

Proteomics를 이용한 재배 환경에 따른 콩 종실 단백질 발현 양상 비교

조성우* · 김태선** · 권수정** · Swapan Kumar Roy** · 이철원** · 김홍식** · 우선희**[†]

*국립식량과학원 작물육종과, **충북대학교 식물자원학과

Analysis of Protein Function and Comparison of Protein Expression of Different Environment in Soybean using Proteomics Techniques

Seong-Woo Cho*, Tae-Sun Kim**, Soo-Jeong Kwon**, Swapan Kumar Roy**,
Chul-Won Lee**, Hong-Sig Kim**, and Sun-Hee Woo**[†]

*Crop Breeding Research Division, NICS, RDA, Wanju-gun, Republic of Korea

**Department of Crop Science, Chungbuk National University, Cheongju 361-763, Republic of Korea

ABSTRACT Soybean is very useful crop to supply vegetable protein for human. Supply of soybean is increased because it has useful ingredient. Recently, cultivation of soybean in paddy field is increasing due to the increase of rice stockpile in Korea. Hence, in this study, expression of protein was identified regarding different environment for cultivation to investigate the effect of different environment on protein expression. Two-dimensional electrophoresis was performed to investigate the expression of protein using image analysis program to measure degree of protein expression in numerical value. Hannam-kong, Beakcheon-Kong, Hwangkeum-Kong, and Danwon-Kong were used as plant material. 2-DE combined with image analysis revealed that each degree of protein expression of Hannam-Kong and Hwangkeum-Kong in upland field was higher than degree of protein expression in paddy field. However, in case of Beakcheon-Kong, the phenomenon was opposite. In Danwon-kong, the degree of protein expression was not different between up-land field and paddy field. To this end, major protein spots were not different between paddy field and upland field among all cultivars. It could be suggested that protein expression is not severely different by various environment, but different environment affects degree of protein expression.

Keywords : Soybean, Proteomics, 2-DE, Seed Storage Protein, Protein expression

콩(*Glycine max* L.)은 동아시아가 원산지로서 우리나라에

서는 중요한 식량작물의 하나로 재배되어 왔으며 필수 3대 영양소 중에서 가장 중요한 단백질이 40%로 우수한 단백질 공급원으로써 이용되어 왔다(Rahman *et al.*, 2011). 또한 이외에도 식이섬유, 티아민, 리보플라빈, 라이신, 폴리산, 비타민, 철, 아연, 인, 칼슘 그리고 마그네슘 등 콩에는 기능성물질들이 풍부하며 이에 따라 그 소비가 증가되고 있다(Kim *et al.*, 2003; Lee *et al.*, 2013; Lee *et al.*, 2014). 하지만 재배면적은 1990년에 152,265 ha에서 2007년에는 76,267 ha로 재배면적이 줄어들고 있으며 자급률도 1990년에는 20.1%에서 2013년에는 9.7%로 감소하였다(STATISTICS KOREA) 따라서 콩의 자급률 증대를 위해 최근에 쌀 재고량이 증가하면서 논에서의 콩 재배 면적이 증가하고 있는 추세이다. 논콩 재배면적은 1990년에 6,575 ha에서 2014년에는 10,785 ha로 증가하였다(STATISTICS KOREA). 이와 같이 재배환경이 밭에서 논으로 바뀌었을 때 콩 종실에 미치는 영향에 대한 많은 연구들이 수행되고 있다.

논과 밭의 경우 토양의 구성이 전혀 다르기 때문에 식물체가 영양분을 흡수하는 능력, 근권의 형성에 미치는 영향, 그리고 토양의 구성 성분의 차이에 의한 식물체의 생장에 영향을 주며(Jung *et al.*, 2012), 지하수면의 영향에 의하여 콩의 생리학적 특성과 수량에 영향을 준다(Shimada *et al.*, 1995). 재배환경의 차이는 콩 종실의 화학적 구성에도 영향을 주어 논과 밭에서 재배 시 유의하게 오일, 탄수화물, 마그네슘, 그리고 칼슘 함량에서 차이를 보였다(Taira *et al.*, 1977; Ishiguro *et al.*, 2006). 또한, 재식밀도에 따라서는 종자단백질과 인, 칼슘, 칼륨, 아연, 그리고 황과 같은 미네랄

[†]Corresponding author: (Phone) +82-43-261-2155 (E-mail) shwoo@chungbuk.ac.kr

<Received 28 December, 2014; Accepted 2 March, 2015>

함량이 2차 관계에서 차이를 보이며, 배수를 위한 고랑의 공간에 의해서도 콩의 생육과 생산량에 차이가 있다(Cho *et al.*, 2006; Rahman *et al.*, 2011). 논에서 재배된 콩의 경우, 밭에서 재배된 콩과 비교하여 백립종과 콩 종실의 크기가 유의하게 증가하였다는 보고도 있다(Kim *et al.*, 2004). 이처럼 재배환경의 변화요소에 의해 콩 종실에 포함된 요소들이 변화하는 것을 알 수 있다.

