

## 멜론 유전자원의 원예형질 특성 및 유연관계 분석

정재민 · 최성환 · 오주열 · 김나희 · 김다운 · 손병구 · 박영훈

# Evaluation of horticultural traits and genetic relationship in melon germplasm

Jaemin Jung · Sunghwan Choi · Juyeol Oh · Nahui Kim · Daeun Kim · Beunggu Son · Younghoon Park

Received: 19 December 2015 / Revised: 21 December 2015 / Accepted: 21 December 2015  
© Korean Society for Plant Biotechnology

**Abstract** Horticultural traits and genetic relationship were evaluated for 83 melon (*Cucumis melo* L.) cultivars. Survey of a total of 36 characteristics for seedling, leaf, stem, flower, fruit, and seed and subsequent multiple analysis of variance (MANOVA) were conducted. Principal component analysis (PCA) showed that 8 principle components including fruit weight, fruit length, fruit diameter, cotyledon length, seed diameter, and seed length accounted for 76.3% of the total variance. Cluster analysis of the 83 melon cultivars using average linkage method resulted in 5 clusters at coefficient of 0.7. Cluster I consisted of cultivars with high values for fruit-related traits, Cluster II for soluble solid content, and Cluster V for high ripening rate. Genotyping of the 83 cultivars was conducted using 15 expressed-sequence tagged-simple sequence repeat (EST-SSR) from the Cucurbit Genomics Initiative (ICuGI) database. Analysis of genetic relatedness by UPGMA resulted in 6 clusters. Mantel test indicated that correlation between morphological and genetic distance was very low ( $r = -0.11$ ).

**Keywords** *Cucumis melo* L., EST-SSR, genetic relationship, horticultural traits, melon, PCA

\*The authors contributed equally to this study

J. M. Jung\*, S. H. Choi\*, N. H. Kim, D. E. Kim,  
B. G. Son, Y.-H. Park (✉)  
부산대학교 원예생명과학과  
(Department of Horticultural Bioscience, Pusan National  
University, Miryang 627-706, Republic of Korea)  
e-mail: ypark@pusan.ac.kr

J. Y. Oh  
경상남도 농업기술원  
(Gyeongnam Agricultural Research & Extension Services, Jinju  
663-985, Republic of Korea)

## 서론

멜론(*Cucumis melo* L.)은 대표적인 2배체( $2x=2n=24$ ) 과채류작물로 태평양 제도와 남미, 오스트레일리아를 비롯하여 거의 전 대륙에 걸쳐 발견되는 등 다양한 지리적 분포와 기원을 가진 품종들이 알려져 있으며(Kerje and Grum 2000) 국가와 지역별로 재래종과 교배종 품종들이 혼재되어 재배되고 있다. 또한 타식성 작물로서 자연 상태에서 혼종 가능성이 높을 뿐만 아니라, 종 및 아종간 중간형 변종들이 등장함으로써 형태적으로 매우 다양한 변이를 보인다(Yi et al. 2004).

육종에 있어 유전자원의 수집, 형질특성 조사 그리고 선발 효율을 높이기 위한 교배 조합의 선정은 매우 중요하다. 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 성분조성의 차이, 처리간의 성장반응 등 다양한 형질들이 대상이 되고 있으며, 이러한 자료들에 기초하여 요인분석, 주성분분석과 군집분석 등의 여러 다변량 분석법이 적용되고 있다(Kim et al. 1995).

교배 조합의 선발효율을 높이기 위한 유전적 유연관계 분석에 과거에는 형태적 및 생화학적 특성에 의하여 다양성을 평가하여 왔으나 이러한 방법은 유전적으로 가까운 근연종간에는 제한적이며, 환경의 영향을 많이 받는 형질의 경우 다양성의 평가가 어려운 실정이다(Chen and Nelson 2004). DNA 표지인자는 형태적 특성에 관계없이 쉽고 정확하게 유전적 특성 평가가 가능하다고 알려져 있다(Hosaka et al. 1994). DNA 표지인자 중 microsatellite라고도 불리는 SSR (simple sequence repeat)은 식물체 genome 상에 존재하는 단순반복 염기서열의 반복횟수의 차이로 인해 다형성(Polymerphism)이 나타나며, 기존에 개발된 DNA

표지인자보다 다형성 정도가 아주 높아서 유전적 다양성과 유연관계를 평가하는데 많이 이용되고 있다(Cho et al. 2011). 특히 EST (expressed sequence tagged)-SSR은 mRNA 기반으로 제작한 cDNA 염기서열내 존재하고 있어 유전자 특이적 분자마커로 활용되고 있으나 genomic DNA-SSR 보다 다형성 빈도가 다소 낮다고 인식되어 있다.

본 연구는 국내 멜론 유전자원 분류와 육종소재 평가에 필요한 정보를 제공하고자 형태적, 지리적으로 다양하게 수집된 83개 멜론 품종을 대상으로 하여 형질특성 조사와 EST-SSR 마커를 이용한 이들간 유연관계를 분석하고자 수행되었다.

