

마늘 유전자원의 작물학적 특성과 다변량 분석에 의한 품종군 분류

이재선¹, 박영욱¹, 정재현¹, 권영희¹, 장후봉², 이희두^{2*}

¹충청북도농업기술원, 연구사, ²연구소

Classification of Garlic Germplasms Based on Agronomic Characteristics and Multivariate Analysis

Jae Sun Lee¹, Young Uk Park¹, Jae Hyun Jeong¹, Young Hee Kwon¹, Who Bong Chang² and Hee Du Lee^{2*}

¹Researcher and ²Senior Researcher, Chungcheongbuk-do Agricultural Research & Extension Services, Danyang 27015, Korea

Abstract - This research was conducted to investigate the genetic diversity and select useful accession with agronomic characteristics of garlic (*Allium sativum* L.) germplasms at Garlic Research Institute in Chungbuk Agricultural Research and Extension Service. Morphological diversity and relationships among 160 germplasms collected from 26 countries were assessed by methods of clustering and principal component analysis. Among 11 types of leaves and bulbs characteristics, emergence days of leaf showed the highest variation with coefficient of variation of 84.8%, and the bulb weight and the number of scales showed higher variability with 24.3%. Correlation analysis based on 11 quantitative traits showed that bulb weight and bulb length have very high positive correlation with bulb quantity. Plant height, leaf length, and number of leaves showed positive correlation with bulb weight as collections with better performance in growth produced large bulb with higher quality. The cluster analysis based on 5 principal components generated 6 clusters with an average distance of 1.6 among clusters. Domestic genetic resources were the largest with 36 species (22.5%) in group II.

Key words - Agronomic Characteristics, Cluster analysis, Garlic, Germplasms, Multivariate analysis

서 언

세계적으로 재배되고 있는 마늘은 인편과 화경에 부착된 주아의 영양계로 번식되어 왔기 때문에, 종자번식에 비해 유전적 변이의 창출이 제한되어 있어 지역 내에서는 형태적으로 유사한 특성을 갖고 있다(Cheshmedhiev, 1973; Lee, 1974). 그러나 오랜 세월 동안 재배지역의 재배환경에 따라 구와 잎의 색깔, 모양 그리고 꽃의 색깔과 임성, 총포 안 주아의 발달 정도 등 형태적 다양성을 나타낸다(Pooler and Simon, 1993). 이러한 형태적 변이는 그 지역의 독특한 재배환경에 오랫동안 적응하면서 유량종구의 지속적인 선발의 결과로 추정되고 있다.

유전자원의 형태적 분류는 작물육종에 중요한 역할을 하며, 질적 형질의 변이는 유전자원의 분류 및 새로운 품종육성에 매

우 유용하게 이용되고, 양적형질의 변이는 작물학적 평가에 직접 이용된다(Kamenetsky *et al.*, 2004; Panthee *et al.*, 2006). 새로운 작물의 품종 육종을 위해서는 유전자원 수집과 평가를 통한 작물학적인 연구도 병행하여 실시되어야 한다(Keim *et al.*, 1992). 마늘 구의 생산성은 인편무게, 구직경, 구무게, 엽수 및 엽초경이 수량에 크게 영향을 주며(Jabbes *et al.*, 2012), 인편과 구의 무게는 정의 상관관계를 나타내고, 인편수와 인편무게는 부의 상관관계를 보인다고 보고되었다(Baghalian *et al.*, 2006; Raju *et al.*, 2013). 마늘의 수량성은 구중과 구경과 밀접한 연관성이 있으나 형태적 특성과 수집지역과는 불일치하는 경향이 많았는데, 그 이유는 마늘 종구의 지역 및 국가 간 이동에 따른 종구의 혼용으로 판단되었다(Wang *et al.*, 2014). 국내에서 재배되고 있는 마늘은 재배지역의 기후나 풍토에 따라 난지형과 한지형으로 구분한다(Hwang, 1994; Ogawa *et al.*, 1975). 저온요구도가 낮아 가을에 파종하여 월동 전에 싹이 출현하는

*교신저자: E-mail leehd7676@korea.kr

Tel. +82-43-220-5830

난지형 마늘은 비교적 따뜻한 남부지방에서 생산되고 있으며, 마늘의 인편수가 8 ~ 12쪽으로 많고 저장성이 낮은 경향이 있다. 한지형 마늘은 파종 후 이듬해 봄에 싹이 출현하고 인편수가 6 ~ 8개로 난지형보다 적으나 저장성이 우수한 장점을 갖고 있다(Hwang and Lee, 1990; Lee, 1974).

국내·외 마늘 수집 유전자원은 농촌진흥청과 충청북도농업기술원 마늘연구소에서 보존하고 있으며, 수집된 유전자원을 활용하여 우량마늘 품종의 육성 연구를 추진하고 있다. 그러나 보존 유전자원에 대한 작물학적 특성평가와 각 특성별 유연관계 분석이 미흡한 실정이다. 본 연구는 국내·외 수집 유전자원의 작물학적 특성을 비교하고, 다변량 분석을 통한 품종군을 분석하여 고품질 마늘 품종육성의 기초자료로 이용하고자 수행하였다.

재료 및 방법

실험재료

시험재료로는 농촌진흥청 농업유전자원센터와 충청북도농업기술원 마늘연구소에서 수집한 160종의 마늘 유전자원을 이용하였고, 시험에 사용된 160종의 유전자원은 국가등록 유전자원 목록에 부여된 명칭으로 표기하였으며, 해당 26개 국가에서 수집한 재배종 자원의 국가별 분포는 Table 1과 같다.

