

## SSR 마커에 의한 한국 콩 품종의 판별

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

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

### Discrimination of Korean Soybean Cultivars by SSR Markers

Seong-Hun Kim\*, Jong-Wook Chung\*\*, Jung-Kyung Moon\*\*\*, Seon-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 441-100, Korea

**ABSTRACT** The objective of this study was to develop a technique for the cultivar discrimination using SSR markers in soybean. A total of 91 soybean cultivars developed from 1913 to 2002 in Korea were evaluated by five polymorphic SSR markers (Sat\_043, Sat\_036, Sat\_022, Sat\_088 and Satt045). Five SSR markers generated a total of 64 alleles and the number of alleles for each SSR marker ranged from 10 to 15 with average of 12.8. Polymorphic information contents (PIC) by five markers of 91 cultivars were ranged from 0.790 to 0.905 with average of 0.857. A total of 82 cultivars (90%) among 91 soybean cultivars could be individually discriminated by combination of five SSR markers through five step analysis. A cultivar, Buseok, by Sat\_043 at the first step, 34 cultivars including Hojangkong by Sat\_036 at the second step, 29 cultivars including Dankyeongkong by Sat\_022 at the third step, 12 cultivars including Sinpaldalkong 2 by Sat\_088 at the fourth step, and 6 cultivars including Saebyeolkong by Satt045 at the fifth step were discriminated. Soybean cultivars which were not discriminated by SSR markers could be discriminated by morphological characteristics.

**Keywords** : cultivar, discrimination, SSR, soybean

**한국**의 콩 품종개발은 1995년의 WTO체제 출범과 함께 농산물의 수입개방화에 따른 값싼 수입콩에 대응하기 위하여 외국품종과의 차별화를 목표로 용도의 다양화, 가공적성 및 품질고급화를 품종육성의 목표로 설정한 이래 다양한 품종이 개발되고 있다(Hwang, 2004).

품종의 판별은 1991년의 국제 식물 신품종 보호동맹(UPOV) 가입과 1997년 종자 산업법의 발효뿐만 아니라 국산 농산물과 외국산 농산물의 구별을 위해서도 매우 중요하게 대두되고 있으며, 육종가의 권리를 보호하기 위해서도 신속하고 정확한 품종확인에 대한 기술체계를 확립할 필요가 있다. 그러나 어느 작물에서나 오래된 품종들이 새로운 품종들에 의해서 대체되고 있으며, 새로운 품종들은 유전적으로 기존의 품종들과 매우 밀접하게 관련되어 있어 품종의 구별이 간단치 않다.

분자생물학의 발달로 RFLP, RAPD, AFLP 및 SSR 등 다양한 분자마커들이 여러 작물의 유전적다양성 분석, 유전자 지도 작성 및 계통선발 등 육종적으로 이용되는 연구결과가 점차 증가되고 있으며(Jong *et al.*, 2006; Kim *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2006; Jung *et al.*, 2004; Kim *et al.*, 2004), 품종판별에도 이용이 되고 있다(Kobayashi & Yoshida, 2006; Kobayashi & Yoshida, 2005; Uchimura *et al.*, 2004; Kwon *et al.*, 2003; Moon *et al.*, 2003; Turuspekov *et al.*, 2001).

형태 및 작물학적 특성은 기상조건이나 재배방법 등 환경의 영향을 받기 때문에 품종 판별이 곤란한 경우가 있으나 DNA마커는 이러한 영향을 받지 않기 때문에 품종판별에 매우 유용하며(Kobayashi & Yoshida, 2005; Uchimura *et al.*, 2004; Song *et al.*, 1999), 마커수의 제한이 없기 때문에 평가가 빠르고 정밀한 판별 잠재력을 갖고 있다(Bernet *et al.*, 2003).

DNA 마커 중에서 RFLP 마커는 다형성이 낮아서 유전적으로 가까운 근연품종의 구별에는 적당하지 않고(Wu & Tansley, 1993), RAPD 마커는 재현성이 낮은 반면에 SSR

†Corresponding author: (Phone) +82-43-261-2513  
(E-mail) hongsigk@chungbuk.ac.kr <Received October 23, 2006>

마커는 다형성이 높고, 공우성이고 안정성이 높으며, 분석 방법이 단순하기 때문에 유전적으로 가까운 근연품종 간의 구별이 아주 용이하여 품종확인에 여러 가지로 유리하다 (Cregan *et al.*, 1999; Donini *et al.*, 1998; Ji *et al.*, 1998; Weising *et al.*, 1998; Akagi *et al.*, 1997; Rongwen *et al.*, 1995).

품종 보급에는 품종의 작물학적 특성, 자연환경 및 사회적으로 인위적 복잡하게 관여되어 주요품종들에 대한 품종판별은 각 품종들 간의 구별성 뿐만 아니라 품종의 순도 유지를 위해서도 매우 중요하다.

최근에 품종 육성자의 권리보호와 품질의 고위 안정화를 위한 품종 판별 기술의 확립이 강하게 요구되는 실정에도 불구하고 분자마커에 의한 작물의 품종확인과 순도유지를 위한 기술개발은 매우 미흡한 실정이다. 더욱이 지금까지 국내에서 육성된 콩 품종의 판별을 위한 분자마커 활용에 대한 연구결과가 보고된 바 없다.

