한작지(Korean J. Crop Sci.), 51(3): 248~258(2006)

한국 콩 육성품종의 SSR마커에 의한 유전적 다양성과 유연관계

김성훈* · 정종욱** · 문중경*** · 우선희* · 조용구* · 정승근* · 김홍식*†

*충북대학교 농업생명환경대학, **농촌진흥청 농업생명공학연구원, ***농촌진흥청 작물과학원

Genetic Diversity and Relationship by SSR Markers of Korean Soybean Cultivars

Seong Hun Kim*, Jong Wook Jung**, Jung Kyung Moon***, Sun Hee Woo*,
Yong Gu Cho*, Seung Keun Jong*, and Hong Sig Kim*†

*Department of Crop science, Chungbuk National University, Cheongju 361-763, Korea
**National Institute of Agricultural Biotechnology, RDA, Suwon 441-707, Korea
***National Institute of Crop Science, RDA, Suwon 441-857, Korea

ABSTRACT Genetic diversity of 91 Korean soybean cultivars was assessed with 20 simple sequence repeat (SSR). Twenty SSR loci generated a total of 149 alleles. The number of alleles for each SSR locus ranged from 3 to 15 with a mean of 7.5 alleles. Genetic diversity estimated by PIC value of 91 cultivars was ranged from 0.424 to 0.905 with an average of 0.711. Cluster analysis based on Nei's genetic distances classified 91 soybean cultivars except Geomjeongkong 4 into 7 groups. The majority groups were I, IV, and VI which included 26, 24, and 18 cultivars, respectively. Obvious differences in genetic diversity appeared to be related with the released periods of cultivars and utilization type of cultivars, but not with breeding sites. Cultivars released in 1970's and in 1990's showed the lowest and the highest genetic diversities with 0.576 and 0.706, respectively. Soybean cultivars for vegetable and early maturity showed the lowest genetic diversity with 0.514, while those for soy sauce and tofu showed the highest genetic diversity with 0.691. Genetic distance between soybean cultivar groups developed before 1969 and during 1970's was the nearest, while genetic distance between those developed in 1970's and 1990's was the furthest. Cultivar group for vegetable and early maturity showed the furthest genetic distance with cultivar group for soy sauce and tofu, while it showed the nearest genetic distance with cultivar group for cooking with rice. Genetic distance was greater between soybean cultivar groups developed in Suwon and Iksan than between those developed in Milyang and Iksan.

Keywords : Genetic Diversity, SSR, Korean Soybean, Cultivars

†Corresponding author: (Phone) +82-43-261-2513
(E-mail)hongsigk@chungbuk.ac.kr <Received February 19, 2006>

우리나라의 콩 품종 육성은 1960년대까지는 다수성이 육종목표였으나, 1970년대 초기에는 장류 및 두부용콩, 그리고 후반기에는 기타 용도 및 생태형별 품종육성에 중점을 두었다. 그 후 1980년대에는 국내산업 발전의 고도화에 따른 이농으로 인한 농촌 노동력의 부족문제를 해결하기 위하여 다수성이며 기계화 적응성 품종들의 개발을, 그리고 1990년대에는 UR협상과 WTO체제의 출범에 따른 수입개방화에 대응하기 위하여 국내품종과 외국품종과의 차별화를 목표로 용도의 다양화와 품질 고급화를 품종육성의 목표로 하였다. 최근에는 콩 품종개발의 육종목표가 다수성 외에도 수요의 선호도에 따른 용도별 다양화, 기능성고품질, 친환경, 식품안전성, 안정생산을 위한 병충해 및 재해저항성 등으로 다양화되고 있다(Hwang, 2004; Park *et al*, 2000).

작물의 유전적 다양성과 유연관계 분석은 정확한 유전적 정보의 파악, 작물의 안정적 생산 및 육종적 개량의 근간으로서 유전적 변이 확대를 통한 품종육성의 효율성을 증대시키기 때문에 매우 중요하다(Tatineni *et al.*, 1996). 콩의 유전적 다양성과 유연관계의 분석은 형태적 특성(Baek *et al.*, 1997), 생화학적인 동위효소(Han *et al.*, 1999) 및 친연계수(coefficient of parentage)를 이용하는 방법들이 있다(Zhou *et al.*, 2002; Cui *et al.*, 2000; Jong *et al.*, 1999; Gizlice *et al.*, 1996). 최근에는 RFLP(restriction fragment length polymorphism), RAPD(randomly amplified polymorphic DNA), AFLP(amplified fragment length ploymorphism) 및 SSR(simple sequence repeat) 등의 분자표지가 유전적 다양성 분석 및 품종분류에 이용되고 있다. 이들 분자표지 중에

서 SSR 마커는 genome 전체에 널리 분포하여 품종 또는 개체간 다형성이 높아서 유전적 다양성을 평가하는데 이상적이며(Cregan *et al.*, 1999; Weising *et al.*, 1998), 품종 구별에 매우 효율적이라고 보고되었다(Bommi & Ferguson, 2005). Rongwen *et al.*(1995)은 SSR 마커가 콩 유전자형을 평가하는데 있어서 현재 사용되는 다른 여러 표지인자들 보다도 우수하다고 하였으며, SSR 마커에 의한 다양성 정도는 RFLP 마커에 의한 다양성보다 훨씬 높다고 하였다.

최근에 육종가들은 품종개발을 위한 marker-assisted breeding (MAS) 체계 확립에 큰 관심을 갖고 있으며, 실제로 분자표지를 육종에서 활용하는 예가 증가되고 있다(Jung *et al.*, 2004; Kim *et al.*, 2004). 이러한 관점에서 분자표지에 의한 유전적 다양성 및 변이의 평가는 매우 중요하며, 바람직한 교배친의 선정에도 크게 기여할 것이다.

