

콩 종실 및 생육형질 연관 분자표지 탐색

김정순^{*,**,*} · 송미희^{**} · 이장용^{*} · 안상낙^{**†} · 구자환^{*‡}

*농촌진흥청 작물과학원 환경생명공학과, **충남대학교 농업생명과학대학 농학과
***농촌진흥청 농업생명공학연구원 유전자원과

QTL Analysis of Seed and Growth Traits using RIL Population in Soybean

Jeong-Soon Kim^{*,**,*}, Mi-hee Song^{**}, Janf-Yong Lee^{*}, Sang-Nag Ahn^{**†}, and Ja-Hwan Ku^{*‡}

^{*}Environmental & Biotechnology Division, National Institute of Crop Science, RDA, Suwon 441-100, Korea

^{**}Department of Agronomy, Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

^{***}Present address: Genetic Resources Division, National Institute of Agricultural Biotechnology, RDA, Suwon 441-707, Korea

ABSTRACT An RIL population from a Shinpaldalkong2/GC83006 cross was employed to identify quantitative trait loci (QTL) associated with agronomic traits in soybean. The genetic map consisted of 127 loci which covered about 3,000cM and were assigned into 20 linkage groups. Phenotypic data were collected for the following traits; plant height, leaf area, flowering time, pubescence color, seed coat color and hilum color in 2005. Seed weight was evaluated using seeds collected in 2003 to 2005 at Suwon and in 2005 at Pyeongchang and Miryang sites. Three QTLs were associated with 100-seed weight in the combined analysis across three years. Among the three QTLs related to seed weight, all GC83006 alleles on LG O ($R^2 = 12.5$), LG A1 ($R^2 = 10.1$) and LG C2 ($R^2 = 11.5$) increased the seed weight. A QTL conditioning plant height was linked to markers including Satt134 (LG C2, $R^2 = 25.4$), and the GC83006 allele increased plant height at this QTL locus. For two QTLs related to leaf area, *laM* on LG M ($R^2 = 10.0$) and *laL* on LG L ($R^2 = 8.6$), the Shinpaldalkong2 alleles had positive effect to increase the leaf area. Satt134 on LG C2 ($R^2 = 41.0$) was associated with QTL for days to flowering. Satt134 (LG C2) showed a linkage to a gene for pubescence color. Satt363 (LG C2) and Satt354 (LG I) were linked to the hilum color gene, and Sat077 (LG D1a) was linked to the seed coat color. The QTL conditioning plant height was in the similar genomic location as the QTLs for days to flowering in this population, indicating pleiotropic

effect of one gene or the tight linkage of several genes. These linked markers would be useful in marker assisted selection for these traits in a soybean breeding program.

Keywords : Soybean, SSR marker, QTL, morphological trait, RIL

콩(*Glycin max* L. Merr)은 세계에서 경제적으로 매우 중요한 작물 중의 하나로 최근 각종 식품으로서의 수요가 점차 증가하고 있어 양질의 콩은 부가가치가 높은 소득 작물로서 이용될 수 있다(Holt, 1997; Park *et al.*, 2000; Smith and Huyser, 1987; Sullivan, 2003).

콩에서 작성된 형태학, 생리학, 단백질 표지로 구성된 고전적 연관군지도는 20개 연관군에 위치하는 46 loci로 구성되며 그 유전적 거리는 약440cM 이다(Devine *et al.*, 1991; Muehlbauer *et al.*, 1989; Palmer and Kiang, 1990; Palmer *et al.*, 1992).

Keim *et al.*(1990)과 Brummer *et al.*(1997)이 중간교잡에서 유래한 나온 F₂ 개체군에서 150개의 RFLP 표지로 구성된 유전자지도를 작성하였다. Lee *et al.*(1997)은 72개의 RFLP 표지를 이용하여 18개 연관군으로 구성된 분자 유전자지도를 작성했고, Kim *et al.*(2000)은 7개의 RFLP, 79개의 RAPD, 24개의 SSR을 이용하여 푸른콩/진품콩2호의 교배에서 유래한 89 F₅ 계통을 이용하여 유전자지도를 작성하였다.

콩 유전자지도는 육종 연구에 널리 이용되어 왔으며 특히 분자표지를 이용하여 여러 작물학적 형질에 관여하는 QTL의 염색체 위치 및 그 특성 분석이 가능해졌다(Chung *et al.*

[†]Corresponding author: (Phone) +82-42-821-5728
(E-mail) ahnsn@cnu.ac.kr

[‡]Corresponding author: (Phone) +82-31-290-6785
(E-mail) kooch@rda.go.kr <Received December 5, 2007>

al., 2003; Lark *et al.*, 1994; Lee *et al.*, 1996a; Keim *et al.* 1990; Keim *et al.*, 1996; Kim *et al.*, 2000; Shoemaker and Olson, 1993; Shoemaker and Specht, 1995; Specht *et al.*, 2001; Tasma *et al.*, 2001; Hoecka *et al.*, 2003).

Lee *et al.*(1996a)는 연관군 L에서 경장과 관련된 QTL을 탐지하였는데, 이 유전자좌는 경장 외에도 도복과 관련이 있으며 경장에 대한 전체 변이의 67.7% 그리고 도복에 대한 전체 변이의 56.4%를 설명한다고 보고하였다. Noir/Minsoy 교배에서 유래한 RIL를 이용하여, Mansur *et al.*(1996)은 전체 변이의 31.6%를 설명하는 경장 QTL을 탐색하였다. Zhang *et al.*(2004)은 경장과 연관된 8개의 QTL을 탐지하였는데, 이 유전자 중 3개는 C2 연관군에 위치하고 있으며 전체 변이의 20% 이상을 설명한다고 하였다. 또한 그들 중 두 개는 매듭단위 꼬투리 수와 관련이 있음을 보고하였다.

