

# 국내 재배마늘의 Cytochrome P450 유전자의 염기다형성 분포

권순태<sup>1\*</sup>, 정진보<sup>2</sup>

<sup>1</sup>안동대학교 원예육종학과, 교수, <sup>2</sup>퍼듀대학교 원예학과, 교수

## Nucleotide Polymorphisms of Cytochrome P450 Genes in Domestic Garlic Cultivars

Soon-Tae Kwon<sup>1\*</sup> and Jinbo Chung<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Professor, Department of Horticulture and Breeding, Andong Nat'l University, Andong 36729, Korea

<sup>2</sup>Professor, Department of Horticulture, Purdue University, IN 47907-2010, USA

**Abstract** - This study was carried to survey distribution of the nucleotide polymorphisms in heme-binding (HB) domain, which is highly conserved region between 1,210 and 1,240 bp of cytochrome P450, in domestic garlic cultivars. 120 garlic cultivars collected from Korea were classified into seven HB domain variation based on the nucleotide sequence of the domain. Northern type garlic cultivars, collected from Kyungpook, Chungnam, Chungpook and Kangwon province, showed 51.3% of KP2 type nucleotide sequence, 5'-TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/ATA/TGT/CCT/GGA-3' with coding amino acid FGGRRICPG, 13.7% of KP1, 11.3% of CP, 8.8% of CM and 5% of KW2 types. Southern type cultivars, collected from Kyungnam province, showed 52.5% of KM type nucleotide sequence, 5'-TTT/GGC/GCA/GGA/CGG/AGA/ATT/TGT/CCT/GGA-3' with coding amino acid FGARRICPG, 22.5% of KP2, 5.0% of KW2 and 2.5% of CP type nucleotide sequence. These results showed that Korean garlics were cultivated in highly mixed condition even in the same region.

**Key words** - Cyt. P450, Ecotype, Garlic cultivar, Heme binding domain, Polymorphism

### 서 언

마늘(*Allium sativum* L.)은 영양변식을 하는 작물로 오랜 기간 재배지역의 환경에 적응하면서 다양한 유전변이가 창출되었고, 이들 변이체는 인류문명의 발달로 사람의 이동이 잦아지면서 세계 각 지역으로 빠르게 전파되어 동일한 지역의 재배농가에서도 다양한 형태의 변이종이 재배되어 왔을 것으로 추정하고 있다(Cheshmedhiev, 1973; Lee, 1974; Hwang, 1993). 우리나라에서의 마늘 재배기원이나 도입 시기에 대해서는 명확하지 않으나 단군신화에도 나올 뿐만 아니라 삼국사기에 재배 기록이 있는 것으로 보아 마늘의 이용과 재배역사가 매우 오래된 것으로 추정되고 있다(Hwang, 1993)

본 연구팀에서 우리나라 재배마늘과 해외에서 수집한 마늘을

대상으로 RAPD 마커분석(Bae *et al.*, 2010, Kwon and OH, 1999)과 Cytochrome (Cyt.) P450 유전자의 변이를 조사(Kwon and Kamiya, 2011)한 결과, 한지형 또는 난지형의 동일한 생태형임에도 불구하고 다양한 종류의 유전자적 변이가 존재하는 것을 알 수 있었다. 특히 마늘의 상처(wound)유도성 Cyt. P450 cDNA (1,419 bp) 조사에서 472~510 bp 사이에 존재하는 DNA 염기서열과 1,210~1,240 bp 영역에 존재하는 heme-binding domain의 염기서열에서 12종의 DNA 다형성을 가진 개체를 탐색하여 보고한바 있다(Kwon and Kamiya, 2011).

Cyt. P450은 세포소기관의 microsome 부위에 존재하는 단백질로 세포에서 일어나는 다양한 종류의 산화반응을 촉매하는 효소로서, 생체방어용 이차대사물질의 생합성, 독성물질의 해독작용 등에 관여하는 효소로 알려져 있다(Donaldson and Luster, 1991; Hoshino *et al.*, 1995; Ralston *et al.*, 2001). 특히 이에 속하는 유전자는 식물의 종이나 변종에 대한 염기서

\*교신저자: E-mail [skwon@andong.ac.kr](mailto:skwon@andong.ac.kr)

Tel. +82-54-820-5623

열의 특이성이 강하고, 다양한 환경 스트레스에 대해 선택적으로 발현되는 특성을 가진 것으로 알려져 있다(Kwon and Chappell, 1998, Kwon *et al.*, 1998). 동일한 유전자를 대상으로 식물 변종이나 재배종간의 염기다형성을 분석하여 특정 지역 내 혼재하는 다양한 변종들을 구분하는 마커로 사용되고 있다(Dravovich and Krylov, 2006; Morita *et al.*, 2007). 본 연구는 Kwon과 Kamiya (2011)가 밝힌 Cyt. P450 유전자의 특이적 마커들이 국내 재배마늘에 어떻게 분포하는 지를 알아보고, 이들의 다형성마커가 특정 재배지역 마늘을 구분하는 지표로 사용될 수 있는지 여부를 알아보기 위하여 실시하였다.