재배방법

수집 유전자원별로 인편무게가 3.5 ~ 4.0 g 사이의 우량 인편을 선별하여 파종 하루 전에 벤레이트-T 500배액과 디메토유제 1,000배액에 1시간 정도 침지한 후 꺼내어 음건하였다. 파종 전 토양전면에 토양살충제(에토프입제)를 12 kg/10 a를 살포하였고, 시비는 전량기비로 10 a당 퇴비 2,000 kg을 전면 균일하게 살포하고 경운한 다음 파종 3일 전에 질소 25 kg, 인산 7.7 kg, 가리 12.8 kg을 기준하여 토양검정을 통한 검정시비로 질소와 가리는 기비로 40%, 추비로 60%를 2회 분시하였고, 인산은 기비로 사용하였다. 파종 시기는 10월 20일에 실시하였고, 시험구는 휴폭 110 cm × 휴간 40 cm의 두둑을 만들어 조간 20 cm × 주간 10 cm 간격으로 파종하였다. 피복은 파종 1개월 후 너비 120 cm의 투명무공P.E. 필름(두께 0.02 mm)으로 피복하였고, 엽수 2 ~ 3 엽기에 비닐에 구멍을 낸 후 엽초를 꺼내어 재배하였다. 기타 생육관리는 마늘표준재배법에 준하여 실시하였다.

Table 1. Geographic distribution of 160 garlic germplasms

No.	Country of origin	No. of accessions
1	Korea	39
2	China	16
3	Uzbekistan	38
4	Turkmenistan	1
5	Kyrgyzstan	1
6	Kazakhstan	1
7	Tajikistan	1
8	USA	7
9	Canada	1
10	Bolivia	1
11	Brazil	1
12	Russia	6
13	Spain	5
14	Slovenia	10
15	Czech	1
16	Poland	6
17	France	3
18	Hungary	1
19	Italy	4
20	Egypt	1
21	Sweden	1
22	Switzerland	1
23	Japan	5
24	Taiwan	2
25	Nepal	5
26	Thailand	2
Total		160

주요형질의 특성조사

엽특성 조사

마늘 유전자원 160종의 엽의 특성조사는 6개의 양적형질을 D/B화하여 농사시험연구조사기준(RDA, 2014) 및 국립종자원 마늘 특성조사 요령에 준하여 조사하였다. 엽형질의 특성조사에서 출현일수는 파종 후 2 ~ 3엽이 지상으로 출현한 일수를 조사하였고, 초장은 지제부(地際部)부터 최장엽의 최선단의 길이, 엽초장은 지제부(地際部)부터 엽초(葉鞘) 선단까지의 길이, 엽수는 발아엽을 제외한 외부에 나타난 엽수, 엽초경은 지상부에서 5 cm 상부의 직경을 버니어캘리퍼스(CD-20CP, Japan)를

이용하여 측정하였다.

구특성 조사

구의 생육특성은 4개의 양적형질을 조사하였다. 구경은 구의 최대 비대부(肥大部)의 직경, 구고(球高)는 구의 기부에서 구의 정단(頂端)까지의 높이를 측정하였으며, 조사주수는 구당 10주를 조사하여 평균한 값을 측정치로 하였다. 구중은 구를 수확하여 바람이 잘 통하는 음지에서 약 40일간 음건 후 구의 상부로부터 1 cm 위를 자른 구의 무게를 측정하였다. 구경 등은 버니어캘리퍼스(CD-20CP, Japan)를 이용하여 측정하였고, 무게는 전자저울(M-29582, 메틀러사, 스위스)로 측정하였다.

알린 분석

Alliin 분석은 HPLC (Waters-E2695, USA)를 사용하여 분석하였고, 컬럼으로는 XBriage™ C18 5 um 4.6 × 150 mm를 사용하였으며, 컬럼 온도는 38℃, 유량은 0.6 mL/min, 검출과장은 208 nm로 설정하였다. 분석 시료로는 마늘 인편을 72시간 동안 동결 건조(Ilshinbiobase Co., Ltd., LP20)하여 마쇄한 시료 1 g을 80% Methanol (pH 3.0)을 처리하여 200 rpm에서 6시간 shaking 후 다시 3,500 rpm으로 5분 동안 centrifuge하여 0.45 μm syring filter로 여과하였다. 이동상 용매로는 20 mM sodium dihydrogen phosphate와 10 mM heptane sulfonic acid를 gradient program을 사용하여 분석하였다.

통계분석

마늘 유전자원의 작물학적 특성 및 분류의 통계처리는 SAS software (SAS institute Inc., ver. 9.2)를 이용하였다. 분석값에 대한 유의성 검정 후, Duncan의 다중범위 검정(Duncan's Multiple Range Test)으로 통계적 유의성을 검증하였다. 군집분석은 주성분 분석(Principal Component Analysis, PCA)을 수행한 후, 제 1 ~ 5주성분까지의 주성분 점수를 이용하여 Average Linkage Cluster방법으로 수행하였다.

결과 및 고찰

생육 및 수량구성 형질의 변이

마늘 유전자원 160종에 대한 생육 및 수량구성 형질의 최소, 최대, 표준편차 및 변이계수는 평균값은 Table 2와 같으며, 최소, 최대값의 유전자원들은 Table 3과 같다. 출현일수는 8(절강성1, 중국) ~ 127일(무주1 등 5종, 한국)의 범위로 평균 61.6일이