Hartwing(1973)에 의하면 종실 크기는 두부, Natto, 된장, 그리고 Edamame 등 특화된 콩 식품 생산에 있어 중요한 특성이며, 콩의 종실 크기는 양적으로 유전되고 종실 무게가 40~550 mg의 큰 변이를 보였다고 보고하였다.

Lee(2001)는 콩의 양적형질 중 개화기에 관련된 QTL을 연관군 C2, J, L, M 및 O에서 확인하여 보고하였다.

특히, 콩 종실 무게에 관련된 QTL에 관한 보고는 다양하며, 콩 종실에 관련된 QTL은 전체적으로 12개의 연관군(A2, B1, B2, C2, D2, G, H, J, K, L, M, O)에 분포하며 10% 내외의 변이를 갖는 것으로 보고되었다(Liu *et al.*, 2007; Maughan *et al.*, 1996; Mian *et al.*, 1996; Watanabe *et al.*, 2004; Zhang *et al.*, 2004).

Lee *et al.*(1996a)은 USDA가 개발한 Soybean 계통을 이용하여 연관군 A2, B1, C1, D1, F, H, J, L 중 경장에 관련된 D1 연관군이 L연관군과 깊은 관련이 있음을 보고 하였다.

또한 종피의 색깔을 조절하는 유전자로 알려진 *T*, *W1*, *I*, *R*, *O* 및 꽃색깔을 조절하는 *W1*, *W3*, *W4*, *Wm*, *Wp*의 5개의 유전자, 모용색을 조절하는 *T*, *Td*의 2개의 유전자가 연관되어 있음을 보고하였다(Palmer and Kilen, 1987; Stephens and Nickel, 1992).

본 실험은 병해충과 도복에 강하며 종자의 크기가 중립인 신탄달콩2호와 풋콩용으로 대립 특성을 가졌으나 도복 등에 약한 GC83006의 교잡에서 얻어진 Recombinant Inbred Lines(RILs)를 이용하여 기존에 보고된 콩의 양적, 질적 형질과 관련된 QTL과의 차이를 분석하고 종실 및 생육 관련 형질에 관여하는 새로운 유전자좌(QTLs)를 탐색하여 콩 품종의 육성에 필요한 기초 자료를 제공하고자 실시하였다.

재료 및 방법

공시 재료 및 육성

본 연구는 병저항성, 도복저항성, 그리고 수량성이 높은 장려품종인 신탄달콩2호와 아시아채소개발연구소(AVRDC)에서 도입한 풋콩용 육종 재료로 종피색이 푸르고 100립중이 무거운 GC83006을 교배하여 선발 없이 F₇까지 1개체 1계통 육종법으로 진전시킨 후 증식한 181 계통 중에서 임의로 농업적 특성이 우수한 116 계통을 선발하였다(So *et al.*, 2001).

선발 계통을 2002년에는 수원에서 단작재배(5월 20일, 파종), 맥후작 파종(6월 20일, 파종)을 하였으며, 2003년 ~ 2004년에는 중부지역(수원), 남부지역(밀양), 고랭지지역(평창)에, 2005년에는 동일한 실험방법으로 작물과학원 환경생명공학포장에 파종하여 재배 및 관리는 표준재배법에 준하여 실시하였다.

생육관련 및 특성조사

2005년 수원 작물과학원 환경생명공학포장에 F₇ 계통을 파종하여 생육관련 형질을 조사하였다. 모용색의 조사 시기는 파종 후 36일에 조사하였고, 개화까지 일수는 계통 내의 개체 50%가 개화한 시점까지로 하였다. 엽면적은 개화가 끝난 후 콩의 꼬투리가 생긴 후에 상단에서 3번째 잎을 계통 당 3개체씩 엽면적 측정기(Leica, Li-3100)로 조사하여 평균치를 적용하였으며, 경장은 수확 직전에 계통 당 3개체를 조사하여 평균치를 적용하였다. 종피색과 제색은 자외선을 차단 후 실내에서 조사하였고, 100립중은 연차별 수확한 종자의 평균치를 적용하였다.

Genomic DNA 추출 및 SSR 분석

계통별 집단으로 식물체에서 채취한 어린잎을 동결건조 하여 초저온고에 보관하였으며 필요시 일정량을 액체 질소를 이용하여 막자사발로 곱게 마쇄한 후, Murray and Thompson (1980)이 보고한 CTAB extraction method을 변형하여 genomic DNA를 추출 정제하였다.

SSR 분석에 사용된 primer들은 SoyBase(<http://129.186.26.94/>)에서 제공한 정보를 이용하여 국내(<http://www.bioneer.co.kr/>)에서 합성하여 이용하였다. PCR 증폭은 각 primers 별로 annealing 온도는 다르지만 95°C 5 min, 94°C 30 sec, 42°C ~ 57°C에서 30 sec, 72°C 30 sec의 cycle을 35회 반복하고, 72°C 10 min 처리 후, 5%(w/v)의 polyacrylamide gel에 전기 영동하여 silver staining으로 확인하였다.

유전자지도 작성 및 QTL 분석

신팔달콩2호와 GC83006 조합에서 육성된 F₇ 계통을 이용하여, 양친 간 다형성을 보이는 총 127개의 분자마커를 사용하여 유전자지도를 작성하였다.

