

전기영동 패턴에 의한 2조보리 계통의 Esterase 동위효소 유전자형 변이분석

박광근*† · 최홍집** · 이종호*** · 서세정* · 김재철* · 남중현* · 김상호****

*작물시험장, **경북농업기술원, ***국립종자관리소, ****농업과학기술원

Genotypic Variation of Esterase Isozyme in Breeding Lines of Two-rowed Barley by Electrophoretic Banding Pattern

Kwang-Geun Park*†, Hong-Jip Choi**, Jong-Ho Lee***, Sae-Jung Suh*, Jae-Chul Kim*, Jung-Hyun Nam* and Sang-Hyo Kim****

*National Crop Experiment Station, RDA, Suwon 441-857, Korea

**Kyungbuk Agricultural Research and Extension Services, Taegu 702-320, Korea

***Milyang Branch Office, National Seed Management Office, Milyang 627-803, Korea

****National Institute of Agricultural Science and Technology, Suwon 441-707, Korea

ABSTRACT : This study presents results of electrophoretically detectable isozyme variation in Crossing Block (CB) lines of two-rowed barley maintained by the National Crop Experiment Station. The specific objectives were to determine allelic frequencies at the four *Est* loci (*Est1*, *Est2*, *Est4*, and *Est5*) and their distribution over 380 CB lines of two-rowed barley. A total of 17 alleles were detected over the four *Est* loci in these lines. There were 4 alleles (*Pr*, *Al*, *Ca*, and *Af*) at the *Est1* locus and their frequencies were 69.7, 1.1, 28.4, and 0.8%, respectively. At the *Est2* locus, 5 different alleles (*Dr*, *Fr*, *Sp*, *Un* and a recessive *null* allele) were detected and their frequencies were 2.9, 84.5, 0.5, 2.1, and 10%, respectively. Four alleles (*Nz*, *Su*, *At*, and *null*) were detected at the *Est4* locus and the allelic frequency of *Su* was about 84%. Four alleles (*Mi*, *Pi*, *Te*, and a *null* allele(od)) were detected at the *Est5* locus and their frequencies were 34.2, 61.0, 2.4, and 2.4%, respectively. Based on the allelic frequencies over the four *Est* loci, 380 CB lines were classified into 25 genotypes. The most frequent genotypes were G1(*Pr-Fr-Su-Mi*) and G2(*Pr-Fr-Su-Pi*), and their frequencies were 28.1 and 39.5%, respectively. The frequencies of other genotypes were less than 10%.

Keywords : esterase isozyme, barley, starch gel electrophoresis, genetic variation

전기영동법에 의한 동위효소나 단백질의 pattern 분석은 동·식물과 미생물의 동정, 분류 및 유전연구 등에 많이 이용되어져 왔다(Fedak, 1974; Kahler & Allard, 1970; Kahler, 1981;

Nielsen & Johansen, 1986; Son *et al.*, 1985). 특히 작물에 있어서는 품종간에 형태나 특성이 유사한 경우가 많으므로 이들의 유전적 차이를 밝히고자 할 때는 전기영동에 의한 단백질, 동위효소 pattern의 차이를 이용하거나 RFLP, RAPD, AFLP방법 등을 이용하고 있다. 또한 이러한 방법은 종의 동정과 구분 및 유연관계 구명 등은 물론 유전학 연구에 많이 이용되어 오고 있다(Backes *et al.*, 1993; Konishi *et al.*, 1990; Konishi *et al.*, 1989). 최근에는 육종 효율을 높이기 위한 방법의 하나로 농업적으로 유용한 유전자와 연관된 여러 가지 marker를 이용하고자 하는 연구가 활발히 진행되고 있으며 이들 중에는 RFLP 등 여러 가지 DNA marker가 이용되기도 한다(Backes *et al.*, 1993; Devaux & Zivy, 1994; Ohmori *et al.*, 1995). 또한 단백질이나 동위효소의 특정한 band를 marker로 이용하기도 하는데 실제 보리에서는 BaYMV저항성 유전자를 선발하기 위하여 esterase 동위효소 band를 선발 marker로 사용하고 있고(Gouis *et al.*, 1995; Konishi *et al.*, 1989), 약배양시 식물체 재분화 능력과 관련된 단백질 marker를 찾기 위한 연구도 이루어지고 있다(Devaux & Zivy, 1994).

