

## 콩 유전자원의 SSR Profiling과 변이

윤문섭\*<sup>†</sup> · 이정란\* · 백형진\* · 조규택\* · 김창영\* · 조양희\* · 김태산\* · 조은기\*\*

\*농촌진흥청 농업생명공학연구원, \*\*농촌진흥청 연구개발국

### SSR Profiling and Its Variation in Soybean Germplasm

Mun-Sup Yoon\*<sup>†</sup>, Jeongran Lee\*, Hyung-Jin Baek\*, Gyu-Taek Cho\*, Chang-Yung Kim\*, Yang-Hee Cho\*  
Tae-San Kim\*, and Eun-Gi Cho\*\*

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

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

**ABSTRACT** The evaluation of soybean germplasm has mainly been carried out by morphological characters at Genetic Resources Division, Rural Development Administration (RDA). However, this information has been limited serving a diverse information for user and effectively managing the soybean germplasm. To resolve this problem, soybean collection conserved at RDA gene bank was profiled using nine soybean SSR (Simple Sequence Repeat) markers.

Soybean SSR allele was confirmed using genescan and genotyper softwares of automatic sequencer for accurate genotyping of each accession and continuous accumulation of data. SSR profiling of soybean germplasm has been carried out from 2,855 (Satt458) to 4,368 (Satt197) accessions by locus. The number of allele revealed 267 with an average of 29.6 in total accession, and varied from a low of 21 (Satt532 and Satt141) to a high of 58 (Sat\_074). Although the number of accessions of wild soybean is less than that of soybean landraces, Korean wild soybean is more variable than other soybean landraces populations in total number of alleles. However, Korean soybean landraces were more variable than Korean wild soybeans in 5 loci. In the allele frequency, wild soybean accessions showed an even distribution in all alleles and higher distribution in low ladder than in high ladder. Also, Korean soybean landraces revealed a high condensed frequency in Satt286 (202 bp, 232 bp), Chinese soybean landraces in Satt197 (171 bp) and Satt458 (173 bp), and Japanese soybean landraces in Sat\_074 (244 bp) and Satt458 (170 bp).

These SSR profile information will be provided as indications of redundancies or omissions of accessions and can aid in managing soybean collection held at RDA gene

bank. The information on diversity analysis could help to enlarge the genetic diversity of materials in breeding program, and could be used to develop a core collection of soybean germplasm.

**Keywords** : cultivated soybean, wild soybean, SSR profile, polymorphism

콩 [*Glycine max* (L.) Merr.]은 동아시아에서 다양한 용도의 식품문화와 오랜 동안 서로 다른 환경에 적응해 온 결과로서 여러 종류의 재래종이 재배되고 있다. 특히 우리나라 재래종 콩의 특성분화는 용도 또는 지역에 따른 재배시기 등에 따라 재배자로 하여금 선발되어 왔고, 그것이 또한 오랜 동안 지역별 및 농가별로 재배되어 많은 생태종을 형성하여 왔다(Hong *et al.*, 1988; Kwon *et al.*, 1972).

농진청 종자은행에서는 약 7,000여점의 한국 재래종 콩 유전자원을 보존하고 있고 식물 육종가, 연구자 및 그 밖의 이용자가 쉽게 접근이 가능하도록 하기 위한 노력을 기울이고 있다. 그러나 이러한 대규모의 식물 유전자원 수집단은 이용에 있어 어려운 문제를 야기하고 있다. 따라서 이와 같은 문제점을 해결하고 다양한 유전자원의 효과적인 이용을 위해서는 그들 집단의 형태적 특성뿐만 아니라 분자 마커를 이용한 유전적 구조를 파악하는 것이 필요하다.

최근의 분자 유전적 표지인자는 집단의 유전적 구조 해석은 물론 분자 생물학적 지도 개발, 유전자원의 다양성, 유전자형 구명 및 새로운 품종을 보호하는데 널리 이용되고 있다(Gepts & Clegg, 1989). 그러나 지금까지 대규모의 콩 유전자원 집단의 구조를 분석하는데 주로 형태적 특성(Dong *et al.*, 2001; Dong *et al.*, 2003; Perry & McIntosh, 1991;

<sup>†</sup>Corresponding author: (Phone) +82-31-299-1831

(E-mail) msyoon63@rda.go.kr <Received August 29, 2006>

Yoon *et al.*, 2000a)과 동위효소(Park & Yoon, 1997; Perry *et al.*, 1991; Yoon *et al.*, 2000b)를 이용하여 수행되었으며, 분자 마커를 이용한 연구는 미진한 실정이다.