그러나 분자표지를 이용하여 우리나라에서 육성된 콩 품종의 유전적 다양성 및 유연관계를 분석한 결과는 아직 보고된 바 없는 실정이다. 따라서 본 연구는 국내에서 개발된 콩 품종들에 대하여 SSR에 의한 유전적다양성과 유연관계를 평가함으로써 콩 품종 육성에 필요한 기초 자료를 제공하고자 실시하였다.

재료 및 방법

시험재료 및 DNA 추출

시험재료는 1913년부터 2002년까지 국내에서 육성된 99개 콩 품종 중에서 은대두, 육우 3호, 금강소립, 덕유콩, 큰올콩, 갈미콩, 다올콩 및 단미풋콩의 8개 품종을 제외한 91개 품종들이었다(표 1). DNA 추출은 파종 후 15일된 어린 잎을 채취하여 Cho *et al.*(2000)의 방법에 의하여 수행하였다. 분석시료는 -70℃에서 동결 보존한 콩 잎을 잘게 썰어 막자사발에 넣고 액체질소를 사용하여 곱게 간 분말 5 ㎖에 extraction buffer [0.5M NaCl, 0.1 M Tris-HCl pH8.0, 0.05M EDTA, Sodium bisulfate 0.38 g/100 ㎖] 5 ㎖를 첨가하여 혼합한 다음 65℃의 항온수조에 넣고 5분 간격으로 혼합하면서 20～30분 동안 반응시켰다. Chloroform : isoamylalcohol(24 : 1)용액 10 ㎖를 첨가하고 15분간 혼합하여 3,500 rpm에서 20분간 원심분리 하였다. 상등액을 새로운 15 ㎖ tube에 옮긴 다음 5 ㎕ RNAse(10 ㎍/㎖)를 첨가 후 혼합하여 30분간 37℃에서 반응시켰다. Isopropanol을 2/3～1 volume 첨가하여 DNA를 응축시킨 다음 굽은 파스테르 피펫으로 꺼내어 70% cold ethanol로 세척한 후 DNA를 풍건하였다. TE용액 500 ㎖에 녹인 DNA를 5,000 rpm으로 10분간 원심분리하여 상등액을 새 tube에 옮긴 후 PCR 분석에 사용하였다.

SSR 분석

SSR 분석은 콩 SSR 마커 Database에서 연관군별로 고르게 선발한 100종의 마커를 분석한 후 다형성이 높은 20개 primer를 선발하여 분석에 이용하였다(표 2). PCR 용액의 조성은 50 ng의 genomic DNA, 10X PCR buffer, 0.2 ㎛mol의 primer, 200 ㎛mol의 dGTP, dATP, dTTP, dCTP, 50 mM의 KCl, 10 mM Tris-HCl pH8.3 0.01% gelatin, 1.5 mM $MgCl_2$와 1 unit의 Taq DNA polymerase를 혼합하여 이용하였다. DNA 증폭은 AB(Applied Biosystem)사의 GeneAmp PCR system 2700과 MJ Researsh사의 Thermal Cycler (PTC-100, USA)를 사용하였다. PCR에 의한 DNA의 증폭은 Hot step을 94℃에서 5분간 실시하였고, 94℃에서 1분간 denaturation, SSR 마커에 따라 47～55℃로 1분간 annealing, 72℃에서 1분간 extension의 과정을 32회 반복하였고, 5분 동안 최종 extension을 수행하였다. SSR 마커의 증폭된 DNA는 6% polyacrylamide sequencing gel 상에서 전기영동하여 silver staining 하였다(Temnykh *et al.*, 2000).

Data 분석

PCR에 의해 증폭된 산물을 6% page gel에서 분리한 후 분자량 확인용 10 bp DNA ladder band를 기준으로 하여 각 SSR 마커의 정확한 band 위치를 확인한 후 각 품종별로 분자량을 측정하여 SSR 마커의 다양성 및 PIC value의 분석에 이용하였다. 특정 band가 있는 것을 "1" 없는 것을 "0"으로 하여 data matrix를 작성하였으며, 유전적 다양성과 유전적거리를 산출하기 위하여 POPGENE software(version 1.31)(Yeh *et al.* 1997)를 이용하여 분석하였다. 유전적 다양성(PIC value)은 $PICij=1-\sum_{j=1}^{n} Pij^2$($P_{ij}$는 마커 i의 band들 중에서 j번째 band의 확률)의 식으로 산출하여 SSR marker locus의 gene diversity정도를 Nei (1973)의 방법에 의해 산출하였다. 유연관계는 NTSYSpc software(version 2.02)를 이용하여 Jaccard similarity coefficient로 유전적 유사도를 구하였으며, UPGMA(Unweighed Pair Group Method using Arithmetic averages)방법으로 dendrogram을 작성하였고 전체품종, 육성년도, 용도 및 육성모지별로 유전적 다양성과 유연관계를 비교하였다.

Table 1. List of soybean cultivars used in evaluation of genetic diversity and relationship.