### 재료 및 방법

본 연구에 사용된 유전자 마커는 의성, 예천, 단양, 서산, 정선, 삼척, 남해, 창녕 등에서 수집한 마늘(*Allium sativum* L.)로부터 밝혀진 것으로(Kwon and Kamiya, 2011), Cyt. P450 유전자 중 heme-binding domain의 DNA 염기서열에서 나타난 다형성을 바탕으로 구분한 7종의 마커를 대상으로 실시하였다.

#### 재배종 수집 및 특성조사

전국 8개 지역(Fig. 1)에 있는 마늘재배 농가를 방문하여 지



Fig. 1. Location map of garlic collection regions. Northern ecotypes were collected from Euseong, Yechun, Danyang, Jeongsun, Samchuk and Seosan, and southern ecotypes from Namhae and Changnyung.

역 당 각각 다른 농가에서 재배되는 20개체를 임의로 수집하여 인편과 구를 보관한 후 다음해에 경상북도 안동시에 소재한 포장에서 재배하였다. 재배마늘은 우리나라 마늘 주산지를 중심으로 수집을 하였는데, 의성, 예천, 단양, 정선, 삼척, 서산에서 수집한 마늘은 한지형을, 창녕과 남해에서 수집한 마늘은 난지형으로 수집하였다. 생육특성은 마늘 수확 15일전에 초장, 엽수, 엽면적과 잎생체중을 조사하였고, 구와 인편의 특성은 수확한 식물체를 20일간 온실조건에 보관한 후 구중, 구고, 구폭, 인편수, 인편길이, 인편폭을 측정하였다.

#### Cyt. P450 유전자 탐색

본 연구의 조사대상인 Cyt. P450 유전자의 탐색은 Kwon과 Kamiya (2011)의 방법에 따라, 수집된 마늘 인편을 완전히 소독한 후 25±1℃ 생장상에 치상하여 2주일동안 자란 마늘의 싹에 수술용 칼로 5 mm 간격으로 상처처리를 하여 Cyt. P450 유전자의 발현을 유도였다. 처리 6시간 후에 싹을 채취하여 액체질소에 담구어 total RNA 추출한 후 poly (A)+RNA를 추출하였다(GIBCO, Life technology). RT-PCR을 위한 forward primer는 Cyt.P450 내부에 있는 heme-binding domain (HB-domain)의 5'말단 쪽에 위치한 아미노산서열(EFLPF)을 바탕으로 디자인하였으며, reverse primer는 oligo (dT)를 기초로 하여 디자인하였다(Fig. 2) RT-PCR로 상처 유도성 Cyt. P450의 발현이 확인된 개체를 대상으로 완전한 cDNA를 탐색하고 염기서열분석을 실시하였다.

#### 재배마늘의 염기서열 다형성 분석

전국 8개 지역에서 각각 20개 재배농가로부터 수집한 마늘 개체의 Cyt. P450 cDNA의 염기서열 중에 있는 heme-binding (HB) domain의 염기서열을 조사하여 국내산 마늘에서 탐색된 7개의 DNA 마크별로 분류하였다. 마늘은 경북(의성, 예천), 충북(단양), 충남(서산), 강원(정선, 삼척)에서 채취한 것을 한지형으로 분류하였고, 경남북부(창녕)와 경남남부(남해)에서 채취한 것을 난지형으로 분류하여 각 유전자마크별 염기서열 다형성의 분포정도를 조사하였다.

