

韓國林學會誌 78(2) : 242-247. 1989.  
Jour. Korean For. Soc. 78(2) : 242-247. 1989.

## 慶北地方 소나무 및 곰솔에 대한 同位酵素 IDH, ME 및 PGI의 遺傳<sup>1\*</sup>

孫斗植<sup>2</sup> · 洪盛千<sup>2</sup> · 呂珍基<sup>2</sup> · 柳長發<sup>3</sup>

## Inheritance of Isozymes IDH, ME and PGI in *Pinus densiflora* and *Pinus thunbergii* in Kyungpook Province<sup>1\*</sup>

Doo-Sik Son<sup>2</sup>, Sung-Chun Hong<sup>2</sup>, Jin-Kie Yeo<sup>2</sup>, and Jang-Bal Ryu<sup>3</sup>

### 要 約

慶北地方에 自生하는 소나무 및 곰솔을 中心으로 同位酵素에 의한 遺傳的 變異를 調査하기 위하여 種子의 megagametophyte 組織으로 IDH, ME 및 PGI의 遺傳樣相을 調査하였다.

IDH는 하나의 遺傳子座에 소나무는 2個의 對立遺傳子가 出現하였고 곰솔은 하나의 對立遺傳子인 A<sub>1</sub>만 나타나서 變異가 없었다.

ME는 하나의 遺傳子座에 소나무와 곰솔 모두 4個의 對立遺傳子가 出現하였다.

PGI는 2個의 遺傳子座中 A-locus는 하나의 對立遺傳子만이 나타나서 變異가 없었고 B-locus는 소나무에서는 5個의 對立遺傳子가 나타나서 곰솔에서는 B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub> 2個의 對立遺傳子만이 出現하고 있었다. 특히 PGI에서는 band가 multiple band로 나타나며 하나의 對立遺傳子는 4-5個의 band로 구성되어 있었다.

以上의 IDH, ME 및 PGI의 對立遺傳子 分離比를  $\chi^2$ -檢定한 結果 信賴度가 0.5-0.95로서 거의 1:1로 分離되고 있었다.

### ABSTRACT

This study was conducted to estimate the inheritance of allozyme variants in IDH, ME and PGI, using megagametophyte tissue of seeds of *Pinus densiflora* and *Pinus thunbergii* in Kyungpook province.

Two alleles at a single locus were detected for IDH in *Pinus densiflora*, but *Pinus thunbergii* showed no variation, showing only one band.

Four alleles at one locus were determined for ME in *Pinus densiflora* and *Pinus thunbergii*.

Two loci were found for PGI and no variation seemed to occurred in A-locus as the presence of one single band. Five alleles were presented in B-locus in *Pinus densiflora*, but two alleles B<sub>1</sub> and B<sub>2</sub> in *Pinus thunbergii*. In PGI, an allozyme composed of multiple bands is observed from haploid megagametophyte tissues.

The isozyme variants of IDH, ME and PGI were appeared to segregate into 1:1 ratio for all zones.

Key words : allozyme ; allele ; locus ; variation ; segregation ratio .

<sup>1</sup> 接受 1989年 3月 23日 Received on March 23, 1989.

<sup>2</sup> 慶北大學校 林學科 Dept. of Forest Kyungpook Natl. Univ. Daegu, Korea.

<sup>3</sup> 大邱大學校 林學科 Dept. of Forest Daegu Univ. Daegu, Korea.

\* 이 研究는 韓國科學財團 研究費로 이루어진 것임.

