

SSR 마커에 의한 한국 원산 *Soja* 아속의 다양성과 지리적 유연관계

조양희*[†] · 윤문섭* · 이정란* · 백형진* · 김창영* · 김태산* · 조은기** · 이희봉***

*농촌진흥청 농업생명공학연구원, **농촌진흥청 연구개발국, ***충남대학교 식물자원학부

Diversity and Geographical Relationships by SSR Marker in Subgenus *Soja* Originated from Korea

Yang-Hee Cho*[†], Mun-Sup Yoon*, Jeongran Lee*, Hyung-Jin Baek*, Chang-Yung Kim*, Tae-San Kim*, Eun-Gi Cho**, and Hee-Bong Lee***

*National Institute of Agricultural Biotechnology, RDA, Suwon, 441-707, Korea

**Research & Development Bureau, RDA, Suwon, 441-707, Korea

***College of Agriculture and Life Sciences, Chungnam National University, 305-764, Korea

ABSTRACT This study was carried out to investigate polymorphism, gene diversity, and geographical relationships of 81 Korean wild (*Glycine soja*) and 130 cultivated soybeans (*G. max*) using seven simple sequence repeat (SSR) markers. A total of 144 alleles were observed in 211 accessions with an average of 20.6. Each SSR loci showed 13 (Satt532) to 41 (Sat_074) multialleles. The range of alleles within the loci was wider in wild soybean than the cultivated soybeans. The average genetic diversity values were 0.88 and 0.69 in wild and cultivated soybeans, respectively. In a scatter diagram of wild and cultivated soybeans based on canonical discriminant analysis, CAN1 accounted for 84.2% while CAN2 did 8.5%. Two species were grouped into three: group I (*G. max*), group II (*G. soja*), and group III (complex of *G. max* and *G. soja*). The geographical relationships of wild soybean were distinguished into two groups: Gyeonggi for Group I, and Gyeongsang, Jeolla, Gangwon, and Chungcheong for Group II. Those of cultivated soybeans were distinguished into Gyeonggi, Gangwon, and Gyeongsang for Group I, and Jeolla and Chungcheong for Group II. Therefore, the geographical relationships of wild soybeans were well typified based on the ecosystems of the Korean peninsula.

Keywords : *Glycine max*, *G. soja*, SSR, gene diversity, geographical relationship

Soja 아속에는 재배종(*Glycine max*)과 야생종(*G. soja*)이

있으며 이 두 종은 일년생 2배체(2n=40)로서 쉽게 교배된다. *G. max*는 언어학적, 지리적 및 역사적 자료를 근거로 기원전 11세기경 중국 동북부지역에서 출현하여 동남아시아로 전파되었을 것으로 추정되며, *G. soja*는 중국, 한국, 일본, 러시아 및 대만에서 야생으로 분포하고 재배종의 선조종으로 알려져 있다(Hymowitz, 1970). 아시아에서 대두 유전자원은 중국 중남부, 중국 동북부와 시베리아, 한국, 일본, 그리고 동남아 등 크게 다섯 개의 집단으로 구분하고 있으며, 중국동북부 지역을 1차 gene center로 구분하고 있다. 이처럼 우리나라는 만주와 인접함으로서 야생종(*G. soja*)과 중간형이 분포하며 한국의 재래종은 현재까지 세계 각국에서 보고된 대두가 지니는 각종 특성을 보유하고 있다(Hymowitz, 1970; Kwon *et al.*, 1972; Hymowitz & Kaizuma, 1981).

형태적 및 유전적 다양성 결정은 유전자원의 중복 및 제거에 척도로 제공되고 유전자원의 관리에 유용하게 이용될 수 있을 뿐만 아니라 핵심집단 작성에 이용될 수 있다. 대규모의 콩 유전자원에 대한 유전적 다양성 연구로 Perry & McIntosh(1991)와 Perry *et al.*(1991)은 2,236점의 USDA 콩 집단에 대한 동위효소와 형태적 특성간의 차이를 확인한 바 있고, Yoon *et al.*(2000a, 2000b)과 Park & Yoon(1997)도 한국 재래종 대두에 대한 형태적 및 동위효소 분석을 수행한 바 있다. Dong *et al.*(2001, 2003)은 형태적 특성과 단백질 및 지방함량을 근거로 중국 재배형 콩과 야생형 콩의 유전적 다양성 중심지와 지리적 분포를 보고한 바 있다. 그러나 이러한 형태적 특성, 동위효소 및 단백질 전기영동패턴은 DNA 염기서열의 절대적인 척도가 되지 못하는 반면

[†]Corresponding author: (Phone) +82-31-299-1823

(E-mail) yhcho@rda.go.kr

<Received June 2, 2006>

DNA 마커는 유전적 다양성의 정확한 척도로서 제공될 수가 있다(Cregan *et al.*, 1994).

Akkaya *et al.*(1992)이 대두에서 SSR 마커를 이용하여 다형성을 확인한 이래 Rongwen *et al.*(1995)은 96개의 다양한 대두품종에 대한 분석을 통하여 SSR 표지인자는 높은 수준의 다형성과 많은 정보 및 이용의 간편성 때문에 대두 품종을 평가하기 위해 현재 사용되는 관행적인 표지인자의 우수한 보완책으로서의 가능성을 제시하였다. 또한 Cregan *et al.*(1994)과 Diwan & Cregan(1997)은 콩 SSR 분석에 자동 염기서열 분석기를 이용하여 효율성과 신속성을 입증하였으며 이러한 대립인자 빈도에 근거한 유전적 다양성 평가는 어떤 집단의 변이와 분화에 정확한 정보를 제공할 수 있을 것으로 보았다.