SSR 표지인자의 연관분석은 MAPMAKER 3.0 프로그램 (Lander *et al.*, 1987)을 이용하였다. 표지인자 간의 유전적 거리는 Kosambi centiMorgans(cM)으로 표시하였고, 순서는 LOD>2.0을 이용하여 배열하였다. SSR 마커별 유전자형과 측정된 형질간의 관계를 결정하기 위해서 QTLs 분석을 실시하였다. QTL 분석은 Q-Gene 프로그램(Nelson, 1997)을 이용하였으며, 한 개의 표지인자에서 두 유전자형간의 표현형 값의 차이가 P≤0.001 수준에서 유의성이 인정될 경우, 인접한 두개의 표지 인자에서 P≤0.01 수준에서 유의성이 인정될 경우, 혹은 인접한 3개의 표지인자에서 P≤0.05 수준에서 유의성이 인정될 경우에 목표형질에 관여하는 QTL이 존재한다고 가정하였다.

탐지된 QTL(유전자)의 명명은 개화까지의 일수(*df*: day to flowering), 엽면적(*la*: leaf area), 경장(*ph*: plant height), 100립중(*sw*: seed weight), 모용색(*pc*: pubescence color),

종피색(*scc*: seed coat color), 제색(*hc*: hilum color)의 뒤에 연관군과 탐색된 순서를 표기하였다.

결과 및 고찰

SSR 마커의 다형성 및 유전자지도 작성

총 180개의 SSR 마커를 양친의 다형성 검정에 이용되었는데, 이 중 127개(70.5%)의 마커가 양친 간 다형성을 보였다(Fig. 1). 다형성을 보인 127개의 마커를 유전자지도 작성에 이용하였다. Fig. 2는 다형화 현상을 나타낸 Satt005 마커를 이용한 계통의 유전자형 결과를 제시한 것이다.

양친간의 다형성을 보인 127개 marker는 20개의 연관군에 골고루 분포하였다. 연관군 별로 4~8개의 다양한 SSR 마커가 분포하였고, 이 중에서 가장 많은 연관군은 A2, B1, K, M, 그리고 N으로서 각각 8개였으며 J 연관군은 4개로 가장 낮았다(Table 1).

형질 변이

RIL F₇ 계통을 이용하여 종실, 100립중, 경장, 엽면적, 개

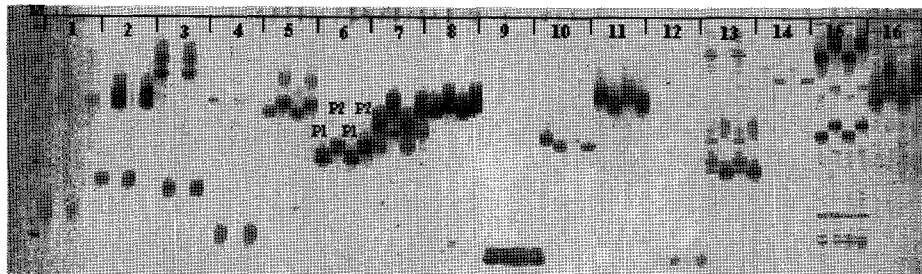


Fig. 1. Parental survey using SSR markers. The PCR products were electrophoresed on a 6% polyacrylamide denaturing gel and visualized by silver staining (P₁, Shinpaldalkong2; P₂, GC83006; 1-16, SSR primer sets of soybean; M, 100 bp ladder DNA marker).

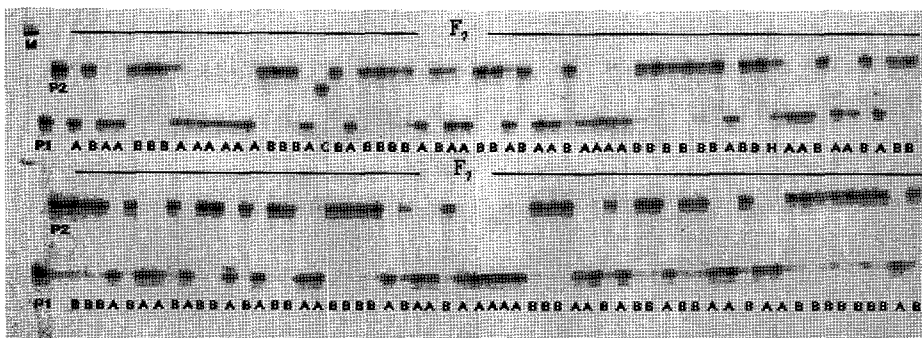


Fig. 2. Segregation of SSR fragments amplified with a primer Satt005 in the RIL population in soybean. The PCR products were electrophoresed on a 6% polyacrylamide denaturing gel and visualized by silver staining (P₁, Shinpaldalkong2; P₂, GC83006; M, 100 bp ladder DNA marker).

화까지의 일수, 모용색, 제색, 종피색 등 생육 관련형질들을 조사하였다.

양적형질인 100립중 등 4개 형질의 분포도를 Fig. 3에 제시하였는데, 모든 형질은 정규분포를 보였다. 100립중에서 신평달2호와 GC83006은 각각 22 g와 34 g이었고, F₇ 계통은 정규분포를 보였으며 양친의 값을 벗어나는 초월변이 계통은 관찰되지 않았다. 개화까지의 일수는 양친인 신평달2호와 GC83006이 각각 41일과 42일로 유사하였으며, F₇ RIL 중에서는 개화가 지연되는 쪽으로 초월변이 계통이 다

수 관찰되었다. 경장은 신평달2호와 GC83006의 값이 각각 61과 64cm로 유사하고 F₇ RIL 중에서 양친의 값보다 크거나 작은 초월변이 계통이 다수 관찰되었다. 엽면적은 신평달2호와 GC83006이 각각 65 cm² 및 85 cm²이었으며, F₇ RIL 중에서는 엽면적이 125 cm² 이상인 초월변이 계통이 27개였다.