### 결과 및 고찰

#### 유전자 마크의 염기서열 비교

8개 지역에서 수집된 마늘의 싹초에 상처를 처리하여 유도된

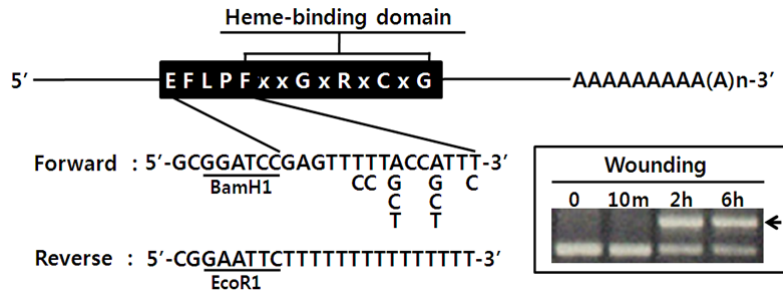


Fig. 2. Primer Design for identifying heme-binding domain of wound inducible cytochrome P450 cDNA in garlic shoot cell. A forward primer including *Bam*H1 site is based on amino acid sequence of EFLPF, and reverse primer is oligo (dT) including *Eco*R1 site, Box is RT-PCR product showing wound-inducible bands marked with arrow (Kwon and Juli Kamiya, 2011).

Table 1. Nucleotide and amino acid sequence of heme-binding domain in Cyt. P450 genes identified from garlic cultivars collected from various regions of Korea

Marker name	Sequence of DNA and amino acid in heme-binding domain		Collected regions	Ecotypes
	Amino acid	DNA (5' to 3')		
KP1	FGGRRICPG	TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/ATC/TGT/CCT/GGA	Euiseong	Northern
KP2	-----	-----/-----/-----/-----/-----/-----/-----A/-----/-----	Yechun	Northern
KW1	---M-----	-----/-----/ATG/-----/-----/-----/-----T/-----/-----/-----	Samchuck	Northern
KW2	-----	-----/-----/-----/-----/-----/-----/-----T/-----/-----/-----	Jeongsun	Northern
CM	-----	-----/-----/-----C/-----/-----/-----/-----T/-----/-----/-----	Seosan	Northern
CP	-----S-----	-----/-----/-----/-----/-----/-----/-----/TCA/-----/-----/-----	Danyang	Northern
KM	---A-----	-----/-----/-----CA/-----/-----/-----/-----T/-----/-----/-----	Namhae	Southern

Cyt. P450 유전자는 1,419 bp의 open reading frame을 갖고 있는데, 본 연구에서 탐색된 모든 Cyt. P450 cDNA에서 공통된 HB-domain (1,210~1,240 bp)인 'FxxGxxRxxCxG'를 코딩하는 염기서열을 포함하고 있었다(Table 1). 마커 중 KP1 (의성), KP2 (예천), KW2 (정선), CM (서산), CP (단양)는 HB-domain의 세 번째 아미노산이 glycine (G)인 반면 KW1 (삼척)은 methionine (M), KM (남해)은 alanine (A)인 것으로 나타났다. 한편 7번째 아미노산이 isoleucine (I)인 마커는 KP1, KP2, KW1, KW2, CM 및 KM 인 반면 단양에서 수집된 CP마커에서는 serine (S)인 것으로 확인되었다. 한편 동일한 아미노산을 코딩하면서도 DNA의 염기서열에 차이를 보이는 경우도 있는데, 세 번째 아미노산인 glycine 을 코딩하는 DNA 염기서열이 KP1, KP2, KW2 및 CP 마커는 GGT인 반면, CM마커에서는 GGC인 것으로 나타났다. 한 HB-domain의 7번째 아미노산인 isoleucine (I)을 코딩하는 DNA 염기서열이 KP1은 ATC인 반면, KP2는 ATA, KW1, KW2, CM 및 KM은 ATT로 재배종간에 다양한 차이를 보였다(Table 1).

Cyt. P450 유전자의 HB-domain은 10개의 아미노산을 코딩하는 30 bp의 짧은 DNA 염기서열을 갖고 있으나 우리나라에

재배하는 마늘의 지역집단 간에 다양한 차이를 보이는 것으로 나타났다(Kwon and Kamiya, 2011). Cyt. P450에 속하는 유전자는 식물종이나 변종 및 품종에 대한 염기서열의 특이성이 강하며, 식물체가 생물적 또는 비생물적 스트레스에 놓였을 때 강한 선택적 발현특성을 나타내는 것으로 알려져 있다(Kwon and Kamiya, 2011; Kwon and Chappell, 1998; Donaldson and Luster, 1991). 전보에 의하면 상처를 처리한 마늘 싹으로부터 유도되는 Cyt. P450 유전자에 존재하는 HB-domain의 염기서열은 지역의 재배집단간에 다양한 차이를 보이는 것을 찾을 수 있었으나, 한지형과 난지형, 국내산과 해외산 간의 차이를 구별할 수 있는 뚜렷한 차이를 볼 수 없었던 것으로 나타났다(Kwon and Kamiya, 2011).

