

머루의 수체 생장에 관한 연구
원예연구과 박영식

Study of Mure (*V. amurensis* Rupr.) growth.

Summary

1. Flower types, Pollen germination, Fertilization and Berry set in *Vitis amurensis* Ruprecht

Vitis amurensis Ruprecht., a wild dioecious grape species, have been planted to produce berries for wine making. Studies were conducted in an attempt to identify the factors causing irregular bearing in this grape vine. Flower types, germinability and diameter of pollen, fertilization process and berry set were analyzed. The rate of pollen germination of male on the agar medium was 27.6%~29.8%. In self-pollination of *Vitis amurensis*, the berries of clusters contained no seed. The rate of pollen germination on the agar medium was also 0%. In cross combination of *Vitis amurensis*, the rate of seeded berries ranged from 14.1% 45.4%. In cross combination of two diploid plants, 'Buffalo' and 'Muscat bailey A' with *Vitis amurensis*, the rate of seeded berries from 15.2% to 28.2%. In open pollination of *Vitis amurensis*, the rate of seeded berries ranged from 55.0% to 61.9%.

2. Tree growth and Fruit character of *Vitis amurensis*.

The blooming period in *V. amurensis* was from May. 23 to May. 14. The harvester period was from Sep. 15 to Sep. 25. The shoot elongation was 450cm and the diameter of shoot was from 4.5mm to 16mm. The elongation curve of shoot growth and berry growth follows double sigmoid curve. The exact form of the growth curve can vary considerably and division into three phase. One cluster was consisted of the number of 28~70 flowers. The cluster length was from 7.2cm to 15.9cm, the cluster diameter was from 4.0 to 5.1cm. The berry weight was from 0.6g to 1.0g. The number of seed/ one berry was from 1.6 to 3.2. It had a total soluble solid of 14.5%. Sucrose was not observed all of varieties. Fructose was 5.6~10.9%, and the glucose was from 2.9 to 10.7%. The GW-166 and GW-156 was the highest 10.9% of fructose. The acid fraction of *V. amurensis* consists mainly of tartaric and malic acids. Other organic acids found in variable succinic, fumaric, acetic, glycolic, lactic aconitic, quinic, shikimic and mandelic acids.

It was collected to variety of GW-202 was the highest cluster weight (47.5g) and the total soluble solids was 14.7%. And the GW-189 was collected variety the highest soluber solids(20.2%), low berry setting rate. The GW-12 was collected variety the highest anthocyanins. Other varieties of GW-45, GW-48, GW-49, GW-65, and GW-173 was available varieties.

3. Cluster Analysis of Morphological Characteristics and Cluster analysis of *Vitis amurensis* Ruprecht in Gangwon

To examine the taxonomic relationships among 38 male *Vitis amurensis* varieties or accessions by 19 morphological characters, principal component analysis and cluster analysis were carried out. Based on the average distance between clusters, 38 varieties could be separated into 6 clusters. Average coefficient of parentage within cluster ranged from 0.8 to 1.0. Each 6-cluster of *Vitis amurensis* varieties could be characterized by predominant genetic background in their pedigree, i.e., Jeongseon for cluster 1, 2, 3, Teabaek for cluster 4, Inje for 5, Yanggu for 6. These results clearly demonstrated that the genetic relationship between *Vitis amurensis* varieties within a group are very close, but the variety groups are genetically distinct from each other.

4. The Origin of Gaillangmeru(*Vitis* spp.) for Variation of Glucosephosphate Isomerase and Phosphoglucomutase Isozymes

The Gaillangmeru(*V.* spp) origin accessions was examined with three isozymes: glucosephosphate isomerase(GPI : EC 5.3.1.9), phosphoglucomutase isozymes(PGM : EC 5.4.2.2) and isocitrate dehydrogenase(Idh : EC 1.1.1.42).

Two isozymes (Gpi-2, Pmg-2) were useful for the Gaillangmeru origin accession.

a. The Gpi-2 genotype of Muru(*V. amurensis*), a female parent was gg, while the Gpi-2 genotypes of 'Concord'(*V. labrusca*), a male parent was ij. But the genotype of Gaillangmeru(*V.* spp) was b and k. therefore, Gaillangmeru(*V.* spp) did not cross between Muru(*V. amurensis*) and 'Concord'(*V. labrusca*). The mobilities of allozyme bands and gene dosage of Gaillangmeru(*V.* spp.) confirmed that the b allele were from *V. vinifera* (a,b,d,h) and American hybrids(a, b, c, d, e, i, j, k, m) and that the k allele were from American hybrids(a, b, c, d, e, i, j, k, m).

b. The Pgm-2 genotype of Muru(*V. amurensis*), a female parent was cc, while the Pgm-2 genotypes of 'Concord'(*V. labrusca*), a male parent was hh. But the genotype of Gaillangmeru(*V.* spp) was b and f. Therefore, Gaillangmeru(*V.* spp) did not cross between Muru(*V. amurensis*) and 'Concord'(*V. labrusca*).