## 緒 言

慶北 北部와 南部地方의 소나무는 外部形態의 으로 差異가 있어 北部地方소나무를 春陽木, 南部地方소나무를 安康型으로 區分하고 있다. 北部地方 소나무는 樹幹이 끝고 樹冠이 비교적 좁으며 枝下 高가 높고 材質이 치밀한 반면 南部地方소나무는 樹幹이 굽고 樹冠이 넓게 퍼지는 것으로 알려져 있다.<sup>14)</sup> 그러므로 慶北地方의 소나무와 곰솔에 대한 遺傳的 變異를 同位酵素에 의하여 調査할 必要가 있다. Kim과 Hong<sup>5,6)</sup>은 우리나라 소나무에 대한 GOT, LAP, ACP, ADH, EST의 遺傳分析을 한 바 있고 곰솔에 대해서는 Park과 Chung<sup>9)</sup>이 GOT 및 LAP의 遺傳樣相을 調査報告한 바 있다. 그러나, 소나무와 곰솔에 대한 IDH, ME, PGI의 遺傳樣相은 調査된 바 없음으로 本 調査에서는 慶北地方에 自生하는 소나무와 곰솔을 中心으로 IDH, ME 및 PGI의 遺傳樣相을 調査코자 한다. 同位酵素 IDH, ME 및 PGI에 대한 遺傳分析은 Shiraishi<sup>11)</sup>가 日本곰솔에 대하여 ME와 PGI의 遺傳變異를 調査하였고 Adams와 Joly<sup>12)</sup>는 *Pinus taeda*에 대하여 IDH와 PGI의 遺傳分析을 하였다. O'Mally 等<sup>8)</sup>은 *Pinus ponderosa*의 PGI에 대한 遺傳樣相을, Yeh와 Layton<sup>15)</sup>은 *Pinus contorta*에 대하여 IDH, ME 및 PGI의 遺傳變異를, Moran과 Bell<sup>7)</sup>은 *Pinus radiata*에 대하여 PGI의 遺傳變異를 調査하였고 *Pinus strobus*에 대해서는 Ryu<sup>10)</sup>가 IDH 및 PGI의 遺傳變異를 報告하였다. El-Kassaby 等<sup>4)</sup>은 Douglas-fir에 대하여 IDH, ME 및 PGI의 遺傳分析을, Simonsen과 Wellendorf<sup>12)</sup>는 *Picea sitchensis*의 PGI에 대한

遺傳을, Cheliak과 Pitel<sup>2)</sup>은 *Lalix laricina*에 대하여 PGI의 遺傳變異를 調査하였다.

소나무와 곰솔에 대한 IDH, ME 및 PGI의 遺傳樣相을 調査하여 慶北地方의 소나무 및 곰솔集團間의 遺傳變異 調査에 利用코자 한다.

## 材料 및 方法

소나무와 곰솔에 대하여 同位酵素에 의한 遺傳變異를 調査하기 위하여 한 個體當 60粒의 種子를 채취하여 種子의 megagametophyte tissue로 starch gel에 의한 電氣泳動法으로 分離된 band로 遺傳樣相을 調査하였다.

調査한 同位酵素는

IDH(Isocitric dehydrogenase)

ME(Malic enzyme)

PGI(Phosphoglucone isomerase)

이며 電氣泳動에 사용한 gel buffer와 electrode buffer는 다음 表1과 같이 하였고 電壓을 100V에서 서서히 150V까지 올렸고 分離된 物質은 一般發色法에 의하여 發色시켜 分離比를 調査하여  $\chi^2$ -檢定하였다.

## 結果 및 考察

IDH는 하나의 遺傳子座에 소나무는 A<sub>1</sub>, A<sub>2</sub> 2個의 對立遺傳子가 있으나 곰솔에서는 A<sub>1</sub> 하나만 나타나고 있다(Fig. 1). 對立遺傳子의 分離比를  $\chi^2$ -檢定한 結果 有意差가 없었으며 信賴度가 0.5-0.95이므로 1:1로 分離하여 Mendel 法則이 따른다고 할 수 있다(Table 2).

Yeh와 Layton<sup>15)</sup>은 *Pinus contorta*에서 IDH는

Table 1. Buffer systems used for electrophoresis.

Buffer Isozyme	Electrode buffer		Gel buffer	
ME	Boric acid	0.268 M	Tris	0.100 M
	NaOH	0.050 M	Citric acid	0.012 M
	pH	8.0	pH	8.45
PGI	Tris	0.134 M	Same as electrode buffer	
	Citric acid	0.052 M		
IDH	pH	6.2		
	Mixed 250 ml of the buffer with 750 ml of distilled water		Mixed 9 ml of the buffer with 400 ml distilled water	

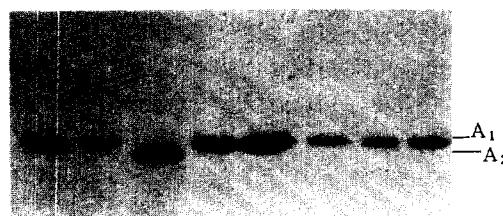


Fig. 1. Electrophoretic phenotype of isocitric dehydrogenase in *Pinus densiflora* and *Pinus thunbergii*

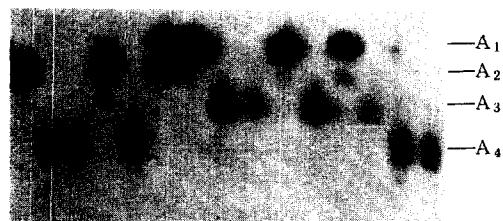


Fig. 2. Electrophoretic phenotype of malic enzyme in *Pinus densiflora* and *Pinus thunbergii*