그 동안 *Soja*아속의 종간 유연관계 및 분류체계를 규명하고자 표현형변이, chloroplast DNA(Shimamoto *et al.*, 1992; Abe *et al.*, 1999; Xu *et al.*, 2002), nuclear DNA internal transcribed spacer(ITS) sequence(Kollipara *et al.*, 1997) 및 microsatellite DNA(Rongwen *et al.*, 1995, Maughan *et al.*, 1995) 등에 대한 연구가 수행된 바 있다.

본 연구는 농촌진흥청 유전자원과(종자은행)에 보존된 우리나라 야생콩과 재래종 콩을 대상으로 SSR 마커의 다형성과 다양성을 조사하고 이 두 종간의 변이분포를 확인하며,

두 종의 지리적 유연관계를 확인코자 수행하였다.

재료 및 방법

공시재료

본 시험에는 농촌진흥청 유전자원과에 보존된 유전자원 중 한국 재래종 콩(*Glycine max*) 130점과 야생콩(*G. soja*) 81점을 포함한 총 211점이 사용되었다(표 1). 야생콩의 지역별 자원수 분포는 강원도 16점, 경기도 10점, 경상도 20점, 전라도 9점 및 충청도 26점이었으며, 재래종 콩의 지역별 자원수 분포는 강원도 14점, 경기도 21점, 경상도 44점, 전라도 35점 및 충청도 16점이었다.

SSR 분석

DNA분리는 콩의 어린잎을 유발에 넣고 액체질소로 급속 냉동시킨 후 유봉으로 곱게 마쇄시켰는데 마쇄된 분말은 Dneasy Plant Mini Kits(Qiagen #69106)를 이용하여 DNA를 추출하였으며, 추출된 DNA의 농도는 스펙트로포토메타를 이용하여 260 nm와 280 nm에서 측정하였다. 증폭에 이용될 DNA 농도는 20 ng/ μ l로 조정하였다.

SSR 분석을 위해 사용된 primer는 표 2와 같다. 증폭반응은 20 ng의 콩 genomic DNA, 4 μ l의 dNTP, 50 mM의 KCl

Table 1. No. of accession and geographical distribution of Korean cultivated (*Glycine max*) and wild soybeans (*G. max*) used in this study.

Province	Wild (<i>G. soja</i>)		Cultivated (<i>G. max</i>)	
	County	No. of acc.	County	No. of acc.
Gangwon	Yanggu, Wonseong, Pyungchang, Chuncheon, Cheolwon, Jeongseon, Hongcheon, Hwoengseong, Inje	16	Donghae, Jeongseon, Chuncheon, Pyungchang, Hongcheon	14
Gyeonggi	Gwacheon, Gwangju, Namyangju, Anseong, Yangpyung, Yeosu, Hwaseong	10	Gwangju, Anseong, Yangpyung, Paju, Pyungtaek, Pocheon, Hwaseong	21
Gyeong-sang	Changnyung, Hadong, Goryeong, Gunwi, Geumreung, Mungyung, Sangju, Seongju, Yeongcheon, Yeongpung, Yaecheon, Euseong, Cheongdo	20	Ulsan, Ulju, Changwon, Gyungju, Goryeong, Geumreung, Dalseong, Mungyung, Seonsan, Seongju, Andong, Youngduk, Yaecheon, Weolseong, Euseong, Cheongsong	44
Jeolla	Gogseong, Gurye, Naju, Haenam, Hwasun, Sunchang, Jangsoo, Jeonju, Jinan	9	Gogseong, Boseong, Wando, Jangheung, Hampyung, Haenam, Gochang, Gimje, Namwon, Buan, Sunchang, Imsil, Jangsoo	35
Chung-cheong	Dangjin, Buyeo, Seosan, Asan, Yeongi, Yesan, Cheonan, Gyoisan, Danyang, Boeun, Youngdong, Ogcheon, Eumseong, Jungwon, Jincheon, Cheongwon	26	Geumsan, Buyeo, Yeongi, Boeun, Jewon, Jincheon	16
	Total	81		130

Table 2. Soybean SSR loci and sequence of primers used for identifying the Korean wild and cultivated soybeans.

Locus	Fluorescent dye	Linkage group	Forward primer	Reverse primer
Sat_074	FAM	F	GGGTGAGAAATACATGCAACTTAC A	GGGCATCAAATTGA TATTAATGTCTAA
Satt187	HEX	A2	GCGTTTTAATTTATGATATAACCAA	GCGTTTTATCTCTTTTTCCACAAC
Satt197	NED	B1	CACTGCTTTTTCCCTCTCT	AAGATACCCCAACATTATTTGTAA
Satt532	FAM	D1a+Q	GCGCCAATATTATCATGCTTTATGT	GCGTGTAATAAATCTTTGAATCTTGA
Satt141	HEX	D1b+W	CGGTGGTGGTGTGCATAATAA	CCGTCATAAAAAGTC CCTCAGAAT
Satt286	NED	C2	GCGGCGTTAATTTATGCCGAAA	GCGTTTGGTCTAGAATAGTTCTCA
Satt245	HEX	M	AACGGGAGTAGGACATTTTATT A	GCGCCTCCTGAATTTCAAAGAATGAAG A