Released periods	Utilization type				No. of cultivars
	Soy sauce & tofu	Bean sprout	Cooking with rice	Vegetable & early maturity	
Released before 1969	Jangdanbaekmok Buseok, Iksan Chungbukbaek Keumkangdaelip Haman, Kwangdu Shelby, Kwangkyo	Hill			10
Released in 1970s	Bongeui Kanglim Dongpuktae Baegcheon Jangyeobkong	Danyeobkong			6
Released in 1980s	Hwangkeumkong Namcheonkong Jangbaegkong Milyangkong Baegunkong Saealkong Paldalkong Dankyeongkong Pokwangkong Muhankong Jangkyeongkong Danwonkong Jangsukong	Pangsakong Eunhakong Namhaekong			16
Released in 1990s	Mallikong Shinpaldalkong Samnamkong Taekwangkong Sinpaldalkong 2 Danbaegkong Duyoukong Soyangkong Jinpumkong Keumkangkong Dajangkong Alchankong Jinpumkong 2 Daewonkong Jangmikong Sodamkong Ilmikong Saeolkong Songhakkong Daehwangkong	Bukwangkong Kwangankong Pureunkong Hannamkong Myeongjunamulkong Sobaegnamulkong Iksannamulkong Pungsannamulkong Tawonkong Somyeongkong Paldonamulkong Sowonkong Doremikong	Geomjeongkong 1 Geomjeongkong 2 Ilpumgeomjeongkong Seunheukkong Jinyeulkong Heukcheongkong	Hwasongputkong Hwaeomputkong Seokyangputkong Geomjeongolkong	43
Released from 2000 to 2002	Jangwonkong Jinmikong Daepungkong Hojangkong	Sohokong Saebyeolkong Solokkong Anpyeongkong Dagikong Dachaekong Seonamkong	Cheongjakong Geomjeongkong 3 Geomjeongkong 4	Seunnokkong Sinlokkong	16
No. of cultivars	51	25	9	6	91

Table 2. Information on twenty primers used for SSR analysis.

Primer	Core motif and no. of repeats	Sequence	Annealing temperature
Sat_022	(AT)27	F: GCG GCC TTT TCT GAC TGT TAA R: GCG CAG TGA CTA AAA CTT ACT AT	47℃
Sat_036	(AT)19	F: GCG ACT CCA AGT TTT TTT TGT TT R: GCG GGA GTT AGA GGA AGA GAA CA	55℃
Sat_043	(AT)23	F:GCG GTC CGT CAA TGA ATA TTA AAT TAA AA GCG AAA GCG GCA GAG AGA GAA AGG T	48℃
Sat_088	(AT)17	F:TTC AAT TGT ACA TAG TCA TCA A R:TAA TGA GCG AGG AAT CTA A	47℃
Satt001	(ATT)25	F:AAA GTC TTT AAA AGT GTG TCT TA R:TTA AAA GAA AAA TGC AAC AT	55℃
Satt038	(ATT)17	F:GGG AAT CTT TTT TTC TTT CTA TTA AGT T R:GGG CAT TGA AAT GGT TTT AGT CA	47℃
Satt042	(ATT)27	F:GAC TTA ATT GCT TGC TAT GA R:GTG GTG CAC ACT CAC TT	52℃
Satt045	(ATT)18	F:TGG TTT CTA CTT TCT ATA ATT ATT T R:ATG CCT CTC CCT CCT	55℃
Satt055	(ATT)	F:AGT TAA GGA AGA ATT TAT TGT TAT R:ATT TTA TTT GAG TAT TTA GAA T	47℃
Satt070	(ATT)24	F:TAA AAA TTA AAA TAC TAG AAG ACA AC R:TGG CAT TAG AAA ATG ATA TG	47℃
Satt100	(ATT)33	F:ACC TCA TTT TGG CAT AAA R:TTG GAA AAC AAG TAA TAA TAA CA	48℃
Satt142	(ATT)21	F:AGT TAA GGA AGA ATT TAT TGT TAT R:AAC ATT TTA TTT GAG TAT TTA GAA T	47℃
Satt253	(ATT)18	F:GCG CCC TAA TAA AGA TAA GAC AAG R:GCG TGG CCT TTT CCC ATT TA	47℃
Satt262	(ATT)20	F:GCG CCC CAT TAA TGT TAA CAC A R:GCG GAG TTC AAC GCA TTC ACC TT	55℃
Satt440	(ATT)14	F:TGA GAA CGT TTG AAA AGA GAT R:GAA GAG ATT AAG CAT AAA GAA TAC TT	48℃
Satt477	(ATT)11	F:GTT GGG AAA AGG TTA CTA CCA TAT C R:GGT CCG TAT GCA ATT CTT GAC TAA TA	47℃
Satt524	(ATT)14	F:GCG AAT TAT CCA AAG ATA CAC TTA GTC R:GCG GGT CTT ACG AAC GTG TCA CAT TAT	55℃
Satt532	(ATT)15	F:GCG CCA ATA TTA TCA TGC TTT ATG T R:GCG TGT AAA AAT CTT TGA ATC TTG A	47℃
Satt565	(ATT)19	F:GCG CCC GGA ACT TGT AAT AAC CTA AT R:GCG CTC TCT TAT GAT GTT CAT AAT AA	47℃
SOYHSP176	(CT)15	F:TGT GGG CCA CAA AAC GTA TAG R:CGT ACG TTC TAG CTA GTC TTC	47℃

결과 및 고찰

육성품종의 유전적 다양성과 유연관계

콩 품종 91개에 대하여 20개의 SSR 마커를 사용하여 유전적 다양성을 분석한 결과는 표 3과 같다. 총 149개의 대립인자가 확인되었고, 각 유전좌별로는 최소 3개(Satt477)에서 최대 15개(Sat_036, Sat_043)까지 확인되었으며, primer당 평균 7.5개의 대립인자가 확인되었다. Allele size(bp)의 범위는 Sat_036이 130~210 bp으로 가장 컸고, Satt142가 150~159 bp로 가장 작았다. 유전적 다양성(PIC value)은 0.424~0.905의 범위로서 Sat_043이 가장 높았으며, SOYHSP176이 가장 낮았고 평균 0.711이었다. Brown-Guedira *et al.*(2000)은 북미 콩 품종 18개의 교배친과 도입종 87개에 대하여 3개의 SSR 마커(Satt002, Satt006 및 Satt080)로 분석한 유전적 다양성은 각각 0.41, 0.62 및 0.73이라고 하였다. Yoon *et al.*(1998)은 한국 재래콩 23종, 중국 재래콩 19종 및 일본 재래콩 19종을 SSR 마커 5개로 유전적 다양성을 분석한 결과, 한국 재래콩이 0.809, 중국 재래콩이 0.789 및 일본 재래콩이 0.761이었으며 평균 유전적 다양성은 0.786으로 비교적 높다고 하였다. Navel *et al.*(2000)은 미국의 콩 엘리트 계통 30개와 도입종 40개의 SSR 다양성의 비교에서 엘리트 계통은 0.50이었고 도입종은 0.56이라고 하였다. Tanya *et al.*(2001)는 한국 콩 5품종, 태국 콩 8품종 및 야생 콩 3종에 대한 SSR 20개 마커의 유전적 다양성은 0.48~0.85의 범위이며, 평균 0.72이라고 하였다. 최근까지 국내외에서 육성된 품종들에 대한 SSR 분석에 관한 연구보고가 많지 않으나 위의 보고들과 비교하여 볼 때 우리나라 콩 육성품종들의 SSR 마커에 의한 유전적 다양성은 평균 0.711로서 비교적 높은 것으로 생각된다.