콩 simple sequence repeat(SSR) 마커는 지금까지 다른 어떠한 마커보다 큰 다형성을 나타낸 분자 마커로서 Akkaya *et al.*(1992)에 의해 3개의 SSR 유전자좌를 이용하여 최초로 수행되었으며, Cregan *et al.*(1994)은 콩을 포함하는 4개의 작물에서 SSR 존재여부를 확인한 바 있다. 그 후 주로 육성품종의 유전적 구조를 확인하기 위해 주로 이용되었다(Kim *et al.*, 2006; Li *et al.*, 2001; Brown-Guedira *et al.*, 2000; Narvel *et al.*, 2000; Song *et al.*, 1999; Diwan & Cregan, 1997). 또한 Cregan *et al.*(1994)과 Diwan & Cregan (1997)은 콩 SSR 분석에 자동 염기서열 분석기를 이용하여 효율성과 신속성을 입증하였다.

본 연구는 농진청 종자은행에서 보유하고 있는 콩 유전자원에 대해 기존 기초정보와 연계시켜 콩 유전자원의 활용을 제고시키고자 SSR 마커를 이용한 profile을 1차로 작성한 결과로서 그동안 분석된 콩 유전자원의 총괄적인 SSR profile 결과를 보고하고자 한다.

## 재료 및 방법

### 시험재료

본 시험에는 농진청 종자은행에 보존된 콩 유전자원 중 한국 재래종 3,248점, 중국 재래종 646점, 일본 재래종 257점과 한국 야생콩[*G. soja*(Sieb. & Zucc.)] 259점이 SSR profile 작성을 위해 사용되었다. 중국 및 일본 재래종은 미국 USDA로부터 도입된 자원이었으며 한국 재래종과 야생은 자체 수집과 농진청 산하기관 및 각 시군농업기술센터로부터 도입된 자원들이다.

### DNA 추출

DNA 분리는 콩의 어린잎을 유발에 넣고 액체질소로 급속 냉동시킨 후 유봉으로 곱게 마쇄시켰다. 마쇄된 분말은 Dneasy Plant Mini Kits(Qiagen #69106)를 이용하여 DNA를 추출하였으며, 추출된 DNA의 농도는 스펙트로포토메터를 이용하여 260 nm와 280 nm에서 측정하였다. PCR에 이용될 DNA 농도는 20 ng/ $\mu$ l로 조정되었다.

### 마커선발

SSR 분석을 위해 사용된 primer는 Table 1과 같다. 9개의 SSR 마커는 20개의 콩 분자생물학적 연관군에서 연관군과 다형성지수(Polymorphic Index Content; PIC)를 고려하여 선발되었다(Cregan *et al.*, 1999; Song *et al.*, 2004). 또한 SSR 마커 중 2염기반복의 core motif를 갖고 있는 Sat\_074를 제외한 8개의 SSR 마커는 모두 3염기반복의 core motif를 갖고 있는 것들이었다.

### SSR 분석

증폭반응은 20 ng의 콩 genomic DNA, 4  $\mu$ l의 dNTP, 50 mM의 KCl을 포함하는 1  $\times$  PCR Buffer, 0.15  $\mu$ M의 3'와 5' end primer 그리고 1 unit의 Taq DNA polymerase를 혼합하여 이용하였다. 증폭반응은 PTC-100 thermocycler(MJ Research, Inc., Watertown, MA)를 이용하여 94°C에서 25초간 denaturation, 45°C에서 25초간 annealing 그리고 68°C에서 25초간 extension을 32cycle 수행하였다. 증폭 후 PCR 산물은 청(FAM), 황(NED), 또는 녹(HEX)색의 형광물질로 각각 표지되었으며, 0.5  $\mu$ l internal size standard ROX(AB-PEC, Foster City, CA)와 0.5  $\mu$ l의 loading buffer가 혼합되어 ABI 3100 DNA sequencer(AB-PEC, Foster City, CA)로 분석되었다. 자료 분석을 위해서는 GeneScan 3.7 software

Table 1. Soybean SSR loci, linkage group, and sequence of primers used for DNA profiling of soybean germplasm.