보리의 esterase 동위효소에 관한 연구는 30여년 전부터 수행되어 오고 있으며 현재 10여개의 loci가 밝혀져 있고 이들에 관한 유전양상, 염색체상의 위치 등이 밝혀져 있다(Fedak, 1974; Kahler & Allard, 1970; Kahler, 1981; Konishi *et al.*, 1990; Nielsen & Johansen, 1986). 보리의 esterase는 다른 동위효소에 비해 전기영동시 다양한 band pattern을 얻을 수 있으며, 효소 추출 및 전기영동법에 의한 분석이 용이하여 품종의 구분 및 유용유전자의 선발 marker 탐색 등에 유용하게 이용될 수 있다. 그러나 국내에서는 보리의 동위효소 분석에 대한 자료가 거의 없으며, 이용 또한 미미하고, 최근에는

†Corresponding author: (phone) +82-31-290-6673 (E-mail) parkkg@rda.go.kr <Received November 5, 2002>

DNA marker 분석기술의 발달로 관심이 적어지고 있으나 보리의 육종 program에 활용성이 큰 유용한 marker이다.

따라서 본 연구는 380종의 맥주보리 교배모본 계통을 대상으로 esterase 동위효소 분석을 통하여 4개의 esterase loci에 대한 각 alleles의 종류와 출현빈도 등을 조사하고 이미 보고된 몇 가지 자료를 참고하여 각 line들에 대한 유전자형을 분석하여 이를 육종의 기초자료로 활용하고자 수행되었으며 여기서 얻어진 몇 가지 결과를 보고하고자 한다.

재료 및 방법

공시재료

본 실험에 사용한 재료는 농촌진흥청 작물시험장에서 보유하고 있는 국내 육성 및 외국 도입 품종과 계통 후기세대 등 380개의 맥주보리 교배모본(crossing block)을 대상으로 작물시험장 포장에서 수확한 종자를 사용하였다.

시료 준비 및 효소 추출

Esterase 동위효소 분석을 위하여 각 품종 및 계통별로 5립씩 플러그로 pot에 파종하여 18°C 정도로 조절된 온실에서 10일간 키운 후 제 1엽을 취하여 효소 추출용 시료로 사용하였다. 효소 추출 방법은 제 1엽을 30×6 mm 유리 시험관에 넣고 유리막대로 마쇄한 후 filter paper에 즙액을 취하여 사용하였다.

Starch gel 준비

Starch gel 전기영동은 Konishi 등(1990)의 방법을 약간 변형하여 수행하였다. Starch(Sigma) 40 g(10%)을 2 liter 등근 플라스크에 넣고 Gel Buffer(4 mM Citric acid and 14 mM Tris, pH 7.9) 400 ml을 넣은 다음 진탕하여 완전히 섞은 후 끓는 물에서 반투명해질 때까지 녹였다. Starch가 완전히 녹으면 진공펌프를 이용하여 기포를 완전히 제거한 후 미리 준비한 gel plate(20×20×0.4 cm)에 부어 상온에서 40분 가량 굳힌 다음 표면이 마르지 않게 wrap을 덮어 냉장고에 약 30분 가량 보관한 후 사용하였다.

전기영동 및 동위효소 염색

Starch gel의 (-)극에서 7 cm 되는 곳에 gel을 수직으로 절단하여 추출한 시료를 7×4 mm filter paper(Whatman No.3)에 흡수시킨 후 한개의 gel에 25개의 시료를 loading하였고 이 부위를 밀착시킨 후 양극에 전기영동 buffer(0.3 M Boric acid and 0.1 M Sodium hydroxide, pH 8.6)를 채우고 20×9 cm filter paper를 gel에 연결하여 전류가 통하게 한 다음 5°C 냉장고에서 전기영동하였다. 처음 25분 동안은 200 V에서 전기영동한 후 loading한 filter paper를 제거하고 gel을 밀착시킨 후 전압을 300 V로 올려 2-3시간 정도(약 8 cm 정도 이동)

전기영동하였다.

전기영동이 끝난 gel을 2 mm 두께로 수평으로 절단한 다음 아래의 gel을 염색하여 동위효소 분석에 사용하였다. 염색은 200 ml의 0.2 M Phosphate buffer(pH 6.3)에 300 mg의 Fast Blue RR salt(Sigma)를 녹인 후 1% α -naphthyl acetate와 β -naphthyl acetate(Sigma)를 넣고 잘 섞은 다음 filter paper로 여과하여 한 개의 gel당 100 ml을 부어 상온에서 band가 선명하게 나타날 때까지 약 30분간 반응시켰다. 염색이 끝난 후 약 20분 간격으로 증류수로 세척하여 gel이 백색으로 될 때까지 탈색시키거나 바로 50% Ethanol에 고정하여 pattern을 분석하였다.