유사도 계수 0.81을 기준으로 육성품종 91개의 군집분석을 한 dendrogram은 그림 1과 같으며 분류된 품종은 표 4와 같다. 품종 1개만으로 그룹을 형성한 검정콩 4호를 제외하고 90개 품종이 7개 그룹으로 분류되었는데, I 그룹에 26품종(28.8%), II 그룹에 6품종(6.6%), III 그룹에 2품종

Table 3. Number of alleles, range of allele size and polymorphic information content (PIC) of 20 SSR loci in Korean soybean cultivars.

No.	Primer	Linkage group	No. of alleles	Range of allele size (bp)	PIC Value
1	Sat_022	D2	13	208-264	0.886
2	Sat_036	D1a	15	130-210	0.875
3	Sat_043	K	15	138-172	0.905
4	Sat_088	G	11	128-164	0.832
5	Satt001	K	9	82-121	0.799
6	Satt038	G	6	153-191	0.739
7	Satt042	A1	4	154-170	0.673
8	Satt045	E	10	123-150	0.790
9	Satt055	K	8	78-144	0.811
10	Satt070	B2	6	144-174	0.770
11	Satt100	C2	9	115-167	0.808
12	Satt142	H	4	150-159	0.504
13	Satt253	H	5	134-146	0.671
14	Satt262	O	4	218-236	0.550
15	Satt440	I	6	160-210	0.666
16	Satt477	O	3	134-155	0.447
17	Satt524	C1	5	160-200	0.637
18	Satt532	D1a	7	157-175	0.821
19	Satt565	C1	5	163-186	0.604
20	SOYHSP176	F	4	108-128	0.424
	Average	-	7.5	-	0.711

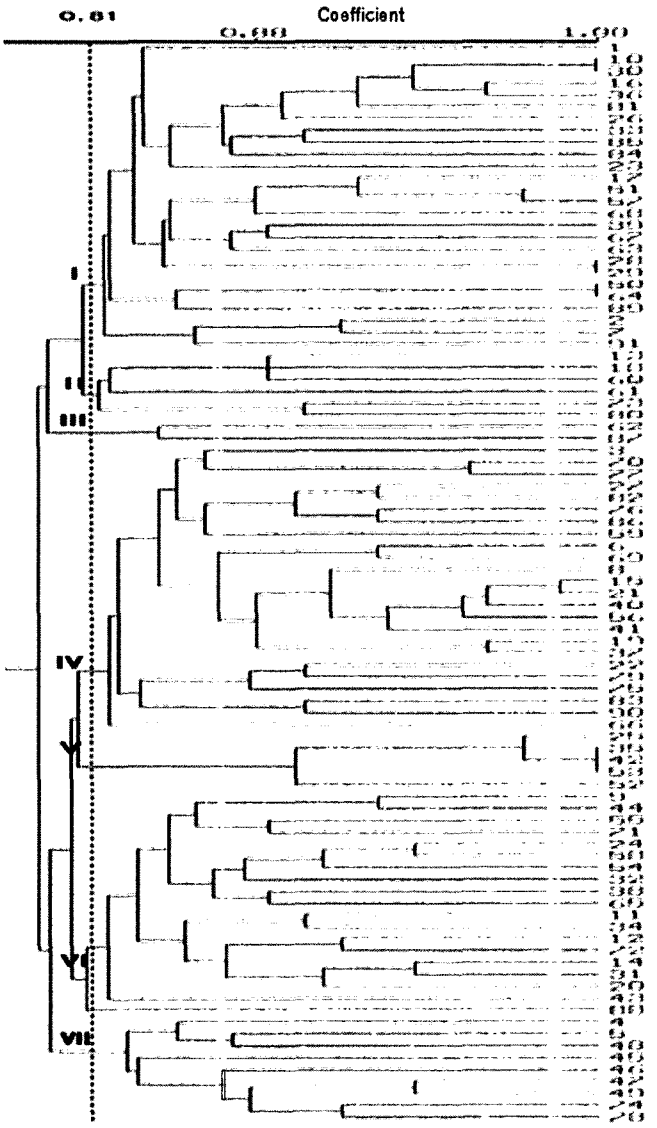

Fig. 1. A UPGMA dendrogram based on genetic distance among Korean soybean cultivars. Numbers in right side of the figure are the entry numbers in Table 4.

(2.2%), IV 그룹에 24품종(26.6%), V 그룹에 5품종(5.5%), VI 그룹에 18품종(19.8%), 그리고 VII 그룹에 9품종(9.9%)이 포함되었다. I, IV 및 VI 그룹에 품종 전체의 75%정도가 속하였고, II, V 및 VII 그룹에는 각각 10% 이하의 품종들이, 그리고 III 그룹에 가장 적은 수의 품종들이 속하였다.