Locus	Fluorescent dye	Linkage group	Forward primer	Reverse primer
Sat_074	FAM	F	GGGTGAGAAATACATGCAACTTACA	GGGCATCAAATTGA TATTAAATGTCTAA
Satt187	HEX	A2	GCGTTTTAATTTATGATATAACCAA	GCGTTTTATCTCTTTTTCCACAAC
Satt197	NED	B1	CACTGCTTTTTCCCCTCTCT	AAGATACCCCCAACATTATTTGTAA
Satt532	FAM	D1a+Q	GCGCCAATATTATCATGCTTTATGT	GCGTGTA AAAATCTTTGAATCTTGA
Satt141	HEX	D1b+W	CGGTGGTGGTGTGCATAATAA	CCGTCATAAAAAGTC CCTCAGAAT
Satt286	NED	C2	GCGGCGTTAATTTATGCCGGAAA	GCGTTTTGGTCTAGAATAGTTCTCA
Satt245	FAM	M	AACGGGAGTAGGACATTTTATT	GCGCCTCCTGAATTTCAAAGAATGAAGA
Satt545	HEX	A1	CAATGCCATTCCATATTTGTT	CAATTGCCCTAGTTTTGATAG
Satt458	NED	D2	TTGGGTTGACCGTGAGAGGGAGAA	GCGAACCACAAACAACAATCTTCA

(ABI PRIZM, Applied Biosystems)와 Genotyper 3.7 software (ABI PRIZM, Applied Biosystems)가 각각 이용되었다.

## 결과 및 고찰

### SSR profiling과 대립인자수

한국, 중국 및 일본 재래종과 한국 야생종을 포함한 콩 유전자원이 9개의 SSR 마커에 의해 분석되었다. SSR profiling은 유전자좌별로 2,855(Satt458)점부터 4,368(Satt197)점까지의 자원이 분석되어 35,655건이 데이터베이스화되었다. 분석 결과 총 267개의 대립인자를 나타냈으며 유전자좌당 평균 29.6개의 높은 다형성을 나타냈다. 유전자좌별 대립인자 수는 58개(Sat\_074)부터 21개(Satt532 및 Satt141)까지 나타냈다(Table 2). SSR 마커를 이용한 분석 결과 중 가장 큰 다형성을 나타낸 것으로는 Saghai Maroof *et al.*(1994)이 보라에서 4개의 유전자좌를 이용하여 평균 17.7개의 대립인자를 나타냈고 한 유전자 좌에서 37개의 대립인자를 나타

냈음을 보고한 것이었으나, 본 시험에서는 2 bp repeat인 Sat\_074에서 58개의 대립인자를 나타냄으로서 지금까지 보고된 어떠한 결과보다 큰 다형성을 나타냈다. 그러나 2 bp repeat의 마커가 이처럼 많은 대립인자를 나타내는 반면, stutter peaks와 연관되어 있어 많은 유전자형을 비교하는데 어려움을 겪을 수도 있음이 보고된 바 있다(Rongwen *et al.*, 1995; Cregan *et al.*, 1994).

본 시험과 동일한 유전자좌를 이용한 연구결과들과 비교하여 보면 Song *et al.*(1999)은 Northern American ancestors와 North American 엘리트 콩 66품종의 SSR profile 작성을 위해 사용한 Satt141은 9개의 대립인자를 나타냈고, Satt197은 7개의 대립인자를 나타냈음을 보고한 바 있다. 그러나 본 시험에서는 21개와 29개의 대립인자를 각각 나타냄으로서 훨씬 높은 다형성을 나타냈다. 또한 Abe *et al.*(2003)이 아시아 콩 유전자원을 대상으로 분석한 결과 Satt197은 14개의 대립인자를 나타내 지리적으로 다양한 곳에서 선발된 자원에서보다 본 결과가 더 많은 대립인자를 나타냈다. 따

**Table 2.** The allele size range, number of alleles, and number of accession analyzed at nine simple sequence repeat (SSR) locus in soybean germplasm.

Locus	Range of allele size (bp)				Number of allele				
	KOR	CHN	JPN	K-soja	KOR	CHN	JPN	K-soja	Total
Sat_074	120-274 (3,136)	162-268 (638)	164-264 (239)	162-262 (189)	44	34	29	39	58
Satt187	238-278 (3,248)	238-287 (620)	238-287 (217)	212-302 (172)	10	10	7	20	22
Satt532	139-199 (3,138)	139-178 (646)	154-178 (257)	139-226 (261)	13	8	7	20	21
Satt141	134-200 (3,254)	134-197 (645)	143-197 (258)	143-194 (234)	15	13	11	13	21
Satt286	130-247 (3,204)	196-235 (643)	196-235 (256)	160-250 (257)	19	11	11	24	29
Satt545	152-236 (2,226)	152-212 (508)	137-209 (182)	152-218 (254)	20	19	20	18	28
Satt245	146-220 (2,726)	178-217 (583)	178-214 (182)	140-223 (259)	15	8	6	25	26
Satt458	110-251 (1,927)	131-212 (616)	131-182 (91)	125-182 (221)	30	23	13	20	33
Satt197	128-204 (3,251)	131-201 (624)	131-201 (238)	122-214 (255)	18	12	11	17	29
Total					184	138	115	196	267
Average					20.4	15.3	12.8	21.7	29.6