논과 밭에서 재배된 공시품종에 대한 재배환경의 차이에 따른 단백질 발현양상을 비교분석하기 위하여 넓은 등전점 영역의 단백질을 높게 분리할 수 있는 능력을 가지고 있는 이차원전기영동 사용하였다(Cho *et al.*, 2014). 전기영동을 통하여 얻은 단백질 발현양상의 차이를 수치화하기 위하여 이미지 분석을 실시하였다. 국내 육성 콩 품종들의 논에서 재배에 따라 생육반응과 수량성에 차이를 보였다(Kim and Cho 2005). 이처럼 같은 종의 식물 개체라고 하더라도 생육과 수량에 차이를 보인다는 것은 생육단계와 조직기관에 따라서 단백질의 발현 양상이 다를 수도 있다는 것을 의미한다. 이것은 계놈 DNA의 염기서열이 동일 종 내에서는 같지만 생육조건에 따라서 단백질의 발현은 다양한 변이를 나타내기 때문이다(Woo *et al.*, 2003). 따라서 본 연구에서는 논과 밭의 재배적 환경에 따른 콩 종실 저장단백질 발현양상의 차이를 비교함으로써 콩 종실 저장단백질의 발현양상에 대한 기초를 얻고자 수행하였다.

재료 및 방법

식물재료

재배 환경에 따른 단백질 발현을 비교분석하기 위하여 충북대학교 부속농장 전작포장에 한남콩, 백천콩, 황금콩, 단원콩을 파종하였으며, 시비는 콩 북비 50 kg/10a (N : P₂O₅ : K₂O = 3 : 3 : 3.4 kg/10a)을 전량기비로 하였으며, 기타 재배관리는 콩 표준재배법에 준하였다. 종실을 재취하여 -20°C에서 보관하였다가 본 실험에 사용하였다.

단백질추출 및 정량분석

이차원전기영동을 위한 단백질 추출을 위하여 개화 후 시기 별로 채집된 시료의 지방을 제거하기 위하여 85%의 n-hexane을 사용하였다. 지방을 제거한 시료 0.1 g에 lysis buffer (4.8 g Urea, 0.2 ml NP-40, 0.2 ml Ampholyte pH 3.5-10, 0.5 ml 2-mercaptethanol, 0.5 g PVP-40/10 ml) 1 ml를 첨가하여 막대사발에서 혼합한 후 15,000 rpm에서 15분간 원심분리하여 상등액을 취하고, 상등액을 분석하였다.

단백질 함량 분석은 Bradford (1976)의 방법에 595 nm에서

분광광도계(SHIMADZU, UV-1700)를 사용하여 측정하였다.

이차원전기영동 수행 및 이미지 분석

이차원전기영동(O'Farrell, 1975)은 넓은 등전점영역의 단백질을 높게 분리할 수 있는 능력을 가지고 있는 일차원(등전점) 전기영동 NA-1313 (Nihon-Eido)과 이차원 전기영동은 NA-1130 (Nihon-Eido)을 사용하였다. 일차원전기영동은 등전점전기영동으로 사용된 겔의 조성은 4.8 g Urea, 1.6 ml 30% Acrylamide solution, 2.84 ml DDW, 0.2 ml 10% NP-40, 0.25 ml Ampholyte pH 3.5-10, 0.25 ml Ampholyte pH 5-8, 15 µl 10% APS, 10 µl TEMED이다. 일차원 전기영동이 후 평형화가 끝난 겔을 이차원전기영동을 하였다. 이차원전기영동은 12% separating gel (9.6 ml DDW, 17.7 ml 30.0% acrylamide solution, 16.4 ml 1.0M Tris-HCl (pH 8.8), 300 µl 10% Ammonium persulfate, 50 µl TEMED)과 5% Stacking gel (2.0 ml DDW, 1.0 ml 30.0% acrylamide solution, 3.0 ml 0.25M Tris-HCl (pH 6.8), 30 µl 10% Ammonium persulfate, 20 µl TEMED)을 사용하였으며 수행하였다. 전기영동이 끝난 후 겔은 은 염색법을 사용하였다. 은 염색의 경우에는 Amersham사의 PlusOne Silver Staining Kit, Protein을 사용하여 염색을 하였다. 이차원전기영동의 결과는 컴퓨터 프로그램(Image analysis; nonlinear사의 Progenesis Worstation)을 사용하여 겔상에서 단백질 spot의 변화를 비교분석하였다.

