

과제구분	기본연구	Code : LS0201	수행구분	전반기	연구기간	2002(1년차완결)
연구과제명	식물 유전자원 보존 연구				연구책임자	노준현
세부과제명	쌀보리 및 올보리와 강원재래 겉보리간의 농업적 특성 비교					
연구원별 임무						
구분	소 속	성 명	담 당 임 무			
세부과제책임자	작물경영연구과	이안수	연구과제 총괄			
공동연구자	"	노준현	시험설계 및 생육조사			
	작물시험장 전작과	윤종탁	생육조사 협조			
색인용어	겉보리, 쌀보리, 지방종, 재래보리, 특성, 주성분 분석					

ABSTRACT

Examining the agricultural characteristics of Gangwon natural species of unhulled barley, rye and olbori, and practicing principal component analysis using SAS program, the result is as followed. The result of principal component analysis about the agricultural characteristics of tested species showed that rye and unhulled barley spotted in the left on the principal component 1 axis, and olbori mostly in the right. In this study, we found the possibility to divide the barley. And if further studies were carried out, it might be used to the division of genetic resources in storage.

1. 연구배경

유전자원의 다양성 및 분류를 평가하는 것은 식물유전 및 육종에 있어서 기본이고 중요하다 (Barrett et al., 1998, Manjarrez-Sandoval et al., 1997). 수집된 유전자원의 특성조사 및 평가를 위한 효과적인 여러 가지 방법들이 개발되어 왔는데 특히 80년대 이후에는 DNA 마커 기술의 발달로 유전자원의 유전적 다양성평가와 분류에 DNA 마커를 이용하는 것이 효율적이라는 보고가 많이 있다 (Smith et al., 1990; Akkaya et al., 1992). 이러한 DNA 마커들로는 RFLPs (restriction fragment length polymorphisms), AFLPs (amplified fragment length polymorphisms), RAPDs (randomly amplified polymorphic DNAs) and SSRs (simple sequence repeats) 등이 있는데 이들의 비교 실험에서 모두 비슷한 결과를 얻을 수 있으므로 분자마커를 통한 유전자원의 다양성 평가에 신뢰가 보고되었다 (Powell et al., 1996; Bohn et al., 1999). 유전자원의 다양성은 주요인 분석 (PCA, principal component analysis) 및 그룹별 산술평균 (UPGMA, unweighed pair-group method of arithmetic averaging) 방식에 의해 평가되어 수집유전자원의 분류 및 계보에 대한 유전적인 자료로서 이용된다 (Chen et al., 1994; Keim et al., 1992; Sharma et al., 1995; Mercado et al., 1996; Doldl et al., 1997; Burkhamer et al., 1998; Choi et al., 1999; Barrett and Kidwell, 1998). 분석된 자료는 육종 목표에 따라 품종군을 분류하고 이에따른 교배 계획을 수립하는 등의 육종계획을 수립하는데 바탕이 된다 (Thompson et al., 1998).

보리 유전자원에 대한 분자마커를 이용한 분석은 최근까지 각 나라의 많은 연구자들에 의해서

이루어졌으나 벼, 콩 등의 작물에 비하여 적은 상태이다 (Fernandez et al., 2002; Liu et al., 1999, 2001). Fernandez et al, (2002)는 보리의 유전적 다양성 평가를 하는데 있어서 PCR (polymorphic chain reaction)을 이용한 125개의 RAPD 마커와 228개의 ISSR (inter simple sequence repeated DNA) 마커를 이용하여 분석한 결과 RAPD primer 10개와 ISSR primer 4가지 조합을 이용하여 모든 품종의 구분이 가능하다고 하였다. 유전자원의 농업적 특성 조사를 비롯한 다각적 평가를 통한 구분 및 분류는 수집 및 관리하는데 중요하다. 그러나 DNA 마커를 이용한 자원분류 보고는 많이 있으나 포장에서의 농업적 특성을 이용한 분류 보고는 발견하지 못하였다. 따라서 본 연구에서는 포장에서 나타나는 보리 유전자원의 농업적 특성을 조사하고 이를 이용한 분류의 가능성을 알아보고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 공시자원

강원도 재래보리 유전자원 35점과 쌀보리 11점 및 올보리 2점 등 48점을 공시하였다(표 1).

나. 재배방법

48점의 보리를 2001년 10월 21일 파종하여 월동시킨 후 관행법에 준하여 재배하였다.