KOR = Korean soybean landrace, CHN = Chinese soybean landrace, JPN = Japanese soybean landrace, K-soja = Korean wild soybean

( ) : No. of accession analyzed

라서 이러한 높은 수준의 다형성을 지닌 자원들은 제한된 다형성을 지닌 엘리트 계통의 다양성을 확대시키는데 이용될 수 있을 것이다(Narvel *et al.*, 2000; Brown-Guedira *et al.*, 2000).

자원내력별 대립인자수는 한국 야생콩에서 196개로 가장 많은 것으로 나타났으며 일본 재래종 콩에서는 가장 적은 115개로 나타났다. 한국 재래종 콩의 대립인자수는 184개로 분석에 이용된 자원수가 최대 3,200여점임에도 불구하고 분석된 자원수가 최대 260여점인 한국 야생콩에서보다 적은 대립인자수를 나타냈다. Maughan *et al.*(1995)은 콩 SSR 유전자좌에 대한 대립인자수는 야생형 콩이 재배형 콩보다 43개 더 많았음을 확인하였고, 또한 SSR 마커가 다른 형태의 마커에 의하여 낮은 수준의 변이를 나타내는 종들에 효율적으로 이용될 수 있다고 보고한 바 있다.

### 대립인자 분포

집단에 따른 유전자좌별 대립인자의 범위에 있어 한국 재래종 콩 집단이 가장 많은 5개의 유전자좌(Sat\_074, Satt141, Satt286, Satt545, Satt458)에서 가장 넓은 분포를 나타냈고, 다음으로는 한국 야생콩 집단이 4개의 유전자좌(Satt187, Satt532, Satt245, Satt197)에서 가장 넓은 분포를 나타냈다. 또한 유전자좌별 대립인자수에 있어서 한국 재래종 콩이 5개의 유전자좌(Sat\_074, Satt141, Satt545, Satt458, Satt197)에서 가장 많은 15(Satt141)~44(Sat\_074)개의 대립인자를 나타냈고, 한국 야생콩은 4개의 유전자좌(Satt187, Satt532, Satt286, Satt245)에서 가장 많은 20(Satt187, Satt532)~25(Satt245)개의 대립인자를 나타냈다(Table 2). 본 시험과 동일한 Satt197 유전자좌를 사용한 Abe *et al.*(2003)의 결과를 보면, 대립인자 범위는 135~204 bp를 나타냈는데 본 결과 중 재배종 콩에서는 128~204 bp를 나타냄으로서 거의 같은 결과를 나타냈으나 야생콩 집단에서는 122~213 bp의 범위로서 더 큰 변이를 나타냈음을 확인하였다.

비록 야생콩에 비해 많은 재래종 콩이 본 분석에 이용되기는 하였으나 5개의 유전자좌에서 한국 재래종 콩 집단이 한국 야생콩 집단에서보다 더 넓은 범위의 변이를 나타냈다. 또한 유전자좌별 대립인자수에 있어서도 5개의 유전자좌에서 한국 야생콩 집단보다 많은 대립인자를 나타냄으로서 한국 재래종 콩의 다양한 변이와 더불어 그들의 유전적 배경을 최대한 반영해 주고 있는 것으로 생각되었다. 이와 같은 유전적 구조 분석 결과는 동아시아가 콩 유전자원의 다양성 중심지이고 다양한 용도로 분화되어 왔음을 고려할

때 육성종의 유전적 토대를 확대시키는데 중요하게 이용될 수 있을 것이다. 육성종의 유전적 구조를 확대시키기 위해서는 먼저 다양성 분석이 이루어져야 하나 지금까지의 연구가 주로 북미품종과 그들의 선조 도입종 중심으로 이루어져 왔으며(Li *et al.*, 2001; Brown-Guedira *et al.*, 2000; Narvel *et al.*, 2000; Song *et al.*, 1999; Diwan & Cregan, 1997), 최근에는 한국 육성종의 유전적 구조를 파악하기 위한 연구가 수행된 바 있다(Kim *et al.*, 2006).