동위효소 pattern 분석

보리 제 1엽에서 확인할 수 있는 esterase 동위효소중 band가 극히 약하거나 분명하지 않는 Est9, Est10을 제외한 Est1, Est2, Est4, Est5 등 4개의 loci를 대상으로 분석하였으며 또한 각 line별로 3개체를 분석하여 반복내에 다른 pattern이 있거나 분리하는 것은 정확한 분석이 곤란하므로 조사 대상에서 제외하였다. 각 line별로 나타나는 allele의 종류와 출현빈도 등을 조사하였고 이를 바탕으로 각 line별로 Est1, Est2, Est4, Est5에 대한 유전자형을 만들어 유전자형별로 분류하였다.

결과 및 고찰

Est1, Est2, Est4, Est5 loci에서 나타나는 alleles 종류와 출현빈도

맥주보리 437 계통중 동일계통에서 파생되었거나 분리되는 계통을 제외한 380 계통을 대상으로 앞 조직에서 발견되는 Est1, Est2, Est4, Est5 등 4개의 각 locus에서 발견되는 allele의 종류와 출현빈도를 조사하였다. 동위효소 분석은 각 개체별로 하였으며 혼종이나 heterozygosity 여부는 임의로 3개체를 취하여 전기영동한 후 3개체의 band pattern에서 다른 유형이 있거나 hetero상태를 확인하였던 바 극히 일부 line에서 heterozygosity가 나타났고 일부 line에서는 동일한 pattern을 나타내지 않는 경우도 있었는데 이는 혼종된 것으로 생각된다. 전기영동 후 band로 나타나는 각 allele의 명칭과 gel에서의 위치, band의 특징 등은 Kahler 등(1970)과 Nielsen 등(1986)이 보고한 자료와 동위효소 표준품종 등을 참고하여 조사하였다. 조사 결과 Est1, Est2, Est4, Est5 등 4개의 loci에서 나타난 alleles의 수는 모두 17개였으며 그 중에는 band가 나타나지 않는 것(recessive null expression)도 3종류가 있었다.

Est1 locus에서는 *Pr*, *Al*, *Ca*, *Af* 등 4개의 alleles이 발견되었는데 Fig. 1A에 나타난 바와 같이 *Pr* band는 시작점에서 이동이 거의 없는 band로서 표준품종은 Prentice이다(Nielsen & Johansen, 1986). Kahler(1981)과 Konishi(1989)에 의하면 이 allele은 유럽, 캐나다, 중남미에서 비교적 높은 빈도로 발

견되는 band이며 우리 나라를 포함한 극동아시아 지역에서는 발견빈도가 높지 않은 것으로 보고되었다. 그러나 본 연구에서 조사한 380 line 중 약 70%인 265 line이 이 band를 가지고 있는 것으로 나타났다. 이러한 결과는 공시재료의 50% 이상이 외국에서 도입한 종이며 또한 이들과의 교배 후기세대도 상당수가 포함되어 있기 때문인 것으로 생각된다. 한편 국내에서 육성되어 교배모본으로 사용되는 품종 및 계통에서는 진양보리를 포함한 다수가 *Pr* band를 가지고 있는 것으로 조사되었다.

*Pr*과 *Ca* band의 중간에 나타나는 *Al* allele은 발견빈도가 1% 내외로 아주 낮은 편이었으며, Konishi(1989)가 보고한 한국수집 6조 보리에 대한 조사결과에서도 비슷하였다. 이 allele의 표준품종은 Algerial이며 유럽남부, 인도, 남아프리카, 남미 등지에서 비교적 높은 빈도로 나타나는 allele으로 보고되고 있다(Kahler & Allard, 1970).

다음으로 나타나는 *Ca* allele은 본 실험에서 조사된 380 line중에서 28.4%인 108개 line에서 발견되었는데, Konishi(1989)의 한국수집 6조 보리에서의 발견빈도 66%보다는 크게 낮아 대부분 외국 도입품종으로 구성된 2조 보리 CB에 국내 6조 보리의 활용정도를 나타내주고 있다(Fig. 1A, Table 1). 이 allele의 표준품종은 Carlsberg II이며 극동아시아를 포함한 세계 전역에서 고르게 분포되어 있는 것으로 보고되고 있다.