표 1. 공시자원

번호	품종명	품종분류	번호	품종명	품종분류
1	강원광할쌀보리	쌀보리	25	화천군재래	재래겉보리
2	홍천찐보리	재래겉보리	26	강릉영월육각1	재래겉보리
3	영월육각	재래겉보리	27	수원신1호	재래겉보리
4	삼척동보리	재래겉보리	28	홍천올보리	재래겉보리
5	철원과맥1	재래겉보리	29	양양피맥3	재래겉보리
6	정선늘보리	재래겉보리	30	울진군재래	재래겉보리
7	강릉피맥3	재래겉보리	31	통천군재래	재래겉보리
8	영월공시령보리	재래겉보리	32	강원흰쌀보리	쌀보리
9	강릉수원4호-2	재래겉보리	33	동호쌀보리	쌀보리
10	삼척재래	재래겉보리	34	춘천상보리	재래겉보리
11	양양피맥6	재래겉보리	35	홍천피맥4	재래겉보리
12	춘천영월육각2	재래겉보리	36	정선남선8호	재래겉보리
13	삼척모맥	재래겉보리	37	수원4호	재래겉보리
14	재강쌀보리	쌀보리	38	홍천군재래	재래겉보리
15	대호쌀보리	쌀보리	39	홍천피맥1	재래겉보리
16	진미쌀보리	쌀보리	40	고양재래	재래겉보리
17	새찰쌀보리	쌀보리	41	삼척동보리	재래겉보리
18	새찰쌀보리	쌀보리	42	평창군재래	재래겉보리
19	새쌀보리	쌀보리	43	홍천얇은뱅이1	재래겉보리
20	철원피맥2	재래겉보리	44	춘천영월육각1	재래겉보리
21	홍천피맥2	재래겉보리	45	새찰쌀보리	쌀보리
22	강릉패맥4	재래겉보리	46	강호쌀보리	쌀보리
23	양양피맥4	재래겉보리	47	올보리	겉보리
24	홍천얇은뱅이2	재래겉보리	48	올보리	겉보리

다. 농업적 특성 조사

모든 보리에 대하여 출수일수 (the days of earing), 생육일수 (the days of maturing), 출수일부터 등숙일 까지의 기간 (the days from earing to maturing), 간장 (plant height) 수장 (the length of ear), 까락의 길이 (the length of awun), 마지막 마디의 길이 (the length of the last nod), 각 이삭당 낱알 수 (the number of grains per ear)의 총 8 항목을 조사하였다.

라. 자료 분석

조사한 보리 48점의 8가지의 농업적 특성을 Microsoft Excel 및 SAS를 이용하여 각 형질에 대한 주성분 분석(principal component analysis)을 수행하였다.

3. 결과 및 고찰

가. 공시자원의 농업적 특성

공시된 48점의 보리에 대한 8가지의 농업적 형질 조사는 표2와 같이 양적 형질의 변이를 보였으며, 조사된형질의 변이계수 (CV, coefficient of variation)는 등숙일수 (229-234일)가 가장 낮은 0.7로 나타났으며, 까락의 길이(0.5-11.3cm)는 50.9로 가장 높게 나타난 것을 비롯하여 다양하게 조사되었다. 출수일수는 평균 194일(181-204)이며 비교적 적은 변이(CV=3.1)가 나타났으며, 출수일부터 생육일수(평균=37.7일, CV=15.9), 간장(평균=80.4cm, CV=22.1), 수장(평균=5.09cm, CV=20.1)와 마지막 마디의 길이(평균 35.8cm, CV=17.9)의 4가지는 변이가 비슷하게 조사되었다.

표 2. 공시자원의 농업적 특성

구 분	평균	최소	최대	표준편차	변이계수
출수일수(A)	194	181	204	6.08	3.1
성숙일수(B)	232	229	234	1.59	0.7
B-A	38	28	49	6.01	15.9
간장(cm)	80	37	107	17.8	22.1
수장(cm)	5.1	3	7.7	1.05	20.6
망장(cm)	5.8	0.5	11.3	2.94	50.9
끝절간장(cm)	35.8	21	46.7	6.41	17.9
수수(개)	10	7.7	12	1.03	10.3

나. 농업적 특성을 이용한 주성분 분석

각각의 농업적 형질의 상관분석에서 간장은 생육일수($r=0.569$)와 마지막 마디의 길이($r=0.639$)사이에는 높은 정의 상관이 나타났지만 출수일부터 생육일까지의 기간($r=-0.723$)사이에는 높은 부의 상관이 조사되었다. 출수일부터 생육일까지의 기간은 등숙일수가 길수록 짧은 것으로 조사되었다 ($r=-0.966$). 즉, 보리는 출수 이후에 등숙이 빠른 것으로 판단된다.

이삭의 길이는 이삭 까락의 길이 ($r=0.433$)와 상관이 있는 것으로 조사되었다(표 3).