었다. 초장은 45.5(학갑대편, 일본) ~ 79.4 cm(산동성, 중국)의 범위로 평균은 64.1 cm였고, 엽초장은 평균 34.7 cm로 범위는 21.9 (W/n8, 우즈베키스탄) ~ 48.9 cm (DO10954, 우즈베키스탄)의 분포를 보였다. 엽폭은 0.8 (IT136645, 네팔) ~ 3.0 cm (L-W15, 러시아)의 범위에서 평균 1.7 cm였으며, 1주당 엽수는 평균 7.9개로 범위는 5.7(학갑대편, 일본) ~ 10.5개(캐나다, 캐나다)의 분포를 나타내었다. 엽초경은 0.5(네팔3, 네팔) ~ 1.3 cm(산동성, 중국)의 범위에서 평균은 0.9 cm였다. 엽 특성 중 변이계수는 출현일수가 84.8%로 가장 큰 변이를 보였으며, 다음으로는 엽폭과 엽초경이 각각 20.2%와 17.9%를 나타냈고, 초장과 엽수의 변이계수는 각각 10.1%, 10.2%로 다른 형질에 비해 변이가 작게 나타났다. 이는 Wang *et al.* (2014)이 중국에서 수집한 마늘 유전자원 212종을 29개의 형태적 형질로 분류한 결과, 엽수의 변이계수는 13.39%로 다른 형질에 비해 가장 작은 변이를 보였다는 결과와 유사한 경향으로 마늘의 초장과 엽수는 엽폭에 비하여 재배환경에 의한 영향을 적게 받는 것으로 판단된다. 출현일수는 변이계수로 볼 때 엽 특성 중에서 변이가 가장 컸는데, 월동기간 70 ~ 80일이 포함되어 월동 전과 월동 후 출현일수의 범위가 상대적으로 컸던 것으로 판단된다.

구중은 16.6(학대갑편, 일본) ~ 57.3 g(산동성, 중국)의 범위로 평균은 28.1 g이었고, 구고는 평균 3.3 cm로 범위는 2.7(유고 824, 슬로베니아) ~ 4.2 cm(대관, 대만)로 분포하였다. 구경은 3.2(학대갑편, 일본) ~ 5.4 cm(산동성, 중국)의 범위에서 평균 4.0 cm였고, 구중의 최소, 최대 유전자원과 일치하였다. 1개 구당 인편수는 평균 9.3개로 범위는 4.7 (PI497946, 폴란드) ~ 16.7개(재래종1, 이집트)였는데, 네팔의 179개의 마늘 유전자원에서 인편수가 4 ~ 55개 범위로 평균 21.4개였다는 Panthee *et al.* (2006)의 보고보다는 적었고, 중국에서 수집한 212종의 유전자원 중 인편수가 1 ~ 12개 범위로 평균 6.4개였다는 Wang *et al.* (2014)의 보고보다는 많았다. 알린 함량은 평균 98.9 mg/100g으로 범위는 42.5(재래종1, 이집트) ~ 160.3 mg/100 g (Kostamona, 우즈베키스탄)의 분포를 보였다. Gregrova *et al.* (2013)은 체코에서 국내외 마늘 유전자원 22종의 알린 함량을 분석한 결과, 490 ~ 820 mg/100 g이었다는 보고 보다 매우 적었는데, 이러한 차이는 다른 연구(Baghalian *et al.*, 2005; Camargo *et al.*, 2005; Mirzaei *et al.*, 2007)와 같이 유전적 차이보다 지리환경적 영향으로 재배지역에 따라 알린 함량의 차이가 나타나는 것으로 판단되었다. 마늘 구의 5개 양적 형질 중 구중과 인편수의 변이계수가 각각 24.3%, 25.7%로 높은 변이를 보였고, 구고와 구폭은 각각 7.5%와 11.1%로 변이가 상대적으로 낮았다.

Table 2. Basic statistical information for agronomic characteristics of leaf and bulb in 160 garlic germplasms

Statistics	DE ^z (Days)	PH ^y (cm)	LSH ^x (cm)	LW ^w (cm)	NL ^v (ea)	LSD ^u (cm)	BW ^t (g)	BH ^s (cm)	BD ^r (cm)	NC ^q (ea)	CA ^p (mg/100 g)
Min.	8.0	45.5	21.9	0.8	5.7	0.5	16.6	2.7	3.2	4.7	42.5
Max.	127.0	79.4	48.9	3.0	10.5	1.3	57.3	4.2	5.4	16.7	160.3
Mean	61.6	64.1	34.7	1.7	7.9	0.9	28.1	3.3	4.0	9.3	98.9
SD ^o	52.4	6.7	4.2	0.4	0.8	0.2	7.7	0.3	0.5	2.2	19.5
CV(% ⁿ)	84.8	10.1	12.2	20.2	0.2	17.9	24.3	7.5	11.1	25.7	18.7

^zDE: Days to emergence, ^yPH: Plant height, ^xLSH: Leaf sheath height, ^wLW: Leaf width, ^vNL: No. of leaves, ^uLSD: Leaf sheath diameter, ^tBW: Bulb weight, ^sBH: Bulb height, ^rBD: Bulb diameter, ^qNC: No. of cloves, ^pCA: Content of Alliin, ^oSD: Standard deviation, ⁿCV: Coefficient of variation.

Table 3. Accessions with minimum and maximum values of agronomic traits of leaf and bulb in 160 garlic germplasms

Characters	Minimum	Maximum	Characters	Minimum	Maximum
DE ^z	Jeolgangseong (China)	Danyang1 (Korea)	BW ^t	Hackgapdaelpyeon (Japan)	Sandongseong (China)
PH ^y	Hackgapdaelpyeon (Japan)	Sandong (China)	BH ^s	Yugo824 (Slovenia)	Daegwan (Tawian)
LSH ^x	W/n8 (Uzbekistan)	DO10954 (Uzbekistan)	BD ^r	Hackgapdaelpyeon (Japan)	Sandongseong (China)
LW ^w	IT136645 (Nepal)	L-W15 (Russia)	NC ^q	PI497946 (Poland)	Jaelaejong1 (Egypt)
NL ^v	Hackgapdaelpyeon (Japan)	Canada (Canada)	CA ^p	Jaelaejong1 (Egypt)	Kostamona (Uzbekistan)
LSD ^u	Nepal3 (Nepal)	Sandongseong (China)			

^zDE: Days to emergence, ^yPH: Plant height, ^xLSH: Leaf sheath height, ^wLW: Leaf width, ^vNL: No. of leaves, ^uLSD: Leaf sheath diameter, ^tBW: Bulb weight, ^sBH: Bulb height, ^rBD: Bulb diameter, ^qNC: No. of cloves, ^pCA: Content of Alliin.