## 재료 및 방법

### 식물재료 및 특성조사

공시된 83개의 멜론 품종(Table 1)(Kim et al. 2015)을 2014년에 경상남도 농업기술원에 설치된 비닐 하우스 시설을 이용하여 품종당 3 반복씩 토경재배 하였다. 형질특성 조사는 International Union for the Protection of New Varieties of Plants [(http://www.upov.int 2006. Melon (*Cucumis melo* L.)]의 기준을 참고하여 생육 전반에 관련된 35개 형질들(Table 2)을 평가하였으며, 각 품종들의 형태적 특성에 따른 분류(Taxonomy group)는 Pitrat (2000) 분류 체계를 기준

**Table 1** Melon (*Cucumis melo* L.) varieties and accessions used in the experiment

EN	Accessio <sup>ns</sup>	Taxonomic groups <sup>y</sup>	Source <sup>x</sup>	EN	Accession <sup>z</sup>	Taxonomic groups <sup>y</sup>	Source <sup>x</sup>
1	PI 222187	Conomon	GARES	43	PI 261644	Reticulatus	NLD
2	PI 136171	Reticulatus	CAN	44	IT202952	Chandalak	RUS
3	K 037412	Macuba	CHN	45	AGR	Chate	GARES
4	K 051463	Chandalak	CHN	46	CuM 254	Dudaim	AFG
5	PI 255946	Macuba	DEU	47	IT209395	Chandalak	TJK
6	PI 247957	Macuba	FIN	48	IT190778	-	TJK
7	PI 236355	Reticulatus	GBR	49	K 145117	Tibish	TUR
8	PI 212211	Inodorus	GRC	50	K 145120	Inodorus	TUR
9	PI 116479	Inodorus	IND	51	K 145180	Momordica	TUR
10	K 018961	Reticulatus	IND	52	K 145181	Inodorus	TUR
11	IT 250686	Ameri	IND	53	K 145217	Inodorus	TUR
12	K018965	Makuwa	IND	54	K 145118	Ameri	TUR
13	PI 140762	Chinensis	IRN	55	IT 219669	Momordica	USA
14	IT 138050	Reticulatus	USA	56	IT 219673	Reticulatus	USA
15	Marina	Makuwa	JPN	57	IT 221634	Dudaim	USA
16	K045519	Reticulatus	JPN	58	IT 221640	Reticulatus	USA
17	K 003015	Ameri	KAZ	59	Netted germ	Reticulatus	USA
18	PI 385965	Makuwa	KEN	60	PI 140471	Chito	GARES
19	VIP	Reticulatus	KOR	61	PI 120746	Makuwa	GARES
20	Keumssaragi	Acidulus	GARES	62	IT 199226	Reticulatus	USA
21	Weed melon	Chito	GARES	63	WMR 29	Cantaniupensis	USA
22	GM 5	Tibish	KOR	64	G.B. Casaba	Reticulatus	USA
23	K 018960	Reticulatus	KOR	65	IT 135829	Reticulatus	USA
24	GM 19	Adana	KOR	66	IT 219671	Dudaim	USA
25	Picnic	Reticulatus	JPN	67	PI 116915	Chandalak	AFG
26	Praha	Reticulatus	KOR	68	PI 125951	Cantaniupensis	AFG
27	Earl's elite	Reticulatus	KOR	69	Doublom	Adana	FRA
28	PNU-D1	Reticulatus	KOR	70	IT 216863	Cantaniupensis	FRA
29	GAR13	Reticulatus	KOR	71	PI 164320	Chito	GARES
30	GARP5	Reticulatus	KOR	72	PI 266933	Makuwa	JPN
31	GARP7	Reticulatus	KOR	73	PI 420176	Makuwa	JPN

**Table 1** Melon (*Cucumis melo* L.) varieties and accessions used in the experiment (Continue)

EN	Accessio <sup>ns</sup>	Taxonomic groups <sup>y</sup>	Source <sup>x</sup>	EN	Accession <sup>z</sup>	Taxonomic groups <sup>y</sup>	Source <sup>x</sup>
32	GARP9	Reticulatus	KOR	74	PI 266947	Adana	JPN
33	J3	Reticulatus	KOR	75	PI 169329	Inodorus	TUR
34	07/11/5/4/18/12/21	Reticulatus	KOR	76	PI 506460	Cantaniupensis/Inodorus	USA
35	07/A/14/4/8/8/16	Reticulatus	KOR	77	IT 190252	Reticulatus	UZB
36	07/16/2/27	Reticulatus	KOR	78	Porseldok	Chandalak	UZB
37	07/A/20/5/7/8/23	Reticulatus	KOR	79	IT 250675	Chandalak	UZB
38	GARP10	Reticulatus	KOR	80	IT 202955	Inodorus	UZB
39	07/14/1/7	Reticulatus	KOR	81	IT 190798	Chandalak	UZB
40	07/21/7/6/13/1	Reticulatus	KOR	82	Umir-vaki	Chandalak	UZB
41	PI 165450	Chandalak	MEX	83	IT 190926	Chandalak	UZB
42	PI 200819	Chate	GARES				

<sup>z</sup>Accession numbers start with PI, IT or K. Original names are parenthesized. Accessions for which numbers are not designated are presented only by their original names.