을 포함하는 1×PCR Buffer, 0.15uM의 3'와 5' end primer 그리고 1 unit의 Taq DNA polymerase를 혼합하여 이용하였다. 증폭반응은 PTC-100 thermocycler(MJ Research, Inc., Watertown, MA)를 이용하여 94°C에서 25초간 denaturation, 45°C에서 25초간 annealing 그리고 68°C에서 25초간 extension을 32cycle로 수행하였다. 증폭 후 PCR 산물은 청(FAM), 황(NED), 또는 녹(HEX)색의 형광물질로 각각 표시되었으며, 0.5 μ l internal size standard ROX(AB-PEC, Foster City, CA)와 0.5 μ l의 loading buffer가 혼합되었다. 이 혼합된 시료의 분석을 위해서는 ABI 3100 DNA sequencer(AB-PEC, Foster City, CA)가 이용되었으며, 자료분석을 위해서는 GeneScan 3.7 software(ABI PRIZM, Applied Biosystems)와 GenoTyper 3.7 software(ABI PRIZM, Applied Biosystems)가 이용되었다.

통계 분석

두 종의 분포경향과 유전적 유연관계를 분석하기 위해 SAS program(version 8.1)을 사용하였다. 두 종의 정준판별 분석(Canonical discriminant analysis)을 위해서는 PROC CANDISC를 사용하여 SSR 다형성 결과를 분석하였다. 또한, 이를 근거로 지리적 유연관계를 분석하였다. 유전자좌별 gene diversity 값은 Popgene DOS version 3.3을 이용하여 Nei(1973)의 방법($1 - \sum P_{ij}^2$)으로 계산하였고, 전체 다양성 지수($H_t = H_s + G_{st}$), 집단내의 다양성(H_s)과 집단간의 차이(G_{st})를 계산하였다.

결과 및 고찰

다형성과 다양성

야생콩 81점과 재래종 콩 120점을 포함한 총 211점의

*Soja*아속에 대해 7개의 SSR 유전자좌를 이용하여 분석한 결과(표 3), 총 144개의 대립인자를 확인하였다. 각 유전자좌별로 13~41개의 복수 대립인자를 나타냈으며 유전자좌당 평균 대립인자수는 20.6개였다. 전체 자원에 대한 각 유전자좌별 대립인자수는 Sat_074에서 가장 많은 41개의 복수 대립인자를 나타낸 반면 Satt532에서는 가장 적은 13개의 복수 대립인자를 나타냈다. 야생콩은 총 117개의 대립인자수를 나타냈으며 각 유전자좌별로 12(Satt141)~27(Sat_074)개까지의 복수 대립인자를 나타낸 반면, 재래종 콩은 총 69개의 대립인자를 나타냈으며 각 유전자좌별로 4개(Satt187)에서부터 23개(Sat_074)까지의 대립인자수를 나타냈다. 유전자좌당 평균 대립인자수는 야생콩은 16.7개, 재래종 콩은 9.9개로 나타났고 종간에 서로 공유한 대립인자수는 총 42개였다(표 4). 유전자좌별 야생콩과 재래종 콩의 대립인자분포를 비교하여 보면, 전체적인 대립인자의 범위를 보았을 때 Satt187, Satt532, Satt286, Satt245에서는 재래종 콩의 대립인자 범위가 야생콩의 대립인자 범위에 모두 포함되었고 이중 Satt532와 Satt286에서는 재래종 콩에서 나타난 모든 대립인자가 야생콩 대립인자에 모두 포함되었다. Sat_074와 Satt141에서는 야생콩에서는 나타나지 않은 대립인자가 재래종 콩에서 나타나기도 하였으나 전체적으로 살펴보면 재래종 콩은 특정 대립인자에서 높은 빈도수를 나타낸 반면 야생콩은 비교적 고른 분포를 나타냈다(그림 1). 유전자좌별 유전자 다양성 값의 범위는 0.96(Sat_074)~0.69(Satt141)였고 전체 다양성 평균값은 0.81을 나타냈다. 야생콩내에서 유전자다양성 값은 0.72(Satt141)~0.94(Sat_074)의 범위를 나타냈고, 재래종 콩내에서 유전자다양성 값은 0.41(Satt187)~0.93(Sat_074)의 범위로서 야생콩과 재래종 콩의 평균 다양성 값은 각각 0.88과 0.69를 나타냈다(표 4).

Maughan *et al.*(1995)은 재래종보다 야생종에서 더 많은

Table 3. Number of alleles and approximate size of alleles at each simple sequence repeat (SSR) locus in the Korean wild and cultivated soybeans.