따라서 본 연구는 SSR 마커를 이용하여 국내에서 육성된 품종을 판별하고, SSR 마커로 판별되지 않은 품종들은 형태적 특성으로 구별 가능한가를 검토하여 콩 품종판별의 기초자료로 이용하고자 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 시험재료

시험재료는 국내에서 1913년부터 2002년까지 육성된 콩 품종 99개중에서 8개 품종(은대두, 육우3호, 금강소립, 덕유콩, 큰올콩, 갈미콩, 다올콩 및 단미꽃콩)이 제외된 91개 품종이었다. 용도별로는 장류 및 두부용콩 50품종, 나물콩 25품종, 밥말콩 9품종과 꽃콩 및 올콩 7품종이었다(Table 1).

### SSR 분석

DNA분리는 파종 후 15일된 어린 잎을 채취하여 Cho *et al.*(2000)의 방법에 의하여 수행하였다. SSR 분석은 한국 콩 육성품종의 SSR 마커에 의한 유전적 다양성과 유연관계 분석(Kim *et al.*, 2006)에서 이용한 20개 마커 중에서 다형성이 높았던 Sat\_043, Sat\_036, Sat\_022, Sat\_088 및 Satt045의 5개 마커를 선발하여 이용하였다(Table 2). PCR 용액은 30 ng의 genomic DNA, 10X PCR buffer, 0.2  $\mu$ mol의 primer, 200  $\mu$ mol의 dGTP, dATP, dTTP, dCTP, 50 mM의 KCl, 10 mM Tris-HCl pH8.3 0.01% gelatin, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>와 1 unit의 Taq DNA polymerase를 혼합하였다. DNA 증폭은 AB(Applied Biosystem)사의 GeneAmp PCR

system 2700과 MJ Research사의 Thermal Cycler(PTC-100, USA)를 사용하여, Hot step을 94°C에서 5분간 실시하였고, 94°C에서 1분간 denaturation, SSR 마커에 따라 Sat\_043은 48°C, Sat\_036은 55°C, Sat\_022은 47°C, Sat\_088은 48°C 및 Satt045은 55°C로 1분간 annealing, 72°C에서 1분간 extension의 과정을 32회 반복하였고, 5분 동안 최종 extension을 수행하였다. SSR 마커의 PCR 증폭 DNA는 6% polyacrylamide gel상에서 전기영동하여 silver staining 하였다.

### Data 수집 및 품종판별

높은 다형성을 보인 5개의 SSR 마커를 사용하여 PCR로 증폭된 산물을 6% 폴리아크릴아마이드 겔에서 분리한 DNA 밴드들을 분자량 확인용 10 bp DNA ladder band를 기준으로 SSR밴드의 분자량을 확인하였다. 품종판별은 SSR 밴드의 분자량 차이를 이용하여 91개 품종을 단계별로 판별하였다. 1단계에서 가장 많은 대립인자 수를 가진 SSR 마커를 이용하여 품종을 판별하였고, 2단계에서는 두번째로 대립인자수가 많은 마커로 1단계에서 구별되지 않은 품종들을 판별하는 방법으로 5단계까지 품종을 판별하였다. 5단계까지 판별되지 않은 품종은 형태적 특성을 이용하여 구별하였다.

## 결과 및 고찰

본 연구에 이용된 91개 품종은 20개의 SSR 마커에 의하여 검정콩 4호를 제외하고 7그룹으로 분류되어졌는데(Kim *et al.*, 2006), I그룹에는 26품종, II그룹에는 6품종, III그룹에는 2품종, IV그룹에는 24품종, V그룹에는 5품종, VI그룹에는 18품종 그리고 VII그룹에 9품종이 속하였다(Table 1).

품종판별을 위한 SSR 5개 마커들의 대립인자수는 Sat\_043과 Sat\_036이 15개, Sat\_022는 13개, Sat\_088은 11개 그리고 Satt045는 10개로 총 대립인자수는 64개였고 평균 대립인자수는 12.8개이었다. PIC값은 0.790(Satt045)~0.905(Sat\_043)의 범위이었으며 5개 마커의 평균 PIC값은 0.857이었다(Fig. 1, Table 3). 분자마커를 이용한 유전적 다양성과 유전적 거리의 분석은 다형성이 높은 마커가 많이 사용될수록 정밀한 분석이 이루어지고 신뢰도가 증가된다. 그러나 품종판별을 목적으로 할 경우에는 경제성과 효율성을 감안하여 가능한 한 판별마커수가 적정수준에서 최소화 되어야 하는데(Kwon *et al.*, 2003), 본 연구에서 이용된 5개 마커는 다형성이 높아 품종판별에 매우 효율적일 것으로 생각된다.

