, I.-J. Kim, and M.-J. Kim. 2004. Growth and yield components of Korean perilla collections. Korean J. Crop Sci. 49 : 222-226.

Nuñez-Palenius, H. G., M. Gomez-Lim, N. Ochoa-Alejo, R. Grumet, G. Lester, and D. J. Cantliffe. 2008. Melon fruits: genetic diversity, physiology, and biotechnology features. Criti. Rev. Biotechnol. 28 : 13-55.

Park, J.-H., J.-Y. Lee, J.-B. Chum, O.-J. You, and E.-H. Son. 2018. Multivariate Analysis of Variation of Growth and Quality Characteristics in Colored Rice Germplasm. Korean J. Crop Sci. 63 : 175-185.

Pitrat, M., P. Hanelt, and K. Hammer. 2000. Some comments on infraspecific classification of cultivars of melon. Acta Hort. 510 : 29-36.

RDA. 2019. Melon Trading and Shipping Strategies.

Smith, J. S. C., E. C. L. Chin, H. Shu, O. S. Smith, S. J. Wall, M. L. Senior, S. E. Mitchell, S. Kresovich, and J. Ziegler. 1997 An evaluation of the utility of SSR loci as molecular marker in maize (*Zea mays* L.): Comparison with RFLPs and pedigree. Theor. Appl. Genet. 95.

Yi, S., Y. Kwon, G. Bae, and S. Ih. 2004. Recent progresses for the variety classification and denomination of oriental melon and melon (*Cucumis melo* L.). Korean J. Hort. Sci. Technol. 22 : 515-522.

Youn, A.-R., B.-S. Kim, K.-H. Kwon, J.-H. Kim, D.-J. Choi, and H.-S. Cha. 2011. Chemical components of muskmelon (*Cucumis melo* L.) according to cultivars during storage. Korean J. Food presev. 18 : 636-642.