질적형질인 모용색, 제색 그리고 종피색을 양친 및 F₇ RIL에서 조사하였다. 모용색은 양친인 신평달콩2호와 GC83006이 각각 회색과 갈색을 보였으며, F₇ RIL에서는 각각 66개 및 50개 계통이 회색과 갈색을 보였다. 이 분리는 1 : 1에 적합하며($X^2 = 2.2, 0.05 < p < 0.01$) 모용색은 1개의 유전자가 관여하는 것으로 판단된다. 종피색은 양친인 신평달콩2호와 GC83006이 각각 황색과 녹색을 보였으며 F₇ RIL에서 종피색은 황색과 녹색 계통이 59 : 57의 분리비를 보였다. 이 분리의 비는 1 : 1에 적합하며($X^2 = 0.03, 0.5 < p < 0.9$) 종피색에는 하나의 유전자가 관여하는 것으로 판단된다. 제색은 양친인 신평달콩2호와 GC83006이 각각 흑색과 황색을 보였다. F₇ RIL에서는 흑색계통이 15개, 황색계통이 52개 그리고, 양친과는 다른 갈색 계통도 44개 관찰되었다. 신평달콩2호와 GC83006의 제색이 흑색과 황색인 것으로 보아 I 유전자좌에서 유전자형은 *ii*, *ii*로 판단되며 후대에서 양친과는 다른 제색을 가진 계통이 관찰된 것으로 보아 2개 이상의 유전자가 관여하는 것으로 판단되며 추후 검토가 요구된다.

콩에서 종피색은 최소한 3개의 유전자(I, R과 T)가 그리

Table 1. Number of markers per linkage group (LG) used for map construction and QTL analysis in the RIL population in soybean.

LG	No. of markers	LG	No. of markers
A1	6	F	7
A2	8	G	7
B1	8	H	5
B2	6	I	7
C1	5	J	4
C2	7	K	8
D1a	5	L	7
D1b	5	M	8
D2	7	N	8
E	6	O	6
Total			127

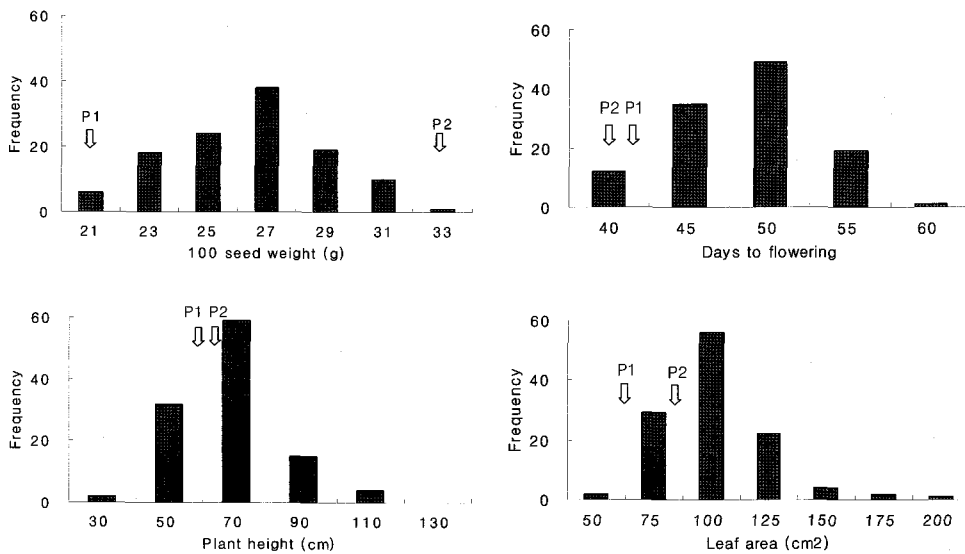


Fig. 3. Frequency distribution of four traits in the 116 F₇ lines of soybean with the parents, Shinpaldalkong2 and GC83006 (P1, Shinpaldalkong2; P2, GC83006).

고 모용색에는 2개의 유전자(T 와 Td)가 관여한다(Palmer & Kilen, 1987). 종피색에 관여하는 우성 유전자인 I 에는 4개의 대립유전자가 있는데, I 는 종피의 착색을 억제하여 황색의 종피색을 유도하며, i 는 종피의 착색을 유도한다. 다른 2개의 유전자인 i^j 와 i^k 는 배꼽(hilum) 등의 부분에 제한적인 착색을 유도하며, $I > i^j > i^k > i$ 의 우열관계가 존재하나, I 유전자가 종피색의 억제에 관여하는 분자학적 기능은 잘 밝혀지지 않고 있는 실정이다(Toda *et al.*, 2002).

본 연구에서 모용색은 1개 유전자가 관여하는 것으로 나타난 것으로 보아 GC83006과 신팔달콩의 모용색 유전자좌에서의 유전자형은 각각 TT , tt 로 추정된다(Palmer & Kilen, 1987). 종피색도 1개 유전자가 관여하는 것으로 판단되며, 이 결과는 Owen(1928)이 Mandarin/Green No. C₄ 조합의 F₂ 세대에서 녹색과 황색 종피색 개체가 3 : 1의 비율을 보여 종피색에는 1개의 유전자가 관여한다는 보고와 일치하며, 보고된 종피색 유전자인 $G2$ 혹은 $G3$ 등과 동일한 유전자인지는 추후 검토키가 요구된다(<http://soybeanbreederstoolbox.org>). 그리고 신팔달콩2호와 GC83006의 종피색이 황색과 녹색 그리고 제색이 흑색, 황색인 것으로 보아 I 유전자좌에

서 유전자형은 각각 $i^j i^j$ 및 ii 로 판단된다. 제색의 경우 후대에서 양친과는 다른 제색을 가진 계통이 관찰된 것으로 보아 이 유전자 외에도 다른 유전자가 관여하는지 혹은 dosage 효과 등에 의한 것인지는 추후 자세한 검토키가 요구된다.