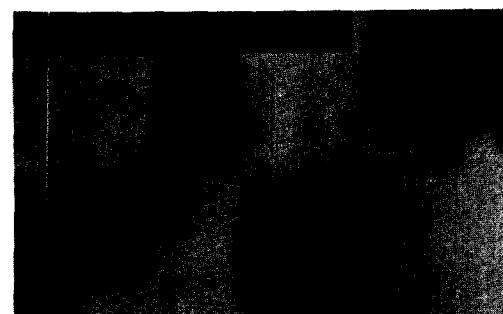


Fig. 3. Electrophoretic phenotype of phosphoglucomutase in *Pinus densiflora* and *Pinus thunbergii*

하나의 locus에서 2개의 allele이 있고 *Picea sitchensis*에서는<sup>16)</sup> 1개의 locus에서 3개의 allele이 나타나고 1:1로 分離한다고 하였다.

Adams와 Joly<sup>11)</sup>는 *Pinus taeda*에서 IDH는 하나의 band만 나타나서 變異가 없다고 報告하였다. Eckert 等<sup>3)</sup>도 *Pinus strobus*에서 IDH는 하나의 band만 나타나고 Ryu<sup>10)</sup>도 *Pinus strobus*에서 하나의 band만 나타나고 變異가 없다고 하였다.

ME는 Fig 2와 같이 하나의 遺傳子座에 4개의 對立遺傳子가 나타나고 對立遺傳子 A<sub>1</sub>, A<sub>2</sub>, A<sub>3</sub>, A<sub>4</sub>의 分離比를  $\chi^2$ -檢定한 結果 소나무에서는 盈德11 곰솔에서는 盈德23을 除外하고는 높은 信賴度를 가지므로 對立遺傳子는 1:1로 分離한다고 할 수 있다. Table 3과 같이 소나무에서는 4개의 對立遺傳子가 나타나며 곰솔에서는 A<sub>1</sub>, A<sub>2</sub> 2개의 對立遺傳子가 나타나고 있다. Shiraishi<sup>11)</sup>는 日本곰솔에서 ME는 3개의 遺傳子座中 ME-1은 5개, ME-2는 1개, ME-3은 2개의 allele가 나타난다고 하였으며 Yeh와 Layton<sup>15)</sup>은 *Pinus contorta*에서 2개의 遺傳子座中 ME-1은 變異가 없었고 ME-2는 5개의 對立遺傳子가 나타나고 *Picea sitchensis*에서도<sup>16)</sup> 하나의 遺傳子座에서 2개의 對立遺傳子가 나타났고 Douglas-fir에서도<sup>17)</sup> 2개의 遺傳子座에서 ME-1은 2개, ME-2에서는 3개의 對立遺傳子가 나타난다고 하였다. Ryu<sup>10)</sup>도 *Pinus strobus*에서 2개의 遺傳子座中 ME-1은 2개 ME-2는 3개의 對立遺傳子가 나타난다고 하였다.

PGI는 2개의 遺傳子座中 A-locus는 하나의 band로 變異가 없고 B-locus는 5개의 對立遺傳子가 나타나며 multiple form으로 나타나고 있다 (Fig.3). 이러한 現象은 Kim과 Hong<sup>6)</sup>이 *Pinus*

Table 2. Segregation patterns of isocitric dehydrogenase phenotypes from megagametophytes of individual trees.

Species	Individual No.	Number of seed investigated	Allele		$\chi^2$	P
			A <sub>1</sub>	A <sub>2</sub>		
<i>Pinus densiflora</i>	Baegam 24	58	30	28	0.07	0.90-0.75
	Baegam 29	67	36	31	0.35	0.75-0.50
	Munkyung 4	48	24	24	0	1.0 -0.99
	Bonghwa 27	83	41	42	0.01	0.95-0.90
	Gyungju 21	60	31	29	0.07	0.90-0.75
	Eusung 6	60	32	28	0.27	0.75-0.50
<i>Pinus thunbergii</i>	Uljin 21	60	60	0	0	1.0
	Youngduk 23	60	60	0	0	1.0
	Yountduk 30	60	60	0	0	1.0