Af allele은 본 실험에서 밝혀진 Est1중에서 가장 멀리 이동하는 allele이며 Est2의 *Fr*위치와 비슷하였다. 발견빈도는 0.8%인 3 line에서 나타났으며 모두가 도입종이었다. 이는 Konishi(1989)가 보고한 한국수집 6조 보리의 *Af* allele의 빈

도가 29.4%인 것을 볼 때 *Af* 유전자를 갖는 국내 6조 보리의 2조 보리 교배모본으로의 활용이 거의 없음을 알 수 있다.

Est2 locus에서는 *Dr*, *Fr*, *Sp*, *Un*, *null* 등 5개의 alleles이 나타나는 것으로 조사되었고 그 중 *Fr* allele이 84.5%인 321 line에서 나타나 대부분을 차지하였다. 그 외에 band가 나타나지 않는(*null* expression) line이 10%이었고, *Dr*, *Sp*, *Un* 등

Table 1. Allelic frequencies at the Est1, Est2, Est4, Est5 loci among 380 CB lines of two-rowed barley.

Locus	Alleles	No. of lines	Frequency(%)
Est1	<i>Pr</i>	265	69.7
	<i>Al</i>	4	1.1
	<i>Ca</i>	108	28.4
	<i>Af</i>	3	0.8
Est2	<i>Dr</i>	11	2.9
	<i>Fr</i>	321	84.5
	<i>Sp</i>	2	0.5
	<i>Un</i>	8	2.1
	<i>n(Null)</i>	38	10.0
Est4	<i>Nz</i>	40	10.5
	<i>Su</i>	318	83.7
	<i>At</i>	16	4.2
	<i>n(Null)</i>	6	1.6
Est5	<i>Mi</i>	130	34.2
	<i>Pi</i>	232	61.0
	<i>Te</i>	9	2.4
	<i>od(Null)</i>	9	2.4

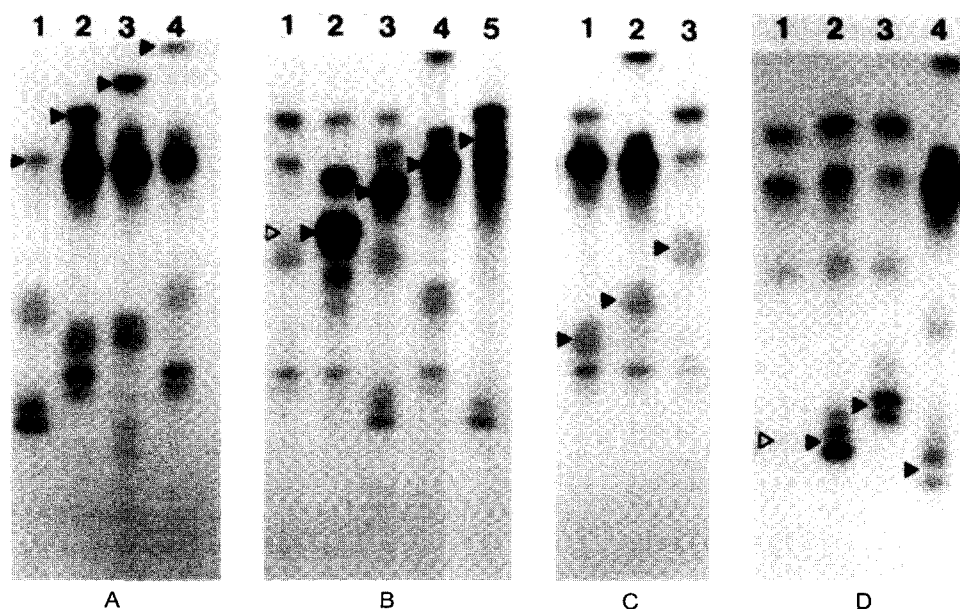


Fig. 1. Esterase alleles at the four loci detected in CB lines of two-rowed barley. Black and white arrows indicated as follows : A: Est 1, lane 1; *Af*, lane 2; *Ca*, lane 3; *Al*, lane 4; *Pr*; B: Est 2, lane 1; *null*, lane 2; *Un*, lane 3; *Sp*, lane 4; *Fr*, lane 5; *Dr*; C: Est 4, lane 1; *At*, lane 2; *Su*, lane 3; *Nz*; D: Est 5, lane 1; *null*, lane 2; *Te*, lane 3; *Pi*, lane 4; *Mi*.