QTL 분석

QTL 분석 결과는 Fig. 2와 Table 2에 나타난 바와 같이, 7개 형질에 대한 총 11개의 유전자좌(QTL)가 탐지되었으며, 형질 별 탐색된 QTL 수는 1~3개의 분포를 보였다. 개개의 QTLs는 전체변이의 8.6%(엽면적) ~ 57.8%(모용색)를 설명하였다.

100립중에 관여하는 3개의 QTLs가 탐지되었으며, 이는 각각 $O(swO)$, $A1(swA1)$, $C2(swC2)$ 연관군에 위치하였다. 탐지된 QTL, swO , $swA1$, $swC2$ 는 전체표현형 변이의 10.1% ~ 12.5%를 설명하였으며, 탐지된 모든 유전자좌에서 GC83006의 대립유전자가 100립중을 증가시켰다.

$C2(dtfc2.1)$ 연관군에서 개화일수에 관련된 1개의 QTL ($dtfc2.1$)이 탐지되었으며, $dtfc2.1$ 은 전체표현형 변이의 41.0%를 설명하였으며 GC83006의 대립유전자가 개화까지 일수

Table 2. QTLs for agronomic traits detected in an recombinant inbred lines in 2005.

QTL	LG	Marker	Increased effect [†]	LOD	R^2	Phenotypic mean [‡]		Allele [§] effect
						SS	GG	
<i>Day to flowering</i>								
<i>dtfc2.1</i>	C2	Satt134-Satt319	GC83006	11.91	41.0	41.9	49.2	3.65
<i>Leaf area</i>								
<i>laM</i>	M	Satt245	Shinpaldalkong2	2.23	10.0	96.4	82.9	-6.75
<i>laL</i>	L	Satt495	Shinpaldalkong2	2.11	8.6	96.1	82.0	-7.05
<i>Plant height</i>								
<i>phC2.1</i>	C2	Satt134-Satt319	GC83006	6.61	25.4	49.9	64.2	7.15
<i>phH</i>	H	Satt181	GC83006	2.28	8.7	53.5	61.7	4.10
<i>100 seed weight</i>								
<i>swO</i>	O	Satt653	GC83006	3.35	12.5	24.5	26.4	0.95
<i>swA1</i>	A1	Satt385	GC83006	2.63	10.1	24.5	26.2	0.85
<i>swC2</i>	C2	Satt371	GC83006	2.10	11.5	24.5	26.3	0.90
<i>Pubescence color</i>								
<i>pcC2</i>	C2	Satt134-Satt319	Shinpaldalkong2	19.49	57.8	1.86	1.10	-0.38
<i>Seed coat color</i>								
<i>sccD1a</i>	D1a	Satt077-Satt408	GC83006	16.82	50.5	1.12	1.83	0.35
<i>Hilum color</i>								
<i>hcC2</i>	C2	Satt363	Shinpaldalkong2	2.68	10.2	2.81	2.11	-0.7

[†]The source of the allele causing an increase in the trait.

[‡]SS, GG: Shinpaldalkong2 and GC83006 homozygotes, respectively.

[§](GG-SS)/2

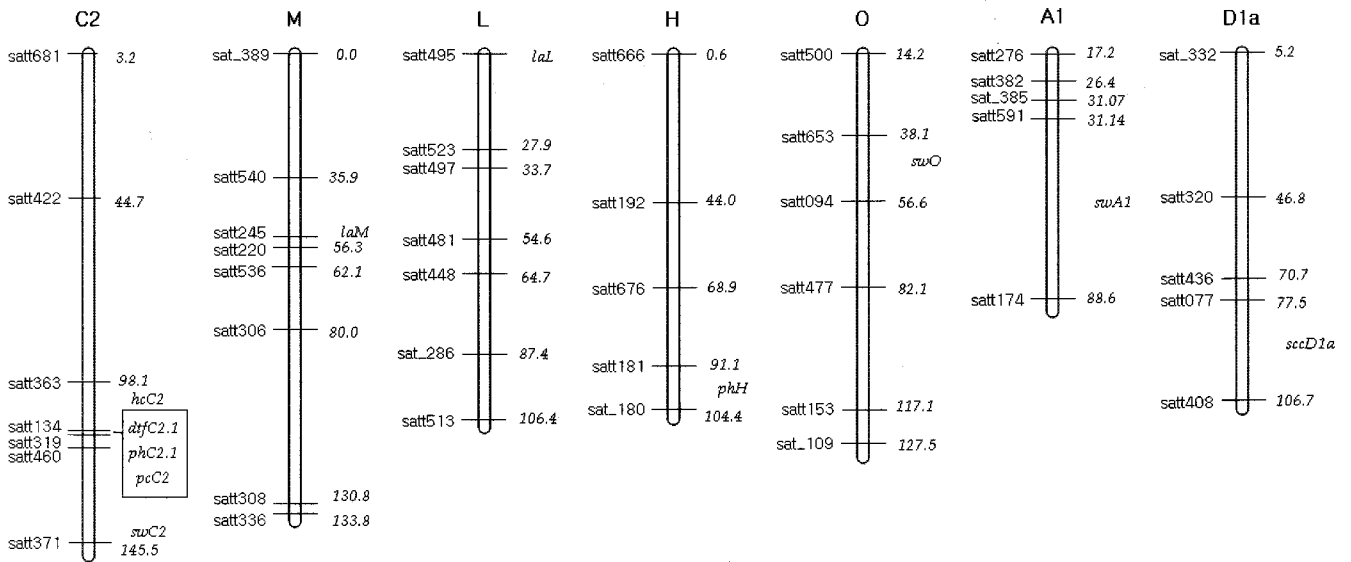


Fig. 4. Map location of the putative QTLs detected by single point analysis and were represented to the right of the chromosomes. Numbers at the top indicate linkage groups and the SSR markers are shown to the left of the chromosomes. QTLs detected in the same interval are boxed.