**Table 1.** List of Korean soybean cultivars used for discrimination by SSR markers.

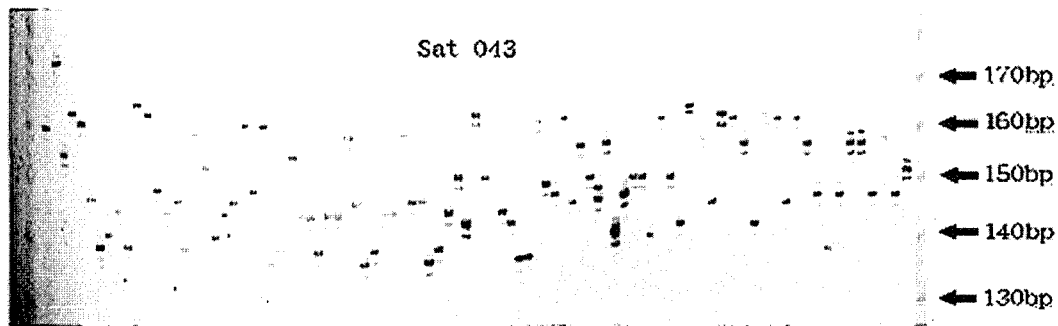
Entry No.	Cultivar name	Year released	Usage	SSR cluster	Entry No.	Cultivar name	Year released	Usage	SSR cluster
1.	Jangdanbaekmok	1913	ST <sup>†</sup>	I <sup>‡</sup>	47.	Hannamkong	1994	BS	V
2.	Buseok	1948	ST	I	48.	Jinpumkong	1994	ST	I
3.	Chungbukbaek	1948	ST	VII	49.	Iksannamulkong	1995	BS	IV
4.	Iksan	1948	ST	IV	50.	Geumgangkong	1995	ST	V
5.	Haman	1960	ST	IV	51.	Myeongjunamulkong	1995	BS	VI
6.	Keumkangdaelip	1960	ST	VII	52.	Pungsannamulkong	1995	BS	II
7.	Kwangdu	1966	ST	I	53.	Seokyangputkong	1995	VS	VII
8.	Hill	1967	BS	IV	54.	Sobaegnamulkong	1995	BS	VI
9.	Shelby	1967	ST	VI	55.	Alchankong	1996	ST	IV
10.	Kwangkyo	1969	ST	I	56.	Dajankong	1996	ST	VI
11.	Bongeu	1970	ST	VI	57.	Geomjeongkong 2	1996	CR	I
12.	Dongpuktae	1974	ST	II	58.	Geomjeongkong	1996	EM	I
13.	Kanglim	1974	ST	VI	59.	Jinpumkong 2	1996	ST	II
14.	Baegcheon	1977	ST	VI	60.	Daewonkong	1997	ST	I
15.	Danyeobkong	1978	BS	IV	61.	Ilpumgeomjeongkong	1997	CR	I
16.	Jangyeobkong	1978	ST	I	62.	Jangmikong	1997	ST	VI
17.	Hwangkeumkong	1980	ST	I	63.	Tawonkong	1997	BS	III
18.	Jangbaegkong	1982	ST	IV	64.	Ilmikong	1998	ST	VI
19.	Namcheonkong	1982	ST	II	65.	Paldonamulkong	1998	BS	IV
20.	Milyangkong	1983	ST	VI	66.	Saeolkong	1998	EM	VII
21.	Baegunkong	1984	ST	IV	67.	Seonheukkong	1998	CR	I
22.	Pangsakong	1984	BS	IV	68.	Sodamkong	1998	ST	I
23.	Saealkong	1984	ST	I	69.	Somyeongkong	1998	BS	IV
24.	Paldalkong	1985	ST	VI	70.	Songhagkong	1998	ST	IV
25.	Dankyeongkong	1986	ST	V	71.	Dachwangkong	1999	ST	VII
26.	Eunhakong	1986	BS	IV	72.	Doremikong	1999	BS	IV
27.	Pokwangkong	1986	ST	I	73.	Heugcheongkong	1999	CR	I
28.	Jangkyongkong	1988	ST	I	74.	Jinyulkong	1999	CR	II
29.	Muhankong	1988	ST	I	75.	Sowonkong	1999	BS	VI
30.	Namhaekong	1988	BS	I	76.	Cheongjakong	2000	CR	I
31.	Danweonkong	1989	ST	VI	77.	Jangwonkong	2000	ST	I
32.	Jangsukong	1989	ST	VI	78.	Saebyeolkong	2000	BS	IV
33.	Mallikong	1990	ST	I	79.	Seonnogkong	2000	VS	VII
34.	Samnamkong	1991	ST	VI	80.	Shillokkong	2000	VS	VII
35.	Shinpaldalkong	1991	ST	V	81.	Sohokong	2000	BS	IV
36.	Taekwangkong	1991	ST	I	82.	Geomjeongkong 3	2001	CR	II
37.	Bukwangkong	1992	ST	IV	83.	Geomjeongkong 4	2001	CR	-
38.	Sinpaldalkong 2	1992	ST	VI	84.	Jinmikong	2001	ST	I
39.	Danbaekong	1993	ST	IV	85.	Sorogkong	2001	BS	IV
40.	Duyoukong	1993	ST	V	86.	Anpyeongkong	2002	BS	IV
41.	Geomjeongkong 1	1993	CR	I	87.	Dachaekong	2002	BS	III
42.	Hwaornputkong	1993	VS	VII	88.	Daepungkong	2002	ST	IV
43.	Hwasongputkong	1993	VS	VII	89.	Dagikong	2002	BS	IV
44.	Kwangankong	1993	BS	IV	90.	Hojankong	2002	ST	I
45.	Pureunkong	1993	BS	VI	91.	Seonamkong	2002	BS	IV
46.	Soyangkong	1993	ST	VI					

<sup>†</sup>ST=soy source and tofu soybean, BS= bean spout soybean, CR=cooking soybean with rice, VS=vegetable soybean, EM=early maturity soybean

<sup>‡</sup>A total of 91 Korean soybean cultivars were classified into 7 clusters except Geumjeongkong 4 based on SSR analysis by Kim *et al.* (2006)