결과 및 고찰

이차원전기영동을 이용한 재배환경 차이에 따른 단백질 발현 양상 비교 분석

논과 밭에서 콩을 재배하였을 경우, 재배환경의 변화에 따른 단백질 발현 양상을 비교함으로써 논 콩 재배시 단백질의 변화에 대한 기초자료를 얻고자 본 연구를 수행하였다. 각 재배환경에 4개의 육성품종을 공시하였다. 공시된 품종들로부터 성숙된 종실을 얻어 이차원전기영동을 통하여 1차적으로 단백질 발현 양상을 비교하고 2차적으로 이미지분석을 통하여 단백질 발현 양상을 수치화하여 각각의 단백질 spot의 발현 정도를 비교하였다. 이차원전기영동 결과를 보면, 재배환경의 차이에 따른 단백질 발현양상은 공시품종들 모두 큰 차이를 보이지 않았으며 전반적으로 논과 밭에서의 단백질 발현양상은 매우 유사하였다. 하지만 소수의 특정부분에서 단백질 발현정도의 차이를 보였으며 또한 비록 많은 수의 단백질 spot은 아니지만 논과 밭의 재배 환경의 차이에 따라 발현이 되지 않는 단백질도 확인하였다. 각 공시품종의 이차원전기영동결과를 재배환경의 차이에 따

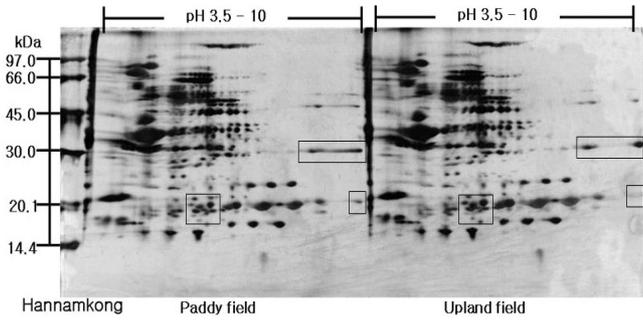


Fig. 1. Comparison of protein spots between Paddy field and Upland field on Hannamkong using 2-DE.

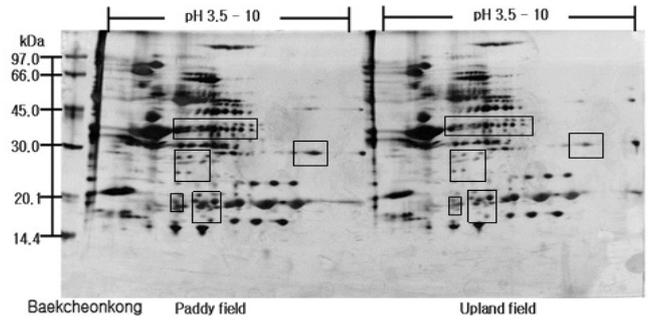


Fig. 2. Comparison of protein spots between Paddy field and Upland field on Baekcheonkong using 2-DE.

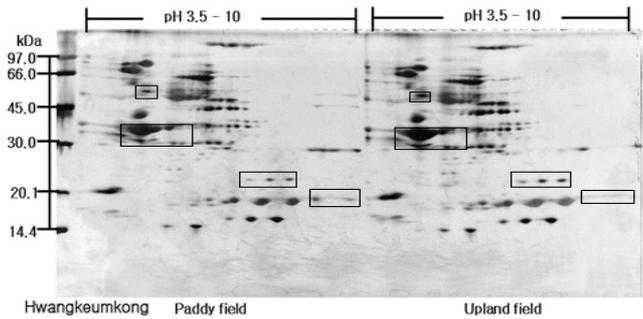


Fig. 3. Comparison of protein spots between Paddy field and Upland field on Hwangkeumkong using 2-DE.

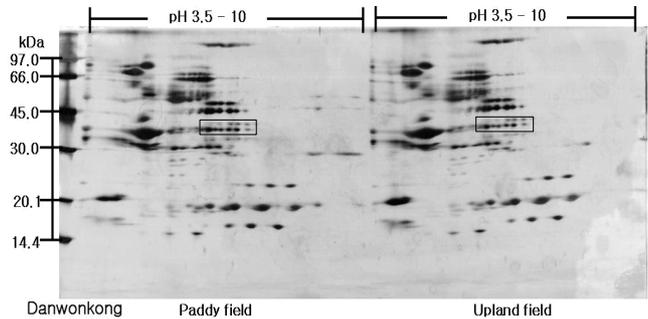


Fig. 4. Comparison of protein spots between Paddy field and Upland field on Danwonkong using 2-DE.