상관 분석

마늘 유전자원의 작물학적 특성과의 상관관계를 조사하여 이를 선발 육종의 기준으로 설정하기 위한 11개 형질 간의 상관관계를 조사한 결과는 Table 4와 같다. 출현일수는 구중, 구경, 인편수와 고도의 유의한 부의 상관관계를 보였고, 출현기가 빠를 수록 구의 크기가 크고, 인편수가 많다는 Panthee *et al.* (2006)의 보고와 일치하였다. 초장은 엽초장, 엽수, 엽폭, 구중, 구경 및 구고와 고도의 유의한 정의 상관을 보였으나 인편수와는 부의 상관이었다. Figliuolo *et al.* (2001)은 초장은 엽초장, 구중 및 구경과 정의 상관관계이었으나 인편수는 부의 상관관계이었다는 보고와 일치하였다. 엽초장은 엽폭 및 엽초경과 유의한 정의 상관관계였고, 엽폭은 엽초경 및 구중과 고도의 유의한 정의 상관관

계였다. 엽수는 주아수 및 주아 무게와 부의 상관관계였으나 다른 형질과는 유의하지 않은 정의 상관이었다. 엽초경은 초장, 구중 및 구경과 고도의 유의한 정의 상관관계이었고, 구중은 구경, 구고, 엽폭, 엽초경 및 초장과 고도의 유의한 정의 상관관계이었고, 출현일수와는 부의 상관관계였다. Wang *et al.* (2014)은 구중과 구경 및 수량과 고도의 정의 상관관계를 보고하였고, Panse *et al.* (2013)은 구중은 초장, 엽수 및 숙기와 고도의 정의 상관관계였다는 보고와 유사한 경향이였다. 구고는 구경, 구중 및 초장과 고도의 정의 상관관계였고, 구경은 구중, 구고, 엽초장 및 초장과 고도의 유의한 정의 상관관계였으나 구중과 같이 출현일수와는 고도의 유의한 부의 상관관계였다. 알려진 함량과 다른 형질과는 유의한 상관관계가 없었다.

Table 4. Correlation coefficients among 13 agronomic characteristics in 160 garlic germplasms

Characters	PH	LSH	LW	NL	LSD	BW	BH	BD	NC	CA
DE ^z	0.09	-0.12	0.08	0.05	0.04	-0.33**	-0.14	-0.51**	-0.53**	-0.04
PH ^y		0.59**	0.58**	0.09	0.59**	0.43**	0.38**	0.32**	-0.17	0.06
LSH ^x			0.30**	0.14	0.37**	0.21*	0.21	0.23*	0.14	0.02
LW ^w				0.17	0.71**	0.57**	0.29*	0.45**	-0.25*	0.00
NL ^v					0.15	0.22	0.21	0.28*	0.06	0.10
LSD ^u						0.40**	0.22*	0.32**	-0.28*	0.11
BW ^t							0.67**	0.90**	0.19	0.00
BH ^s								0.68**	-0.02	0.16
BD ^f									0.30*	0.04
NC ^q										-0.07
CA ^p										

^zDE: Days to emergence, ^yPH: Plant height, ^xLSH: Leaf sheath height, ^wLW: Leaf width, ^vNL: No. of leaves, ^uLSD: Leaf sheath diameter, ^tBW: Bulb weight, ^sBH: Bulb height, ^fBD: Bulb diameter, ^qNC: No. of cloves, ^pCA: Content of Alliin, *, ** : Significant at the level of 0.05 and 0.01 probability, respectively.

마늘의 11개 양적형질의 상관 분석에서 수량과 가장 밀접한 구중과 구경이 고도의 정의 상관관계($r=9.0$)를 보였고, 지상부의 초장, 엽초장 및 엽수가 구중과 정의 상관을 보였다.

주성분 분석

마늘 유전자원 상호간의 유사관계를 파악하고자 11개 양적형질에 대한 주성분 분석으로 고유값과 각 주성분의 기여도를 나타낸 결과는 Table 5와 같다. 고유값과 누적 분산비율이 제 1 주성분은 고유값으로 볼 때, 11개의 분석 형질 중에서 3.89개의 형질을 포함하고 있었고, 전체 변이의 29.9%를 설명할 수 있었다. 제 2주성분은 2.26개를 포함하고 17.41%를, 제 3주성분은 1.50개를 포함하고 11.52%를, 제 4주성분은 1.35개를 포함하고 10.38%를, 제 5주성분은 1.03개를 포함하고 7.89%를 각각 설명할 수 있었다. 전체에 대한 각 주성분의 누적 기여율은 제 1주성분은 29.90%, 제 2주성분은 47.31%, 제 3주성분은 58.83%, 제 4주성분은 69.22%, 제 5주성분은 77.11%였고, 제 13주성분에서 100%로 나타났다. 주성분 분석으로 13개의 주성분이 생성되었으나 이중 자료의 변이를 많이 설명하는 몇 개의 주성분만을 선택하여 군집분류를 하는데 일반적으로 고유값이 1이상에서 주성분의 수를 결정한다(Janmohammadi *et al.*, 2014). 본 연구에서도 고유값 1이상을 기준으로 하여 상위 제 5주성분까지 5개의 주성분으로 전체변이의 77.11%를 설명할 수 있기 때문에 제 1 ~ 5 주성분으로 마늘 유전자원 160종의 유전적 변이에 따른 분류

Table 5. Eigen values and contribution obtained from principal component analysis in 160 garlic germplasms