<sup>y</sup>Taxonomic groups were assigned based on phenotypic characteristics according to Kim et al. (2015)

<sup>x</sup>DB, Dongbu Farm Hannong, Ansong, Korea; GARES, Gyeongnam Agricultural Research & Extension Services; AFG, Afghanistan; CAN, Canada; CHN, China; DEU, Germany; FIN, Finland; GBR, United Kingdom; GRC, Greece; IND, India; IRN, Iran; JPN, Japan; KAZ, Kazakhstan; KEN, Kenya; KOR, Korea; MEX, Mexico; NLD, Netherlands; RUS, Russia; TJK, Tajikistan; TUR, Turkey; USA, United States of America; UZB, Uzbekistan.

**Table 2** Abbreviations of 35 horticultural traits for melon cultivars (*Cucumis melo* L.) investigated in the study

Abbreviation	Trait	Abbreviation	Trait
HL (cm)	Hypocotyl length	ECOL B	External color-B
HT (mm)	Hypocotyl thickness	FCOL L	Flesh color-L
CL (cm)	Cotyledon length	FCOL A	Flesh color-A
CW (mm)	Cotyledon width	FCOL B	Flesh color-B
SLS	Seedling leaf SPAD	IL (cm)	Internode length
CFW (g)	Seedling fresh weight	LPL (cm)	Leaf petiole length
CDW (g)	Seedling dry weight	LA (cm <sup>2</sup> )	Leaf area
RR (day)	Ripening rate	LS	Leaf SPAD
FW (g)	Fruit weight	LL (cm)	Leaf length
FL (cm)	Fruit length	LW (cm)	Leaf width
FD (cm)	Fruit diameter	FMPL (cm)	Female petal length
FSI	Fruit shape index	MPL (cm)	Male petal length
FT (cm)	Flesh thickness	OVL (cm)	Ovary length
SSC (brix)	Soluble Solid Content	OVW (cm)	Ovary width
FLB (cm)	Fruit lateral branch	SL (cm)	Seed length
FCL (cm)	Fruit culm length	SD (cm)	Seed Diameter
ECOL L	External color-L	OHSW (g)	One hundred seed weight
ECOL A	External color-A		

으로 수행하였다(Kim et al. 2015).

#### DNA 추출

재배된 멜론 품종의 유엽을 이용하여 genomic DNA를 추

출하였다. 잎 샘플을 1.5 mL micro-centrifuge tube에 bead와 DNA extraction buffer 600 µL을 넣어 Tissue Lyser (QIAGEN, Venlo, Netherlands)로 분쇄하여 65°C의 Waterbath에 45분간 lysis 후에 7.5 M ammonium acetate 200 µL를 더하여 15~20분 간 ice에 처리하였다. Tube를 10분간 14,240 x g로 cent-

rifugation 시킨 후 상층액을 glycogen solution 5  $\mu$ L (5 mg/mL), isopropanol 600  $\mu$ L가 혼합된 1.5 mL tube에 옮기고 앞과 동일하게 다시 원심분리 하였다. 이 후 tube의 상층액을 버리고 DNA pellet을 70% Et-OH 300  $\mu$ L를 사용하여 세척한 후 pellet을 건조시켜 0.1 M Tris 200  $\mu$ L을 넣어 resuspension 하였다. 추출된 DNA는 분광광도계(Thermo Scientific, Pittsburgh, PA, U.S.A)로 정량 후, 20 ng/ $\mu$ L로 희석하여 PCR 반응에 사용하였다.

### EST-SSR 마커 분석

품종간 유연관계 분석을 위해 EST-SSR 마커의 유전자형을 분석하였다. EST-SSR primer set는 International Cucurbit Initiative database (ICuGI, <http://www.icugi.org>)에 공시된 멜론 통합 유전자지도(integrated map)에서 genome 전역에 고루 분포된 마커를 기반으로 선발하였다. PCR 용액은 dNTP (each 10 mM) 0.2  $\mu$ L, Taq (5 U/  $\mu$ L) 0.1  $\mu$ L, 10X buffer 1  $\mu$ L, Primer-F (50uM) 0.1  $\mu$ L, Primer-R (50 uM) 0.1  $\mu$ L, genomic DNA 1  $\mu$ L (20 ng/  $\mu$ L), 멸균수 7.5  $\mu$ L를 혼합하여 10  $\mu$ L에 맞추었다. PCR 조건은 95°C에서 2분간 pre-denaturation, 94°C에서 15초간 denaturation, 60°C에서 30초간 annealing하여 매 회 cycle 마다 0.5°C 감한 뒤 72°C에서 1분간 extension 과정을 10회 반복하고, 다시 94°C에서 15초간 denaturation, 55°C에서 30초간 annealing, 72°C에서 30초간 extension의 과정을 35회 반복하고, 3분간 72°C에서 최종 extension을 수행하였다. PCR 증폭이 확인된 PCR 산물들에 대해서는 Fragment Analyzer (Advanced Analytical Technologies, USA)를 이용하여 정밀한 유전자형 분석을 수행하였다. 유전자형 분석은 PROSize 2.0 version 프로그램을 이용하여 PCR 증폭 산물(band)의 크기가 1bp 오차 범위 이내 일 때는 동일한 유전자형으로 간주하였으며, 증폭 산물이 명확한 것만 판독하였다. Band 유, 무에 따라서 각각 “1”과 “0”으로 genotyping 하여 data matrix를 작성하였다. 각 EST-SSR 마커의 PIC (Polymorphism Information Content) 값은 다음 식(Botstein et al. 1980)을 사용하여 구하였다.