분류된 그룹 내 및 그룹 간의 유전적 다양성과 유연관계는 표 5와 같다. 그룹 내의 유전적 다양성은 0.140～0.600으로 평균 0.455이었는데, I 그룹이 가장 높았고 다음으로 IV 그룹과 VI 그룹이 높았으며 V 그룹이 가장 낮았다. 그룹 간의 유전적 거리는 0.171～1.266로 평균 0.552이었으며 III 그룹과 V 그룹이 가장 가까웠고, IV 그룹과 V 그룹이 가장 멀었다.

육성년대별 유전적 다양성과 유연관계

표 4의 그룹 내 품종을 육성년대별로 분류한 결과는 표 6과 같다. 본 연구에 이용된 품종의 약 48%정도는 1990년대에 육성되었으며, 1980년대 이전에 육성된 품종이 약 36%, 그리고 2000～2002년에 육성된 품종은 16%정도이었다. 육성년대가 1969년 이전인 품종들은 I, IV, VI 및 VII 그룹에 분포하였고, 1970년대에 육성된 품종들은 III, V 및 VII 그룹을 제외한 나머지 그룹에 분포하였다. 육성년대가 1980년대인 품종들은 주로 I, IV, VI 그룹에 속하였고, II 그룹과 V 그룹에 각각 1품종이 속하였으며, III과 VII 그룹에는 포함되지 않았다. 육성년대가 1990년대인 품종들은 모든 그룹에 속하였으나 I, IV 및 VI 그룹에 속하는 품종들이 많았다. 한편, 2000년대에 육성된 품종들은 V 와 VI 그룹을 제외한 모든 그룹에 속하였다.

육성년대별로 구분한 콩 품종 90개(검정콩4호 제외)의 SSR 마커에 의한 그룹 내 및 그룹 간의 유전적다양성과 유연관계는 표 7과 같다. 육성년대별로 유전적 다양성은 1970년대가 가장 낮았으며, 1969년 이전과 1980년대는 서로 비슷하였으며, 1990년대가 가장 높았고, 2000～2002년은 1990년대보다 낮았다. 육성년대로 보아 1980년대 이전 보다 1990년대 이후에 육성된 품종들이 유전적 다양성이 높아졌는데 이는 1980년대 중반 이후 수입개방화에 따른 용도의 다양화와 품질 고급화가 품종육성의 목표로 설정되면서 다양한 품종들이 개발되었기 때문인 것으로 생각된다.

육성년대별 간 유전적거리는 0.163～0.606의 범위였는데, 1990년대와 다른 육성년대와의 유전적 거리가 멀었으며, 그 외의 육성년대 간에는 유전적 거리가 가까운 경향이었다. 유전적 거리는 1990년대와 1970년대 간에 가장 멀었고, 1970년대 이전과 2000년대 간의 유전적 거리는 매우 가까웠다.

용도별 유전적 다양성과 유연관계

표 4의 그룹별 품종을 용도별로 분류한 결과는 표 8과 같다. 올콩은 조숙성 종실용으로 육성되었으나 미이라 병으로 인한 종실의 품질 저하가 심하여 생태형이 비슷한 풋콩용으로서 많이 이용되기 때문에 풋콩과 같은 그룹으로 분류하였다. 장류 및 두부용콩은 III 그룹을 제외한 모든 그룹에 속하였는데 I, IV 및 VI 그룹에 전체 장류 및 두부용콩 품종의 78%가 속하였다. 나물콩은 IV 그룹에 16품종이 포함되어 전체 나물콩 품종의 64%가 속하였다. 밥밑콩은 I 그룹에

Table 4. List of Korean soybean cultivars in 7 groups classified by cluster analysis based on SSR markers.

Cluster	Cultivar			No. of cultivars
I	Jangdanbaekmok (1*) Kwangkyo (10) Jangkyeongkong (30) Jangyeobkong(16) Taekwangkong (36) Jangwonkong (81) Pokwangkong (26) Mallikong (33) Jinmikong (85)	Hojangkong (84) Saealkong (23) Hwangkeumkong (17) Jinpumkong (51) Geomjeongkong 2 (57) Seunheukkong (68) Geomjeongkong 1 (39) Sodamkong (67) Daewonkong (63)	Namhaekong (28) Muhankong (29) Geomjeongolkong (50) Ilpumgeomjeongkong (64) Cheongjakong (89) Buseok (2) Kwangdu (7) Heukcheongkong (91)	26
II	Dongpuktae (13) Namcheonkong (18) Jinpumkong 2 (60)	Pungsannamulkong (61) Jinyeulkong (73) Geomjeongkong 3 (80)		6
III	Tawonkong (62) Dachaekong (87)			2
IV	Iksan (3) Sohokong (70) Saebyeolkong (77) Eunhakong (27) Anpyeongkong (82) Doremikong (76) Dagikong (86) Alchankong (59)	Haman (6) Paldonamulkong (69) Hill (8) Danyeobkong (15) Pangsakong (21) Kwangankong (40) IIksannamulkong (56) Danbaegkong (41)	Jangbaegkong (19) Bukwangkong (37) Baegunkong (22) Daepungkong (79) Songhakkong (75) Seonamkong (83) Solokkong (90) Somyeongkong (66)	24
V	Dankyeongkong (25) Shinpaldalkong (35) Duyoukong (42)	Keumkangkong (53) Hannamkong (52)		5
VI	Shelby (9) Pureunkong (44) Sobaegnamulkong (55) Ilmikong (71) Paldalkong (24) Dajangkong (58)	Myeongjunamulkong (54) Jangsukong (32) Sinpaldalkong 2 (38) Jangmikong (65) Bongeui (11) Samnamkong (34)	Kanglim (12) Sowonkong (72) Baegcheon(14) Danwonkong (31) Milyangkong (20) Soyangkong (43)	18
VII	Chungbukbaek (4) Keumkangdaelip (5) Seokyangputkong (48)	Seunnokkong (45) Hwasongputkong (46) Hwaeomputkong (47)	Saeolkong (49) Daehwangkong (74) Sinlokkong (78)	9

*Numbers in right side of Table are the entry numbers in Fig. 1.