### 수집마늘의 생육 특성

재배농가로부터 수집된 마늘을 안동지역에서 재배하여 식물체의 초장, 엽수, 엽면적 및 생체중을 조사한 결과는 Table 2와 같다. 난지형마늘은 현지에서 수집하여 한지형 재배환경에 적합한 안동지역에서 재배하여 한지형 수집종에 비해 생육이 저

Table 2. Vegetative growth characteristics of garlic cultivars collected from various regions of Korea<sup>z</sup>

Marker name	Collected regions	Ecotype	Plant height (cm)	No. of leaves (ea)	Leaf area (cm <sup>2</sup> )	Leaf F.W. (g)
KP1	Euiseong	Northern	75.4a	7.0~8.0	278.0b	21.8b
KP2	Yechun	Northern	73.5ab	7.0	292.3b	22.7b
KW1	Samchuk	Northern	77.8a	7.0~8.0	325.5a	26.8a
KW2	Jeongsun	Northern	78.7a	7.0	331.7a	27.5a
CM	Seosan	Northern	72.6b	7.0~8.0	301.7b	20.8b
CP	Danyang	Northern	73.7b	7.0~8.0	311.3ab	22.2b
KM	Namhae	Southern	70.7b	5.0~7.0	227.5c	16.7c

<sup>z</sup>All data measured at before harvesting of garlics which were cultivated in the same field in Andong, Kyungpook at 2015.

Table 3. Bulb and clove characteristics of garlic cultivars collected from various regions of Korea<sup>z</sup>

Marker name	mBulb			Clove			
	Weight(g)	Height (mm)	Width (cm)	Number	Weight(g)	Height (cm)	Width (cm)
KP1	24.0a	30.0a	36.5a	6.4b	3.8a	29.7a	16.5a
KP2	26.7a	32.7a	36.8a	7.1b	3.8a	30.5a	17.1a
KW1	21.8a	31.4a	36.8a	6.2b	3.5a	30.1a	15.9a
KW2	23.4a	32.7a	35.7a	6.4b	3.7a	28.8a	16.7a
CM	25.7a	29.5a	33.9a	7.4b	3.5a	27.8a	17.5a
CP	22.7a	30.2a	37.0a	6.5b	3.5a	28.9a	15.8a
KM	23.5a	31.7a	33.5a	9.4a	2.5b	27.5a	15.5a

<sup>z</sup>Garlic cultivars were cultivated in the same field in Andong, Kyungpook at 2015. All data were measured 20 days after air drying under the greenhouse condition.

조한 경향을 보였다. 같은 한지형이지만 강원도 지역(삼척, 정선)에서 수집한 종의 초장, 엽면적 및 생체중이 경북(의성, 예천), 충북(단양), 충남(서산) 지역에서 수집한 종보다 높은 경향을 보였다. 초장은 정선 수집종이 78.7 cm, 삼척 수집종이 77.8 cm로 가장 큰 반면 난지형인 남해 수집종은 70.7 cm, 서산 수집종은 72.6 cm로 낮았다. 엽수는 한지형 마늘은 7개에서 8개 범위였으나 난지형인 남해 수집종은 5개에서 7개 범위로 적었다. 이는 난지형마늘인 남해 수집종을 한지형의 재배환경을 가진 안동지역에서 재배하여 생육환경이 적합하지 못한 결과로 판단된다. 엽면적과 생체중도 강원도에서 수집한 정선과 삼척 수집종에서 높게 나타나고 남해와 서산 수집종에서는 낮았다. 본 연구에서는 전국의 재배지역에서 수집한 종을 특정한 지역에서 재배하여 생장을 관찰한 것으로, 각 종을 수집한 현지에서의 생육 특성과는 차이가 날수 있을 것으로 사료된다.

수집종을 수확한 후 20일간 온실에 보관 후 구중, 구고, 구폭, 인편수, 인편길이 및 인편폭을 조사하였다(Table 3).