**Table 2.** Information on five markers used for cultivar discrimination of Korean soybean.

Primer	Core motif and number of repeats	Sequence	Annealing temperature
Sat_043	(AT)23	F : GCG GTC CGT CAA TGA ATA TTA AAT TAA AA R : GCG AAA GCG GCA GAG AGA GAA AGG T	48°C
Sat_036	(AT)19	F : GCG ACT CCA AGT TTT TTT TGT TT R : GCG GGA GTT AGA GGA AGA GAA CA	55°C
Sat_022	(AT)27	F : GCG GCC TTT TCT GAC TGT TAA R : GCG CAG TGA CTA AAA CTT ACT AT	47°C
Sat_088	(AT)17	F : TTC AAT TGT ACA TAG TCA TCA A R : TAA TGA GCG AGG AAT CTA A	47°C
Satt045	(ATT)18	F : TGG TTT CTA CTT TCT ATA ATT ATT T R : ATG CCT CTC CCT CCT	55°C



**Fig. 1.** SSR DNA polymorphism revealed by Sat\_043.

**Table 3.** Number of alleles, range of allele size and PIC values estimated by five SSR markers of 91 Korean soybean cultivars.

Primer	Linkage group	Number of alleles	Range of allele size (bp)	PIC value
Sat_043	K	15	138-172	0.905
Sat_036	D1a	15	130-210	0.875
Sat_022	D2	13	208-264	0.886
Sat_088	G	11	128-164	0.832
Satt045	E	10	123-150	0.790
Mean		12.8		0.857

SSR 마커를 이용한 콩 품종의 판별은 우선 대립인자 수가 많으며 PIC 값이 높은 Sat\_043을 이용하여 판별하였고, 다음으로 Sat\_036, Sat\_022, Sat\_088, 및 Satt045 등의 순서로 하여 5단계로 이루어졌다. 국내에서 1913년부터 2002년까지 육성된 콩 품종 91개에 대하여 단계별(1-5단계)로 품종을 판별한 모식도는 Table 4와 같으며, 그 판별결과는 Table 5와 같다. 1단계에서 Sat\_043으로 판별하였을 때 부

석(172 bp)의 1품종만이 판별되었으며, 나머지 품종들은 분자량의 차이에 따라 14그룹으로 구분되었다. 2단계의 Sat\_036으로 1단계에서 판별되지 않은 90품종 중에서 호장콩(90bp) 등 34품종이, 3단계의 Sat\_022으로는 2단계에서 판별되지 않은 56품종 중에서 단경콩(230 bp) 등 29품종이, 4단계의 Sat\_088로는 신탐달콩2호(160 bp) 등 12품종이 판별되었다. 5단계의 Satt045로는 새별콩(132 bp) 등 6품종이

**Table 4.** Discrimination steps by five SSR markers of 91 Korean soybean cultivars.

Step-1 (Sat_043)		Step-2 (Sat_036)		Step-3 (Sat_022)		Step-4 (Sat_088)		Step-5 (Satt045)			
Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)		
138	25	138	25	230	25(Dankyeong)	152	35	132	35 <sup>†</sup>		
	35		35	232	35						
	40		40	40	40						
	47		47	50	50						
	50		50	240	47(Hannam)						
140	7	138	90(Hojang) <sup>†</sup>	232	46(Soyang)	130	10	150	10		
	10	140	46							46	
	16	60	256							60(Daewon)	
	27	156	7(Kwangdu)							27	
	28	190	10							244	36(Taekwang)
	36	16	246							16(Jangyeob)	
	46	27	250							27(Pokwang)	
	60	28	256							10	10
	90	36	28							28	28
142	8	146	18(Jangbaeg)	224	78	150	78	132	78(Saebyeol)		
	18	168	8(Hill)							78	
	68	200	68(Sodam)							81	
144	43	130	48(Jinpum)	224	81	150	81	135	81(Soho)		
	48	152	43(Hwaseongput)								
	78	182	78								
	81	81									
146	9	130	29	232	29	232	29	132	29		
	14		30		30		30		30		
	20	138	9	232	9	160	38(Sinpaldal 2)				
	29		32		38	163	9(Shelby)				
	30		38		56	183	56(Dajang)				
	31		56	244	32(Jangsu)						
	32	140	45(Pureun)								
	37	146	14	218	20(Milyang)						
	38		20	228	14(Baegcheon)						
	45		31	232	31(Danweon)						
	52		37	224	52(Pungsannamul)						
	56		52	228	37(Bukwang)						
	58	160	74(Jinyul)								
	61	190	58	256	82(Geomjeong 3)						
	74		61	264	58	148	58	150	58		
82		82		61		61		61			

Table 4. Continued.