를 지연시키는 쪽으로 작용하였다.

경장에 관여하는 QTL이 C2(*phC 2.1*)연관군에서 1개, H (*phH*)연관군에서 1개가 탐색되었으며 각각 전체 표현형 변이의 25.4와 8.7%를 설명하였다. 두 유전자좌에서 모두 GC83006의 대립유전자가 경장을 증가 시켰다.

양친의 엽면적에 대한 QTL 분석결과 전체 변이의 10%와 8.6%를 설명하는 2개의 QTL이 탐지되었으며 이들은 각각 M(*laM*)와 L(*laL*) 연관군에 위치하였다. *laM*은 Satt245 그리고 *laL*은 Satt495 마커 부근에 위치하고 있었으며 신탄 달콩2의 대립유전자가 엽면적을 증가시키는 방향으로 작용하였다.

양친의 모용색은 C2(*pcC2*)연관군에 위치하는 마커 Satt134와 밀접히 연관되어 있음을 확인하였다($R^2 = 57.8\%$). 이 QTL은 주동 QTL로서 엽색체상의 위치로 볼 때 flavonoid 3'-hydroxylase(F3'H)의 합성에 관여하는 유전자와 동일한 유전자로 판단된다(Toda *et al.*, 2002).

양친의 종피색은 D1a 연관군에 위치하는 마커 Satt077와 Satt408 사이에 밀접한 연관군을 보였는데, D1a는 전체 변이의 50.5%를 설명하였다.

제색에 관련된 QTL 분석 결과 1개의 QTL이 C2(*hcC2*) 연관군에서 탐지되었다. *hcC2*은 C2 연관군의 Satt363 마커 부근에 위치하였으며 전체 변이의 10.2%를 설명하였다. 제색 유전자인 *hcC2*가 모용색 유전자인 *pcC2*와 연관을 보인 것은 흥미로운 결과이며 많은 개체를 이용한 자세한 검토가

요구된다.

본 연구에서 탐지된 콩의 무게와 관련된 QTL은 O, A1, C2 연관군으로 Mian *et al.*(1996)이 보고한 F, K 연관군이 나 Zhang *et al.*(2004)이 보고한 A2, B1, D2 연관군과 일치하지 않았으나, 경장 관련 QTL인 *phC2*와 유사한 연관군에서 발견되었다. 또한 C2 연관군은 콩의 수확량과 관련된 중요한 연관군이라고 보고 하였다(Mansur *et al.*, 1996; Mian *et al.*, 1996; Zhang *et al.*, 2004).

경장 관련 QTL은 H, C2 연관군에 위치하였으나 Lee *et al.*(1996a)이 탐색한 경장 관련 QTL인 L과 D1과는 동일하지 않았으나, Zhang *et al.*(2004)이 보고한 경장 관련 QTL 중 C2 연관군과 동일한 위치에서 발견되었다.

이와 같이 QTL의 위치가 보고마다 다른 것은 실험 재료 및 환경 등의 차이에 의한 것으로 사료된다.

개화기와 관련된 QTL은 C2 연관군에서 탐지되었으며, 이것은 개화기와 관련된 연관군 중 C2 연관군이 가장 큰 영향을 준다는 보고와 일치하였다(Lee 2001; Tasma *et al.*, 2001; Zhang *et al.*, 2004).

엽면적과 관련된 2개의 QTLs는 각각 M과 L연관군에서 탐지되었으며, 전체 변이의 10%와 8.6%를 설명하였다.

모용색과 제색에 관련된 QTL은 C2 연관군이며, 종피색은 D1a 연관군에서 QTL이 탐지되었다. 위의 모용색, 제색, 종피색의 QTL분석결과는 Palmer and Kilen(1987)가 보고한 결과와 다소 차이가 있으나, 종피색, 제색, 모용색은 상

호 유전적 연관성이 높은 것으로 보고된 것으로 보아 C2 연관군에서 모용색과 제색의 QTL이 탐지된 것 같다.

본 실험에서 나타난 흥미로운 점은 C2 연관군의 Satt134와 Satt460 부근에서 개화기, 경장, 제색 및 모용색을 조절하는 QTL들이 밀접하게 위치하였으며, 이 결과는 Zhang *et al.*(2004)이 24개의 QTL이 관련된 B1 연관군 다음으로 C2 연관군에 개화기, 경장, 꼬투리수, 수확량 등 14개의 QTL이 관련되었다는 보고와 유사하다. 하지만, 이렇게 여러 QTL이 C2 연관군에 집중된 것이 실험에서 나타난 여러 독립적인 QTL들의 연관에 의한 것인지 혹은 한 유전자의 다면발현에 의한 것인지는 추후 검토가 필요하다.

이상의 결과들에서 탐지된 QTL들은 형질의 변이를 설명하는 결정계수가 낮은 점, 적은 수의 분자표지 및 몇몇 지역에서 분자표지 간에 큰 간격이 있는 불완전한 유전자지도 등을 고려할 때, 본 연구에서 탐지된 QTL들은 전체의 일부 분일 것으로 고려되며, 많은 개체 및 다양한 분자표지를 이용한 연구가 필요하다. 탐지된 QTLs은 콩 육종에서 개화기 등의 선발에 중요하게 이용될 수 있을 것이다.