구중은 21.8~26.7 g으로 한지형이나 난지형에 관계없이 유의성이 인정되지 않았고, 구고 및 구폭도 각각 30.0~32.7 g cm 및 33.5~37.0 cm 범위로 수집지역의 마늘 재배종 간에 유의한 차이는 인정되지 않았다. 인편수는 한지형마늘은 6.2~7.4개 범위에 있으나 수집지역의 마늘 종간에 유의한 차이를 보이지 않았으나, 난지형인 남해 수집종은 9.4개로 한지형에 비하여 많았다. 인편중도 한지형마늘은 3.5~3.8 g 범위로 수집지역간 유의한 차이를 보이지 않았으나 남해 수집종은 2.5 g으로 낮게 나타났다. 인편길이는 27.5~30.1 cm 범위에 있고, 인편폭은 15.5~17.5 cm 범위에 있으나 지역 수집종간에 유의한 차이가 없었다.

#### 재배마늘의 엽기다형성 분포 조사

마늘재배지역을 한지형은 경북, 강원, 충북, 충남지역으로 구분하고 난지형은 경남북부 와 남부(Kyungnam-N 또는 S)로 구분하여, 각 지역 20개의 재배농가로부터 마늘시료를 채취하

여 Cyt. P450 유전자 중에 존재하는 HB-domain의 DNA 염기 서열을 분석하였다(Fig. 3, Fig. 4). 분석결과 Cyt. P450 유전자가 발현되지 않거나 염기서열이 명확하지 않게 관찰된 마늘은 기타(others)로 분류하였다.

한지형 수집종에 대한 결과를 보면, 7개의 유전자 마커 중 KP2 (아미노산서열 FGGGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/ATA/TGT/CCT/GGA-3')를 가진 지방종이 가장 많았는데 경북 50%, 강원 60%, 충북 45%, 충남 50%로 평균 51.3%로 나타났다(Fig. 3). 염기서열 중 KP1형(아미노산서열 FGGGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/ATC/TGT/CCT/GGA-3')은 충남 및 충북지

역 수집 마늘은 각각 10%씩 분포하였고 강원은 15%, 경북은 20%가 분포하였다. KW1형(아미노산서열 FGMGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/ATG/GGA/CGG/AGA/ATT/TGT/CCT/GGA-3') 염기서열을 가진 것은 경북지역에서 수집한 마늘에서는 보이지 않았고 타 한지형 재배지역에서는 5~15% 정도가 분포하였다. KW2형(아미노산서열 FGGGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/ATT/TGT/CCT/GGA-3') 염기서열을 가진 것은 충북과 충남에서 수집한 재배마늘에서는 없었으나 강원지역 재배마늘에서 15%, 경북지역 재배마늘에서 5%가 분포하였다. CM형(아미노산서열 FGGGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GGC/GGA/CGG/AGA/ATT/TGT/CCT/GGA-

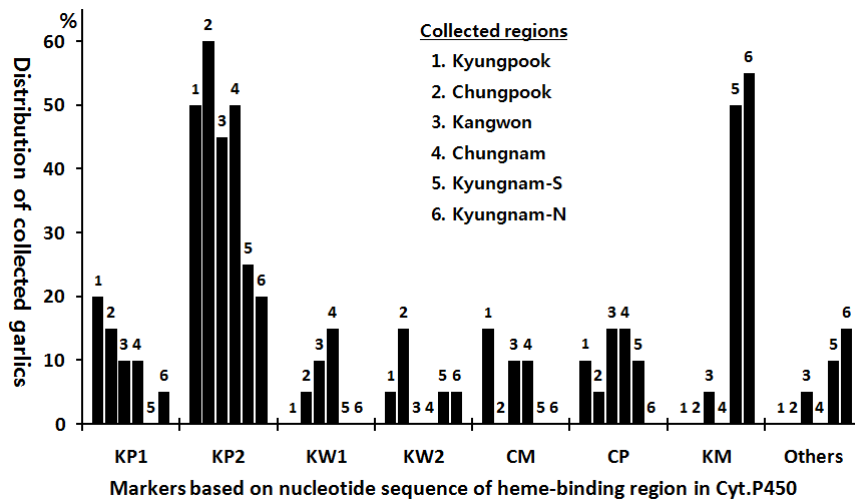


Fig. 3. Percent distribution of nucleotide sequence variation in heme-binding domain of Cyt. 450 in garlic cultivars collected from various regions of Korea.