Fig. 1은 전체자원의 자원내력별 유전자좌에 따른 대립인자 분포를 나타낸 것이다. 대립인자 분포에 있어 전체적으로 한국 야생콩 집단은 재래종 콩집단들에 비해 고른 분포를 나타냈고 대립인자의 크기가 큰쪽(high ladder)에서보다 작은쪽(low ladder)에서 높은 분포를 나타냈다. Maughan *et al.*(1995)은 특정 유전자좌인 *HSP179D*에서 18개의 대립인자가 재배형과 야생형에서 확인되었는데 이중 3개가 low ladder에서, 4개가 중간 ladder에서 그리고 11개가 상위 ladder에서 발견되었으나 중간 ladder의 대립인자가 재배형 콩에서는 전혀 확인되지 않았다. 따라서 이러한 것이 나타날 수 있는 가능성으로 이 유전자좌의 제한된 다양성, 선발의 편기 및 SSR이 인접한 위치에서의 삽입 또는 결실에 의해 발생할 수 있는 것으로 보았다. 또한 한국 야생콩 집단에서 높은 분포(Sat\_074의 low ladder, Satt187의 244 bp, Satt197의 140 bp, Satt458의 167 bp)를 나타냈던 대립인자가 재래종 집단들에서는 낮은 분포를 나타냈다. Maughan *et al.*(1995)도 재배형 콩에서 높은 빈도를 나타낸 대립인자가 야생콩에서는 낮은 빈도를 보였음을 보고한 바 있는데 이러한 변화를 Saghai Maroof *et al.*(1994)은 마커 유전자좌가 존재하는 염색체 단편의 자연도태에 기인하는 것으로 보았다. 재래종 집단들 간에 대립인자 분포를 살펴보면, 한국집단은 Satt286 (202 bp, 232 bp)에서, 중국집단은 Satt197(171 bp)와 Satt458 (173 bp)에서 그리고 일본집단은 Sat\_074(244 bp)와 Satt458 (170 bp)에서 매우 높은 분포를 나타냈다. 이와 같은 특징은 이들 자원들이 생육해온 지리적 차이와 이들 민족의 식생활 문화차이 등에 따른 선발과정을 통하여 축적된 유전적 차이가 나타난 것으로 생각되었다.

결론적으로 본 시험은 농진청 종자은행에 보존된 대량의 콩 유전자원의 SSR profile을 작성함으로써 지금까지 콩에서 보고된 어떠한 결과보다도 넓은 변이 분포와 높은 다형성을 확인할 수 있었다. 이러한 콩 유전자원의 유전적 구조의 이해는 유전자원의 효율적인 보존과 활용에 중요한 자료로 이용될 것이다. 또한 집중적인 특성평가를 위해서는 전