Locus	Linkage group	Approximate size of alleles (bp)	No. of alleles
Sat_074	F	172, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192 196, 198, 200, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226 228, 230, 232; 234, 236, 238, 240, 242, 244, 246, 248 250, 252, 254, 256, 258, 264, 272, 274	41
Satt187	A2	238, 241, 244, 247, 250, 256, 259, 265, 272, 275, 281 287, 290, 299	14
Satt197	B1	122, 131, 134, 140, 143, 146, 149, 159, 168, 174, 177 180, 183, 186, 189, 192, 195, 201	18
Satt532	D1a+Q	139, 142, 154, 157, 160, 163, 166, 169, 172, 175, 178 181, 184	13
Satt141	D1b+W	143, 146, 152, 155, 158, 161, 167, 170, 173, 176, 179 182, 185, 188, 191, 194	16
Satt286	C2	163, 175, 178, 181, 184, 187, 196, 199, 202, 205, 208 211, 214, 217, 220, 223, 226, 229, 232, 235, 238	21
Satt245	M	140, 143, 149, 155, 158, 161, 172, 175, 178, 181, 187 190, 193, 196, 199, 202, 208, 211, 214, 217, 220	21
Total			144

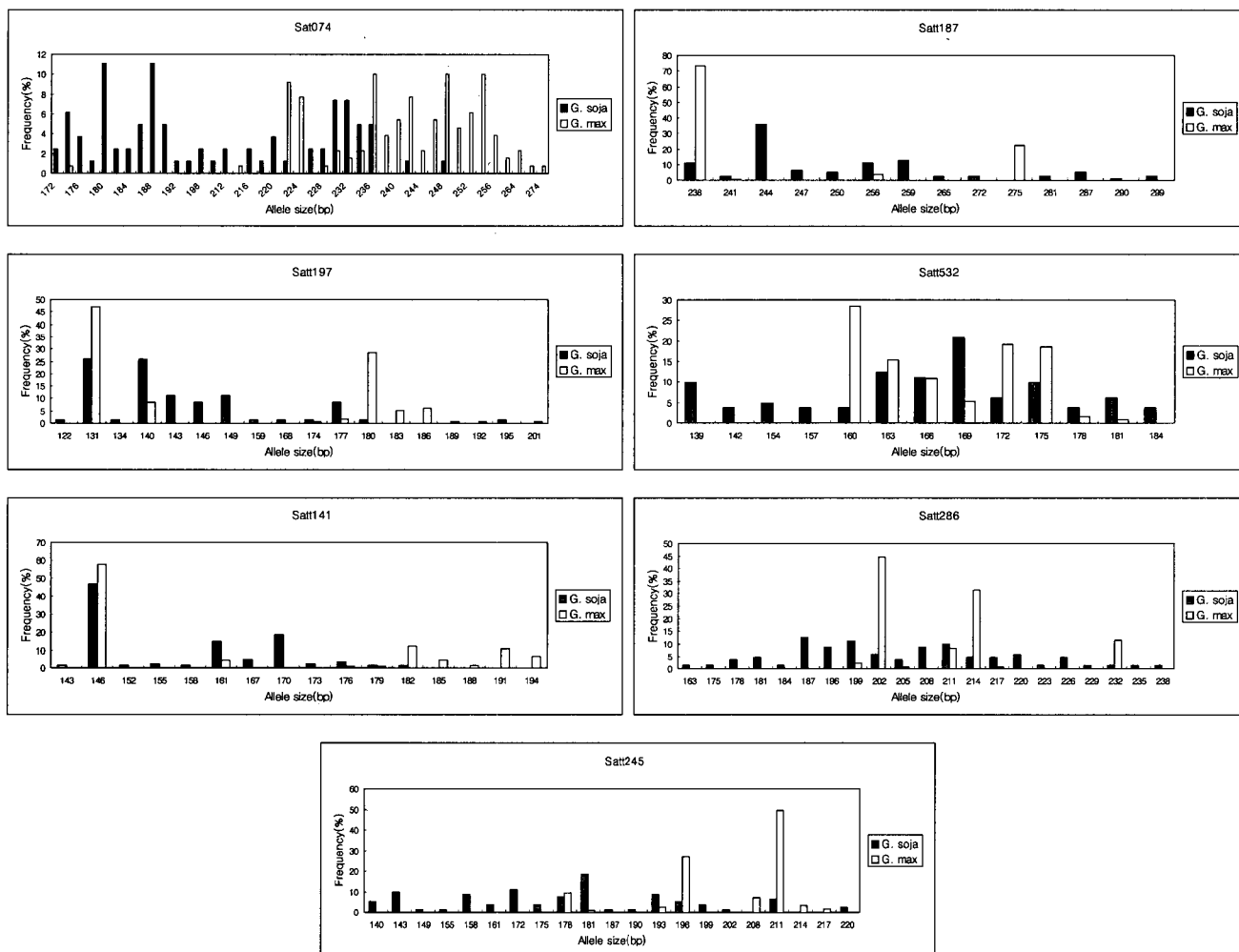


Fig. 1. Distribution for allele size (bp) of Korean wild and cultivated soybean.