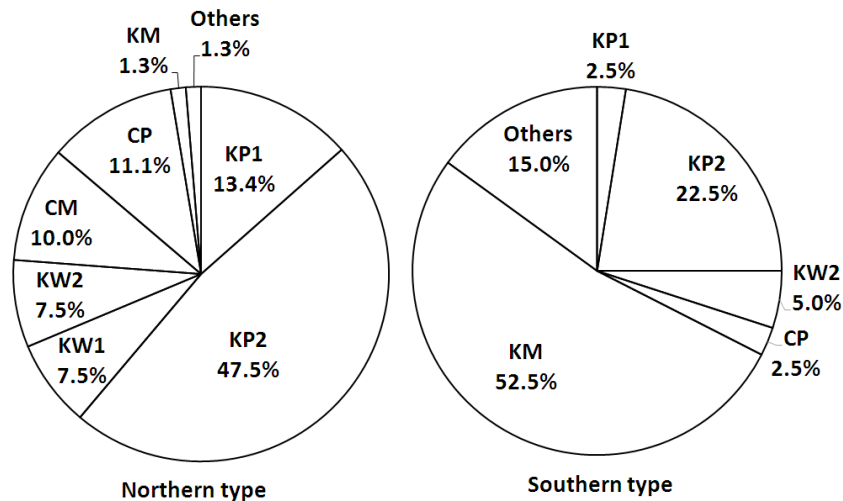


Fig. 4. Comparison of nucleotide sequence variations in heme-binding domain of Cyt. 450 between northern and southern ecotypes of garlic cultivars collected from Korea. Percent distribution data shown with marker names which refer to Table 1.

3')은 강원지역 수집마늘에서는 보이지 않았고, CP형(아미노산 서열 FGGRRRSCPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/TCA/TGT/CCT/GGA-3)은 경북, 강원, 충북, 충남지역 재배마늘에서 각각 10, 5, 15 및 15%씩 분포하였다. KM형(아미노산서열 FGAGRRICPG, DNA 염기서열 '5'-TTT/GGC/GCA/GGA/CGG/AGA/ATT/TGT/CCT/GGA-3')은 경북, 강원, 충남지역 재배마늘에서는 보이지 않았으나, 충북지역 재배마늘 중 5%가 분포하는 것으로 나타났다(Fig. 3).

난지형 마늘은 한지형 마늘과는 달리 7개 유전자 마커 중 KM형 염기서열을 가진 것이 가장 많은 것으로 나타났다. 경남 북부지역에서 수집한 재배마늘은 KM형이 50%, KP2형이 25%, CP형이 10%, KW2형이 5%가 분포한 것으로 나타났으나 KWI형 과 CM형 염기서열을 가진 재배종은 없는 것으로 나타났다. 한편 경남 남부 지역에서 수집한 재배마늘은 KM형이 55%, KP1형이 5%, KP2형이 20%, KW2형이 5%가 분포한 것으로 나타났으나 KWI형 과 CP형 염기서열을 가진 재배종은 없는 것으로 나타났다(Fig. 3)

Cyt. P450 유전자의 HB-domain 염기서열차이 분포를 한지형마늘과 난지형마늘로 비교한 결과는 Fig. 4와 같다. 한지형마늘은 KP2형 염기서열을 가진 재배종이 51.3%로 가장 많았고, KP1형이 13.7%, CP형이 11.3%, CM형이 8.8%, KW2형이 5% 및 기타 1.3%인 것으로 나타났다. 한편 난지형 마늘은 KM형 염기서열을 가진 재배종이 52.5%로 가장 많았고, KP2형이 22.5%, KW2형이 5%, KP1 및 CP형이 각각 2.5%가 분포하는 것으로 나타났으나 CM형은 존재하지 않았다. 특히 한지형 마늘 중에는 상처 처리에 Cyt. P450 유전자가 발현되지 않거나 미확인 염기서열을 가진 재배종이 15%정도 나타났다(Fig. 4). 이상의 재배마늘의 염기다형성 분포 조사 결과 한지형마늘은 HB-domain의 염기서열이 KP2형이 가장 많았고 난지형은 KM형이 가장 많았지만, 그 외의 다른 유형의 염기서열을 가진 것도 상당수 분포하는 것으로 나타났다. 본 연구에서는 6개 지역에서 지역당 20개 재배마늘을 수집하여 총 120개체의 재배마늘을 조사한 결과로서 광범위한 지역의 재배마늘을 조사할 경우를 가정하면, Cyt. P450 DNA 다형성의 유형이 난지형이나 한지형을 구분하거나 지역마늘을 구분하는 결정적인 단서를 제공하지는 못할 것으로 판단된다.