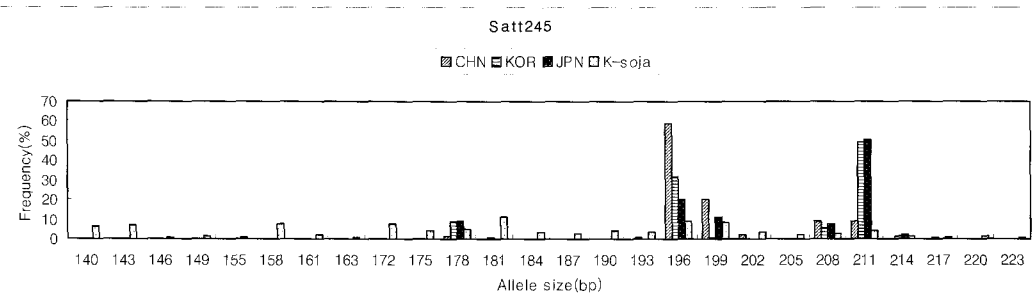
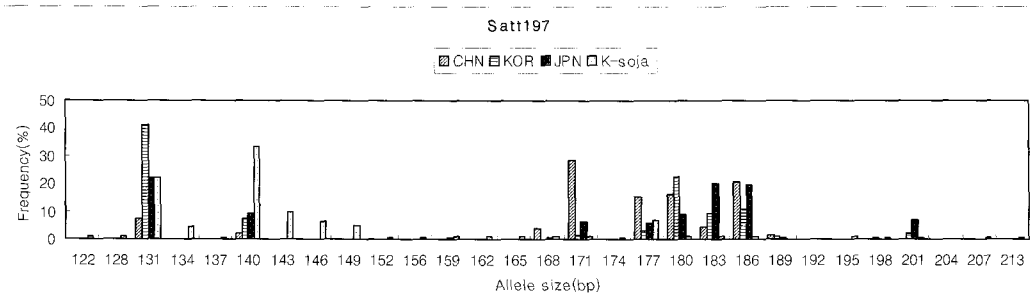
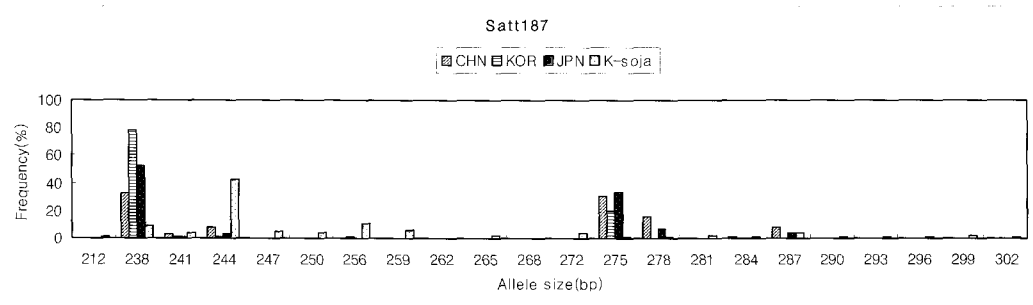
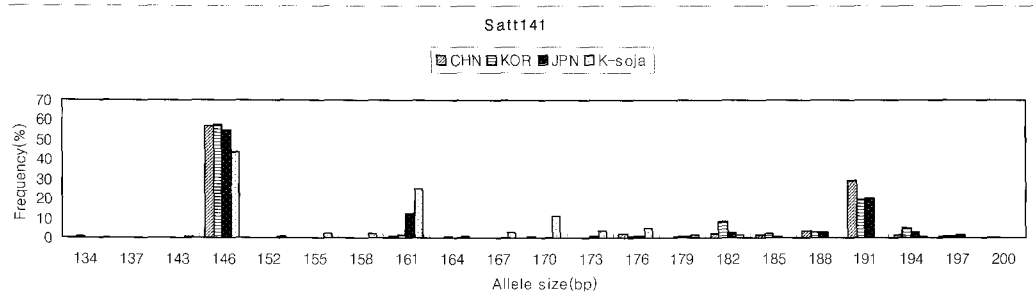
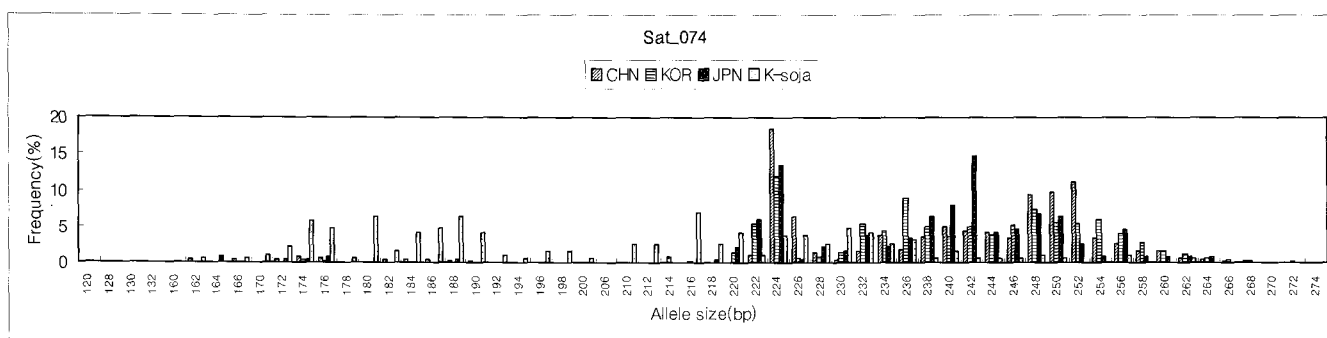


Fig. 1. Continued.