The mobilities of allozyme bands and gene dosage of Gaillangmeru confirmed that the b allele were from *V. vinifera* (a, b, d, h) and American hybrids(a, b, c, d, e, i, j, k, m) and that the k allele were from American hybrids(a, b, c, d, e, i, j, k, m).

c. The Idh-1 genotype of Muru(*V. amurensis*), a female parent was cd, while the Idh-1 genotypes of 'Concord'(*V. labrusca*), a male parent was ab. But the genotype of Gaillangmeru(*V.* spp) was a and h. But, The Idh-1 did was not useful for the Gaillangmeru origin accession. The mobilities of allozyme bands and gene dosage of Gaillangmeru confirmed that the ah allele were from *V. vinifera* (b, d, e, h, i), *V. amurensis* (a, c, h) and American hybrids(b, e, f, g, h, i, j).

적 요

(시험 1) 머루 형태적 특성 구명

머루는 자웅이주식물로서 웅성식물에는 암술이 전혀 존재하지 않고 수술만 존재하며, 자성식물에는 암술과 수술이 존재하나 수술대가 짧아 개화와 동시에 바깥쪽으로 말리는 형태적 구조의 불임 특성을 지니고 있다.

수꽃 화분직경은 $13.0\mu\text{m} \sim 24.8\mu\text{m}$ 로 분포하였고, 인공배지 상에서 발아된 화분들은 $26\mu\text{m} \sim 24\mu\text{m}$ 의 직경을 가진 화분들이 주로 발아하였고, 이들 발아율은 27.6~29.8%였다. 또한 암꽃의 화분직경은 $14\mu\text{m} \sim 32\mu\text{m}$ 로 분포하였고, 특히 $26\mu\text{m} \sim 32\mu\text{m}$ 와 $16\mu\text{m} \sim 20\mu\text{m}$ 에서 화분들이 많이 분포하였고, 인공배지 상에서 발아된 화분은 발견되지 않았다.

암꽃 자가수분 결과 착과된 과실과 종자를 얻을 수 없었으며, 암꽃에 수꽃 화분을 교배하여 착과율 14.1~45.4%로써 착과된 과립으로부터 종자 95%이상 획득할 수 있었으며, 2배체 포도에 수꽃 화분을 교배하여 착과율 15.2~28.2%로 착립된 과립으로부터 355개의 정상적인 종자를 획득하였다. 머루의 방임수분시 착과율 55.0%~61.9%의 착과율로 인공교배보다 높은 착과율로 조사되었다.

(시험 2) 머루 생태적 특성 구명

야생머루의 개화기는 5월 14일~5월 23일 경이고, 숙기는 9월 15일~9월 25일경으로 조사되었다. 신초신장량은 평균 450cm 정도 자라며, 신초경은 4.5~16mm로 7월 상순부터 8월 초 사이에 급격히 신장하는 것으로 조사되었다. 과립의 횡경은 착과이후 30일내 급속이 1차 성장을 하고, 2차신장은 7월 중순경에 신장하는 2중 성장곡선을 나타냈다. 머루의 1화방은 28.5~70개의 꽃으로 이루어져 있으며, 화방장은 7.2cm~15.9cm로 평균 10.4cm이고, 화방경은 4.0~5.1cm로 평균 4.3cm 이고, 과방중은 14.1g~47.5g으로 평균 25.4g이고, 1과방당 착과수는 12~49.2립으로 평균 26.5립이고, 과립중은 0.6~1.0g으로 평균 0.74g이고, 1과립당 종자수는 1.6~3.2개로 평균 2.5개로 조사되었다.

당도는 $9.2 \sim 16.8^\circ\text{Bx}$ 으로 평균 13.9°Bx 이고, 산도는 0.89~1.69%로 1.18%, 안토시아닌(O.D) 0.69~2.844으로 평균 1.82로 조사 되었다.

당분석은 모든 계통에서 Sucrose는 검출되지 않았으며, Fructose는 5.683~10.992%으로 평균 6.13%이고, Glucose는 2.940~10.786%으로 평균 5.56%이며, 특히 Fructose 함량이 가장 높은 계통은 GW-166, GW-156은 10.992%으로 가장 높으며, GW-75 8.323%, GW-59 8.012%, 순으로 나타났다.

산분석은 모든 계통에서 Citric Acid 와 Succinic Acid는 검출되지 않았으며, Tatanic Acid 0.0~104.564ppm으로 평균 73.8ppm이고, Ascorbic Acid 0.0~104.564ppm으로 24ppm이고, Acetic Acid 0.0~1034ppm으로 평균 200.05ppm 수준으로 조사되었으며, Tatanic Acid는 GW-26 304ppm으로 가장 높았으며, GW-46 125ppm, GW-166 106ppm 순이며, Ascorbic Acid GW-57 199ppm으로 가장 높았으며, Acetic Acid 는 GW-24 479ppm으로 가장높게 조사되었다.