적 요

신팔달콩2호와 GC83006를 교잡하여 총 118개의 F₇ 계통을 육성하였다. 127개의 분자마커를 사용하여 유전자지도를 이용하여 종실 및 생육특성에 대한 QTLs 분석을 실시하였으며 그 결과를 요약하면 다음과 같다.

1. 100립중, 경장, 엽면적 그리고 개화까지 일수는 정규분포를 보였다. 100립중을 제외한 3개의 형질에서 양친의 값을 벗어나는 초월변이 계통이 관찰되었는데, 특히 개화까지의 일수는 개화기가 지연되는 쪽으로 초월변이 계통이 다수 관찰되었다.

2. 100립중, 경장, 엽면적 그리고 개화까지 일수에 대한 QTL 분석 결과, 전체 7개의 QTL이 탐지되었다. 100립중에 관여하는 3개의 QTL은 전체변이의 10.1% ~ 12.5%를 설명하였고, 경장은 전체변이의 22%를 설명하는 1개의 QTL이 탐지되었다. 엽면적은 전체 변이의 10% 및 8.6%를 설명하는 2개의 QTL이 탐지되었으며 개화기 일수는 전체 변이의 41.0%를 설명하는 1개의 QTL이 탐지되었다.

3. 신팔달콩2호와 GC83006의 모용은 각각 회색과 갈색이었으며 모용색은 1개의 유전자가 관여하는 것으로 나타났다. 분석결과 모용색은 연관군 C2에 위치하는 Satt134 마커와 밀접히 연관되어 있었다. 제색은 신팔달콩2호와 GC83006이 각각 흑색과 황색이었으며 후대 중에는 갈색의

배꼽을 갖고 있는 계통도 발견되었다. 종피색은 신팔달콩2호와 GC83006이 각각 황색과 녹색을 보였으며 후대에서 황색과 녹색 계통이 1 : 1의 분리비를 보여 종피색에는 하나의 유전자가 관여하는 것으로 나타났고, 이 유전자는 연관군 D1a의 마커 Satt077과 밀접한 연관을 보였다.

인용문헌

- Brummer, E. C., G. L. Graef, J. Orf, J. R. Wilcox, and R. C. Shoemaker. 1997. Mapping QTL for seed protein and oil content in eight soybean populations. *Crop Sci.* 37 : 370-378.
- Chung J., H. L. Babka, G. L., P. E. Graef, D. J. Staswick, P. B. Lee, R. C. Cregan, R. C. Shoemaker, and J. E. Specht. 2003. The seed protein, oil, and yield QTL on soybean linkage group I. *Crop Sci.* 43 : 1053-1067.
- Cianzio, S. R., W. R. Fehr, J. A. Hoeck, S. L. Johnson, R. C. Shoemaker, and G. A. Welke. 2003. Molecular marker analysis of seed size in soybean. *Crop Sci.* 43 : 68-74.
- Cregan, P. B. 1999. DNA markers, maps, and technologies. *Proceeding of world soybean research conference VI* : pp. 46-61.
- Devine, T. E., T. C. Kilen, and J. J. O'Neill. 1991. Genetic linkage of the *Phytophthora* resistance gene *Rps2* and the modulation response gene *Rj2* in the Soybean. *Crop Sci.* 31 : 713-715.
- Hartwing, E. E. 1973. Varietal development. P. 187-207. In B. E. Caldwell(ed.) *Soybeans: Improvement, production, and uses.* Agron. Monogr. 16. ASA, Madison. WI.
- Hoecka, J. A., W. R. Fehr, R. C. Shoemaker, G. A. Welke, S. L. Johnson, and S. R. Cianioa. 2003. Molecular marker analysis of seed size in soybean. *Crop Sci.* 43 : 68-74.
- Holt, S. 1997. *Soya: The health food of the next millenium,* *Korean Soybean Digest.* 14(2) : 77-90.
- Kim, H. S., S. H. Lee, and Y. H. Lee. 2000. A genetic linkage map of soybean with RFLP, RAPD, SSR and morphological markers. *Kor J. Crop Sci.* 45(2) : 123-127.
- Keim, P., B. W. Diers, T. C. Olson, and R. C. Shoemaker. 1990. RFLP mapping in soybean: Association between maker loci and variation in quantitative traits. *Genetics.* 126 : 735-742.
- Keim, P., R. C. Shoemaker, R. G. Palmer. 1996. A high density soybean genetic map based on AFLP. *Crop Sci.* 36 : 786-792.
- Lander, E. S., P. Green, J. Abrahamson, A. Barlow, M. J. Day, S. E. Lincoln, and L. Newberg 1987. Mapmaker: an Interactive computer package for constructing primary genetic linkage map of experimental and natural populations. *Genomics* 1 : 174-181.
- Lark, K. G., J. Orf, and Mansur, L. M. 1994. Epistatic expression of quantitative trait loci (QTL) in soybean (*Glycine max* L. Merr) determined by QTL association with RFLP alleles.