라 비교해 보면, 한남콩의 경우에는 전반적으로 저분자에서 고분자와 산성에서 염기성에 이르는 단백질의 발현양상이 재배환경의 차이와 상관없이 유사한 단백질 발현양상을 보였다. 하지만, 전반적으로 유사한 단백질 발현 양상을 보였으나, 30.0 kDa부분의 염기성부근의 단백질 발현정도의 차이를 보였다. 또한 이러한 양상은 20.1 kDa부분의 중성부분에서도 같은 현상을 보였다. 밭에서 재배된 한남콩이 위에서 언급한 두 부분에서 단백질 발현 정도가 논에서 재배된 한남콩에 비하여 높았던 반면에 20.1 kDa부분의 염기성부분에서 밭에서 재배된 한남콩에서는 발현되지 않은 단백질이 논에서 재배된 한남콩에서 발현되는 것을 확인하였다 (Fig. 1).

백천콩의 단백질 발현 양상을 비교한 결과를 보면, 한남콩과는 반대의 경향으로 밭에서 재배된 백천콩의 단백질 발현 정도가 논에서 재배된 발현 정도보다 높은 것을 알 수 있었다. 특히, 20.1-45.0 kDa 부분의 중성부위에서 단백질 발현 정도가 뚜렷한 차이를 보였다. 백천콩의 경우도 재배 환경의 변화는 단백질의 발현 양상에는 큰 영향을 미치지 않는 것을 알 수 있었다(Fig. 2).

황금콩은 45.0 kDa 부분의 산성부분에서 단백질 발현 정도가 논에 비하여 밭에서 높았으며 반대로 30.0 kDa 부분

의 산성부분에서는 밭에서 보다 논에서 높은 단백질 발현 정도를 보였다. 저분자인 20.1 kDa 부분의 염기성부분에서는 단백질 발현 정도가 논에 비하여 밭에서 약간 높은 것을 확인할 수 있었다. 황금콩의 경우도 한남콩과 마찬가지로 재배환경에 따라 발현 되지 않은 단백질을 20.1 kDa의 저분자부분의 염기성부분에서 확인할 수 있었다(Fig. 3).

단원콩은 공시품종들중에 가장 재배환경에 영향을 받지 않는 것으로 단백질 발현양상의 확인을 통하여 알 수 있었다. 공시품종들의 논과 밭에서 재배환경의 차이에 따른 단백질 발현 양상은 이차원전기영동의 결과만으로는 정확한 단백질 발현 정도의 차이를 확인할 수 없었다. 따라서 이차원전기영동을 통하여 확인된 단백질 발현 양상을 이미지 분석 프로그램을 이용하여 수치화함으로써 재배환경의 차이에 따른 공시품종들의 단백질 발현 정도를 비교분석하였다.

이미지분석을 이용한 재배환경 차이에 따른 단백질 발현 정도 비교 분석

이미지 분석을 통해 수치화한 결과를 각 공시품종별로 비교하여 보면, 한남콩의 경우에는 단백질 spot들을 무작위로 40개를 선택하여 단백질 발현 정도를 수치화한 protein normal volume을 비교분석하였다(Fig. 5, Table 1).

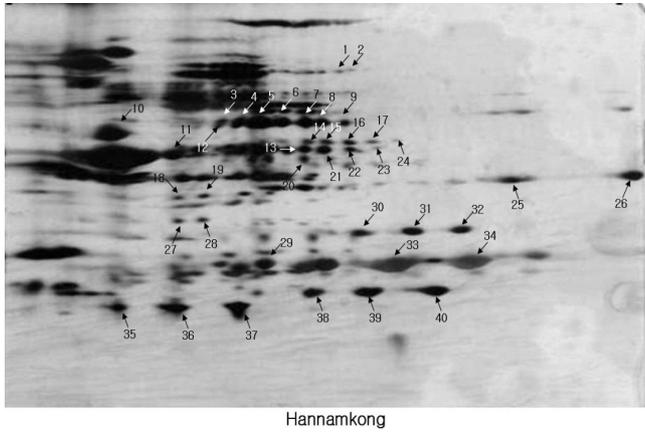


Fig. 5. Loci of protein spots in Hannamkong on SDS-PAGE gel.

논과 밭에서 재배된 한남콩의 단백질 발현 정도를 보면 (Table 1), 총 40개의 단백질 spot들 중 밭에 비하여 논에서 13개의 단백질 spot들의 protein normal volume이 증가하였으며, 27개의 단백질 spot들의 protein normal volume이 감

소하였다. 이러한 현상은 논에서 한남콩을 재배하였을 경우 전반적으로 단백질의 발현이 감소한다는 것을 의미한다. 단백질 spot 1번과 26번은 다른 단백질 spot들에 비하여 논에서 2배 이상 protein normal volume이 감소하였다. 평균적으로 밭에서 재배된 한남콩의 단백질 발현 정도는 논에서보다 protein normal volume이 약 1.31배 감소하였으며 약 1.14배 증가하였다. 전체적으로는 논에서 재배된 한남콩의 protein normal volume이 밭에서 재배된 한남콩의 protein normal volume보다 약 0.15배 감소하였다.