Table 5. Genetic diversity and relationship based on SSR markers within a cluster (on diagonal) and between clusters (below diagonal) in Korean soybean cultivars.

Cluster	I	II	III	IV	V	VI	VII
I	0.600						
II	0.585	0.511					
III	0.663	0.285	0.300				
IV	0.715	0.682	0.692	0.560			
V	0.817	0.367	0.171	1.266	0.140		
VI	0.630	0.357	0.420	0.684	0.587	0.560	
VII	0.713	0.208	0.426	0.658	0.735	0.212	0.513

Table 6. Number of cultivars classified by released periods and cluster groups based on SSR markers in Korean soybean cultivars.

Cluster	Released periods					No. of cultivars
	Released before 1969	Released in 1970s	Released in 1980s	Released in 1990s	Released from 2000 to 2002	
I	4	1	6	11	4	26
II	-	1	1	3	1	6
III	-	-	-	1	1	2
IV	3	1	4	9	7	24
V	-	-	1	4	-	5
VI	1	3	4	10	-	18
VII	2	-	-	5	2	9
No. of cultivars	10	6	16	43	15	90

Table 7. Genetic diversity and relationship based on SSR markers within cultivar group (on diagonal) and between cultivar groups (below diagonal) classified by time period of release in Korean soybean cultivars.

Groups	Released before 1969	Released in 1970s	Released in 1980s	Released in 1990s	Released from 2000 to 2002
Released before 1969	0.659				
Released in 1970s	0.163	0.576			
Released in 1980s	0.210	0.295	0.649		
Released in 1990s	0.530	0.606	0.448	0.706	
Released from 2000 to 2002	0.320	0.179	0.293	0.411	0.665

Table 8. Number of cultivars classified by utilization type and cluster groups based on SSR markers in Korean soybean cultivars.

Cluster	Utilization type				No. of cultivars
	Soy sauce & tofu	Bean sprout	Cooking with rice	Vegetable & early maturity	
I	18	1	6	1	26
II	3	1	2	-	6
III	-	2	-	-	2
IV	8	16	-	-	24
V	4	1	-	-	5
VI	14	4	-	-	18
VII	4	-	-	5	9
No. of cultivars	51	25	8	6	90

많이 분포하였으며, II 그룹에는 2품종이 속하였다. 풋콩 및 올콩은 VII 그룹에 많이 속하였고, I 그룹에 1 품종이 속하였다.

용도별로 분류하였을 때 SSR 분석에 의한 그룹 내 및 그룹 간의 유전적다양성과 유연관계는 표 9와 같다. 용도별 그룹내의 유전적 다양성은 0.514~0.691의 범위로 평균 0.609이었다. 그룹내의 유전적 다양성은 장류 및 두부용콩이 가장 높았으며, 다음으로 나물콩이 높았고, 밥밑콩과 풋

콩 및 올콩은 낮았다. 장류 및 두부용콩과 나물콩이 높았던 것은 우리나라에서 이들 두 용도가 매우 중요하여 육성된 품종이 많았고, 육종목표의 변천에 따른 품종의 다양화에 기인한 것으로 생각된다. 밥밑콩과 풋콩 및 올콩은 유전적 다양성이 낮은 것은 지금까지 육성된 품종의 수가 적기 때문인 것으로 생각된다.

용도별 그룹간의 유전적 거리는 0.307~0.841의 범위로 평균 0.558이었다. 그룹간의 유전적 거리는 장류 및 두부용콩과 풋콩 및 올콩간이 가장 멀었으며, 다음으로 나물콩과 풋콩 및 올콩간이 멀었다. 장류 및 두부용콩과 나물콩 간의 유전적 거리는 0.563, 나물콩과 밥밑콩 간의 유전적 거리는 0.542이었으며, 밥밑콩과 풋콩 및 올콩은 유전적 거리가 가장 가까웠다. 용도별 내의 범위(0.514~0.691)보다 용도별 간의 유전적 거리의 범위(0.307~0.841)가 더 크다는 것은 SSR에 근거하여 육성품종들의 유전적 기반의 유사도가 각 용도별 그룹 내보다는 용도별 그룹 간이 더 적다는 것을 의미한다. 이는 각 용도별 품종 육성에 이용된 교배친들이 다르기 때문에 예상되는 결과이다.

장류 및 두부용콩과 나물콩은 풋콩 및 올콩과는 유전적거리가 매우 멀었는데 이는 두 용도별 간에 육종적으로 이용될 수 있는 유전자원이 서로 간에 제한적이기 때문일 것이다. 우리나라에서 장류 및 두부용콩과 나물콩은 풋콩 및 올콩과의 큰 차이가 성숙기의 차이이다. 일반적으로 풋콩 및 올콩품종은 조생종으로 여름콩이고, 장류 및 두부용콩과 나물콩은 중만생종으로 가을콩이다. 이러한 생태적 특성의 뚜렷한 차이는 용도별로 육종에 효율적으로 활용될 수 있는 유전집단이 서로 다르다.

육성모지별 유전적 다양성과 유연관계

표 4의 결과와 육성모지(수원, 밀양 및 익산)에 따라 분류한 결과는 표 10과 같다. 육성모지는 작물과학원에서 육성된 품종은 수원으로, 영남농업연구소에서 육성된 품종은 밀양으로, 호남농업연구소에서 육성된 품종은 익산으로 표기하였다. 그룹분류에서 제외된 검정콩4호와 경기도 농업기술원에서 개발된 화성풋콩, 강원도 농업기술원에서 개발된 소양콩과 흑청콩은 분석에서 제외하였다. 수원에서 육성된 품종들은 모든 그룹에 분포하였으며 I 그룹에 가장 많이 속하였고, 다음으로 IV와 VI 그룹에 많이 속하였으며, III 그룹과 V 그룹에는 각각 1품종이 속하였다. 밀양 육성 품종들도 모든 그룹에 속하였으며 VI 그룹에 많이 속하였고, II 그룹과 III 그룹에는 각각 1품종씩 속하였다. 익산 육성 품종들은 전체 11품종 중에서 IV 그룹에 8품종이 속하여 73%

Table 9. Genetic diversity and relationship based on SSR markers within cultivar group (on diagonal) and between cultivar groups (below diagonal) classified by utilization type in Korean soybean cultivars.