### 통계 분석

형태적 유연관계를 조사하기 위해 SAS program (SAS institute, SAS 9.4)을 사용하여 83개의 품종간의 형태적 특성에 대해 주성분 분석(PCA, principal component analysis)과 군집 분석(Cluster analysis)을 수행하였다. 주성분 분석을 통해 특성 간 상관행렬로부터 고유 값과 전체 변동에 대한 각 주성분의 기여도를 구하였으며, 군집분석에서는 Average Distance에 기초한 비가중평균결합법(UPGMA, unweighted pair group method on arithmetic averages)를 사용하였다.

EST-SSR 마커의 유사도 분석은 Jaccard's coefficient (Sneath and Sokal 1973) 방법을 따랐으며, UPGMA를 이용한 SHAN clustering 분석은 NTSYS-pc software program (Jamshidi and Jamshidi 2011)을 사용하여 수행하였다. 형태적 유연관계와 유전적 유연관계의 coefficient matrices는 NTSYS-pc의 MXCOMP (Rohlf 2002)를 사용한 Mantel test (Mantel 1967)를 통해 구하였다.

### 결과 및 고찰

#### 주성분 분석

실험에 사용된 83 품종에 대한 형태적 다양성을 평가하기 위해 주성분 분석을 수행하였다. 품종간 조사된 형질 특성 변이들에 대한 주성분 분석결과, 고유 값이 1이상인 제1주성분부터 제8주성분까지 전체 분산의 누적기여도는 76.3%로 나타났으며, 제1주성분은 전체 분산에 대해 29.4%의 기여도를 보였으며, 제2주성분의 기여도는 11.6%로 나타났다. 위의 결과를 바탕으로 기여도가 높은 제1주성분과 제2주성분의 상관관계를 정리한 결과는 Table 3과 같다. 제1주성분은 전체 분산에 대해 29.45%의 기여도를 보였으며, 제8주성분의 기여도는 3.3%로 낮았다. 위의 결과를 바탕으로 8개의 주성분과 각각의 특성간의 상관관계를 정리한 결과는 Table 4와 같다.

제1주성분과 제2주성분을 이루는 특성간의 상관관계를 보면 제1주성분은 HT, CL, CW, FW, FL, LL, LW, FD, SL, SD, OHSW가 상관계수 0.22~0.24의 범위로 높은 정(+)의 상관관계를 보였으며, 제1주성분 값이 클수록 이들 형질특성의 측정값이 높았다. 따라서 제1주성분은 종자 크기와 유묘, 잎, 그리고 과실의 크기에 영향을 주는 요소로 추정된다. 제2주성분은 SLS, FW, FD, FT가 상관계수 0.24~0.30의 범위로 높은 정(+)의 상관관계를 보였다. 반면에, SFW와 SDW는 부(-)의 상관관계를 가지며, 상관계수는 0.24~0.25의 범위를 보였다. 제2주성분이 값이 클수록 SLS, FW, FD, FT 측정값이 크며 SFW, SDW의 측정

**Table 3** Relationships between principal components of the horticultural traits in 83 melon cultivars (*Cucumis melo* L.)

Principal component	Class	Corresponding traits*
1	+	HT, CL, CW, LL, LW, FW, FL, FD, SL, SD, OHSW
	-	None
2	+	SLS, FW, FD, FT
	-	SFW, SDW

\*Refer to Table 2 for abbreviations

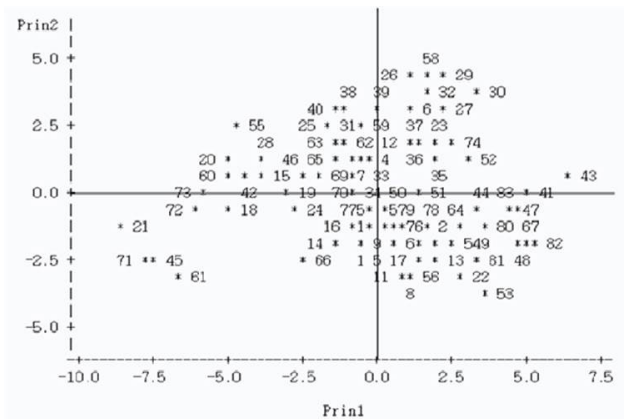
**Table 4** Information for the EST-SSR primer sets used in the study