표 3 농업적 특성간 상관 분석

구 분	출수일수 (A)	성숙일수 (B)	B-A	간 장	수 장	망 장	끝절간장
출수일수(A)	-						
성숙일수(B)	0.175	-					
B-A	-0.966**	0.088	-				
간 장	0.569**	-0.003	-0.576**	-			
수 장	0.082	0.037	-0.723**	0.128	-		
망 장	-0.139	0.319	0.226	-0.106	0.433*	-	
끝절간장	0.624**	-0.032	-0.639**	-0.639**	-0.118	-0.253	-
수 수	0.158	0.092	-0.135	0.074	0.235	-0.232	0.233

이러한 농업적 형태적인 조사는 보리의 유전자원의 주성분 분석을 위한 분류에서 주성분 1, 2 두가지만으로 전체의 62.1%의 변이를 판별할 수 있는 것으로 조사 되었다(표 4).

표 4 주성분 분석치

구 분	주성분1	주성분2	주성분3
고유치	3.40	1.57	1.13
기여률(%)	42.6	19.6	14.1
누적기여율(%)	42.6	62.1	76.2

주성분 1은 고유치 3.4로 전체 변이의 42.6% 판별이 가능한 것으로 나타났다. 이러한 주 성분 1과 상관 이 가장 높은 형질로는 출수일부터 등숙일까지의 기간($r=-0.5003$)인 것으로 조사되었다. 반면 출수일수, 간장 및 마지막 마디의 길이는 주성분 1과 0.4이상의 정의상관 이 나타남으로 유전자원의 특성을 판별하는데 기여도가 높은 것으로 판단된다(표 5).

표 5. 주성분과 농업적 특성과의 상관관계

구 분	주성분1	주성분2
출수일수(A)	0.4842**	0.2201*
성숙일수(B)	-0.0393	0.4540**
B-A	-0.5003**	-0.1025
간 장	0.4984**	-0.0111
수 장	-0.0056	0.6007**
망 장	-0.2082	0.5867**
끝절간장	0.4563**	-0.0611
수 수	0.1172	0.1616

또한 주성분 1과 주성분 2를 이용하여 공시자원을 분석한 결과, 주성분 1에 대하여 모든 쌀보리와 올보리는 음의 방향으로 분류되었고, 강원재래 걸보리는 대부분 양의 방향으로 구분되었다(그림 1). 따라서 주성분1에 가장 기여도가 높은 특성 즉 출수일수, 끝절간장 및 출수일부터 등숙일까지의 기간의 조사로 재래걸보리와 쌀보리 및 올보리를 구분 할 수 있는 가능성이 보였다.

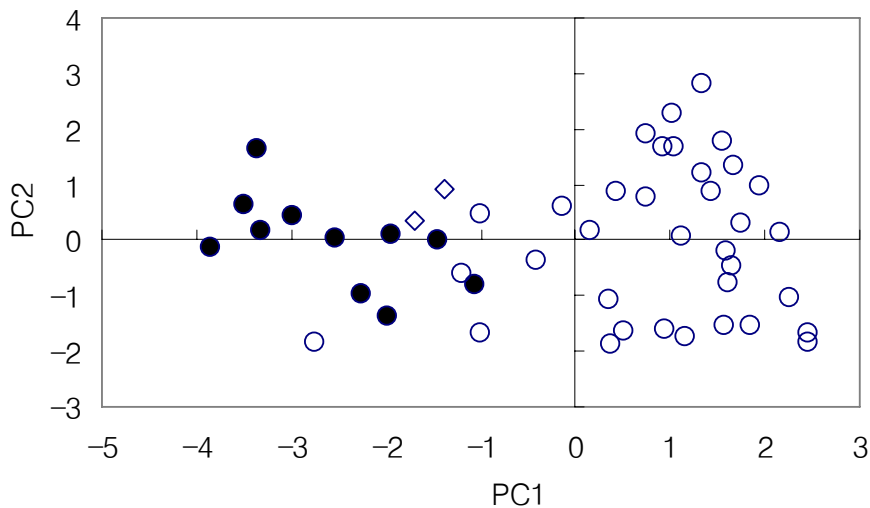


그림 1. 주성분 1 및 2를 이용한 공시계통의 scatter diagram
(○ : 걸보리, ● : 쌀보리, ◇ : 올보리)

4. 적 요

강원재래 걸보리, 쌀보리 및 올보리의 농업적 특성을 조사하고 SAS 통계 program을 이용하여 주성분 분석한 결과를 요약하면 다음과 같았다.

공시자원의 농업적 특성을 토대로 주성분 분석한 결과 쌀보리 및 올보리는 주성분 1에 대하여 모든 품종이 음(-)의 방향으로 분류되어 출수일수가 빠르고 간장과 끝절간장이 짧은 품종들이었으며 강원재래 걸보리는 대부분 양의 방향으로 분류됨으로써 반대의 특성을 보였다. 이로써 유전자원의 농업적 특성에 의한 품종 및 계통 분류의 가능성이 확인된 것으로 실제 적용을 위해서는 보다 세밀한 연구가 필요한 것으로 판단되었다.