Utilization type	Soy sauce & tofu	Bean sprout	Cooking with rice	Vegetable & early maturity
Soy sauce & tofu	0.691			
Bean sprout	0.563	0.638		
Cooking with rice	0.608	0.542	0.591	
Vegetable & early maturity	0.841	0.791	0.307	0.514

Table 10. Number of cultivars classified by breeding sites and cluster groups based on SSR markers in Korean soybean cultivars.

Cluster	Breeding sites			No. of cultivars
	Suwon	Milyang	Iksan	
I	18	5	2	25
II	4	1	1	6
III	1	1	-	2
IV	12	4	8	24
V	1	4	-	5
VI	10	7	-	17
VII	5	3	-	8
No. of cultivars	51	25	11	87

Table 11. Genetic diversity and relationship based on SSR markers within cultivar group (on diagonal) and between cultivar groups (below diagonal) classified by breeding sites in Korean soybean cultivars.

Breeding sites	Suwon	Milyang	Iksan
Suwon	0.694		
Milyang	0.518	0.695	
Iksan	0.649	0.417	0.640

가 포함되었으며 I와 II 그룹에 각각 1~2품종이 속하였다.

SSR 분석에 의한 육성모지별 내 및 육성모지별 간의 유전적다양성과 유연관계는 표 11과 같다. 육성모지별 내의 유전적다양성(0.640~0.695)은 품종 전체의 평균 유전적다양성(0.711)보다 낮았다. 익산이 수원과 밀양보다 다소 낮았으나 육성모지별로 큰 차이가 없었다. 육성모지 간의 유전적 거리는 평균 0.528이었는데, 수원과 익산 간이 가장 멀었고, 수원과 밀양 간은 중간정도 이었으며, 밀양과 익산 간이 가장 가까웠다. 육성모지 간 유연관계의 차이는 유전자원의 상호 교환의 차이 또는 각 육성모지별로 육종목표의 차이에 따라 이용되는 육종재료가 같거나 다르기 때문 일 것이다.

친연계수(coefficient of parentage, CP)에 근거하여 미국-캐나다의 콩 품종은 유전적 다양성이 낮았고(Gizlice *et al.*, 1993), 중국(Cui *et al.*, 2000) 및 일본(Zhou *et al.*, 2002)의 콩 품종은 유전적 다양성이 높았다. 또한 Jong *et al.*(1999)은 1998년까지 한국에서 개발된 콩 75품종을 CP에 근거하여 분석한 결과 유전적 다양성이 높다고 하였다.

분자마커를 이용하여 분석한 유전적 다양성은 재료의 종류, 마커의 종류와 수 및 다형성 밴드의 판단에 의하여 달라진다(Cansian & Echeverrigarary, 2000). 본 연구의 결과로 볼 때 SSR 분석에 근거한 한국 콩 품종들의 유전적 다양성은 비교적 높다. 1913년부터 2002년까지 국내에서 육성된 91개 품종들의 평균 유전적다양성은 0.711이었고, 분류된 7개 그룹의 유전적 다양성은 최저 0.140~최고 0.600의 범위이었다. 그룹별 간 유전적거리는 그룹 내의 평균보다 높았고 그 범위는 더 컸다. 또한 육성년대, 용도 및 육성모지 별로 유전적다양성의 차이가 있으며 상호간에 유전적거리가 다르게 나타나고 있다. Zhou *et al.*(2002)은 콩 품종들의 유전적 다양성 유지에 육종에 이용되는 유전집단들에 대한 DNA마커 분석이 효율적으로 이용될 수 있을 것이라고 하였다.

이상의 결과로 보아 콩 품종들의 다양성을 유지하기 위해서는 분자마커를 이용하여 얻은 정보로 유전적 유연관계를 판단하여 서로 가까운 품종들의 교배친 이용을 피하고, 계속하여 새로운 유전자원을 발굴하여 육종재료로 이용하여야 할 것이다.

적 요

우리나라에서 1913년부터 2002년까지 육성된 콩 91개 품종에 대하여 SSR 마커를 이용하여 유전적 다양성을 평가하고 유연관계를 분석한 결과를 요약하면 다음과 같다.

1. Primer 20개를 이용하여 분석한 결과 총 149개의 대립인자가 확인되었고, 각 유전좌별로 최소 3개(Satt477)에서 최대 15개(Sat_036, Sat_043)의 대립인자가 확인되었으며, primer당 평균 7.5개였다.

2. 우리나라 콩 육성품종들의 유전적 다양성은 0.424~0.905의 범위로 평균 0.711이었고, Sat_043가 0.905로 가장 높았고 SOYHSP176가 0.424로 가장 낮았다.

3. 비가중 평균 결합법에 의한 군집분석에서 90개 품종(검정콩 4호 제외)이 7개 그룹으로 분류되었으며, I 그룹은 26품종(28.6%), IV그룹은 24품종(26.4%) 및 VI그룹은 18품종(19.8%)이 속하는 큰 그룹이었다.

4. 유전적 다양성은 육성년대별로 1970년대(0.576)에 육성된 품종이 가장 낮았고, 1990년대(0.706)에 육성된 품종들이 가장 높았고, 용도별로는 장류 및 두부용콩 품종들이 가장 높았고(0.691), 풋콩 및 올콩 품종들이 가장 낮았으며(0.514), 육성모지별로는 큰 차이가 없었다.