Marker	Primer sequence (5'-3')	SSR motif	PIC value*	Product size (bp)
MU44448	F: AGAGCTATTTCGACGGGGTTT R: TCTATTCTCGCGTAATGCC	(GGAGAA)5(AGA)6*	0.773	221
MU43832	F: CTTCTCTTTCCCCCTTTGCT R: GGGGGTTTGAATTGAATGTG	(CTT)6ctccttctctcctctttt(TTC)19tc(CTT)5	0.747	231
MU44987	F: ATTTGCTTTAGACTCGGGGG R: TCGTCGAATGGTTGAGACTG	(TTC)9	0.765	220
MU44021	F: AAGCGAATCAAGTATTTGCTTTTT R: GGAGCAGGTTTTTGGTTCAG	(AT)9(GT)6(AT)9	0.714	222
MU46022	F: ACGACCTTCATCACTACCCA R: GCCAGGGATGTAACCAAAGA	(TC)21tgtttggtttgttgcaaatc(AGA)5	0.628	271
MU50794	F: TTCAACCAACAACAAGCCA R: CGAGAACAAAACCCATATAATTG	(TTC)5tagccaacaacagcaagaagatcaggatcgttacgggtgaagatttcg gtactgggtgatcaataagtagaacattattgttt(TTA)12	0.751	203
MU51172	F: GAATTTCAAGAACTGGGTTTTGT R: TTGGCTCCAACCAAAGAGAC	(TC)17tt(TC)6	0.714	270
MU52471	F: CCTTGCTTCAAAGTCATTCATTC R: AAAACCGTCGGAATCATCAG	(TCT)9tca(TCT)6	0.677	257
MU51722	F: TCGGGAAAGATCTTGAGGAA R: TGAACAAGTAAACAACAAGAGGGA	(CT)7tctaattcaca(AC)8tcaatgctgctaataatgatgatgaag(TTC)5	0.579	203
MU54515	F: CCCGATCACCTCCCATTATT R: GATGGGAAGTGAAGAAGCA	(TCT)5ttctcgtcaaccctctcaaaaccacaacttctttattttcttcagtaat tgtatctcaattctctttgtt(TTTG)5	0.679	208
MU54357	F: TGGTGTACCCCTACGTAGCTC R: TTTCACCCACAAAGAGAGG	(TTTC)7(TC)8*	0.551	243
MU52374	F: TGGATCCGAAATAGAGAAAGGA R: G GTCTTCGATCTGAAACCCA	(GGAGA)5g(GT)15gatattttgatttcacattacagtttacattacaacc a(AAC)6	0.576	252
MU48158	F: TTTTCTCTCTTTCCCCCTC R: ACCAATCCATCGTCTTCGTC	(CT)16	0.675	141
MU48257	F: TCACTACCCATTACTTCATTCCAA R: TTTGTTGTTTCGTTTCGTCTGC	(TC)20gtttgtttgtttgtgcaaatc(AGA)5	0.619	141
MU50123	F: TTTCCAATTCCTGTAGCCG R: GAAGAGACGCATCACCATCA	(CT)12atgccattctgtttaccttttcttttaca(TC)6	0.76	232

\*PIC, polymorphism information content

값이 낮았다. 따라서 제2주성분은 유묘의 생체중, 건물중, 유묘의 엽록소 함량 그리고 과실의 크기에 영향을 주는 요소로 추정된다.

PCA plot 결과(Fig. 1), 1사분면에는 HT, CL, CW, FW, FL, FD, FT, SLS, SD의 측정값이 높고, SFW, SDW의 측정값이 낮은 특징의 품종들이 분포했으며, 3사분면에는 HT, CL, CW, FW, FL, FD, FT, SLS, SD의 측정값이 낮고, SFW, SDW의 측정값이 높은 품종들이 분포했다. 4사분면에는 HT, CL, CW, FL, FT, SLS, SD, SFW, SDW의 측정값은 높고, SLS, FT는 낮은 측정값을 가지는 품종들이 분포했다. 2사분면에는 HT, CL, CW, FL, FT, SLS, SD, SFW, SDW의 측정값이 낮고 SLS와 FT는 높은 값을 가지는 품종들이 분포했다. FW와 FD의 값은 주성분 1과 주성분 2의 영향을 모두 받는데 제1주성분 값이 양(+)이고 제2주성분의 값이 음(-)인 4사분면의 멜론들이 제1주성분 값이



**Fig. 1** Plot based on principal component scores 1 and 2 in 83 *Cucumis melo* collection

음(-)이고 제2주성분의 값이 양(+) 2사분면의 멜론들에 비해 FW, FD 값이 큰 경향을 보였다.

군집분석

이상의 분석결과를 종합하여 Cluster analysis를 수행한 결과, cluster 간의 평균 거리가 0.7 일 때 83개 품종이 5개의 cluster로 분류되었다(Fig. 2), 다섯 개 cluster 간 품종별 35개 형질특성을 비교하기 위해 cluster 내 품종들의 형질 값을 평균하였을 때, cluster I은 과실의 크기가 관련된 형질들(FW, FL, FD, FT)의 값이 3053.60 g, 24.82 cm, 16.14 cm,

3.72 cm로 높았으나 SSC가 7.44 brix로 낮았다, cluster II에서는 과실의 크기와 관련된 형질들 값이(FW, FL, FD, FT)의 2250.47 g, 16.89 cm, 15.61 cm, 3.38 cm로 cluster I 다음으로 높았으며, SSC와 RR의 값이 각각 11.90 brix와 51.93 day로 cluster 중에 가장 높았다. cluster V는 과실 관련 형질(FW, FL, FD, FT)과 RR에 대한 평균값이 각각 234 g, 14.40 cm, 5.50 cm, 1.40 cm와 35 day로 가장 낮았다.