Step-1 (Sat_043)		Step-2 (Sat_036)		Step-3 (Sat_022)		Step-4 (Sat_088)		Step-5 (Sat045)			
Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)		
148	5	138	34	244	34(Samnam)	152	39	132	44(Kwangan)		
	15		83		250					83(Geumjeong 4)	
	22	140	39	228	39						
	34	44	44	150	44					150	39(Danbaek)
	39	142	85	208	91(Seonam)						
	44	91	228	85(Sorog)							
	49	144	5	228	5					150	5(Haman)
	83	15	15	152	15(Danyeob)						
	84	168	49(Iksannamul)								
	85	184	22(Pangsa)								
91	190	84(Jinmi)									
150	12	138	54	138	54	130	54	132	62 (Jangmi)		
	23		62		62					62	150
	54	140	65(Paldonamul)								
	59	160	12	232	59(Jinpum 2)						
	62	59	240	12(Dongpuktae)							
	65	190	23	228	23					142	69(Somyeong)
	69	69	69	156	23(Sacal)						
152	53	156	53(Seokyangput)								
	79	182	79(Seonnog)								
154	19	160	19(Namcheon)								
	73	210	73(Heugcheong)								
158	4	142	4(Iksan)								
	26	182	72(Doremi)								
	55	184	26(Eunha)								
	63	190	55	224	89(Dagi)						
	72	63	228	86(Anpyeong)							
	86	86	230	55	130	87(Dachae)					
	87	87	63	148	63(Tawon)						
	89	89	87	150	55(Alchan)						
	162	17	130	17(Hwangkeum)							
33		142	75(Sowon)								
41		184	41(Geumjeong 1)								
75		190	33	244	33(Malli)						
76		76	250	76(Cheongja)							

Table 4. Continued.

Step-1 (Sat_043)		Step-2 (Sat_036)		Step-3 (Sat_022)		Step-4 (Sat_088)		Step-5 (Satt045)	
Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)	Allele size (bp)	Entry No. (Cultv. Name)
164	1	130	6(Keumkangdaelip)						
	6	138	24	232	24(Paldal)				
	21		51	246	51	130	51(Myeongjunamul)		
	24		88		88	132	88(Daepung)		
	51	140	1(Jangdanbaegmok)						
	57	142	70(Songhag)						
	67	182	21(Baegun)						
	70	190	77(Jangwon)						
	77	234	57(Geomjeong 2)						
	88	240	67(Seonheuk)						
166	3	146	13(Kanglim)						
	13	152	3(Chungbukbaek)						
	42	156	42(Hwacomput)						
	71	160	71	208	80(Shillok)				
	80		80	264	71(Daehwang)				
168	11	138	11	234	64(Ilmi)				
	64		64	244	11(Bongeu)				
	66	156	66(saeol)						
172	2(Buseok)								

<sup>†</sup>Cultivar name in parenthesis indicates discriminated cultivars at each step.

<sup>‡</sup>Italic entry number of the fifth step indicates cultivars that were not discriminated each other.

판별되었다. 품종판별을 위한 1단계에서 5단계의 판별과정에서 신탄달콩(35번), 두유콩(40번) 및 금강콩(50번)의 3품종, 광고(10번)와 장경콩(28번)의 2품종, 무한콩(29번)과 남해콩(30번)의 2품종, 또한 검정올콩(58번)과 일품검정콩(61번) 간에는 SSR 마커에 의한 다형성이 검출되지 않아 서로 간에 판별되지 않았다. 결과적으로 5단계까지 5개의 SSR 마커(Sat\_043, Sat\_036, Sat\_022, Sat\_088 및 Satt045)를 조합하여 총 91품종 중에서 82품종을 구별할 수 있었으며 약 90%가 판별되었다. 서로 간에 판별되지 않은 품종들은 SSR 그룹분류(Table 1)에서 동일그룹에 속하였는데 신탄달콩, 두유콩 및 금강콩은 V그룹에, 그외의 광고, 장경콩, 무한콩, 남해콩, 검정올콩 및 일품검정콩은 모두 I그룹에 속하였다.

Wang & Tansley(1989)는 10개의 RFLP 마커로 70개의 벼 품종 중에서 58개를 구별하였고, Ji *et al.*(1998)은 SSR 85개 마커를 이용하여 자포니카 벼 51개 품종의 유전적 다양성을 보고하였으며, 고도의 다형성을 보인 6개의 SSR마

커를 선발하여 51개 품종을 모두 판별하였다. Turuspekov *et al.*(2001)도 SSR 21개 마커를 이용하여 일본 보리 18품종에 대한 유전적 다양성을 보고하였고, 5개 SSR 마커를 선발하여 18품종을 단계적으로 판별하였으며 이 5개 마커가 일본 보리 품종 판별에 매우 유효하게 이용될 것이라고 하였다. Aranzana *et al.*(2002)은 복숭아 25품종에 대한 SSR 마커 30개의 변이 분석에서 동일 그룹에 속하는 2품종 간에 SSR 다형성의 차이가 없어 구별되지 않았다고 하였다. Moon *et al.*(2003)도 고추의 AFLP분석에 의한 품종구별에서 일부 2품종들 간에 판별이 어려웠는데 이 품종들은 작물학적 특성과 다양한 DNA 마커를 활용하면 품종구별이 가능할 것이라고 하였다. 위의 연구결과들과 비교하여 볼 때 본 연구에서 5개의 SSR 마커로 콩 91개 품종 중에서 82품종이 판별된 것은 매우 효율성이 높은 것으로 생각된다.