- Theor. Appl. Genet. 86 : 901-906.
- Lee, S. H. 2001. Analysis of QTL for pod dehiscence based on molecular map in soybean. *J. of Agri. & Life Science* 5 : 16-18.
- Lee, S. H., M. A. Bailey, M. A. R. Mian, E. R. Shipe, D. A. Ashley, W. A. Parrott, R. S. Hussey, and H. R. Boerma. 1996a. Identification of quantitative trait loci for plant height, lodging, and maturity in a soybean population segregating for growth habit. *Theor. Appl. Genet.* 92 : 516-523.
- Lee, S. H., M. A. Bailey, M. A. R. Mian, T. E. Carter, E. R. Shipe, D. A. Ashley, W. A. Parrott, R. S. Hussey, and H. R. Boerma. 1996b. RFLP loci associated with soybean seed protein and oil content across populations and locations. *Theor. Appl. Genet.* 93 : 649-657.
- Lee, S. H., K. R. Park, Y. H. Ryu, and S. D. Kim. 1997. Construction and integration of soybean RFLP genetic linkage maps. *Korean J. of Breeding* 29(3) : 282-288.
- Liu, B., T., Fujita., Z. H. Yan, S. Sakamoto, D. Xu, and J. Abe. 2007. QTL mapping of domestication-related traits in Soybean (*Glycine max*). *Annals of Botany.* 100:1027-1038.
- Mansur, L. M., J. H. Orf, K. Chase, T. Jarvik, P. B. Cregan, and K. G. Lark. 1996. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean (*Glycine max* (L.) Merr). *Crop Sci.* 36 : 1327-1336.
- Murray, M. G. and W. F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Res.* 18 : 4321-4325.
- Maughan P. J., M. A. Saghai Maroof, and G. R. Buss. 1996. Molecular-marker analysis of seed-weight:genomic locations, gene action, and evidence for orthologous evolution among three legume species. *Theor. Appl. Genet.* 93 : 574-579.
- Mian M. A. R., M. A. Bailey, J. P. Tamulonis, E. R. Shipe, T. E. Carter, J. W. A. Parrott, D. A. Ashley, R. S. Hussey, and H. R. Borema 1996. Molecular markers associated with seed weight in two soybean populations. *Theor. Appl. Genet.* 93 : 1011-1016.
- Muehlbauer, G. J., J. E. Specht, P. E. Staswick, G. L. Graef, and M. A. Thomas-Compton. 1989. Application of the near isogenic line gene mapping techniques to isozyme markers. *Crop Sci.* 29 : 1548-1553.
- Nelson, J. C. 1997. QGENE: software for marker-based genome analysis and breeding. *Mol. Breed.* 3 : 239-245.
- Orf, J. H., K. Chase, F. R. Alder, L. M. Mansur, and K. G. Lark 1999. Genetics of soybean agronomic traits; II Interaction between yield quantitative trait loci in soybean. *Crop Sci.* 39 : 1652-1657.
- Owen, F. V. 1928. Inheritance studies in soybean. III. seed-coat color and summary of all other mendelian characters thus far reported. *Genetics* 13 : 50-79.
- Palmer, R. G. and Y. T. Kiang. 1990. Linkage map of soybean (*Glycine max* L.). Cold spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY.
- Palmer, R. G. and T. C. Kilen. 1987. Qualitative genetics and cytogenetics. In: J. R. wilcox (Ed.) *Soybeans: Improvement, Production, and Uses*, 2nd ed. (Agronomy Monograph 16), ASA, CSSA and SSSA, Madison, WI, pp. 135-156.
- Palmer, R. G., S. M. Lim, and R. G. Hedhes. 1992. Testing for linkage between the *Rxp* locus and nine isozyme loci in soybean. *Crop Sci.* 32 : 681-683.
- 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.
- Shoemaker, R.C. and T. C. Olson. 1993. Molecular linkage map of soybean (*Glycine max* (L.) Merr). p. 6131-6138. In S. J. O'Brien (ed.) *Genetic maps: Locus maps of complex genomes.* Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York.
- Shoemaker, R. C. and J. E. Specht 1995. Integration of the soybean molecular and classical genetic linkage groups. *Crop Sci.* 35 : 436- 446.
- Smith, K. J., and W. Huysen. 1987. World Distribution and Significance of Soybean. In: *Soybeans: Improvement, Production, and Uses; Second Edition.* Ed. J. R. Wilcox. (Agronomy Monograph 16), ASA, CSSA and SSSA, Madison, WI, pp. 1-22
- So, E. H., J. H. Ku , K. Y. Park, and Y. H. Lee. 2001. Varietal difference of isoflavone content and antioxidant activity in soybean. *Korean J. of Breeding.* 33(1) : 35-39.
- Specht, J. E., K. Chase, M. Macrander, G. L. Craef, J. Chung, J. P. Markwell, M. Cermann, J. H. Orf, and K. G. Lark 2001. Soybean response to water: QTL analysis of drought tolerance. *Crop Sci.* 41 : 493-509.
- Stephens, P. A. and C. D. Nickel. 1992. inheritance of pink flower in soybean. *Crop Sci.* 32 : 1131-1132.
- Sullivan, P. 2003. *Edible soybean production and marketing.* Curre. Topi. C.T. 171 pp. 1-3.
- Tasma, I. M., L. L. Lorenzen, D. E. Green, and R. C. Shoemaker. 2001. Mapping genetic loci for flowering times, maturity and photoperiod insensitivity in soybean. *Mol Breed.* 8 : 25-35.
- Toda, K., D. Yang, N. Yamanaka, S. Watanabe, K. Harada, and R. Takahashi. 2002. A single-base deletion in soybean flavonoid 3'-hydroxylase gene is associated with gray pubescence color. *Plant Mol. Biol.* 50 : 187-196.
- Watanabe, S., T. Tajuddin, N. Yamanaka, M. Hayashi, and K. Harada. 2004. Analysis of QTLs for reproductive development and seed quality traits in soybean using recombinant inbred lines. *Breeding Science* 54 : 399-407.
- Zhang, W. K., Y. J. Wang, and G. Z. Luo. 2004. QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean genetic map and their association with EST markers. *Theor. Appl. Genet.* 108 : 1131-1139.