Principal component	Eigen value	Proportion	Cumulative contribution (%)
PC1	3.89	29.90	29.90
PC2	2.26	17.41	47.31
PC3	1.50	11.52	58.83
PC4	1.35	10.38	69.22
PC5	1.03	7.89	77.11
PC6	0.90	6.93	84.04
PC7	0.58	4.48	88.52
PC8	0.45	3.45	91.98
PC9	0.34	2.58	94.56
PC10	0.26	1.98	96.53
PC11	0.25	1.91	98.45
PC12	0.14	1.06	99.50
PC13	0.06	0.50	100.00

가 가능한 것으로 나타났다. 95종의 국내의 마늘 유전자원을 초장 등 10개의 양적형질을 다변량 분석한 결과, 제 1 ~ 3주성분의 기여도가 83.49%였다는 Hwang (1993)의 보고와 네팔에서 수집한 179종 마늘 유전자원의 17개의 형태적 형질에 대한 다양성 분석 결과, 4개의 주성분이 전체 형태적 변이 86%를 설명할 수

있었고, 3개의 군집으로 분류되었지만 수집지역과 불일치하였다는 Panthee *et al.* (2006)의 보고 보다 주성분 수가 많았으나 중국에서 수집한 212종의 유전자원을 21개의 양적형질과 8개의 질적 형질로 주성분 분석한 결과 고유값 1이상인 8개의 주성분으로 전체변이의 71.35%를 설명할 수 있다는 Wang *et al.* (2014)의 보고 보다 주성분 수가 적었다.

마늘의 양적 형질과 주성분 간의 상관관계는 Table 6과 같다. 제 1주성분과 형질 간에는 엽수, 인편수 및 알린 함량을 제외한 8개의 형질이 유의하였는데, 정외 상관은 초장, 엽초장, 엽폭, 엽초경, 구중, 구고 및 구경이었고, 이중에서 구중과 구경이 매우 높은 정외 상관을 보였으며, 출현일수와는 부의 상관을 나타냈다. 제 1주성분은 마늘 구의 무게와 크기에 크게 관여하는 주성분으로 주성분이 커질수록 구중이 무겁고 구경이 커지고, 출현일수는 빠를수록 구의 크기가 증가하는 상관관계를 보였다. 제 2주성분과 정외 상관을 보이는 형질은 출현일수, 초장, 엽초장, 엽폭, 엽초경 및 알린 함량이었고, 부의 상관은 엽수, 구중, 구고, 구경, 및 인편수로 나타났다. 이중에서 출현일수는 고도의 정외 상관관계를 보였고, 인편수는 고도의 부의 상관관계를 나타냈다. 제 3주성분에서 높은 정외 상관을 보인 것은 구고였고, 인편수와 엽초경은 부의 상관이었다. 제 4주성분에서는 엽수와 출현일수가 유의한 정외 상관이었고, 제 5주성분에서는 알린 함량과 엽초경이 유의한 정외 상관이었고, 엽초장과 구중은 부의 상관을 나타냈다. 제 1주성분에서 제 3주성분까지의 누적 기여율이 전체 누적 기여율에 50% 이상을 차지하기 때문에 제

1 ~ 3주성분이 마늘 유전자원 간의 유연관계를 분류하는데 매우 중요한 주성분으로 판단되었다.

군집 분석

마늘 유전자원 160종의 11개 양적 형질을 이용하여 주성분 분석을 수행한 후 제 1 ~ 5주성분까지의 주성분 점수를 이용하여 군집분석을 한 결과, 평균거리(average distance) 1.6을 기준으로 6개의 군집으로 분류되었다(Fig. 1). I 군집은 강릉2 등의 21종이 포함되어 13.1%를 차지하였고, II 군집에는 광주 등의 80종이 포함되어 전체 유전자원의 50%를 차지하는 가장 큰 군집이었다. III군집과 IV군집은 각각 5종과 3종이 속하여 전체 유전자원 중 5% 미만인 작은 군집이었다. V 군집은 IT136644 등 8종이 포함되어 5.0%를 차지하였고, VI군집은 43종이 포함되어 전체 유전자원의 26.9%를 차지하여 두 번째로 큰 군집이었다.

각 분류된 군집의 양적형질의 평균값은 Table 7과 같다. I 군집은 출현일수가 III군집 다음으로 길었고, 엽수는 가장 많았으며, 알린 함량도 가장 높은 유전자원이 많이 속하였다. II 군집은 엽폭, 구중 및 알린 함량이 VI군집 다음으로 양호하였다. III 군집은 출현일수가 평균 103.2일로 전체 군집 중 가장 많은 만생종이 포함되었고, 구경은 평균 3.6 cm로 다른 군집에 비해 매우 작았고, 인편수도 평균 7.2개로 가장 적은 군집 특성을 보였다. IV군집은 인편수가 평균 13.9개로 다인편종이며, 알린 함량이 가장 낮은 유전자원이 많이 속하였다. 초장, 엽폭 및 엽초경은 V 군집 다음으로 지상부 생육이 저조한 군집 특성을 보였다. V

Table 6. Correlation coefficients between agronomic characteristics and principal components in 160 garlic germplasms

Quantitative traits	Principal component				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Days to emergence	-0.253*	0.681**	0.274*	0.341**	-0.159
Plant height	0.716**	0.414**	0.032	0.069	0.168
Leaf sheath height	0.528**	0.174	-0.386**	0.021	0.490**
Leaf width	0.753**	0.389**	-0.032	0.087	-0.238*
No. of leaves	0.313	-0.202*	0.188	0.777**	0.021
Leaf sheath diameter	0.687**	0.474**	-0.096	0.117	0.009
Bulb weight	0.859**	-0.293*	0.048	-0.095	-0.238*
Bulb height	0.683**	-0.243*	0.481**	-0.145	0.017
Bulb diameter	0.819**	-0.472**	0.026	-0.081	-0.139
No. of cloves	0.036	-0.738**	-0.495**	0.004	0.131
Content of Alliin	0.105	0.003	0.297*	0.141	0.793**

*, **: Significant at 5% and 1% probability level, respectively.