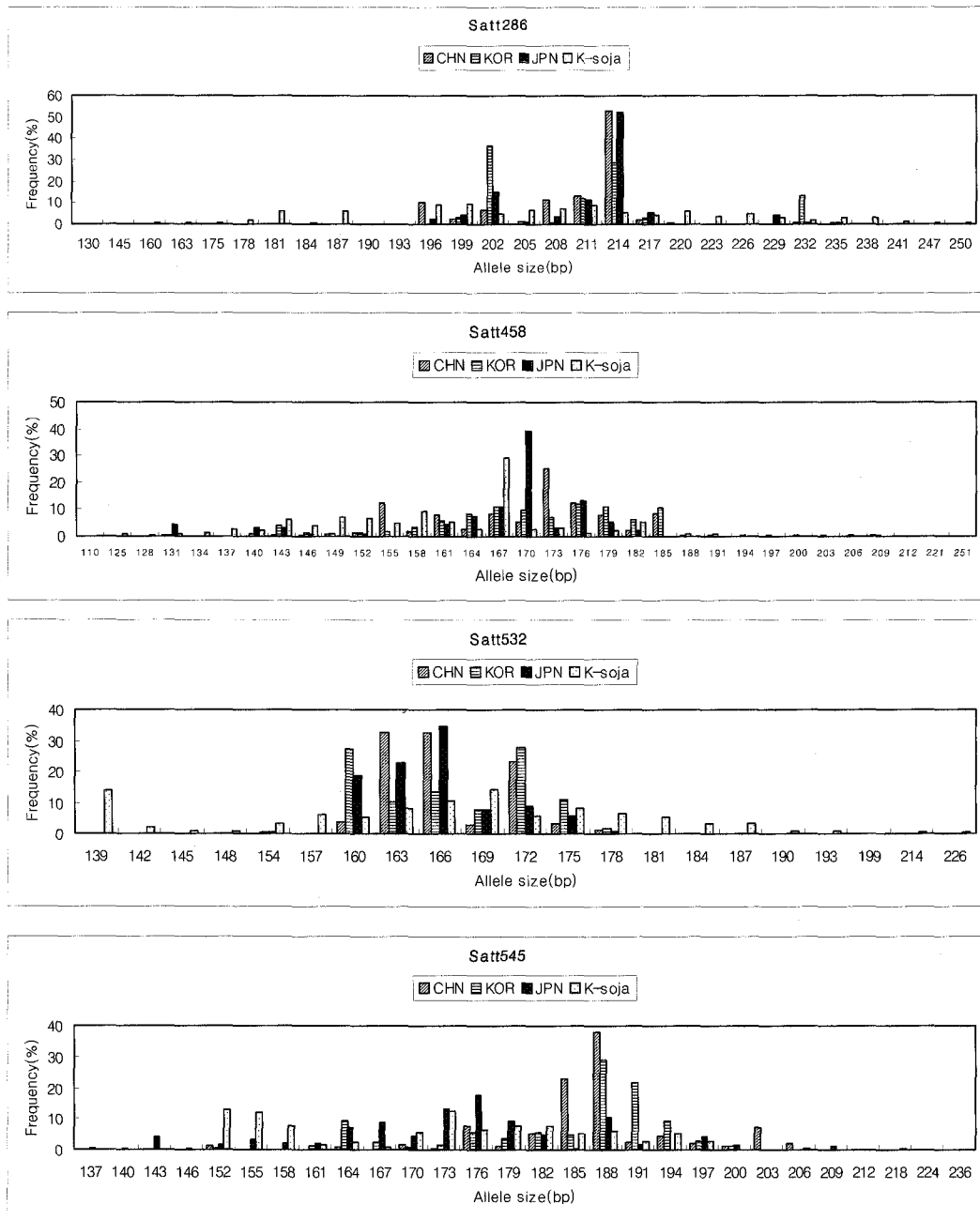


Fig. 1. Allele frequency at nine simple sequence repeat (SSR) loci in soybean germplasm.

체 자원을 대상으로 하는 것보다 전체 자원을 대표할 수 있는 축약된 소규모의 집단인 핵심집단이 요구되는데 이를 위한 기초 자료로도 활용될 수 있을 것이다.

## 사 사

본 논문은 정보통신부 IMT 2000사업의 연구비 지원에 의하여 수행되었음.

## 적 요

본 연구는 농진청 종자은행에 보존된 한국, 중국 및 일본 재래종 콩과 한국 야생콩의 SSR profile 작성과 그들의 유전적 구조 해석을 위해 9개의 SSR 마커에 의해 분석되었다.