은 3 alleles을 합하여 5% 내외로 출현빈도가 낮은 것으로 나타났다(Fig. 1B, Table 1). Konishi(1989)가 보고한 한국수집 6조 보리의 Est2 locus 분석에서는 Un가 56.7%, null가 33.1%로 대부분을 차지하였고 Fr은 10.2%의 낮은 수준으로 본 실험의 2조 보리에서의 빈도와는 다른 양상을 보였다. Est2 locus의 alleles은 전기영동후 gel에서의 위치가 Fig. 1B에서 나타난 바와 같이 이동거리가 Dr, Fr, Sp, Un 순이었으며 band signal이 강하게 나타났다. 한편 Dr allele은 Fig. 1B에서 보는 바와 같이 긴 꼬리모양을 하고 있어서 다른 allele과는 구별되는 특이한 양상을 나타내기도 하였다. Kahler(1981)에 의하면 Est2에서는 null allele을 포함한 12개의 alleles이 있다고 하였으나 7-8개의 alleles이 대부분이며 나머지 4-5 alleles은 발견빈도가 극히 낮다고 하였다. 특히 Fr allele은 세계 거의 모든 지역에서 80% 이상의 출현 빈도를 나타내고 있는 것으로 보고하여 본 실험에서 조사된 결과와 유사한 경향이였다.

Est4 locus에서는 Nz, Su, At, null 등 4개의 alleles이 발견되었는데 이들 allele의 특징은 double band를 형성하고 있다(Fig. 1C). 그중 Su allele이 83.7%로 대부분을 차지하였고 Nz allele이 10.5%, At는 4.2%, null band가 1.6%의 비율로 나타났다(Table 1). Kahler(1981)에 의하면 Nz의 출현빈도가 16%, Su가 52%, At가 30%, null이 2%의 비율로 나타난다고 하여 본 실험에서 조사한 바와는 다소 상이한 경향이였으나, Konishi(1989)가 분석한 한국수집 6조 보리에서의 빈도와는 비슷한 경향을 보여 Est1과 Est2 locus에서의 차이와 대조를 보였다. Su allele은 발견빈도가 세계 전 지역에서 비슷하게 나타나며 At allele도 비율은 낮으나 비슷한 경향이였다. 특이한 것은 극동 아시아 지역에서 출현빈도가 낮은 것으로 보고된 At allele을 갖는 16개의 line을 조사해 본 결과 두산9호와 Daisen Gold를 제외한 14개 line이 유럽 등지에서 도입한 품

종이였다. 또한 Est4 locus에서는 6개의 alleles가 있다고 보고하였지만 2개의 alleles는 현재까지는 정확히 밝혀져 있지 않았으며 본 실험에서도 관찰되지 않았다.

Est5 locus에서는 Mi, Pi, Te, od(null) 등 4개의 allele이 발견되었으며(Fig. 1D), Pi allele이 232 line으로 61.0%, Mi allele이 130 line으로 34.2%를 차지하여 이 두개의 allele가 대부분을 차지하였다(Table 1). Nielsen과 Johansen(1986)에 의하면 유럽지역에서 재배되고 있는 66종의 보리를 대상으로 조사한 결과 80% 이상이 Pi allele을 가지고 있었으며, Kahler(1981)는 평균 63%의 높은 비율로 세계 전 지역에 고르게 분포되어 있다고 보고하여 전반적으로 본 실험 결과와 일치하는 경향이였다.

Esterase 동위효소 pattern에 의한 유전자형 작성 및 분류

전기영동 pattern을 기준으로 하여 유전자형을 조사한 결과 25가지의 유전자형으로 구분 할 수 있었다(Fig. 2). 이미 보고된 13가지 유전자형은 3번 염색체에 있는 Est1, Est2, Est4 loci만을 분석하여 작성하였으나 본 실험에서는 1번 염색체에 위치한 Est5 locus를 포함하여 분류함으로써 보다 세밀한 분류가 가능하였다.