SSR 마커로 판별되지 않은 콩 품종들을 형태적 특성에 의한 판별 가능성을 확인하기 위하여 농업과학논문집과 한

**Table 5.** Cultivars discriminated at each step by five SSR markers of 91 Korean soybean cultivars.

Step	Primers	Number of cultivars	Discriminated cultivars
Step-1	Sat_043	1	Buseok
Step-2	Sat_043 + Sat_036	34	Hojangkong, Kwangdu, Jangbaekong, Hill, Sodamkong, Jinpumkong, Hwaseongputkong, Pureunkong, Jinyulkong, Iksannamulkong, Pangsakong, Jinmikong, Paldonamulkong, Seokyangputkong, Seonnogkong, Namcheonkong, Heugcheongkong, Iksan, Doremikong, Eunhakong, Hwangkeumkong, Sowonkong, Geomjeongkong 1, Keumkangdaelip, Jangdanbaegmok, Songhagkong, Baegunkong, Jangwonkong, Geomjeongkong 2, Seonheukkong, Kanglim, Chungbukbaek, Haweomputkong, Saeolkong
Step-3	Sat_043 + Sat_036 + Sat_022	29	Dankyeongkong, Hannamkong, Soyangkong, Daewonkong, Taekwangkong, Jangyeobkong, Pokwangkong, Jangsukong, Milyangkong, Baegcheon, Danweonkong, Pungsannamulkong, Bukwangkong, Geomjeongkong 3, Samnamkong, Geumjeongkong 4, Seonamkong, Sorogkong, Jinpumkong 2, Dongpuktae, Dagikong, Anpyeongkong, Mallikong, Cheongjakong, Paldalkong, Shillokkong, Daehwangkong, Ilmikong, Bongeu
Step-4	Sat_043 + Sat_036 + Sat_022 + Sat_088	12	Sinpaldalkong 2, Shelby, Dajangkong, Haman, Danyeobkong, Somyeongkong, Saealkong, Dachaekong, Tawonkong, Alchankong, Myeongjunamulkong, Daepungkong
Step-5	Sat_043 + Sat_036 + Sat_022 + Sat_088 + Satt045	6	Saebyeolkong, Sohokong, Kwangankong, Danbaekkong, Jangmikong, Sobaegnamulkong
	Non-discriminated	9	Shinpaldalkong(35) <sup>†</sup> , Duyoukong(40), Geumgangkong(50), Kwangkyo(10), Jangkyongkong(28), Muhankong(29), Namhaekong(30), Geomjeongkong(58), Ilpumgeomjeongkong(61)
	Total	91	

<sup>†</sup>Number in parenthesis indicates entry number in Table 1 and 4.

국육종학회지에 보고된 각 품종의 특성(Shin *et al.*, 1998; Baek *et al.*, 1998; Park *et al.*, 1996; Shin *et al.*, 1994; Hong *et al.*, 1992; Kim *et al.*, 1989; Hong *et al.*, 1989; Shin *et al.*, 1989; Ham *et al.*, 1969)을 비교하였다(Table 6). SSR 그룹분류(Table 1)의 I그룹에 속하는 광교와 장경콩은 형태적 특성 8개 중에서 신육형, 꽃색 및 눈색이, 무한콩과 남해콩은 신육형, 꽃색과 모용색이, 검정올콩과 일품검정콩 간에는 협색이, V그룹에 속하는 신팔달콩, 두유콩 및 금강콩의 3품종은 모용색, 협색 및 눈색이 차이가 있었다. 따라서 SSR 마커에 의한 다형성이 검출되지 않은 품종 상호 간에는 형태적 특성에 의하여 구별이 가능하였다.

분자마커는 재배환경의 영향을 받지 않고 매우 정밀하게 분석할 수 있지만 분자마커에 의한 유사도가 아주 높은 품종 간에는 DNA 다형성 검출빈도가 매우 낮고, 마커의 선발과 판별에 매우 많은 시간과 노력이 요구된다. DNA 마커에 의한 유전적 거리가 형태적 특성으로 나타나는 유전적 거리

와 반드시 비례하는 것은 아니기 때문에(Kwon *et al.*, 2003), DNA 마커에 의한 유사도가 매우 높아 구별되지 않는 품종들은 형태 및 작물학적 특성에 의하여 구별할 수 있을 것이다.

품종은 육종가의 많은 노력으로 농업상 중요한 형태 및 작물학적 형질이 개량되고 서로 구별성이 있는 유전적 집단이다. 품종 중에는 육성기간이 단축되어 고정이 불완전한 경우가 있으며, 오래 재배되면서 유전적으로 퇴화되기도 한다. 또한 생산년도와 재배환경에 따른 개체 간 차이가 인정되는 작물도 있다(Uchimura *et al.*, 2004). 품종보급의 증식 단계인 재배, 수확, 탈곡 및 조제 과정에서 이품종이 혼입되는 경우도 있다. 이러한 품종들을 간편하고 쉽게 판별하고, 순도유지를 위한 검정체계로서 DNA 검정의 도입이 가능하다(Kobayashi & Yoshida, 2006). Zhang *et al.*(2005)은 해바라기 품종의 동일 종자 샘플에서 RAPD 마커에 의한 변이가 발견되었다고 보고한 바 있으며, 품종의 DUS 검정중



**Table 6.** Morphological characteristics of non discriminated Korean soybean cultivars by five SSR markers.

SSR cluster	Cultivars	Growth habit	Flower colour	Leaflet shape	Pubsence colour	Pod colour	Seed coat colour	100-seed weight (g)	Hilum colour
I	Kwanggyo	D <sup>1)</sup>	P <sup>2)</sup>	O <sup>3)</sup>	GW <sup>4)</sup>	LB <sup>5)</sup>	LY <sup>6)</sup>	18.4	LB <sup>7)</sup>
	Jangkyongkong	ID	W	O	GW	DB	Y	22.9	LB
	Muhankong	ID	P	O	GW	LB	Y	20.5	LB
	Namhaekong	D	W	O	B	B	Y	12.4	LY
	Geomjeongkong	D	P	O	B	DB	B	28.0	B
	Ilpumgeomjeongkong	D	P	O	B	B	B	25.7	B
V	Shinpaldalkong	D	W	O	B	LB	Y	17.5	DB
	Duyoukong	D	W	O	G	B	Y	17.6	GB
	Geumgangkong	D	W	O	B	B	Y	18.8	G