5. 인용문헌

- Akkaya, M.S., A.A. Bhagwat and P.B. Cregan, 1992. Length polymorphism of simple sequence repeat DNA in soybean. *Genetics* 132:1131-1139.
- Barrett, B.A. and K.K. Kidwell, 1998. AFLP-Based Genetic diversity assessment among Wheat cultivars from the Pacific Northwest. *Crop Sci.* 38:1261-1271.
- Barrett, B.A., K.K. Kidwell and P.N. Fox, 1998. Comparison of AFLP and pedigree-based genetic diversity assessment methods using wheat cultivars from the Pacific Northwest. *Crop Sci.* 38:1271-1278.
- Bohn, M., H.F.Utz, and A.E. Melchinger, 1999. Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis of RFLPs, AFLPs, and SSRs, and their use for prediction of progeny variance. *Crop Sci.* 39:228-237.
- Burkhamer, R.L., S.P. Lanning R.J. Martens, J.M. Martin and L.E. Talbert, 1998. Predicting progeny variance from parental divergence in hard red spring wheat. *Crop Sci.* 38:243-248.
- Chen, H.B., J.M. Martin, M. Lavin, and L.E. Talbert, 1994. Genetic diversity in hard red spring wheat based on sequence-tagged site PCR markers. *Crop Sci.* 34:1628-1632.
- Choi, I.Y., J.H. Kang, H.S. Song and N.S. Kim, 1999. Genetic diversity measured by simple sequence repeat variations among the wild soybean, *Glycine soja*, collected along the riverside of five major rivers in Korea. *Genes Genet. Syst.* 74:169-177.
- Dold, M.L., J. Vollamm and T. Lelley, 1997. Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis. *Plant Breeding* 116:331-335.
- Fernandez M.E., A.M. Figueiras, and C. Benito, 2002. The use of ISSR and RAPD markers for detection DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin. *Theor Appl Genet*

9104:845–851.

- Keim, P., W. Beavis, J. Schupp and R. Freestone, 1992.** Evaluation of soybean RFLP marker diversity in adapted germ plasm. *Theor Appl Genet* 85:205–212.
- Liu, F., R.V. Bothmer, and B. salomon. 1999.** Genetic diversity among East Asian accessions of the barley core collection as revealed by six isozyme loci. *Theor Appl Genet* 98:1226–1233.
- Liu, F., G.L. Sun, B. Salomon, and R.V. Bothmer. 2001.** Distribution of allozymic alleles and genetic diversity in the american barley core collection. *Theor Appl Genet* 102:606–615.
- Manjarrez–Sandoval, P., T.E. Carter, Jr., D.M. Veib and J.V. Burton, 1997.** RFLP genetic similarity estimates and coefficient of parentage as genetic variance predictors for soybean yield. *Crop Sci.* 37:698–703.
- Maughan, P.J., M.A. Saghai Maroof, G.R. Buss and G.M. Huestis, 1996.** Amplified fragment length polymorphism(AFLP) in soybean: species diversity, inheritance and near-isogenic line analysis. *Theor Appl Genet* 93:392–401.
- Mercado, L.A., E. Souza and K.D. Kekphart, 1996.** Origin and diversity of North American hard spring wheats. *Theor Appl Genet* 93:593–599.
- Nei, M. and W.H. Li, 1979.** Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease. *Proc. Natl. Acad. sci. USA.* 89:147–181.
- Powell, W., M. Morgante, C. Andre, M. Hanafey, J. Vogel, S. Tingey and A. Rafalski, 1996.** The comparison of RFLP, RAPD, AFLP, and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Mol. Breed.* 2:225–238.
- Rohlf, S.B., 1992,** NTSYS–pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, version1.70, *Applied Biostatistics Inc.*, New York.
- Rongwen, J., M.S. Akkaya, A.A. Bhagwat, U. Lavi and P.B. Cregan, 1995.** The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theor Appl Genet* 90:43–48.
- Sharma, S.K., I.K. Dawson and R. Waugh, 1995.** Relationship among cultivated and wild lentils revealed by RAPD analysis. *Theor Appl Genet* 91:647–654.
- Smith, O.S., J.S.C. Smith, S.L. Bowen, R.A. Tenborg and S.J. Wall, 1990.** Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F1 grain yield, heterosis, and RFLPs. *Theor Appl Genet* 80:833–840.
- Thompson, J.A., R.L Nelson, and L.O. Vodkin, 1998.** Identification of diverse germplasm using RAPD markers. *Crop Sci.* 38:1348–1355.