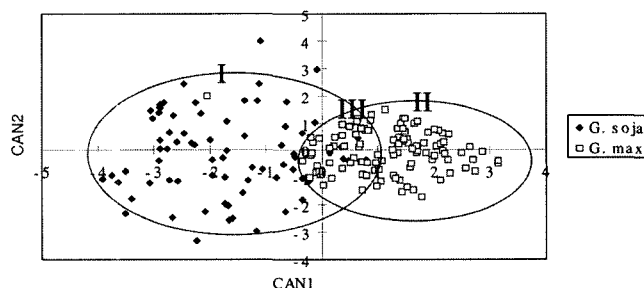
Table 4. Number of alleles and gene diversity values of Korean wild and cultivated soybeans at each simple sequence repeat (SSR) locus

Locus	No. of alleles				Gene diversity values			
	Wild	Cultivated	Total	Shared	Wild	Cultivated	Total	% G _{ST}
Sat_074	27	23	41	9	0.94	0.93	0.96	8.7
Satt187	13	4	14	3	0.92	0.41	0.71	24.5
Satt197	13	10	18	5	0.82	0.68	0.78	13.8
Satt532	13	8	13	8	0.89	0.81	0.87	9.4
Satt141	12	9	16	5	0.72	0.63	0.69	10.4
Satt286	21	7	21	7	0.93	0.68	0.84	16.1
Satt245	18	8	21	5	0.91	0.67	0.84	14.9
Total	117	69	144	42	-	-	-	-
Average	16.7	9.9	20.6	6.0	0.88	0.69	0.81	13.8

대립인자를 확인하였으며 유전적 다양성 값에서도 더 큰 것으로 확인한 바 있고, 재배형 콩에서 높은 빈도로 관찰된 많은 대립인자가 야생콩에서는 낮은 빈도로 혹은 없는 것으로 나타나났음을 보고한 바 있다. 본 결과에서도 전체적으로 야생콩에서보다 재배형 콩에서 불연속적인 대립인자 분포를 나타냈는데 이러한 이유로 Maughan *et al.*(1995)은 공시재료의 편기, 선발과정에서의 도태 혹은 SSR에 인접한 어떠한 위치에서의 삽입/결실에 의해 발생하는 것으로 보았다.

Soja 아속의 변이 분포 관계

야생콩과 재배종 콩의 변이분포 정도를 확인하고자 7개 SSR 마커의 다형성을 근거로 정준판별분석을 수행한 결과 전체 변이 중 Can1과 Can2에 의해 92.8%를 설명하였으며, Can1에 의해 84.2%를, Can2에 의해 8.5%를 각각 설명하였다(그림 2). Can1에 의해 좌측은 *G. soja* (I)군, 우측은 *G. max* (II)군으로 구분되었으며 야생콩이 재배종 콩보다 큰 변이를 나타냈다. 또한, I군과 II군이 중복되는 III군은 야생콩과 재배종 콩이 같이 분포되어 있어 그들의 기원이 같음을 확인할 수 있었다. Harlan & de Wet(1971)는 야생형, 중간형 및 재배형 콩은 한개의 유전자군(GP1)에 속함과 아울러 이 3종을 한 종의 형태로 취급할 것을 주장한 바 있다. Singh & Hymowitz(1988)는 세포유전적 분석을 근거로 야생형(*G. soja*), 재배형(*G. max*) 및 중간형(*G. gracilis*)간에는 유전적 장벽이 없음을 입증함으로써 이 3종은 유사한 GG genome을 갖고 있음을 확인한 바 있다. 그러나 Li & Nelson(2002)은 야생콩과 재배종의 RAPD분석에 의한 주 성분 분석을 근거로 두 종이 뚜렷이 구분되었으며 야생콩이 재배형 콩보다 더 넓게 분포함으로써 이 두종이 서로 다른

**Fig. 2.** Scatter diagram of wild and cultivated soybeans based on 7 SSR primers. CAN1 accounts for 84.2% and CAN2 8.5%.

유전자군을 형성함을 보고한 바 있다. 또한 다양한 지역으로부터 수집된 재배종 콩과 야생콩에 대해 cpDNA를 이용한 RFLP분석에서 3개의 type으로 구분되었는데 type I은 재배형 콩에서 두드러진 반면 type III는 비록 두종이 겹치기도 하였으나 야생콩에서 높은 빈도를 나타냈다. Type I 중 야생콩은 일본, 중국, 한국, 러시아 중 일본에서 지리적으로 독립된 4개 지역에서만 발견된 것으로서 야생종과 재배종의 교잡 산물이거나 재배형 콩의 직접적인 선조종으로 추정하였다. 또한 type III는 대부분이 야생콩에서 발견되었으나 재배형 콩이 이 type인 것에 대해 mtDNA의 RFLP 분석을 수행한 결과 다른 지역에서 발생한 같은 세포질적 지놈을 지닌 야생형으로부터 발생한 것으로 보았다(Shimamoto *et al.*, 2000; Xu *et al.*, 2000).

지리적 다양성분포와 유연관계

야생콩의 수집지별 7개의 유전자좌의 평균 대립인자수 범위는 5.1(경기)~10.4개(충청)였고, 수집지별 대립인자 분

포는 충청도와 경상도지역 수집자원이 다른 지역 수집자원에 비해 거의 모든 유전자좌에서 가장 많이 나타났다. Nei(1973)의 방법을 이용하여 계산된 수집지별 평균 다양성 값은 0.71~0.84였고, 수집지별로는 경기(0.71), 전라(0.78), 충청과 강원(0.80) 및 경상(0.84) 수집자원 순으로 높게 나타났다(표 5). 또한, 재래종 콩의 수집지별 평균 대립인자수 범위는 5.3(경기)~8.4개(경상)였고, 수집지별 대립인자의 분포는 전라도와 경상도지역 수집자원이 다른 지역 수집자원에 비하여 거의 모든 유전자좌에서 가장 많이 나타났다. 재래종 콩의 수집지별 유전자다양성 값은 전체 유전자좌에 걸쳐 0.31~0.93을 나타냈고, 수집지별 평균 다양성 값은 0.59~0.71의 범위를 나타냄으로서 야생콩의 다양성 값이 더 높은 것으로 확인되었다. 수집지별 다양성 정

도는 경기(0.59), 강원(0.62), 전라(0.65), 충청(0.66) 및 경상(0.71) 수집자원 순으로 높게 나타나 야생콩 집단의 경향과 비슷하였다(표 6).