**Table 3.** Segregation patterns of malic enzyme phenotypes from megagametophytes of individual trees.

Species	Individual No.	Number of seed investigated	Allele				$\chi^2$	P
			A <sub>1</sub>	A <sub>2</sub>	A <sub>3</sub>	A <sub>4</sub>		
<i>Pinus densiflora</i>	Uljin 7	60			26	34	1.07	0.50-0.25
	Youngduk 11	68			41	27	3.27	0.10-0.05
	Youngduk 21	59			29	30	0.07	0.90-0.75
	Youngduk 38	60			32	28	0.27	0.75-0.50
	Eusung 71	32	16			16	0	1.00-0.99
	Youngduk 71	60		27		33	0.60	0.50-0.25
	Youngduk 72	60		31		29	0.07	0.90-0.75
	Youngduk 73	60		31		29	0.07	0.90-0.75
	Uljun 77	60		28		32	0.27	0.75-0.50
<i>Pinus thunbergii</i>	Uljun 21	72	34	38			0.22	0.75-0.50
	Youngduk 23	60	36	24			2.40	0.25-0.10
	Youngduk 30	60	33	27			0.60	0.50-0.25
	Chungha 21	60	32	28			0.27	0.75-0.50

**Table 4.** Segregation patterns of phosphoglucose isomerase phenotypes from megagametophytes of individual trees

Species	Individual No.	Number of seeds investigated	Allele					$\chi^2$	P
			B <sub>1</sub>	B <sub>2</sub>	B <sub>3</sub>	B <sub>4</sub>	B <sub>5</sub>		
<i>Pinus densiflora</i>	Uljin 7	58			26		32	0.62	0.50-0.25
	Youngchon 5	60			28		32	0.27	0.75-0.50
	Youngchon 13	60				32	28	0.27	0.75-0.50
	Gyungju 37	64	28		36			1.07	0.50-0.25
	Youngduk 72	60		36			24	2.40	0.25-0.10
	Youngduk 73	60		26			34	1.07	0.50-0.25
	Uljin 77	60		28	32			0.27	0.75-0.50
	Uljin 86	60		26	34			1.07	0.50-0.25
	Youngduk 21	60	38	22				4.27	0.05-0.02
<i>Pinus thunbergii</i>	Chungha 5	60	26	34				1.07	0.50-0.25
	Chungha 21	60	32	28				0.27	0.75-0.50
	Youngchon 11	60	33	27				0.60	0.50-0.25

*densiflora*의 catalase에서, Szmidt<sup>13)</sup>은 *Pinus sylvestris*의 catalase에서 multiple band로 出現하였다고 한 報告와 일치하였다.

소나무는 B-locus에서 B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub>, B<sub>3</sub>, B<sub>4</sub> 그리고 B<sub>5</sub> 모두 5個의 對立遺傳子가 나타나고 있으나 곰솔에서는 B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub> 2個의 對立遺傳子만이 나타나고 있다.

Table 4에서와 같이 對立遺傳子의 分離比에 대한  $\chi^2$ -檢定한 結果 소나무는 盈德72, 곰솔은 盈德21을 除外하고는 높은 信賴度를 가지므로 1:1로 分離하며 Mendel 法則을 따른다고 할 수 있다.

Shiraishi<sup>11)</sup>는 日本곰솔에서 PGI-1은 3個의 對

立遺傳子가 나타난다고 하였고, Adams와 Joly<sup>12)</sup>는 *Pinus taeda*에서 PGI는 2個의 遺傳子座에 PGI-1은 2個의 對立遺傳子, PGI-2에서는 4個의 對立遺傳子가 나타났다고 하였으며 Yeh와 Layton<sup>14)</sup>도 *Pinus contorta*의 PGI는 2個의 遺傳子中 PGI-1은 2個의 遺傳子, PGI-2는 3個의 對立遺傳子가 나타난다고 하였으며 Moran과 Bell<sup>15)</sup>은 *Pinus radiata*에서 2個의 遺傳子座中 PGI-1은 變異가 없었고 PGI-2는 2個의 對立遺傳子가 나타난다고 하였다. Ryu<sup>10)</sup>도 *Pinus strobus*에서 2個의 遺傳子座中 PGI-1은 3個, PGI-2는 3個의 對立遺傳子가 나타났다고 報告하였다.

## 結 論

소나무 및 곰솔에 대한 同位酶素 IDH, ME 및 PGI의 遺傳樣相을 調査하기 위하여 種子의 megagametophyte tissue로 band의 分離比를 調査하였다.

IDH는 하나의 遺傳子座에 소나무는 2個의 對立遺傳子가 나타났고 곰솔은 하나의 band만 나타나서 變異가 없었다.