군집은 출현일수, 초장, 엽초장, 엽폭, 엽수 및 엽초경은 지상부 생육이 전체 군집 중 가장 저조한 유전자원이 많이 속하였다. VI 군집은 초장, 엽폭 및 엽초경이 가장 양호한 유전자원이 많이 분포하였고, 수량과 직결되는 구중과 구경이 가장 큰 유전자원이 속하는 군집 특성을 보였으며, 알린 함량도 평균 106.1 mg/100 g으로 I 군집 다음으로 높았다.

각 군집에 속하는 유전자원의 수집 국가별 분류는 Table 8과 같다. I 군집에는 포함된 21종의 유전자원 중 슬로베니아 유전자원이 7종(4.4%)으로 가장 많았고, 그 다음으로는 미국 유전자원이 4종(2.5%), 폴란드와 국내 유전자원이 각각 3종(1.9%)이었

다. 국내 유전자원은 강릉2, 단양1 및 대화종이 포함되었다. II 군집에는 가장 많은 80종의 유전자원이 분포하였고, 해당 국가는 16개 국가이었다. II 군집 중 국내 유전자원이 36종(22.5%)으로 가장 많았고, I 군집의 3종을 제외한 국내종 모두가 여기에 분포하였다. 다음 순으로는 우즈베키스탄 유전자원이 19종(11.9%)으로 많이 포함되었고, 러시아 유전자원이 4종(2.5%), 중국, 미국 및 스페인 유전자원이 각각 3종(1.9%), 일본과 폴란드 유전자원이 2종(1.9%), 대만, 태국, 투르크메니스탄, 볼리비아, 이탈리아 및 스웨덴이 각각 1종(1.0%)씩 속하였다. III군집에는 5종이 포함되었는데, 우즈베키스탄 유전자원이 2종(1.3%),

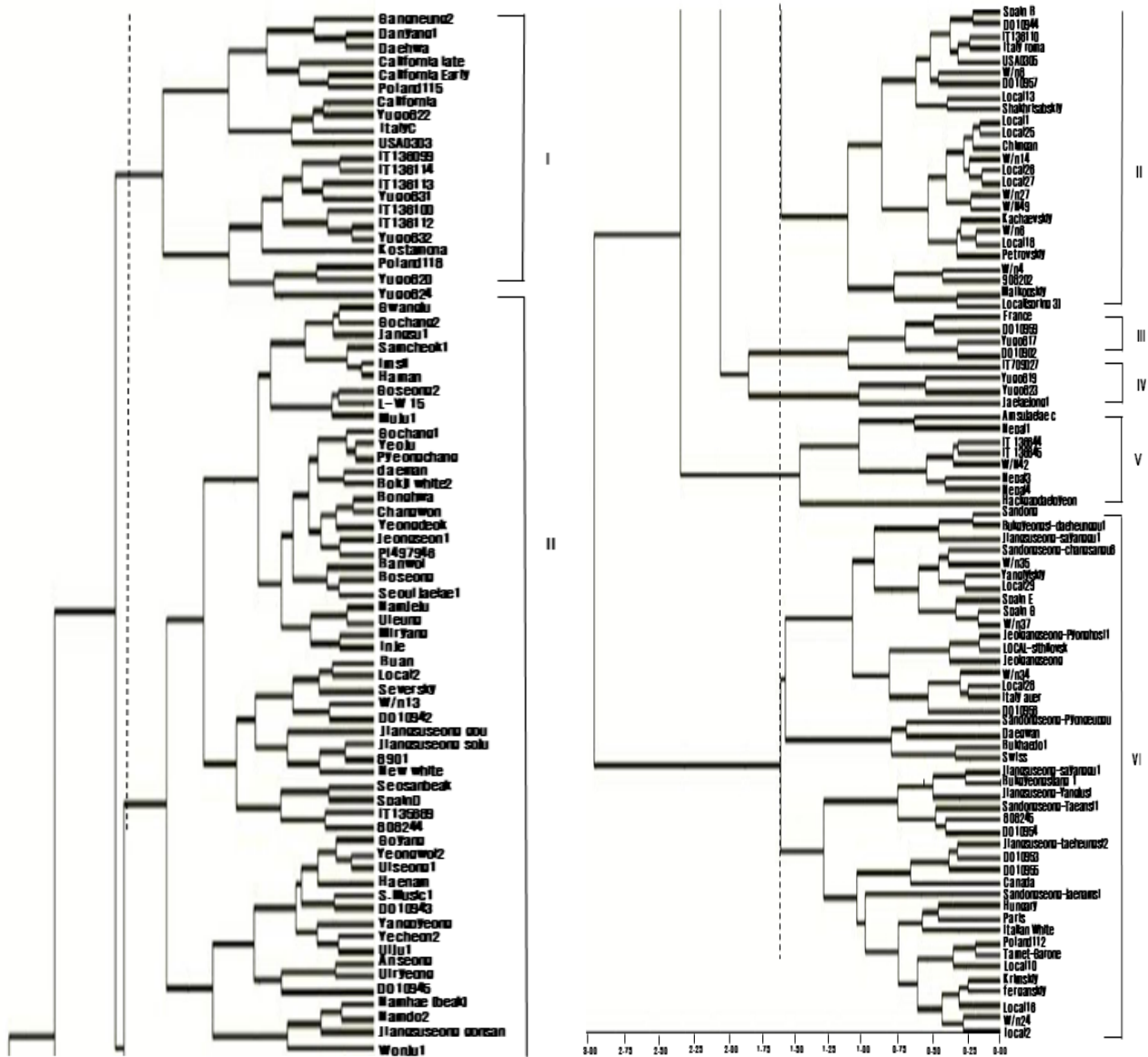


Fig. 1. Dendrogram classified by average linkage cluster based on principal component scores in 160 garlic germplasm.