동일한 종에서 어떤 유전자에 포함되어있는 DNA 염기서열 중 특정영역에서 코딩하는 아미노산이 차이가 날수도 있고 동일한 아미노산을 코딩하면서도 각각 다른 DNA 염기서열을 나타내는 경우가 있는데, 이 현상은 단염기다형성(single nucleotide polymorphism, SNP)으로 간주되어 재배종이나 변종을 구분하는데 많이 사용되어 왔다

(Drabovich and Kryov, 2016; Morita *et al.*, 2007; Boo and Park, 2016). 이 방법은 식물의 변이종을 분석하기 위해 식물 전체 게놈을 분석하지 않고 극히 일부의 짧은 DNA 염기서열만 분석하여 종의 구분이 가능하므로 많은 식물에서 이용되어 왔다. 특히 Cyt. P450 유전자내에 존재하는 HB-domain은 공통적으로 FxxGxRxCxG의 아미노산을 코딩하는 염기서열을 갖고 있는데 식물의 종이나 개체 간에 DNA서열의 다양성이 높아서 작물의 종이나 변종을 구분하는데 유용한 것으로 보고되고 있다(Cheshmedhiev, 1973; Donaldson and Luster, 1991)

Kwon과 Kamiya (2011)는 마늘유래 Cyt. P450 유전자의 변이를 분석하여 수집종간의 유연관계를 분석하였으나, 연구결과에 나타난 특정염기의 다형성으로 마늘의 지방종을 명확히 구분할 수 있는지에 대한 의문으로 본 연구를 수행하였다. 그러나 우리나라에서 재배되는 마늘 120개체를 재배농가에서 임의로 수집하여 HB-domain의 염기서열 다형성을 분포를 조사한 결과 우리나라에 재배되는 마늘은 특정 지역을 대표하는 유전적 특징을 가진 것이 아니라 상당수의 마늘이 전국적으로 혼재하여 재배되고 있음을 알 수 있었다.

마늘은 영양번식으로 재배하지만 우리나라에는 상당히 다양한 유전적 변이종이 존재하는 것으로 이미 알려져 있다(Hwang, 1993; Kollmann and Shmida, 1997; Bae *et al.*, 2010; Harn *et al.*, 1996). 특히 인류역사에서 긴 재배역사를 가진 작물중의 하나로 알려져있고, 유통과정에서 상당히 먼 거리까지 이동되며 전파의 속도가 매우 빨랐던 식물로 알려져 있다(Cheshmedhiev, 1973; Hwang, 1993). 따라서 같은 재배지역이라도 세계각지의 다른 지역에서 유래된 마늘이 혼재되어 재배되었을 가능성이 높은 작물인 것으로 추정하고 있다(Bae *et al.*, 2010). 특히 우리나라의 마늘 재배 농민들은 인근의 다른 지역에서 재배된 마늘의 종구를 구입하여 재배하는 경향이 있고, 주야나 조직배양으로 육성된 우량 씨마늘이 전국적으로 보급되고 있으므로, 우리나라에 재배되는 마늘은 지역적으로 격리된 것이 아니라 상호 이동이 빈번하여 상당수가 혼재되어 재배된 것으로 판단된다. 본 연구에서도 우리나라에서 재배되는 마늘을 수집하여 재배한 결과 생육특성이나 구 및 인편의 형태에서 특정지역 마늘을 구분할 뚜렷한 차이가 없었고, HB-domain의 염기서열 다형성의 차이와의 결정적인 상호관계를 찾기는 어려운 것으로 판단된다.

본 연구에서 사용된 마늘은 재배농가에서 임의의 지점을 택하여 수집한 것으로 그 지역을 대표하는 객관적인 종으로는 볼 수 없다. 동일한 지역에서도 많은 변이종이 혼재되어 재배되는

현실에서 특정 지역의 재배마늘을 단정 짓기는 어려울 것으로 판단된다. 더구나 농산물의 수입자유화로 우리나라 마늘과 외국마늘을 구분하는 것도 큰 난제가 있다. 따라서 지방종을 무시하고 유전자 마커를 중심으로 우리나라 재배마늘을 전체적으로 재분류하는 것이 필요할 것으로 사료된다.