Fig. 2와 Table 2에 나타난 바와 같이 A2형은 기준에 분류된 A형으로 각 allele의 구성은 Af, null, Su, Pi로 되어 있으며 Jordan을 포함한 3종이 여기에 속하였다. 또한 B형은 B1, B2, B4 등 3가지 유형으로 세분되었는데 B1은 2.6%인 10종, B2는 3.7%인 14종, B4는 1%인 4종이 이에 속하였으며 대표적인 line은 각각 Wu3077, Kimberly, Tosan Kawa 73이었다. 특히 B4형의 경우 Est5 locus의 allele이 null expression(od)하는 것으로 나타났으며 이들 공히 Est2 locus의 allele이 null band를 가지고 있었다. Konishi 등(1989)에 따르면 Mokusekko3(six-rowed)에 있는 BaYMV 저항성 유전자가 B2형 esterase

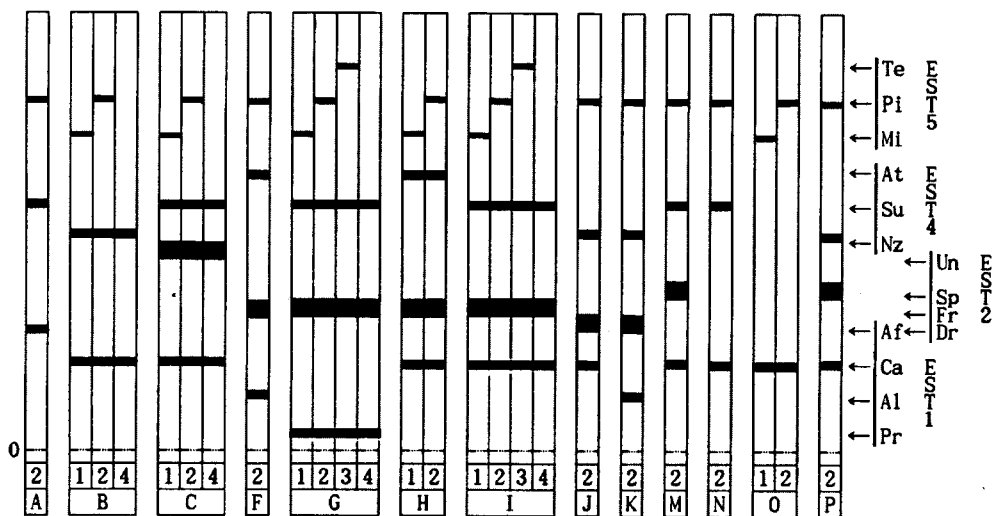


Fig. 2. Schematic representation of esterase zymograms observed in 380 lines of two-rowed barley.

Table 2. Esterase genotypes and frequency among 380 CB lines of two-rowed barley.

Est genotypes based on Est1,2,4.	Est genotypes based on Est1,2,4,5.	No. of lines	Frequency (%)	Reference variety
A(<i>Af-null-Su</i>)	A2 (<i>Af-null-Su-Pi</i>)	3	0.8	Jordan
B(<i>Ca-null-Nz</i>)	B1 (<i>Ca-null-Nz-Mi</i>)	10	2.6	WU3077
	B2 (<i>Ca-null-Nz-Pi</i>)	14	3.7	Kimberly
	B4 (<i>Ca-null-Nz-od</i>)	4	1.0	Tosan Kawa 73
C(<i>Ca-Un-Su</i>)	C1 (<i>Ca-Un-Su-Mi</i>)	1	0.2	Uviou
	C2 (<i>Ca-Un-Su-Pi</i>)	5	1.3	Doosan21
	C4 (<i>Ca-Un-Su-od</i>)	2	0.5	841401-B-15
F(<i>Al-Fr-At</i>)	F2 (<i>Al-Fr-At-Pi</i>)	2	0.5	Turkey99
G(<i>Pr-Fr-Su</i>)	G1 (<i>Pr-Fr-Su-Mi</i>)	107	28.1	Suwon281
	G2 (<i>Pr-Fr-Su-Pi</i>)	150	39.5	Suwon247
	G3 (<i>Pr-Fr-Su-Te</i>)	5	1.3	Hwangkeumbori
	G4 (<i>Pr-Fr-Su-od</i>)	3	0.8	Doosan24
H(<i>Ca-Fr-At</i>)	H1 (<i>Ca-Fr-At-Mi</i>)	3	0.8	Gwylan
	H2 (<i>Ca-Fr-At-Pi</i>)	11	2.9	Viva
I(<i>Ca-Fr-Su</i>)	I1 (<i>Ca-Fr-Su-Mi</i>)	5	1.3	Gold marker
	I2 (<i>Ca-Fr-Su-Pi</i>)	31	8.1	Igri
	I3 (<i>Ca-Fr-Su-Te</i>)	4	1.0	Harmal
J(<i>Ca-Dr-Nz</i>)	J2 (<i>Ca-Dr-Nz-Pi</i>)	9	2.3	Doosan7
K(<i>Al-Dr-Nz</i>)	K2 (<i>Al-Dr-Nz-Pi</i>)	2	0.5	Doosan11
M(<i>Ca-Sp-Su</i>)	M2 (<i>Ca-Sp-Su-Pi</i>)	1	0.2	Ro82
N(<i>Ca-null-Su</i>)	N2 (<i>Ca-null-Su-Pi</i>)	1	0.2	862110-B-27-3
O(<i>Ca-null-null</i>)	O1 (<i>Ca-null-null-Mi</i>)	4	1.0	831445-BC1-B-21-2
	O2 (<i>Ca-null-null-Pi</i>)	2	0.5	DH89-881348-5446
P(<i>Ca-Sp-Nz</i>)	P2 (<i>Ca-Sp-Nz-Pi</i>)	1	0.2	Moroc9-75