백천콩에서도 역시 40개의 단백질 spot들을 선발하여 protein normal volume을 비교분석하였다(Fig. 6, Table 2). 단백질 spot 26번은 발현 정도가 논에서 재배된 백천콩의 protein normal volume이 밭에서 재배된 한남콩의 protein normal volume 보다 약 1.8배 이상 감소하였으며, 이와는 반대로 단백질 spot 9번의 protein normal volume은 약1.8배 이상 증가하였다(Table 2). 40개의 단백질 spots 분석 결과, 밭에 비하여 논에서 23개의 단백질 spot들의 normal volume은 증가하였고 16개의 단백질 spot들의 normal volume은 감소

Table 1. Comparison on degree of protein expression in Hannamkong between upland field and paddy field by using image analysis (Each spot number in Fig. 5).

Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')		Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')	
1	0.14	0.06	-2.47	-	21	0.37	0.35	-1.06	-
2	0.10	0.06	-1.84	-	22	0.24	0.24	1.00	+
3	0.29	0.28	-1.06	-	23	0.10	0.07	-1.45	-
4	0.51	0.49	-1.04	-	24	0.06	0.06	1.02	+
5	0.96	0.97	1.00	+	25	0.55	0.37	-1.50	-
6	0.46	0.43	-1.05	-	26	0.66	0.24	-2.79	-
7	0.53	0.48	-1.11	-	27	0.27	0.31	1.13	+
8	0.44	0.33	-1.33	-	28	0.23	0.23	1.03	+
9	0.35	0.33	-1.08	-	29	0.56	0.45	-1.24	-
10	1.57	1.93	1.23	+	30	0.59	0.63	1.07	+
11	0.12	0.08	-1.53	-	31	0.51	0.62	1.21	+
12	0.12	0.16	1.32	+	32	0.49	0.64	1.30	+
13	0.23	0.19	-1.22	-	33	1.65	1.36	-1.21	-
14	0.30	0.27	-1.11	-	34	1.17	1.09	-1.07	-
15	0.24	0.23	-1.03	-	35	0.74	0.57	-1.29	-
16	0.24	0.23	-1.04	-	36	1.16	1.14	-1.01	-
17	0.16	0.15	-1.13	-	37	1.16	1.08	-1.08	-
18	0.30	0.41	1.38	+	38	0.66	0.47	-1.41	-
19	0.25	0.30	1.19	+	39	0.85	0.72	-1.19	-
20	0.32	0.28	-1.15	-	40	0.82	0.87	1.05	+

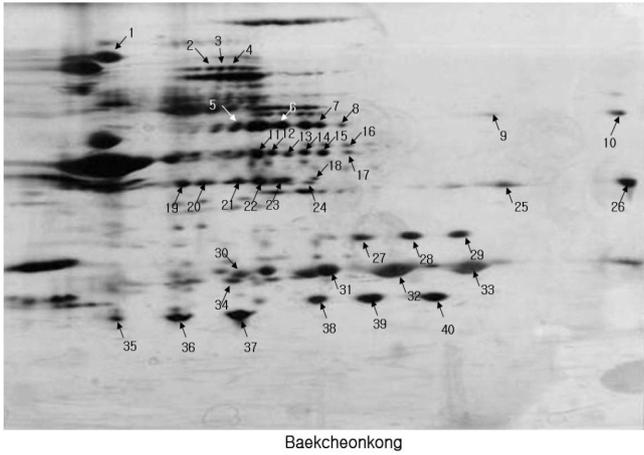


Fig. 6. Loci of protein spots in Baekcheonkong on SDS-PAGE.

하였으며 1개의 단백질 spot들의 normal volume은 변화가 없었다. 평균적으로 밭에서 재배된 백천콩의 단백질 발현 정도는 논에서보다 protein normal volume이 약 1.17배 감소하였으며 약 1.19배 증가하였다. 전체적으로는 논에서 재

배된 한남콩의 protein normal volume이 밭에서 재배된 한남콩의 protein normal volume보다 약 0.31배 증가하였다.

황금콩과 단원콩의 경우에는 단백질 발현 양상이 한남콩과 백천콩에 비하여 다소 단백질 spot들이 감소되는 양상을 보였다. 따라서 황금콩과 단원콩의 경우에는 무작위로 단백질 spot 30개를 선발하여 protein normal volume을 비교분석하였다(Fig. 7, Table 3).