Table 7. Mean value of agronomic characteristics of each cluster classified by average linkage cluster in 160 garlic germplasms

Characters	Cluster						Mean
	I (n=21)	II (n=80)	III (n=5)	IV (n=3)	V (n=8)	VI (n=43)	
Days to emergence (Days)	83.2	75.9	103.2	56.1	22.9	28.3	61.6
Plant height (cm)	64.4	64.3	65.9	60.6	59.1	70.5	64.1
Leaf sheath height (cm)	35.6	32.6	38.0	33.6	31.2	37.1	34.7
Leaf width (cm)	1.7	2.0	1.8	1.3	1.2	2.3	1.7
Leaf number (No./plant)	8.7	7.9	7.2	8.1	7.1	8.3	7.9
Leaf sheath diameter (cm)	0.9	0.9	1.0	0.7	0.6	1.1	0.9
Bulb weight (g)	24.1	30.4	22.6	22.8	28.0	40.4	28.1
Bulb height (cm)	3.2	3.3	3.0	3.1	3.5	3.5	3.3
Bulb diameter (cm)	3.8	4.1	3.6	3.7	4.0	4.7	4.0
No. of cloves (No./bulb)	9.2	8.3	7.2	13.9	8.3	8.9	9.3
Content of Alliin (mg/100 g)	123.3	101.3	99.0	59.0	104.5	106.1	98.9

Table 8. Number of accessions of each cluster classified by country of origin

Countries	Cluster						Total
	I	II	III	IV	V	VI	
Korea	3(1.9) ^z	36(22.5)	-	-	-	-	39
China	-	3(1.9)	-	-	-	13(8.1)	16
Japan	-	2(1.3)	-	-	2(1.3)	1(0.6)	5
Taiwan	-	1(0.6)	-	-	-	1(0.6)	2
Nepal	-	-	-	-	5(3.1)	-	5
Thailand	-	1(0.6)	-	-	-	1(0.6)	2
Uzbekistan	1(0.6)	19(11.9)	2(1.3)	-	1(0.6)	15(9.4)	38
Turkmenistan	-	1(0.6)	-	-	-	-	1
Kyrgyzstan	-	-	1(0.6)	-	-	-	1
Kazakhstan	-	1(0.6)	-	-	-	-	1
Tajikistan	-	1(0.6)	-	-	-	-	1
USA	4(2.5)	3(1.9)	-	-	-	-	7
Canada	-	-	-	-	-	1(0.6)	1
Bolivia	-	1(0.6)	-	-	-	-	1
Brazil	1(0.6)	-	-	-	-	-	1
Russia	-	4(2.5)	-	-	-	2(1.3)	6
Spain	-	3(1.9)	-	-	-	2(1.3)	5
Slovenia	7(4.4)	-	1(0.6)	2(1.3)	-	-	10
Czech	1(0.6)	-	-	-	-	-	1
Poland	3(1.9)	2(1.3)	-	-	-	1(0.6)	6
France	-	-	1(0.6)	-	-	2(1.3)	3

Table 8. Continued

Countries	Cluster						Total
	I	II	III	IV	V	VI	
Hungary	-	-	-	-	-	1(0.6)	1
Italy	1(0.6)	1(0.6)	-	-	-	2(1.3)	4
Egypt	-	-	-	1(0.6)	-	-	1
Sweden	-	1(0.6)	-	-	-	-	1
Switzerland	-	-	-	-	-	1(0.6)	1
Total	21(13.1)	80(50.0)	5(3.1)	3(1.9)	8(5.0)	43(26.9)	160

²Percentage of varieties belong to each cluster to a total of varieties.

키르기스스탄, 슬로베니아, 프랑스 유전자원이 각각 1종(0.6)씩 속하였다. IV군집에는 가장 적은 3종이 분포하였는데, 슬로베니아 유전자원이 2종(1.3%), 이집트 유전자원이 1종(0.6)이 포함되었다. V군집에는 8종이 분포하였는데, 네팔 유전자원 5종(3.1%)이 모두 속하였고, 일본 유전자원이 2종(1.3%), 우즈베키스탄 유전자원 1종(0.6)이 속하였다. VI군집은 I군집 다음으로 많은 43종이 포함되었다. VI군집에서 우즈베키스탄 유전자원이 15종(9.4%)으로 가장 많았고, 다음으로는 중국 유전자원 13종(8.1%)이 속하였는데, II군집의 3종을 제외한 모든 중국 유전자원이 포함되었다. 그리고 러시아, 스페인, 프랑스 및 이탈리아 유전자원이 각각 2종(1.3%)씩 속하였고, 일본, 대만, 태국, 캐나다, 폴란드, 헝가리 및 스위스의 유전자원이 각각 1종(0.6%)씩 포함되었다.

적 요

본 연구는 국내·외 수집 유전자원의 작물학적 특성과 다변량 분석을 통한 품종군을 분석하여 고품질 마늘 품종육성의 기초 자료로 이용하고자 수행하였다. 마늘 수집 유전자원 160종에 대한 엽 특성 중에서 출현일수의 변이계수가 84.8%로 가장 높았고, 초장과 엽수의 변이계수는 10.1 ~ 10.2%로 다른 형질에 비해 변이가 적었다. 중국 유전자원은 출현일수가 다른 국가의 유전자원 보다 빠른 경향을 보였고, 엽 특성이 다른 국가보다 가장 양호하였다. 구의 특성 중에서 구중과 인편수가 각각 24.3%, 25.7%로 수집종간에 높은 변이를 보였고, 구고와 구경은 각각 7.5%, 11.1%로 수집종 간에서 변이차가 상대적으로 낮았다. 엽의 양적 형질 중에서 가장 양호한 생육을 보였던 중국 유전자원이 구 특성에서도 가장 우수하였다. 마늘의 12개 양적형질의 상관 분석에서 수량과 밀접히 관계하는 구중과 구경은 고도의 정