complex loci(Est1, Est2, Est4)와 연관되어 있어 BaYMV 저항성 유전자를 선발하기 위한 marker로 사용할 수 있다고 보고하여 이에 관한 연구가 활발히 진행되고 있다.

다음으로 C형은 C1, C2, C4 등 3가지 유전자형으로 구분되었는데 Uviou 1개 line만이 C1형에 속하였으며, C2형에는 두산21호를 포함한 5종, C4형에는 841401-B-15를 포함한 2종이 속하여 전체적으로 출현 빈도가 낮은 편이었다. 한편 F2 유전자형에는 Turkey99를 포함한 2종이 속하여 출현빈도가 극히 낮았다.

G형은 G1, G2, G3, G4형 등 4가지 유전자형으로 세분되었으며 69.7%가 이들 유형에 속하였다. 그중 G1형은 28.1%로서 107종이 이에 속하였으며, G2형은 39.5%인 150종으로서 가장 높은 비율을 차지하였다. 이러한 결과중의 하나는 육종에 사용된 교배친의 동위효소 유전자형이 G1이나 G2형이 많았을 것으로 여겨지며, 실제 조사한 380 line중에 이들을 교배친으로 한 교잡 후기세대가 많이 포함되어 있었다.

H형에는 H1, H2 등 2가지 유전자형이 있는 것으로 조사되었으며, H1형은 3종, H2형은 11종이 있었다. I형에는 I1, I2,

I3, I4형 등 4가지 유전자형이 있는 것으로 조사되었으나 I4형에 속하는 1개의 line이 혼종상태여서 제외하였고 나머지 3개의 유전자형만을 Table 2에 나타내었다. I1형에는 Gold marker 등 5종이었고 I2형에는 Igri를 포함한 31종이 속하여 발견 빈도가 비교적 높은 것으로 나타났다. 또한 I3형은 Harmal 등 4종이었다.

그 외에 J2, K2, M2형이 각각 2.3%, 0.5%, 0.2% 등의 비율로 발견되었으며 이는 Est2 loci의 *Dr*, *Sp*의 발견빈도가 극히 낮아 기인된 것이다. 기타 4가지의 유전자형을 발견할 수 있었는데 N2형이 1종, O1이 4종, O2형이 2종, P2형이 1종 등 극히 낮은 빈도로 발견되었다. 특이한 것은 O1 및 O2형에서는 Est2와 Est4 두 loci에서 *null* band로 나타났다.

보리의 동위효소에 관한 연구는 다른 작물에 비해 비교적 많은 연구가 수행되었으며 특히 esterase 동위효소의 경우 allele의 수, 염색체상의 위치, 유전양상 등이 비교적 상세히 보고되어 있으며 앞에서 언급한 바와 같이 동위효소 band를 marker로 한 유용 유전자의 선발 등 그 응용 범위를 넓혀가고 있다. 따라서 차후 이 자료를 바탕으로 농업적으로 유용

한 형질과 동위효소 band나 유전자형과의 연관성을 조사하는 보다 많은 연구를 통하여 esterase 이외의 다른 여러 가지의 동위효소, 단백질 band pattern 등과 함께 육종에 이용될 수 있으며, 이를 위한 유전양상에 대한 보다 세밀한 연구가 요구된다.