야생콩의 수집지별 유연관계로는 크게 2개의 군으로 구분되었는데 I군에는 강원, 경상, 전라, 충청도 지역이 포함되었고, II군으로는 경기도 지역이 독립적인 군을 형성하였다(그림 3). 또한, I군내에서는 강원도와 경상도 지역이, 그리고 전라도와 충청도 지역이 각각 소그룹(subgroup)을 형성하였다. 이러한 결과는 본 시험에 이용된 자원이 수집된 남한의 지형은 태백산맥을 중심으로 하여 동쪽은 강원도와 경상도로서 산악지역에 속해 있고, 서쪽은 충청도와 전라도로서 동쪽에 비해 평야지로 이루어져 있어 본 결과가 남한의 지리적 여건에 의해 좌우되는 경향을 나타낸 것

Table 5. Number of alleles and gene diversity values of Korean wild soybeans according to different provincial origin at each simple sequence repeat (SSR) locus.

Locus	No. of alleles					Gene diversity values				
	Gyeong gi	Gang won	Chung cheong	Jeolla	Gyeong sang	Gyeong gi	Gang won	Chung cheong	Jeolla	Gyeong sang
Sat_074	7	12	14	7	14	0.78	0.88	0.88	0.84	0.92
Satt187	4	7	7	4	8	0.64	0.84	0.73	0.69	0.80
Satt197	4	5	8	5	7	0.66	0.75	0.70	0.77	0.82
Satt532	6	7	10	7	8	0.80	0.81	0.88	0.84	0.83
Satt141	4	5	6	6	7	0.64	0.64	0.61	0.74	0.75
Satt286	4	10	15	5	14	0.66	0.87	0.91	0.77	0.92
Satt245	7	7	13	8	10	0.78	0.84	0.91	0.84	0.87
Total	36	48	73	42	68	-	-	-	-	-
Mean	5.1	6.9	10.4	6.0	9.7	0.71	0.80	0.80	0.78	0.84

Table 6. Number of alleles and gene diversity values of Korean cultivated soybeans according to different provincial origin at each simple sequence repeat (SSR) locus.

Locus	No. of alleles					Gene diversity values				
	Gyeong gi	Gang won	Chung cheong	Jeolla	Gyeong sang	Gyeong gi	Gang won	Chung cheong	Jeolla	Gyeong sang
Sat_074	12	9	12	16	20	0.88	0.85	0.90	0.91	0.93
Satt187	2	3	4	3	3	0.31	0.56	0.48	0.40	0.37
Satt197	3	5	5	6	7	0.56	0.67	0.64	0.62	0.73
Satt532	6	6	6	6	7	0.74	0.77	0.76	0.74	0.80
Satt141	6	4	4	7	7	0.53	0.37	0.60	0.63	0.69
Satt286	4	3	3	4	7	0.62	0.56	0.63	0.52	0.77
Satt245	4	3	4	6	8	0.50	0.54	0.58	0.76	0.68
Total	37	33	38	48	59	-	-	-	-	-
Mean	5.3	4.7	5.4	6.9	8.4	0.59	0.62	0.66	0.65	0.71

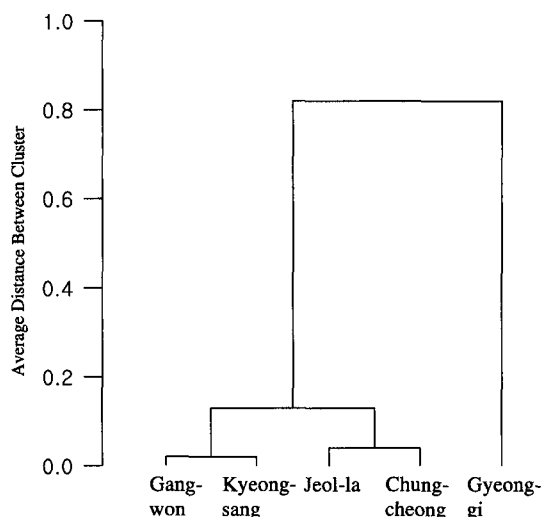


Fig. 3. Phenogram of the phenotypic distances between the geographical regions of wild soybeans (*Glycine soja*) with SSR markers.

으로 추정된다. 또한 본 결과는 우리나라 등온선의 분포와 무관하지 않음을 알 수 있는데 이러한 분포는 1월 평균기온 -4°C 선의 분포와 거의 일치하는 경향을 보임으로서 남한의 생태적 여건과도 일치하는 경향을 나타냈다. 따라서 한반도의 야생콩은 오래전부터 광범위하게 분포해 있고, 재배종과는 달리 인위적인 선발이 가해지지 않은 상태에서 한반도의 지리적 및 생태적 여건에 적응해 온 것으로 보인다.