의 상관관계($r=9.0$)를 보였다. 지상부의 초장, 엽초장 및 엽수가 구중과 정의 상관을 나타내어 지상부의 생육이 양호할수록 지하부의 생육도 양호하였다. 양적형질에 대하여 주성분 분석한 결과, 고유값 1이상을 기준으로 상위 제 5주성분까지의 5개의 주성분으로 전체변이의 77.11%를 설명할 수 있었고, 제 1 ~ 5주성분까지의 주성분 점수를 이용하여 6개의 군집으로 분류되었다. II군집이 가장 많은 유전자원이 포함되었으며, 특히 국내 수집종 39자원 중에서 36자원이 포함되었다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 연구사업(세부과제명: 영양체 유전자원 보존관리, 세부과제번호 PJ1135702)의 지원에 의해 수행되었습니다.

Conflict of Interest

The authors declare that they have no conflict of interest.

References

Baghalian, K., M.R. Naghavi, S.A. Ziai and H.N. Badi. 2006. Post-planting evaluation of morphological characters and alliin content in Iranian garlic (*Allium sativum* L.) ecotypes. *Sci. Hortic.* 107(4):405-410.

Baghalian, K., S.A. Ziai, M.R. Naghavi, H.N. Badi and A. Khalichi. 2005. Evaluation of alliin content and botanical traits in Iranian garlic (*Allium sativum* L.) ecotypes. *Sci. Hortic.* 103(2):155-166.

Camargo, A., R. Masuelli and J. Burba. 2005. Characterization

- of Argentine garlic cultivars for their allicin content. *Acta Hort.* 688:309-312.
- Cheshmedhiev, I. 1973. A cytotoxic investigation of the cultivated *Allium* species in Bulgaria. *Genetikai Seleksiya* 6:283-294.
- Figliuolo, G., V. Candido, G. Logozzo, V. Miccoli and P.L. Spagnoletti-Zeuli. 2001. Genetic evaluation of cultivated garlic germplasm (*Allium sativum* L. and *A. ampeloprasum* L.). *Euphytica* 121:325-334.
- Hwang, J.M. 1993. Genetic divergence and classification of garlic cultivars by multivariate analysis. *J. Korean Soc. Hortic. Sci.* 34(4):257-264 (in Korean).
- _____. 1994. Effects of seed garlic storage before seeding and soil temperature during winter on the growth and bulb development in garlic (*Allium sativum* L.). *Bulletin of Institute of Agricultural Science and Technology* 1:45-54 (in Korean).
- _____. and B.Y. Lee. 1990. Effect of temperature and humidity conditions on rooting and sprouting of garlic. *J. Korean Soc. Hortic. Sci.* 31:15-21 (in Korean).
- Jabbes, N., I. Arnault, J. Auger, B. Al Mohandes Dridi and C. Hannachi. 2012. Agro-morphological markers and organo-sulphur compounds to assess diversity in Tunisian garlic landraces. *Sci. Hortic.* 148:47-54.
- Janmohammadi, M., Z. Movahedi, and N. Sabaghnia. 2014. Multivariate statistical analysis of some traits of bread wheat for breeding under rainfed conditions. *Journal of Agricultural Sciences Belgrade* 59(1):1-14.
- Kamenetsky, R., I.L. Shafir, M. Baizerman, F. Khassanov, C. Kik and H.D. Rabinowitch. 2004. Garlic (*Allium sativum* L.) and its wild relatives from Central Asia: evaluation for fertility potential. *Acta Hort.* 637:83-91.
- Keim, P., W. Beavis, J. Schupp and R. Freetstone. 1992. Evaluation of soybean RFLP marker diversity in adapted germplasm. *Theor. Appl. Genet.* 85:205-212.
- Lee, W.S. 1974. Studies on dormancy of Korean local garlics. *J. Korean. Soc. Hort. Sci.* 15:119-141 (in Korean).
- Mirzaei, R., H. Liaghati and A.M. Damghani. 2007. Evaluating yield quality and quantity of garlic as affected by different farming systems and garlic clones. *Pak. J. Biol. Sci.* 10(13): 2219-2224.
- Ogawa, T., N. Mori and N. Matsubara. 1975. The studies on the ecological distribution and bulbing habit of garlic plant. *Bull. of Nagasaki Agri. and For. Exp. Stat.* 3:9-15.
- Panse, R., P.K. Jain, A. Gupta and D.S. Sasode. 2013. Morphological variability and character association in diverse collection of garlic germplasm. *Africa. J. Agric. Res.* 8(23): 2861-2869.
- Panthee, D.R., H.N. Regmi, P.P. Subedi, S. Bhattarai and J. Dhakal. 2006. Diversity analysis of garlic (*Allium sativum* L.) germplasms available in Nepal based on morphological characters. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53:205-212.
- Pooler, M.R. and P.W. Simon. 1993. Characterization and classification of isozyme and morphological variation in a diverse collection of garlic clones. *Euphytica* 68:121-130.
- Raju, P., P.K. Jain, G. Avneesh and D.S. Sasode. 2013. Morphological variability and character association in diverse collection of garlic germplasm. *Africa. J. Agric. Res.* 8(23): 2861-2869.
- Rural Development Administration (RDA). 2014. Manual for agricultural investigation. RDA, Jeonju, Korea. p. 86 (in Korean).
- Wang, H., X. Li, D. Shen, Y. Oiu and J. Song. 2014. Diversity evaluation of morphological traits and allicin content in garlic (*Allium sativum* L.) from China. *Euphytica* 198:243-254.

(Received 25 July 2020 ; Revised 19 October 2020 ; Accepted 20 October 2020)