적 요

맥주보리 교배모본(Crossing block) 380품종 및 계통을 공시재료로 esterase 동위효소 가운데 4개의 loci에 대한 allele의 종류, 발견빈도, 유전자형 등을 분석한 결과는 다음과 같다.

1. 조사한 380 계통중 Est1 locus에서는 *Pr*, *Al*, *Ca*, *Af* 등 4개의 alleles이 있는 것으로 관찰되었으며 그 중 *Pr* allele이 약 70%, *Ca* allele이 28.4%로 대부분을 차지하였고, *Ca* 및 기타 *Al* allele은 2% 미만이었다.

2. Est2 locus에서는 *Dr*, *Fr*, *Sp*, *Un*, *null* 등 5개의 allele이 있는 것으로 나타났고 *Fr* allele이 84.5%로 가장 높은 비율을 차지하였고, *null* allele가 10%이었다.

3. Est4 locus에서는 *Nz*, *Su*, *At*, *null* 등 4개의 allele이 발견되었는데 *Su* allele가 약 84%로 대부분을 차지하였으며, *Nz* allele가 10.5%, *At* allele가 4.2%의 빈도를 보였다.

4. Est5 locus에서는 *Mi*, *Pi*, *Te*, *od(null)* 등 4개의 allele이 발견되었으며 *Pi* allele이 61.0% *Mi* allele이 34.2%이었다.

5. 4개의 Esterase loci에서 나타나는 pattern을 기준으로 한 유전자형은 25가지의 유형으로 분류할 수 있었으며, G1형(*Pr-Fr-Su-Mi*)이 28.1%, G2형(*Pr-Fr-Su-Pi*)이 39.5%로 대부분을 차지하였고 다음으로 I2형(*Ca-Fr-Su-Pi*)이 약 8.1%의 비율로 나타났다. 기타의 유전자형들은 그 발견 빈도가 극히 낮은 편이었다.

인용문헌

- Backes G., G. Fischbeck, A. Graner and A. Jahoor. 1993. Localization of agronomically important traits in barley(*Hordeum vulgare* L.) by means of RFLP marker. *Barley Genetics Newsletter* 23 : 60-64.
- Devaux P., and M. Zivy. 1994. Protein markers for anther culturability in barley. *Theoretical Applied Genetics* 88 : 701-706.
- Fedak G. 1974. Allozymes as aids to Canadian barley cultivar identification. *Euphytica* 23 : 166-173.
- Gouis L. J., M. Erdogan, W. Fredt and F. Ordon. 1995. Potential and limitation of isozymes for chromosomal location of resistance genes against barley mild mosaic virus(BaMMV). *Euphytica* 82 : 25-30.
- Kahler A. L. and R. W. Allard. 1970. Genetics of isozyme variants in barley. I. Esterases. *Crop Sci.* 10 : 444-448.
- Kahler A. L. 1981. Worldwide patterns of genetic variation among four esterase loci in barley(*Hordeum vulgare* L.). *Theoretical Applied Genetics* 59 : 101-111.
- Konishi T. 1989. 同位酵素からみた大麥の遺傳的分化に関する研究. 岡山大學資源生物科學研究所 研究成果報告書.
- Konishi T., K. Abe, S. Matsuura and Y. Yano. 1990. Distorted segregation of the esterase isozyme genotypes in barley(*Hordeum vulgare* L.). *Japan J. Genet.* 65 : 411-416.
- Konishi T., N. Kawada, H. Yoshida and K. Sohtone. 1989. Linkage relationship between two loci for the barley yellow mosaic resistance of Mokusekko 3 and esterase isozymes. *Japan. J. Breed.* 39 : 423-430.
- Nielsen G. and H. B. Johansen. 1986. Proposal for the identification of barley varieties based on the genotypes for 2 hordein and 39 isozyme loci of 47 reference varieties. *Euphytica* 35 : 717-728.
- Ohmori T., Murata M. and F. Motoyoshi. 1995. RAPD markers linked to the tomato mosaic virus resistance gene, Tm-1, in tomato. *Japan. J. Genet.* 70 : 179-184.
- Son E. R., Lee Y. S., Yoon K. E. and Y. W. Ha. 1985. Appropriate electrophoresis techniques and isozymes to identification of barley cultivars. *Korean J. Crop Sci.* 30(4) : 405-411.