재배종 콩의 수집지별 유연관계는 크게 2개의 군으로 구분되었는데 I군에는 강원, 경기, 경상도 지역이, II군에는 전라, 충청도지역이 포함되었다(그림 4). 또한, I군내에서는 경상도 지역이 독립된 군을 형성하였고, 강원과 경기도지역이 같은 군을 형성하였다. Perry *et al.*(1991b)은 미국에서 보존하고 있는 한국 콩 유전자원에 대하여 동위효소를 이용하여 지리적 유연관계를 분석한 결과 한국의 경기도가 독립된 군을 형성하였고 나머지 경상, 전라, 충청도가 같은 군을 형성하였으며 그 중에서 전라와 충청도가 유럽지역의 자원과 같은 군을 형성하였음을 보고한 바 있다. Yoon *et al.*(2000a)은 한국, 중국, 일본의 재배종 콩에 대해 형태적 특성을 근거로 우리나라 재배종 콩의 지리적 유연관계를 분석한 결과 i) 강원, ii) 경상 그리고 iii) 충청, 전라, 경기로 구분되었음을 보고한 바 있다. 이처럼 재배종 콩의 지리적 유연관계는 야생콩의 지리적 유연관계에서 나타난 결과처럼 한반도의 지리적 및 생태적 환경과 일치하지는 않았다. 이러한 이유로서 실험에 이용된 재료의 성격이 다름으로 인

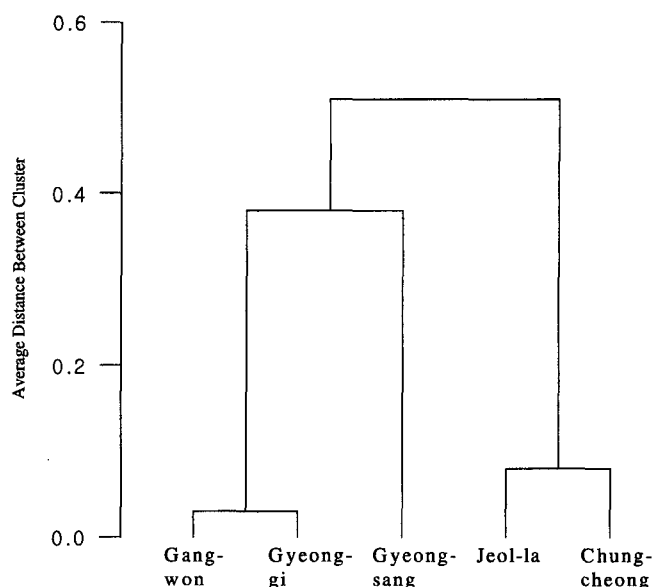


Fig. 4. Phenogram of the phenotypic distances between the geographical regions of cultivated soybeans (*Glycine max*) with SSR markers.

해 발생할 수도 있고, 또한 한반도에서 재배종 콩은 오래 전부터 농부들에 의해 나물콩, 장콩 및 밥밀콩용으로 분화되어 왔듯이 이러한 용도의 구성비율에 따라 달라질 수도 있을 것으로 판단되었다. 특히 산업화에 따른 교통수단의 발달은 재배종 자원의 이동을 용이하게 하여 지역간 차이가 커다란 의미를 갖지 않는 것으로 보이며, 우리나라는 한정된 공간 내에서 재배의 제약이 적어 지역간 차이가 적었던 것으로 판단된다.

적 요

우리나라에서 자생하는 야생콩(*Glycine soja*) 81점과 재배종 콩(*G. max*) 130점에 대해 7개의 SSR 마커의 다형성을 통해 두 종간의 변이를 조사하고 지리적 유연관계를 분석한 결과를 요약하면 다음과 같다.

1. 전체 두종에서 총 144개의 대립인자(평균 20.6개)를 확인하였고, 각 유전자좌별 복수 대립인자수는 13~41개로 나타났다. 각 종별 대립인자수로 야생콩은 총 117개의 대립인자수(평균 16.7개)를 나타냈으며 재배종 콩은 총 69개의 대립인자(평균 9.9개)를 나타냈고, 두종간에 서로 공유된 대립인자수는 총 42개였다.

2. 전체 두종에 대한 유전자좌별 유전자 다양성 값 범위는 0.69(Satt141)~0.96(Sat_074)이었다. 또한 전체 다양성 값은 0.81을 나타냈고 야생콩은 0.88, 재배종 콩은

0.69였다.

3. 야생콩과 재래종 콩의 유전적 변이에서 SSR 분석에 의한 정준판별분석 결과, Can1(84.2%)에 의해 좌측은 *G. soja*(I군), 우측은 *G. max*(II군) 그리고 두 종이 서로 중복되는 군(III군)으로 구분되었으며, 유전적 기저가 넓은 야생콩이 재래종에 비해 변이가 크게 나타났다.

4. 야생콩의 지리적 유연관계는 2개의 군으로 구분되었는데 I군은 강원, 경상, 전라, 충청도 지역이, II군에는 경기도 지역이 독립된 군을 형성하였으며, I군내에서는 강원도와 경상도 지역이, 그리고 전라도와 충청도 지역이 각각 같은 군을 형성하였다. 재래종 콩도 2개의 군으로 구분되었는데 I군에는 강원도, 경기도, 경상도 지역이, II군에는 전라도, 충청도 지역이 포함되었다. 또한, I군내에서는 경상도 지역이 독립된 군을 형성하였으며, 강원도와 경기도 지역이 강한 유연관계를 나타냈다.