## 적 요

국내 재배종 마늘을 대상으로 상처(wound) 처리에 특이적으로 발현되는 Cyt. P450 cDNA (ORF 1,419 bp) 중 1,210~1,240 bp 사이에 존재하는 heme-binding domain (HB-domain)의 염기서열 다형성을 바탕으로 국내산 재배마늘의 HB-domain의 다형성 분포를 조사하였다. 국내 재배마늘에서 7개의 각각 다른 염기서열을 가진 HB-domain 마커를 탐색하였고, 전국 6개 지역의 재배농가에서 임의로 수집한 120개 마늘의 마커 종류별 분포도를 조사하였다. 경북, 충남, 충북, 강원지역에서 재배되는 한지형 마늘은 아미노산서열 FGGGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GGT/GGA/CGG/AGA/ATA/TGT/CCT/GGA-3'인 KP2형의 HB-domain을 가진 재배종이 51.3%로 가장 많이 분포하였고, KP1형 13.7%, CP형 11.3%, CM형 8.8%, KW2형 5% 및 기타 1.3%인 것으로 나타났다. 경남지역 재배지에서 수집한 난지형 마늘은 아미노산서열 FGAGRRICPG, DNA서열 5'-TTT/GGC/GCA/GGA/CGG/AGA/ATT/TGT/CCT/GGA-3'인 KM형이 52.5%로 가장 많았고, KP2형 22.5%, KW2형 5%, KP1 및 CP형이 각각 2.5%가 분포하는 것으로 나타났으나 CM형은 존재하지 않았다. 이 결과는 우리나라에 재배되는 마늘은 유전적으로 상당히 혼재된 상태로 존재하며, 특정 지역을 대표하는 유전적 특징을 가진 재배종을 단정하기는 어려운 것으로 판단된다.

## 사 사

이 논문은 2017~2018년 안동대학교 교육연구지도비 지원에 의해서 수행되었다.

## References

Bae, S.K., E.A. Jung and S.T. Kwon. 2010. Genetic variation and identification of RAPD markers from some garlic cultivars in

- Korea and Mongolia. Korean J. Plant Res. 23:458-464 (in Korean).
- Boo, D. and S.J. Park. 2016. Molecular phylogenetic study of Korean *Tilia* L. Korean J. Plant Res. 29:547-554 (in Korean)
- Cheshmedhiev, I. 1973. A cytotoxic investigation of the cultivated *Allium* species in Bulgaria. Genetikai Seleksiya 6:283-294.
- Donaldson, R.P. and D.G. Luster. 1991. Multiple forms of plant cytochrome P450. Plant Physiol. 96:669-674.
- Drabovich, A. P and S. Krylov. 2006. Identification of base pairs in single-nucleotide polymorphisms by MutS protein-mediated capillary electrophoresis. Anal. Chem. 78:2035-2038.
- Harn, C., D. Choung and B. Kim. 1996. Studies on the karyotypes of *Allium sativum*. J. Korean Soc. Hort. Sci. 2:58-67.
- Hoshino, T., T. Yamaura, H. Imaishi, M. Chida, Y. Yoshizawa, K. Higashi, H. Ohkawa and J. Mizutani. 1995. 5-*epi*-Aristolochene 3-hydroxylase from green pepper. Phytochemistry 38:609-613.
- Hwang, J.M. 1993. Genetic divergence and classification of garlic cultivars by multivariate analysis. J. Korean Soc. Hort. Sci. 33:257-264 (in Korean).
- Kollmann, F. and A. Shmida. 1977. *Allium* species of Mt. Hermon. I. Taxonomy. Israel J. Botany 26:128-148.
- Kwon, S.T., J. Chappell. 1998. Elicitor-inducible 5-*epi*-aristolochene hydroxylase in suspension cultures of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) Korean J. Plant Tiss. Cult. 25:141-146.
- Kwon, S.T. and J. Kamiya. 2011. Genetic variation of cytochrome P450 genes in garlic cultivars. Korean J. Plant Res. 24:584-590 (in Korean)
- Kwon, S.T. and S.M. Oh. 1999. Genetic relationship among garlic cultivars based on RAPD analysis. Korean J. Life Sci. 9:671-676 (in Korean).
- Lee, W.S. 1974. Studies on dormancy of Korean local garlics. J. Korean Soc. Hort. Sci. 15:257-264 (in Korean).
- Morita, A., T. Nakayama, N. Doba, S. Hinohara, T. Mizutani, M. Soma. 2007. Genotyping of triallelic SNPs using TaqMan PCR. Molecular and Cellular Probes 21:171-176.
- Ralston, L., S.T. Kwon, M. Schoenbeck, J. Ralston, D.J. Schnek, R.M. Coates and J. Chappell. 2001. Cloning, heterologous expression, and functional characterization of 5-*epi*-aristolochene-1,3-dihydroxylase from tobacco (*Nicotiana tabacum*). Arch. Biochem. Biophys. 393:222-235.

(Received 3 September 2018 ; Revised 5 October 2018 ; Accepted 19 October 2018)