유연관계 분석

총 53개의 EST-SSR primer set 중 PIC 값이 크며 증폭된 밴드가 선명하고 재현성이 높은 15개의 EST-SSR 마커를

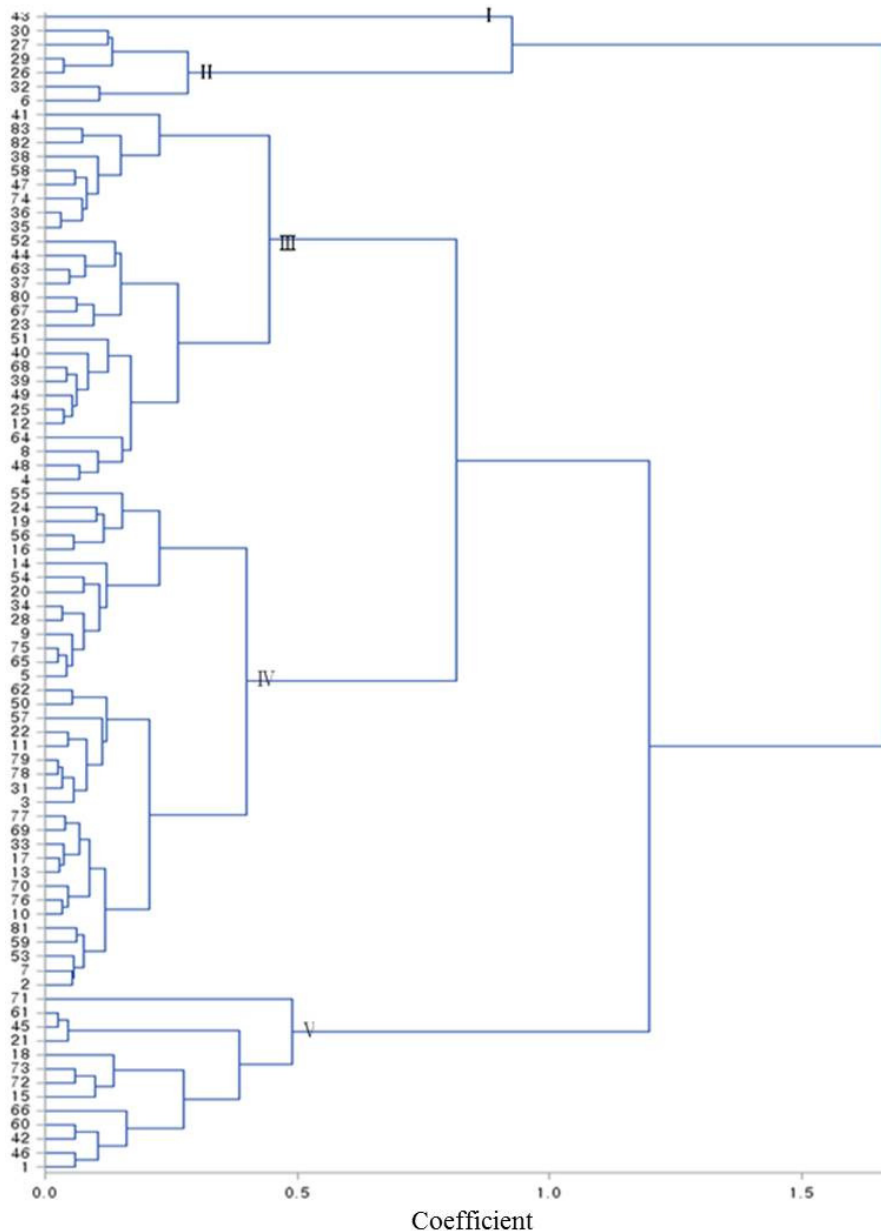
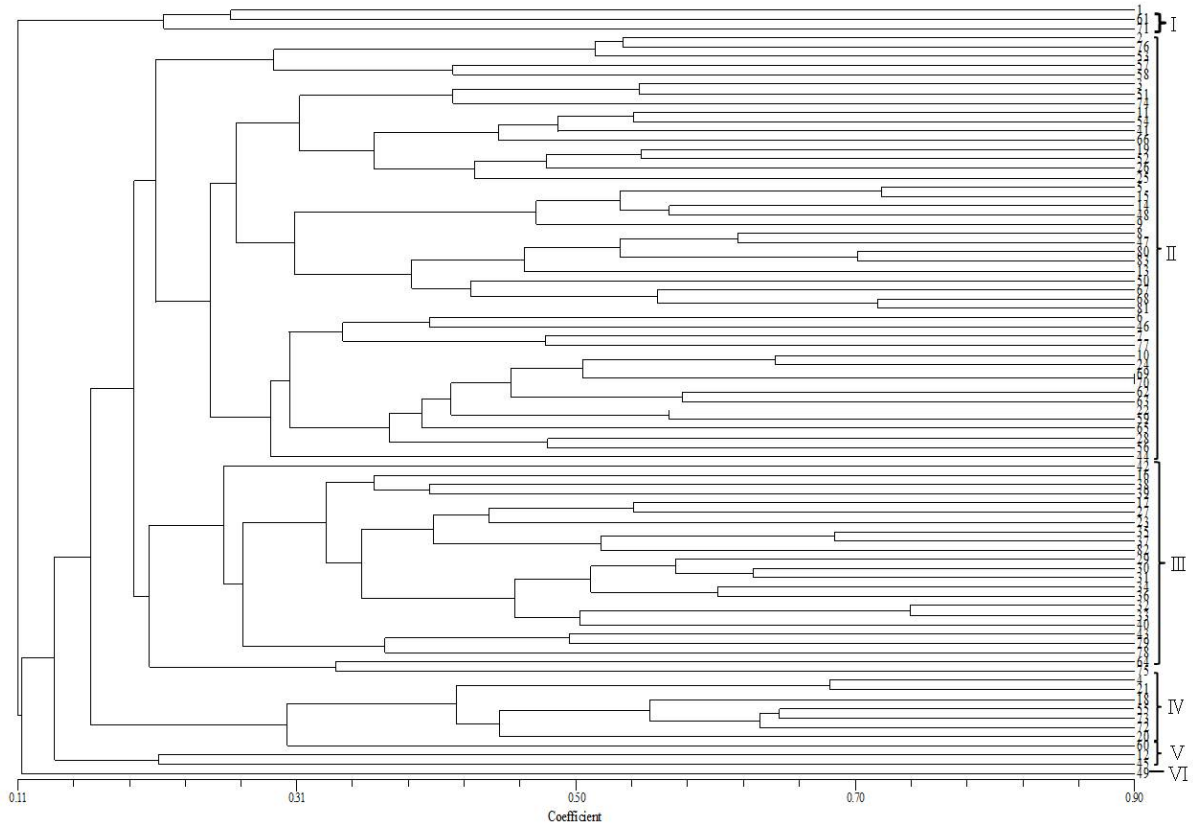
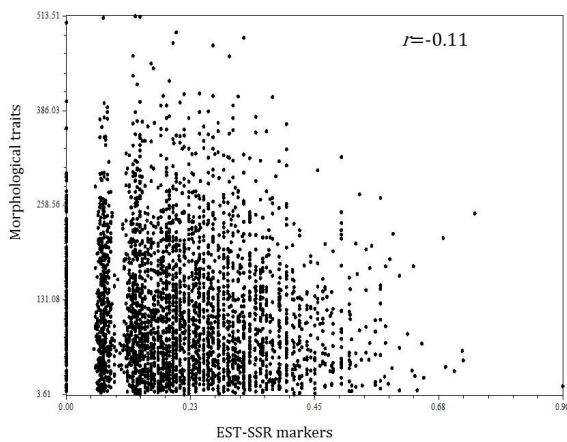