사 사

본 논문은 정보통신부 IMT 2000사업의 연구비 지원에 의하여 수행되었음.

인용문헌

- Abe, J., A. Hasegawa, H. Fukushi, T. Mikami, M. Ohara, and Y. Shimamoto. 1999. Introgression between wild and cultivated soybeans of Japan revealed by RFLP analysis of chloroplast DNAs. *Econ. Bot.* 53 : 285-291.
- Akkaya, M. S., A. A. Bhagwat, and P. B. Cregan. 1992. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. *Genetics* 132 : 1131-1139.
- Cregan, P. B., M. S. Akkaya, A. A. Bhagwat, U. Lavi, and J. Rongwen. 1994. Length polymorphism of simple sequence repeat (SSR) DNA as molecular markers in plants. In *Plant Genome Analysis. Current Topics in Plant Molecular Biology*. Gresshoff P.M. (ed), CRC press, New York.
- Diwan, N. and P. B. Cregan. 1997. Automated sizing of fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean. *Theor. Appl. Genet.* 95 : 723-733.
- Dong, Y. S., L. M. Zhao, B. Liu, Z. W. Wang, Z. Q. Jin, and H. Sun. 2003. The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. *Theor. Appl. Genet.* 108 : 931-936.
- Dong, Y. S., B. C. Zhuang, L. M. Zhao, H. Sun, and M. Y. He. 2001. The genetic diversity of annual wild soybean grown in China. *Theor. Appl. Genet.* 103 : 98-103.
- Harlan, J. R. and J. M. J. de Wet. 1971. Toward a rational classification of cultivated plants. *TAXON* 20(4) : 509-517.
- Hymowitz, T. 1970. On the domestication of the soybean. *Econ. Bot.* 24 : 408-421.
- Hymowitz, T. and N. Kaizuma. 1981. Soybean seed protein electrophoresis profiles from 15 Asian countries or regions: Hypotheses on paths of dissemination of soybeans in China. *Econ. Bot.* 35 : 10-23.
- Kwon, S. H., K. H. Im, and J. R. Kim. 1972. Studies on diversity of seed weight in the Korean soybean land races and wild soybean. *Korean J. Breeding* 4(1) : 70-74.
- Kollipara, K. P., R. J. Singh, and T. Hymowitz. 1997. Phylogenetic and genomic relationships in the genus *Glycine* Willd. based on sequences from the ITS region of nuclear rDNA. *Genome* 40 : 57-68.
- Li, Z. and R. L. Nelson. 2002. RAPD marker diversity among cultivated and wild soybean accessions from four Chinese provinces. *Crop Sci.* 42 : 1737-1744.
- Maughan, P. J., M. A. Saghai Maroof, and G. R. Buss. 1995. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean. *Genome* 38 : 715-723.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)* 70 : 3321-3323.
- Perry, M. C. and M. S. McIntosh. 1991. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: I. Morphological traits. *Crop Sci.* 31 : 1350-1355.
- Perry, M. C., M. S. McIntosh, and A. K. Stoner. 1991. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: II. Allozyme frequencies. *Crop Sci.* 31 : 1356-1360.
- 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.
- Shimamoto, Y., J. Abe, Z. Gao, J. Gai, and F. S. Thseng. 2000. Characterizing the cytoplasmic diversity and phyletic relationship of Chinese landraces of soybean, *Glycine max*, based on RFLPs of chloroplast and mitochondrial DNA. *Genet. Resour. Crop Evol.* 47 : 611-617.
- Shimamoto, Y., A. Hasegawa, J. Abe, M. Ohara, and T. Mikami. 1992. *Glycine soja* germplasm in Japan: isozyme and chloroplast DNA variation. *soybean Genet. Newsl.* 19 : 73-77.
- Singh, R. J. and T. Hymowitz. 1988. The genomic relationships between *Glycine max* (L.) Merr. and *G. soja* Sieb. and Zucc. As revealed by pachytene chromosome analysis. *Theor. Appl. Genet.* 76 : 705-711.
- Xu, D. H., J. Abe, J. Y. Gai, and Y. Shimamoto. 2002. Diversity of chloroplast DNA SSRs in wild and cultivated soybean: evidence for multiple origins of cultivated soybean. *Theor. Appl. Genet.* 105 : 645-653.
- Xu, D. H., J. Abe, M. Sakai, and A. Kanazawa, and Y. Shimamoto. 2000. Sequence variation of non-coding regions of chloroplast DNA of soybean and related wild species

- and its implications for the evolution of different chloroplast haplotypes. *Theor. Appl. Genet.* 101 : 724-732.
- Yoon, M. S., J. W. Ahn, S. J. Park, H. J. Baek, N. K. Park, and Y. D. Rho. 2000a. Geographical patterns of morphological variation in soybean *Glycine max* (L.) Merrill germplasm. *Korean J. Crop Sci.* 45(4) : 267-271.
- Yoon, M. S., J. W. Ahn, J. H. Kang, H. J. Baek, N. K. Park, and Y. D. Rho. 2000b. Genotypic and geographical variations of β -amylase isozyme in soybean land races by isoelectric focusing (IEF). *Korean J. Crop Sci.* 45(1) : 139-142.
- Park, K. S. and M. S. Yoon. 1997. Variation of leucine aminopeptidase isozyme in Korean land races and wild soybeans. *Korean J. Crop Sci.* 42(2) : 129-133.