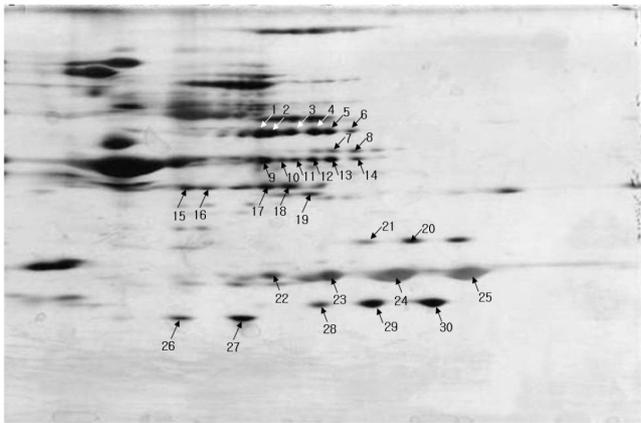
단백질 spot 15번은 논에서 재배된 황금콩의 protein normal volume이 밭에서 재배된 황금콩의 protein normal volume에 비하여 발현 정도가 약 1.6배 이상 감소하였으며 단백질 spot 14번의 protein normal volume은 약 1.3배 이상 증가하였다(Table 3). 황금콩은 논에서 재배할 경우, 단백질 spot들의 protein normal volume이 전반적으로 감소하는 경향을 보였다. 30개의 단백질 spot들 중 밭에 비하여 논에서 11개의 단백질 spots의 normal volume은 증가하였고 19개는 감소하였다(Table 3). 평균적으로 밭에서 재배된 황금콩의 단백질 발현 정도는 논에서보다 protein normal volume이 약 1.16배 감소하였으며 약 1.19배 증가하였다. 전체적으로

Table 2. Comparison on degree of protein expression in Baekcheonkong between upland field and paddy field by using image analysis (Each spot number in Fig. 6).

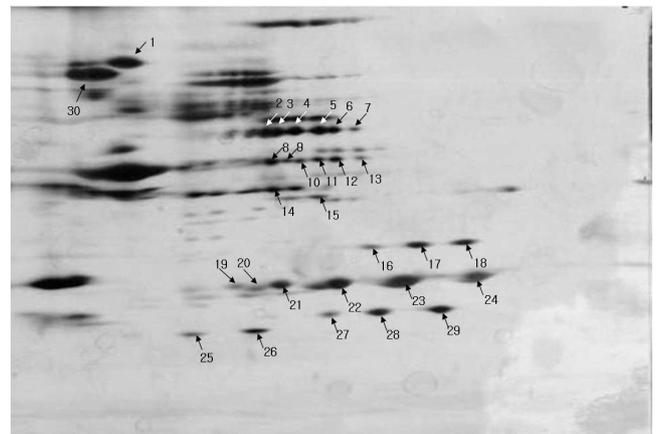
Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')		Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')	
1	1.05	1.17	1.11	+	21	0.69	0.70	1.02	+
2	0.17	0.17	1.01	+	22	0.84	0.86	1.03	+
3	0.16	0.18	1.13	+	23	0.71	0.76	1.07	+
4	0.17	0.14	-1.19	-	24	0.17	0.25	1.44	+
5	0.57	0.54	-1.06	-	25	0.52	0.96	1.85	+
6	0.47	0.45	-1.05	-	26	0.68	0.37	-1.82	-
7	0.36	0.32	-1.12	-	27	0.58	0.71	1.21	+
8	0.25	0.25	-1.03	-	28	0.71	0.69	-1.02	-
9	0.17	0.32	1.87	+	29	0.52	0.64	1.22	+
10	0.30	0.18	-1.65	-	30	0.48	0.55	1.16	+
11	0.81	0.78	-1.04	-	31	0.91	0.89	-1.02	-
12	0.31	0.32	1.03	+	32	1.78	2.14	1.20	+
13	0.30	0.34	1.13	+	33	1.29	1.53	1.19	+
14	0.34	0.32	-1.05	-	34	0.42	0.56	1.34	+
15	0.36	0.38	1.06	+	35	0.63	0.59	-1.06	-
16	0.20	0.20	1.00	=	36	0.95	1.13	1.20	+
17	0.25	0.24	-1.08	-	37	1.18	1.14	-1.03	-
18	0.18	0.14	-1.26	-	38	0.69	0.70	1.02	+
19	0.75	0.92	1.23	+	39	0.91	0.97	1.06	+
20	0.60	0.69	1.14	+	40	0.87	0.94	1.07	+

Table 3. Comparison on degree of protein expression in Hwangkeumkong between upland field and paddy field by using image analysis (Each spot number in Fig. 7).

Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')		Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')	
1	0.81	0.68	-1.20	-	16	0.51	0.43	-1.17	-
2	0.72	0.85	1.18	+	17	0.95	0.88	-1.07	-
3	0.79	0.68	-1.15	-	18	0.94	0.86	-1.10	-
4	0.81	0.76	-1.08	-	19	0.55	0.60	1.08	+
5	0.53	0.48	-1.11	-	20	0.62	0.64	1.02	+
6	0.36	0.35	-1.02	-	21	0.47	0.31	-1.51	-
7	0.31	0.26	-1.19	-	22	0.81	0.56	-1.45	-
8	0.34	0.31	-1.11	-	23	1.20	1.38	1.14	+
9	0.48	0.47	-1.02	-	24	2.32	2.38	1.03	+
10	0.33	0.30	-1.10	-	25	1.60	2.10	1.31	+
11	0.40	0.38	-1.04	-	26	0.74	0.65	-1.14	-
12	0.48	0.47	-1.02	-	27	1.08	1.59	1.47	+
13	0.59	0.56	-1.06	-	28	0.68	0.69	1.02	+
14	0.40	0.53	1.32	+	29	1.22	1.48	1.21	+
15	1.01	0.64	-1.58	-	30	1.28	1.66	1.29	+



Hwangkeumkong



Danwonkong

Fig. 7. Loci of protein spots in Hwangkeumkong on SDS-PAGE.

Fig. 8. Loci of protein spots in Danwonkong on SDS-PAGE.

는 논에서 재배된 한남콩의 protein normal volume이 밭에서 재배된 한남콩의 protein normal volume보다 약 0.30배 감소하였다.

단원콩의 경우는 논에서 밭에서 재배된 단원콩의 단백질 spot 20번의 protein normal volume이 약 1.3배 이상 감소하였으며 단백질 spot 28번의 protein normal volume은 약 1.4배 이상 증가하였다(Table 4). 30개의 단백질 spot들의 분석 결과, 밭에 비하여 논에서 16개의 단백질 spot들의 protein normal volume은 증가하였고 14개는 감소하였다. 단원콩은

논 재배시 30개의 분석 결과 감소와 증가의 변화 비율이 거의 동일한 경향을 보였다(Table 4). 평균적으로 밭에서 재배된 단원콩의 단백질 발현 정도는 논에서보다 protein normal volume이 약 1.16배 감소하였으며 약 1.13배 증가하였다. 전체적으로는 논에서 재배된 한남콩의 protein normal volume이 밭에서 재배된 한남콩의 protein normal volume보다 약 0.06배 증가하였다.

결과적으로, 한남콩과 황금콩은 논에서보다 밭에서 재배했을 경우 단백질의 발현 정도가 높았으며, 이와는 반대로

Table 4. Comparison on degree of protein expression in Danwonkong between upland field and paddy field by using image analysis (Each spot number in Fig. 8).

Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')		Spot no.	Upland field	Paddy field	Difference ('Upland field' v 'Paddy field')	
1	2.07	1.69	-1.22	-	16	0.50	0.59	1.18	+
2	0.76	0.74	-1.03	-	17	0.79	0.74	-1.07	-
3	0.56	0.64	1.14	+	18	0.71	0.74	1.04	+
4	0.85	0.72	-1.17	-	19	0.46	0.41	-1.11	-
5	0.83	0.77	-1.07	-	20	0.53	0.39	-1.36	-
6	0.54	0.50	-1.09	-	21	0.96	0.96	1.00	+
7	0.34	0.28	-1.23	-	22	1.37	1.32	-1.04	-
8	1.10	1.12	1.01	+	23	2.23	2.41	1.08	+
9	0.28	0.34	1.21	+	24	1.49	1.67	1.12	+
10	0.36	0.40	1.14	+	25	0.55	0.43	-1.28	-
11	0.45	0.52	1.15	+	26	0.76	0.70	-1.09	-
12	0.49	0.57	1.15	+	27	0.50	0.68	1.35	+
13	0.28	0.28	1.00	+	28	0.73	1.03	1.40	+
14	0.79	0.62	-1.28	-	29	0.87	0.89	1.03	+
15	0.47	0.52	1.10	+	30	3.35	2.67	-1.25	-

백천콩은 논에서 재배하였을 경우 단백질 발현 정도가 높은 것으로 확인되었다. 단원콩은 논에서 재배하였을 경우 단백질 발현 정도가 약간 높은 것으로 확인되었으나 그 증가가 약 0.06로 거의 재배환경의 차이에 따른 단백질 발현 정도는 거의 차이가 없는 것으로 확인되었다.

재배환경의 차이는 콩 종실의 화학적 구성 및 크기와 수량성에서도 차이가 있다고 보고되었다(Taira *et al.*, 1977; Kim *et al.*, 2004; Cho *et al.*, 2006; Rahman *et al.*, 2011). 이처럼 재배환경의 변화요소에 의해 콩 종실에 포함된 요소들이 변화하는 것을 알 수 있다. 이와 같이 본 연구의 결과를 보면, 재배환경의 변화가 주요 단백질 발현 양상에는 영향을 주지는 않았으나 단백질 발현 정도의 차이에는 영향을 주는 것을 알 수 있었으며 품종에 따라 재배환경의 변화에 의한 단백질 발현 정도에 차이가 있음을 알 수 있었다.