Fig. 2 Dendrogram of 83 Cucumis melo collections classified by cluster analysis based on average linkage of principal component scores



**Fig. 3** A dendrogram showing the genetic relationship among 83 melon cultivars (*Cucumis melo* L.) based on 15 EST-SSR marker



**Fig. 4** Comparison between EST-SSR markers and morphological distance using the Mantel test

선발하였다(Table 4). 선발한 15개의 EST-SSR 마커에 의해 증폭된 band 수는 총 128개였으며 각 마커 당 평균은 13.2개였다. 선발된 마커들의 PIC 값의 범위는 0.55 ~ 0.77이었다. Kim et al. (2015)에 따르면, PIC 값이 평균 0.754의 EST-SSR 마커를 사용할 경우 박과 작물의 유연관계 분석에 효과적이었다. 본 실험의 PIC 평균값은 0.68으로 Kim et al. (2015)의 수치보다 낮지만 사용된 15개 마커를 이용하여 모든 품종의 구별이 가능하였다. 품종간 유사

도의 범위는 0.11에서 0.90으로, 유사도 0.19에서 83개 품종을 총 6개의 cluster로 나눌 수 있었다(Fig. 3). Cluster의 형질특성을 보면, Cluster I은 PI222187, PI120746 등으로 과의 크기가 작은 품종이 주를 이루었으며, Cluster II에서는 Reticulatus 형태의 품종이 많았으며, Cluster III에는 PI266933, Weed melon 등의 Makuwa와 Chito type의 품종이 속하였다. Cluster IV의 AGR, K018966은 Chate, Makuwa type의 멜론이며, Cluster V의 K145117은 Tibish type이었다.

형태적 군집분석 결과와 유전적 군집분석 결과의 상관관계를 조사한 결과 상관관계수(r) 값이 -0.11으로 매우 낮게 나타났다. 이는 토마토에서 형태적 특징과 SSR 마커와의 상관관계는 0.644 (Kwon et al. 2009), 고추에서는 형태적 특징과 SSR마커와의 상관관계는 0.682 (Kwon et al. 2005)로 높게 나타난 것과는 상반된 결과이다. 하지만, 감의 경우 16개의 EST-SSR 마커와 19개의 양적 형질의 상관관계수 값이 -0.03으로 음의 값을 가져 형태적 특징만으로는 감 품종을 정확하게 분류할 수 없을 것이라고 보고된 바 있다(Seo et al. 2010). 따라서 본 연구의 결과, 유사한 형태적 특성을 의해 동일한 멜론 타입(taxonomic group)으로 분류된다 하더라도 DNA 수준에서는 매우 상이할 수 있음을 알 수 있었다.