이들 26 계통 중 GWG-202는 1과방당 착립수 49.2립으로 과방중 47.5g, 당도 14.7°Bx 등으로 수집계통 중 착과량 및 수량성이 가장 수량이 우수한 계통으로 선발되었으며(그림 17), 고당도 계통으로는 GW-189으로 20.2°Bx 으로 과방길이도 15.9cm로 가장 길었으나 착립을 22.9개로 다소 낮아 앞으로 착과율만 개선한다면 유망한 계통이며, GW-12은 착립수

가 14.8개로 비교적 적은 착과 계통이나 안토시아닌 함량이 높은 계통이며, 당도 또한 16.7°Bx으로 유망 계통이다.

이외에도 착과율과 당도, 안토시아닌 함량 등을 고려하여 선발 가능성 있는 계통으로는 GW-45, GW-48, GW-49, GW-65, GW-173 등으로 조사되었다.

(시험 3) 강원지역의 수머루계통의 지역별 엽 형태적 특성에 의한 분류

수머루의 지역별 엽 형태적 특성은 유전거리 1.0 수준에서 7개군으로 분류되었으며, 특히 I, II, III 집단은 정선지역의 수집종, IV집단은 정선과 태백 지역의 수집종, VI, VII집단은 인제와 양구의 수집종으로 구분되었다.

수집 유전자원의 주맥과 제1엽맥의 비율 0.7인 수집종이 6개체, 0.8인 수집종이 27개체, 0.9인 수집종이 5개체였다.

주맥과 제2엽맥의 비율이 0.4인 수집종이 1개체, 0.5인 수집종이 24개체, 0.6인 수집종이 11개체, 0.7인 수집종이 1개체, 0.8인 수집종이 1개체였다.

주맥과 제2주맥의 각도는 70~79인 수집종이 7개체, 80~89인 수집종이 14개체, 90~99인 수집종이 13개체, 100~109인 수집종이 4개체로 80~99인 수집종이 전체의 71.1%로 대부분이 정선과 태백 수집종으로 조사되었다.

(시험 4) 동위효소를 이용한 머루와 개량머루의 품종 분류

개량머루의 기원을 밝히고자 머루, Concord, campbell Early, 개량머루에 관해서 동위효소(GPI, PGM, IDH) 분석을 실시하였다.

1. Gpi-2 분석결과 개량머루(*V. spp*)의 양친으로 알려진 머루(*V. amurensis*)의 대립 유전자형은 gg로 나타났고, 'Concord'(*V. labrusca* L.)는 대립유전자형은 ij로 나타났고, 개량머루(*V. spp*)의 대립 유전자 b k로 조사되었다. 개량머루는 머루(*V. amurensis*)와 'Concord'(*V. labrusca*)의 교잡되지 않았다. 따라서 개량머루는 유럽군(*V. vinifera*)의 포도 품종과 구미잡종군(*V. labruscana* L.)의 품종간의 교잡되거나 구미잡종군(*V. labruscana* L.)간 상호교잡에 의해서 육성된 것으로 추정된다.

2. Pmg-2의 분석결과(Fig. 2) 개량머루(*V. spp*)의 양친으로 알려진 머루(*V. amurensis*)의 대립 유전자형은 c 로 나타났고, 'Concord'(*V. labrusca* L.)는 대립유전자형은 h로 나타났고, 개량머루(*V. spp*)의 대립 유전자는 b f로 조사되었다. 개량머루(*V. spp.*) 대립유전자 b 는 유럽군(*V. vinifera*)와 구미잡종군(*V. labruscana*)에 포함되어 있고, 대립유전자 f 는 구주잡종군(*V. labruscana*)에 포함되어 있는 것으로 나타났다. 따라서 개량머루의 육성경위는 유럽군(*V. vinifera*)의 포도품종과 구미잡종군(*V. labruscana* L.)의 품종간의 교잡되거나 구미잡종군(*V. labruscana* L.)간 상호교잡에 의

3. Idh-1의 동위효소 분석결과(Fig. 3) 개량머루(*V. spp*)의 양친으로 알려진 머루(*V. amurensis*)의 대립 유전자형은 d 로 나타났고, 'Concord'(*V. labrusca* L.)는 대립유전자형은 a b로 나타났고, 개량머루(*V. spp*)의 대립 유전자형은 a h로 조사되었다(Fig. 3). 개량머루(*V. spp.*) 대립유전자 a는 동아시아군, 유럽군, 구주잡종군 모두에 포함되어 있고, h는 동아시아군의 대립유전자에 포함되어 Idh-1으로 개량머루의 기원을 밝히는데는 불확실하였다.