5. 유전적거리는 육성년대 별로는 1969년 이전과 1970년대에 육성된 품종 간에 가장 가까웠고, 1970년대와 1990년대 육성된 품종 간에는 가장 멀었다. 용도별로는 장류 및 두부용콩 품종과 풋콩 및 올콩 품종 간에 가장 멀었고, 밥밑콩 품종과 풋콩 및 올콩 품종 간이 가장 가까웠다. 육성모지별 간에는 수원과 익산에서 육성된 품종 간에 멀었고, 밀양과 익산에서 육성된 품종 간에는 가까웠다.

사 사

본 논문은 2005년도 충북대학교 학술연구지원 및 농촌진흥청 바이오그린 21 지원 사업에 의하여 연구되었음.

인용문헌

Baek, I.Y., D.C. Shin, G.H. Park, H.T. Kim, and H.S. Suh, Y.H Kim, Y.J. Oh. 1997. *Genetic diversity* in Glycine species based on morphological characters. Kor. J. Breed. 29(2) : 249-257.

Bommi, P. and D.L. Ferguson. 2005. Soybean cultivar identification within a selected group using only an agarose gel system with simple sequence repeat DNA markers. Soybean Genetics Newsletter 32 : 1-5.

Brown-Guedira, G.L., J. A. Thompson, R. L. Nelson, and M. L. Warburton. 2000. Evaluation of genetic diversity of soybean introductions and North American ancestors using RAPD and SSR markers. Crop Sci. 40 : 815-823.

Cansian, R. L. and S. Echeverrigaray. 2000. Discrimination among cultivars of cabbage using randomly amplified polymorphic DNA markers. Hort Sci. 35(6): 1155-1158.

Cho, Y.G., T. Ishii, S. M. Temnykh, X. Chen, L. Lipovich, S.R. McCouch, W.D. Park, N. Ayres, and S. Cartinhour. 2000. Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GeneBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 100 : 249-257.

Cregan, P.B., T. Jarvik, A. L. Bush, R. C. Shoemaker, K. G. Lark, A. L. Kahler, N. Kaya, T.T. VanToai, D. G. Lohnes, J. Chung, and J. E. Specht. 1999. An integrated genetic linkage map of the soybean genome. Crop Sci 39 : 1464-1490.

Cui, Z., T.E. Carter, and J.W. Burton. 2000. Genetic diversity patterns in Chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage. Crop Sci. 40 : 1780-1793.

Gizlice, Z., T.E.Carter, and J.W. Burton. 1993. Genetic diversity in North American soybean : I. multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. Crop Sci. 33 : 614-620.

Gizlice, Z., T.E. Carter, T.M. Gerig, and J.W. Burton. 1996. Genetic diversity patterns in North American public soybean cultivars based on coefficient of parentage. Crop Sci. 36 : 753-765.

Han, O., J. Abe, and Y. Shimamoto. 1999. Genetic diversity of soybean landraces in Korea. Korean J. Crop Sci. 44(3) : 256-262.

Hwang, Y.H. 2004. Historical review on soybean cultivation in korea. International Symposium on the development of Functional Soybean Varieties, New Materials, Medicine, and Foods. 1-29. Kyungbuk National University.

Jong, S.K., H.S. Kim, and S.Y. Son. 1999. Genetic diversity using pedigree analysis in Korean soybean varieties. Korean J. Breed. 31(4) : 313-322.

Jung, H.S., K. Van, M.Y. Kim, and S.H. Lee. 2004. Identification of DNA using AFLP and SSR markers in soybean somaclonal variants. Korean J. Crop Sci. 49(1) : 69-72.

Kim, M.S., M. J. Park, J. G. Hwang, S. H. Jo, M. S. Ko, I. M. Chung, and J. I. Chung. 2004. Identification of quantitative trait loci associated with isoflavone contents in soybean seed. Korean J. Crop Sci. 49(5) : 69-72.

Narvel, J.M., W.R. Fehr, W.C. Chu, D. Grant, and R.C. Shoemaker. 2000. Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions and elite genotypes. Crop Sci. 40 : 1452-1458.

Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 70(12) : 3321-3323.

Park, K.Y., Y. H. Lee, S. D. Kim, and E. H. Hong. 2000. Review and future planning for soybean breeding in Korea. Korea Soybean Digest. 17(1) : 13-26.

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.

Tatineni, V., R.G. Cantrell, and D.D Davis. 1996. Genetic diversity in elite cotton germplasm determinated by morphological characteristics and RAPDs. Crop Sci. 36 : 186-192.

Tanya, P., P. Srinives, T. Toojinda, A. Vanavichit, B.K. Ha, J.S. Bae, J.K. Moon, and S.H. Lee. 2001. Evaluation of genetic diversity among soybean genotypes using SSR and SNP. Korean J. Crop Sci. 46(4) : 334-340.

Weising, K., P. Winter, B. Hüttel, and G. Kahl. 1998. Microsatellites marker for molecular breeding. J. of Crop Production 1(1) : 113-143.

Yeh, F.C., R.C. Yang, T.B.J. Boyle, Z.H. Ye, and J.X. Mao. 1997. POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Center, University of Alberta, Canada.

Yoon, M.S., Y.J. Park, J.H. Kang, H.J. Beak, M.S. Lim, J.S. Song, and Y.D. Rho. 1998. DNA Polymorphism and geographical genetic distance of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) landraces by microsatellite. Korean J. Breed. 30(2) : 192-198.

Zhou, X., E. Thomson, Jr. Carter, Z. Cui, S. Miyazaki, and J.W. Burton. 2002. Genetic diversity patterns in Japanese soybean cultivars based on cofficient of parentage. Crop Sci. 42 : 1331-1342.