<sup>1)</sup>D=determinate, ID=indeterminate, <sup>2)</sup>P=purple, W=white, <sup>3)</sup>O=oval, <sup>4)</sup>GW=greish white, B=brown, G=grey, <sup>5)</sup>LB=light brown, DB=dark brown, B=brown, <sup>6)</sup>LY=light yellow, Y=yellow, B=black, <sup>7)</sup>LB=light brown, LY=light yellow, B=black, DB=dark brown, GB=greish brown, G=grey

에서 구별성(Distinctness)을 판단하는 분자마커를 이용하여 균일성(Uniformity) 또는 안정성(Stability)이 평가되어야 한다고 하였다.

이상의 결과와 같이 SSR 마커 5개로 국내에서 육성된 콩 품종 91개중에서 약 90%인 82품종이 판별 가능하였다. 따라서 본 연구에 이용된 SSR 5개 마커는 한국 콩 품종의 판별과 순도유지에 매우 효율적으로 이용할 수 있을 것으로 생각된다.

최근에 품종 육성자의 권리보호와 품질의 고위 안정화의 필요성에 따라 품종 판별 기술의 확립이 시급히 요구되는 실정이다. 품종판별을 위해서는 오래된 품종이나 새로운 품종들에 대하여 효율적으로 다형성을 검출하는 기술이 필요하므로 SSR 뿐만 아니라 RFLP, RAPD 및 AFLP 등 DNA 다형성 정보를 계속해서 축적할 필요가 있다. 또한 저비용화 및 조작의 간략화에 의한 실용성이 높은 기술을 개발하고, 형태 및 작물학적 특성정보도 계속적으로 이용되어야 할 것이다.

## 적 요

SSR 마커를 이용하여 우리나라 콩의 품종판별 기술을 확립하기 위하여 1913년부터 2002년까지 국내에서 육성된 콩 91개 품종에 대하여 5개의 SSR 마커(Sat\_043, Sat\_036, Sat\_022, Sat\_088 및 Satt045)를 이용하여 판별하였다. 판별용으로 이용된 SSR 5개 마커의 총 대립인자수는 64개이었고, 범위는 10~15개이었으며, 평균 대립인자 수는 12.8개이었

다. PIC값은 0.790(Satt045)~0.905(Sat\_043)의 범위이었으며, 평균 PIC값은 0.857이었다. SSR 마커 5개의 조합으로 5단계의 판별을 통하여 총 91품종 중에서 82품종이 구별되어 약 90%가 판별되었다. 판별 1단계에서 Sat\_043으로 판별하였을때 부석의 1품종이, 2단계의 Sat\_036으로는 호장콩 등 34품종이, 3단계의 Sat\_022로는 단경콩 등 29품종이, 4단계의 Sat\_088로는 신팔달콩2호 등 12품종이, 5단계의 Satt045로는 새별콩 등 6품종이 판별되었다. 서로 간에 판별되지 않은 품종들은 형태적 특성에 의하여 구별이 가능하였다.

## 사 사

본 논문은 2005년도 충북대학교 학술연구지원사업에 의하여 연구되었음.

## 인용문헌

- Akagi, H., Y. Yokozeki, A. Inagaki, and T. Fujimura. 1997. Highly polymorphic microsatellites of rice consist of At repeats, and a classification of closely related cultivars with these microsatellite loci. *Theor. Appl. Genet.* 94 : 61-67.
- Aranzana, M .G., J. Garcia-Mas, J. Carbo, and P. Arus. 2002. Development and variability analysis of microsatellite markers in peach. *Plant Breeding* 121 : 87-92.
- Baek, I. Y., D. C. Shin, S. T. Kang, S. B. Song, S. O. Hur, C. K. Park, Y. H. Kwack, and Y. J. Oh. 1998. A new early maturity, black seed coat, and high yielding soybean variety