본 연구는 재배환경의 변화, 즉 밭 작물인 콩이 토양의 구성이 다른 논에서 재배되었을 경우, 단백질 발현 양상과 정도에 어떤 영향을 주는지 기초자료를 얻고자 수행하였다. 향후, 재배환경에 따른 단백질 총량을 비교하고, 질량분석을 통하여 재배환경에 따라 증가 또는 감소되는 단백질들이 어떤 기능을 가진 단백질인지 확인 할 필요가 있다고 사료된다.

적 요

재배환경에 따른 단백질 발현을 이차원전기영동을 이용하여 단백질 발현양상을 확인하고 이미지 분석을 통하여 단백질 발현 정도를 수치화하여 비교 분석한 결과, 재배환경에 따른 단백질 발현 양상은 전반적으로 매우 유사하였으며, 주요 단백질의 발현에는 차이가 없었다. 하지만 논과 밭, 즉 재배환경은 단백질의 발현 정도에는 영향을 미치는 것을 확인 할 수 있었다. 공시품종들 중에서 백천콩은 다른 세 품종과는 다르게 논에서 단백질 발현 정도가 밭에서의 단백질 발현 정도보다 높았다. 이 결과로 보아 품종마다 재배환경에 따른 단백질의 발현 정도에 차이가 있는 것으로 사료된다. 향후, 단백질 총 함량을 재배환경에 따라 비교하고 또한 질량분석을 통하여 증가 또는 감소되는 단백질의 기능을 확일 할 필요가 있다고 사료된다.

인용문헌(REFERENCES)

- Bradford, M. 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Anal Chem.* 72 : 248-254.
- Cho, J. W., J. J. Lee, Y. J. Oh, J. D. So, and J. Y. W, C. H. Kim. 2006. Soybean growth and yield as affected by spacing of

- drainage furrows in paddy field. Korean J. Crop Sci. 51 : 26-31.
- Cho, S. W., S. J. Kwon, S. K. Roy, H. S. Kim, C. W. Lee, and S. H. Woo. 2014. A systematic proteome study of seed storage proteins from two soybean genotypes. Korean J. Crop Sci. 59 : 359-363.
- Ishiguro, T., T. Ono, T. Wada, C. Tsukamoto, and Y. Kono. 2006. Changes in soybean phytate content as a result of field growing conditions and influence on tofu texture. Biosci. Biotechnol. Biochem. 70 : 874-880.
- Jung, K. Y., E. Y. Yun, C. Y. Park, J. B. Hwang, Y. D. Choi, S. H. Jeon, and H. A. Lee. 2012. Effect of soil compaction levels and textures on soybean (*Glycine max* L.) root elongation and yield. Korean J. Soil Sci. Fert. 45 : 332-338.
- Kim, D. H., G. Y. Lee, N. M. Kim, and J. S. Lee. 2003. Physiological functionality of various extracts from danmemil and legumes. Korean J. Food & Nutr. 16 : 347-352.
- Kim, S. L., K. Y. Park, Y. H. Lee, and Y. H. Ryu. 2004. Seed quality of soybean produced from upland and drained-paddy field. Korean J. Crop Sci. 49 : 309-315.
- Kim, Y. K. and J. H. Cho. 2005. Growth and yields of Korean soybean cultivars in drained-paddy field. Korean J. Crop Sci. 50 : 161-169.
- Lee, S. Y., J. S. Eom, and H. S. Choi. 2014. Quality characteristics of fermented soybean products by *Bacillus* sp. Isolated from traditional soybean paste. J. Korean Soc. Food Sci. Nutr. 43 : 756-762.
- Lee, S., Y. B. Lee, and H. S. Kim. 2013. Analysis of the general and functional components of various soybeans. J. Korean Soc. Food Sci. Nur. 42 : 1255-1262.
- O'Farrell, P. F. 1975. High resolution two-dimensional electrophoresis of proteins. J. Biol. Chem. 250 : 4007-4021.
- Rahman, Md. M., Md. M. Hossain, Md. P. Anwar, and A. S. Juraimi. 2011. Plant density influence on yield and nutritional quality of soybean seed. Asian J. of Plant Sci. 10 : 125-132.
- Shimada, S., M. Kokubun, and S. Matsui. 1995. Effects of water table on physiological traits and yield of soybean. Japan. J. Crop Sci. 64 : 294-303.
- STATISTICS KOREA <http://www.kostat.go.kr>, <http://www.index.go.kr/>
- Taira, H., H. Taira, E. Ozawa, and K. Sasaki. 1977. Chemical composition of soybean seeds by drained paddy field culture. Japan. J. Crop Sci. 46 : 103-110.
- Woo, S. H., H. S. Kim, B. H. Song, C. W. Lee, Y. M. Park, S. K. Jong, and Y. G. Cho. 2003. Rice proteomics: A functional analysis of the rice genome and application. Reprintes from Korea Journal of Plant Biotechnology 30(3) : 281-291.