ME는 하나의 遺傳子座에 소나무와 곰솔 모두 4個의 對立遺傳子가 나타났으며 PGI는 2個의 遺傳子座中 A-locus는 하나의 band만 나타나서 變異가 없었고 B-locus는 소나무에서는 5個의 對立遺傳子가 나타났으나 곰솔에서는 B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub> 2個의 對立遺傳子만이 나타났다.

以上 세가지 同位酶素의 分離比는 信賴度가 높고 거의 1:1로 分離되므로 Mendel法則을 따른다고 할 수 있으며, 각 동위효소의 뱀드등은 각각 같은 遺傳子座에 속하는 對立遺傳子라고 할 수 있다.

## 引 用 文 獻

- Adams, W.T. and R.J. Joly. 1980. Genetics of allozyme variants in loblolly pine. *Journal of Hered.* 71 : 33-40.
- Cheliak, W.M. and J.A. Pitel. 1985. Inheritance and linkage of allozymes in *Larix laricina*. *Silvae Genetica*. 34 : 142-148.
- Eckert, R.T., R.J. Joly and D.B. Neal. 1981. Genetics of isozyme variants and linkage relationships among allozyme loci in 35 eastern white Pine clones. *Can. J. For. Res.* 11 : 573-579.
- El-Kassaby, Y.A., F.C. Yeh and O. Sziklai. 1982. Inheritance of allozyme variants in Coastal Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*). *Can. J. Genet. Cytol.* 24 : 325-335.
- Kim, Z.S. and Y.P. Hong. 1982. Genetic analysis of some polymorphic isozymes in *Pinus densiflora* (I). Inheritance of glutamate-oxalate transaminase and leucine aminopeptidase and linkage relationship among allozyme loci. *J. Korean For. Soc.* 58 : 1-7.
- Kim, Z.S. and Y.P. Hong. 1985. Genetic analysis of some polymorphic isozymes in *Pinus densiflora* (II). Inheritance of acid phosphatase, alcohol dehydrogenase and catalase isozymes. *J. Korean For. Soc.* 68 : 32-36.
- Moran, G.F. and J.C. Bell. 1987. The origin and genetic diversity of *Pinus radiata* in Australia. *Theor. Appl. Genet.* 73 : 616-622.
- O'Malley, D.M., F.W. Allendorf and G.M. Blake. 1979. Inheritance of isozyme variation and heterozygosity in *Pinus ponderosa*. *Biochem. Genet.* 17 : 233-250.
- Park, Y.G. and K.H. Chung. 1986. Inheritance of leucine aminopeptidase, glutamate oxalate transaminase isozyme in *Pinus thunbergii*. *Korea. J. Genet.* 8(3) : 133-140.
- Ryu, J.B. 1982. Genetic structure of *Pinus strobus* L. based on foliar isozymes from 27 provenances. Ph. D. Thesis at New Hampshire University : 133p.
- Shiraishi, S. 1988. Inheritance of isozyme variations in Japanese black pine (*Pinus thunbergii* Parl.). *Silvae Genetica*. 37 : 93-100.
- Simonsen, V. and H. Wellendorf. 1975. Some polymorphic isozymes in the seed endosperm of Sitka spruce (*Picea sitchensis* (Bong) Carr.). *Forest Tree Improvement*. 9 : 5-20.
- Szmidt, A.E. 1979. Inheritance of catalase multiple forms in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.). *Arbor. Kornickie*. 24 : 105-110.
- Uyeki, H. 1928. On the physiognomy of *Pinus densiflora* growing in Korea and silvicultural treatment for its improvement. *Bull. of the Agr. and For. Coll. Suwon, Korea*. 3 : 263p.
- Yeh, F.C. and C. Layton. 1979. The organization of genetic variability in central and marginal populations of lodgepole pine, *Pinus contorta* Spp. *Can. J. Genet. Cytol.* 21 : 487-503.

16. Yeh, F.C. and Y.A. El-Kassaby. 1980. Enzyme variation in natural populations of Sitka spruce (*Picea sitchensis*). I. Genetic variations pattern among tree from 10 IUFRO provenances. Can. J. For. Res. 10 : 415-422.
17. Yeh, F.C. and D. O'Malley. 1980. Enzyme variations in natural populations of Douglas fir, *Pseudotsuga menziesii* (Mirb) Franco, from British Columbia. I. Genetic variation patterns in Coastal populations. Silvae Genetica. 29 : 83-92.