- for cooking with rice "Geomjeongkong". Korean J. Breed. 30(4) : 399.
- Bernet, G. P., S. Bramardi, D. Calvache, E. A. Carbonell, and M. J. Asins. 2003. Applicability of molecular markers in the context of protection of new varieties of cucumber. Plant Breeding 122 : 146-152.
- 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.
- Donini, P., P. Stephenson, G. J. Bryan, and R. Koebner. 1998. The potential of microsatellites for high throughout genetic diversity assesment in wheat and barley. Gen. Resources and Crop Evol. 45 : 415-421.
- Ham, Y. S., K. Y. Park, and E. H. Hong. 1969. A new soybean variety, "Kwangkyo". Res. Rept. ORD(Crop) 12(1) : 87-90.
- Hong, E. H., S. D. Kim, Y. H. Hwang, Y. H. Lee, Y. H. Moon, E. H. Park, H. S. Kim, Y. H. Kim, W. H. Kim, and R. K. Park. 1989. A disease resistant and mechanized cultivation adaptable new soybean varieties, "Muhankong". Res. Rept. RDA (U&I) 31(4) : 5-8.
- Hong, E. H., S. D. Kim, Y. H. Lee, Y. H. Hwang, Y. H. Moon, H. S. Kim, E. H. Park, Y. G. Seong, Y. H. Kim, W. H. Kim, Y. H. Ryu, and R. K. Park. 1992. A good quality, semi-dwarf, high density-adaptable and high yielding new soybean variety "Shinpaldalkong". Res. Rept. RDA (U&I) 34(2) : 20-25.
- 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.
- Ji, H. S., H. J. Koh, S. U. Park, and S. R. McCouch. 1998. Varietal identification in japonica rice using microsatellite DNA markers. Korean J. Breed. 30(4) : 350-360.
- Jong, S. K., S. H. Kim, S. H. Woo, and H. S. Kim. 2006. Comparision of pedigree-and DNA-based genetic similarity among Korean soybean cultivars. Korean J. Breed. 38(1) : 19-25.
- 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) : 423-428.
- Kim, S. D., E. H. Hong, Y. H. Hwang, Y. H. Lee, E. H. Park, Y. H. Moon, H. S. Kim, W. H. Kim, and R. K. Park. 1989. A broad regional and mechanized cultivation adaptable new soybean variety "Jangkyongkong". Res. Rept. RDA (U&I) 31(4) : 9-12.
- Kim, S. H., J. W. Chung, J. K. Moon, S. H. Woo, Y. G. Cho, S. K. Jong, and H. S. Kim. 2006. Genetic diversity and relationship by SSR markers of Korean soybean cultivars. Korean J. Crop. Sci. 51(3) : 249-258.
- Kobayashi, S. I. and T. Yoshida. 2005. Identification of main paddy rice cultivars in Tochigi Prefecture by RAPD analysis. Jpn. J. Crop Sci 74(2) : 207-211.
- Kobayashi, S. I. and T. Yoshida. 2006. Identification of main wheat and barley cultivars in the Kanto region by RAPD analysis. Jpn. J. Crop Sci 75(2) : 165-174.
- Kwon, Y. S., J. Y. Moon, Y. S. Kwon, D. Y. Park, W. M. Yoon, I. H. Song, and S. I. Yi. 2003. AFLP analysis for cultivar discrimination in radish and chinese cabbage. Korean J. Breed. 35(5) : 319-328.
- Moon, J. Y., I. Y. Seung, D. Y. Park, I. H. Song, H. Y. Park, and Y. S. Kwon. 2003. Application of amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis for DUS test in pepper cultivars. Korean J. Breed. 35(5) : 319-328.
- Park, C. K., I. Y. Baek, S. B. Song, D. C. Shin, H. S. Suh, and Y. J. Oh. 1996. A new early maturity, resistant to disease and lodging, and high yielding soybean variety "Geumgangkong". RDA. J. Agri. Sci. 38(2) : 171-176.
- 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.
- Shin, D. C., C. K. Park, I. Y. Baek, C. S. Jung, J. M. Lee, Y. C. Kim, H. S. Suh, and S. K. Lee. 1994. A new high yielding, resistant to disease and lodging, good seed quality and semi-dwarf soybean variety "Duyoukong". RDA. J. Agri. Sci. 36(2) : 154-158.
- Shin, D. C., I. Y. Baek, C. K. Park, S. T. Kang, S. B. Song, S. O. Hur, Y. H. Kwack, Y. J. Oh, and Y. H. Hwang. 1998. A new early maturity, disease and lodging resistance, high yielding and black seed coat soybean variety "Ilpumgeomjeongkong". Korean J. Breed. 30(4) : 398.
- Shin, D. C., Y. C. Kim, D. K. Sung, H. S. Suh, and G. S. Chung. 1989. A new soybean variety "Namhaekong". Res. Rept. RDA (U&I) 31(3) : 7-10.
- Song, Q. J., C. V. Quigley, R. L. Nelson, T. E. Carter, H. R. Boerma, J. L. Strachan, and P. B. Cregan. 1999. A selected set of trinucleotide simple sequence repeat markers for soybean cultivar identification. Plant Varieties and Seeds 12 : 207-220.
- Turuspekov, Y., K. Nakamura, R. Yoshikawa, and R. Tuberosa. 2001. Genetic diversity of Japanese barley cultivars based on SSR analysis. Breeding Science 51 : 215-218.

- Uchimura, Y., M. Frusho, and T. Yoshida. 2004. Identification of Japanese two-rowed barley cultivars by DNA markers. *Jpn. Crop Sci.* 73(1) : 35-41.
- Wang, L., R. Guan, L. Zhangxiong, R. Chang, and L. Qiu. 2006. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. *Crop Sci.* 46 : 1033-1038.
- Wang, Z. Y. and S. D. Tansley. 1989. Restriction fragment length polymorphism in *Oryza sativa* L. *Genome* 32 : 1113-1118.
- Weising, K., P. Winter, B. Hüttel, and G. Kahl. 1998. Micro-satellite marker for molecular breeding. *J. of Crop Production* 1(1) : 113-143.
- Wu, K. S. and S. D. Tansley. 1993. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in rice. *Mol. Gen. Genet.* 245 : 187-194.
- Zhang, L. S., V. Le Clere, S. Li, and D. Zhang. 2005. Establishment of an effective set of simple sequence repeat markers for sunflower variety identification and diversity assesment. *Can. J. Bot.* 83 : 66-72.