## 적 요

멜론(*Cucumis melo* L.) 유전자원 83 품종에 대한 형질특성 및 유전적 다양성을 분석하였다. 형질은 유묘, 잎, 줄기, 화기, 과실, 종자에 대해 총 35개 세부특성을 조사하고, 다변량(MANOVA) 분석을 하였다. 주성분 분석(PCA, principal component analysis) 결과 과중, 과장, 과경, 자엽길이, 종자 직경, 종자길이 등 8개의 주성분이 전체 변량의 76.3%를 나타내었다. 평균연관법(Average linkage method)을 사용한 83개의 멜론의 군집분석(Cluster analysis) 결과 coefficient 0.7에서 5개의 cluster로 분류되었다. Cluster I은 과특성에 있어 가장 높은 측정치를, Cluster II는 당도, Cluster V는 과의 성숙기간이 긴 품종들로 주로 구성되었다. 유전자형 분석은 Cucurbit Genomics Initiative (ICuGI) database에 공시된 15개의 Expressed-sequence Tag-Simple Sequence Repeat (EST-SSR) 마커를 이용하였으며 비가중평균결합법(UPGMA)을 통해 품종간 유연관계를 분석하고 6개의 군으로 분류하였다. 형태적군집분석 결과와 유전적 군집분석 결과의 상관관계를 조사한 결과 상관계수(r) 값이 -0.11으로 매우 낮게 나타났다.

## 사 사

본 성과물은 농촌진흥청 연구사업(세부과제번호: PJ101438022015)의 지원에 의해 이루어진 것임.

## References

- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet* 32:314-331
- Chen Y, Nelson RL (2004) Genetic variation and relationships among cultivated, wild and semi wild soybean. *Crop Sci* 44:316-325
- Cho DH, Chun IJ, Kwon ST, Song YS, Chou YD (2007) Genetic relationships of Korean astringent persimmon varieties using AFLP analysis. *Kor. J. Hort. Sci. Technol* 25:114-118
- Hosaka K, Mori M, Ogawa K. (1994) Genetic relationships of Japanese potato cultivars assayed by RAPD analysis. *Amer. J. Potato Res* 71:535-546
- Jamshidi S, Jamshidi S (2011) NTSYSpc 2.02e implementation in molecular biodata analysis(Clustering, screening and individual selection). IACSIT press. Singapore
- Kim TC, Ko KC (1995) Classification of persimmon (*Diospyros kaki* thunb.) cultivars by multivariate analysis. *J. Kor Soc. Hort. Sci* 36(4):513-521
- Kerje T, Grum M (2000) The origin of melon, *Cucumis melo*: A review of the literature. *Acta. Hort* 510:37-44
- Kwon YS, Lee JM, Yi GB, Yi SI, Kim KM, Soh EH, Bae KM, Park EK, Song IH, Kim BD (2005) Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and Stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. *Mol. Cells* 19:428-435
- Kwon YS, Park SG, Yi SI (2009) Assessment of genetic variation among commercial tomato (*Solanum lycopersicum* L) varieties using SSR markers and morphological characteristics. *Genes Genom* 31:1-10
- Kim HJ, Yeo SS, Han DY, Park YH (2015) Interspecific transferability of Watermelon EST-SSRs Assessed by Genetic Relationship Analysis of Cucurbitaceous Crops. *Kor. J. Hort. Sci. Technol* 33(1):93-105
- Kim NH, Oh JY, Kim BS, Choi EK, Hwang US, Staub JE, Chung SM, Park YH (2015) The *CmACS-7* gene provides sequence variation for development of DNA markers associated with monoecious sex expression in melon. *Hortic Environ Biotechnol*. 56(4):535-545
- Mantel N (1967) The detection of disease clustering and a generalized repression approach. *Cancer Res* 27:209-220
- Nei M, Li WH (1979) Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci U.S.A.* 76:5269-5273
- Pitrat M, Hanelt P, Hammer K (2000) Some comments on infraspecific classification of cultivars of melon. *Acta. Hort* 510:29-36
- Rohlf F (2002) NTSYSpc: Numerical taxonomy system, version 2.1. Exeter Publishing. Ltd., Setauket, New York, USA
- Sneath PHA, Sokal RR (1973) Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. W. H. Freeman, San Francisco
- Schaefer H, Heibl C, Renner S (2009) Gourds afloat: A dated phylogeny reveals an Asian origin of the gourd family (Cucurbitaceae) and numerous oversea dispersal events. *Proc. Biol. Sci* 276:843-851
- Seo DH, Jung KM, Kim SJ, Kim KM (2013) Development of EST-SSR markers and analysis of genetic diversity using persimmon (*Diospyros kaki* thunb.) cultivars collecting from domestic. *Korean J. Plant Res* 26(4):491-502
- Yi SI, Kwon YS, Bae GM, Song IH (2004) Recent progresses for the variety classification and denomination of oriental melon and melon (*Cucumis melo* L.). *Kor. J. Hort. Sci. Technol* 22(4):515-522