1. DNA profiling은 유전자좌별로 2,855(Satt458)점~4,368(Satt197)점이 분석되어 35,655건이 데이터베이스화되었다.
2. 총 대립인자수는 267개였고 유전자좌당 평균 29.6개의

높은 다형성을 나타냈다. 유전자좌별 대립인자 수는 21개 (Satt532 및 Satt141)부터 58개(Sat\_074)까지 나타났다. 자원내력별 대립인자수는 한국 야생콩에서 196개로 가장 많은 것으로 나타난 반면, 일본 재래종 콩에서는 가장 적은 115개로 나타났다.

3. 집단에 따른 유전자좌별 대립인자의 범위로 한국 재래종 콩이 가장 많은 5개의 유전자좌(Sat\_074, Satt141, Satt286, Satt545, Satt458)에서 다음으로는 한국 야생콩이 4개의 유전자좌(Satt187, Satt532, Satt245, Satt197)에서 가장 넓은 것으로 나타났다. 그러나 대립인자수면에서는 한국 재래종 콩이 5개의 유전자좌(Sat\_074, Satt141, Satt197, Satt545, Satt458)에서 가장 많은 대립인자수를 나타냈고, 한국 야생콩은 나머지 4개의 유전자좌(Satt187, Satt532, Satt245, Satt286)에서 가장 많은 대립인자수를 나타냈다.

4. 대립인자 분포에 있어 전체적으로 한국 야생콩 집단은 재래종 집단들에 비해 고른 분포를 나타냈고 대립인자의 크기가 큰쪽(high ladder)에서보다 작은쪽(low ladder)에서 높은 분포를 나타냈다.

5. 재래종 집단들 간에 대립인자 분포를 살펴보면, 한국 집단은 Satt286(202 bp, 232 bp)에서, 중국집단은 Satt197(171 bp)와 Satt458(173 bp)에서 그리고 일본집단은 Sat\_074(244 bp)와 Satt458(170 bp)에서 매우 높은 것으로 나타났다.

## 인용문헌

- Abe, J., D. H. Xu, Y. Suzuki, A. Kanazawa, and Y. Shimamoto. 2003. Soybean germplasm pools in Asia revealed by nuclear SSRs. *Theor. Appl. Genet.* 106 : 445-453.
- Akkaya, M. S., A. A. Bhagwat, and P. B. Cregan. 1992. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. *Genetics.* 132 : 1131-1139.
- 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.
- Cregan, P. B., M. S. Akkaya, A. A. Bhagwat, U. Lavi, and J. Rongwen. 1994. Length polymorphism of simple sequence repeat (SSR) DNA as molecular markers in plants. In *Plant Genome Analysis. Current Topics in Plant Molecular Biology.* Gresshoff P.M. (ed), CRC press, New York.
- 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.
- Diwan, N. and P. B. Cregan. 1997. Automated sizing of fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean. *Theor. Appl. Genet.* 95. : 723-733.
- Dong, Y. S., L. M. Zhao, B. Liu, Z. W. Wang, Z. Q. Jin, and H. Sun. 2003. The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. *Theor. Appl. Genet.* 108 : 931-936.
- Dong, Y. S., B. C. Zhuang, L. M. Zhao, H. Sun, and M. Y. He. 2001. The genetic diversity of annual wild soybean grown in China. *Theor. Appl. Genet.* 103 : 98-103.
- Gepts, P. and M. T. Clegg. 1989. Genetic diversity in pearl millet (*Pennisetum glaucum* [L.] R. Br.) at the DNA sequence level. *J. Heredity.* 80 : 203-208.
- Hong, E. H., S. D. Kim, Y. H. Lee, and R. K. Park. 1988. Results and perspectives of soybean varietal improvement. '88 RDA symposium. 3 : 31-57.
- Kim, S. H., J. W. Jung, 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) : 248-258.
- Kwon, S. H., K. H. Im, and J. R. Kim. 1972. Studies on diversity of seed weight in the Korean soybean land races and wild soybean. *Korean J. Breeding.* 4(1) : 70-74.
- Li, Z., L. Qiu, J. A. Thompson, M. M. Welsh, and R. L. Nelson. 2001. Molecular genetic analysis of U.S. and Chinese soybean ancestral lines. *Crop Sci.* 41 : 1330-1336.
- Maughan, P. J., M. A. Saghari Maroof, and G. R. Buss. 1995. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean. *Genome.* 38 : 715-723.
- 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.
- Perry, M. C. and M. S. Mcintosh. 1991. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection : I. Morphological traits. *Crop Sci.* 31 : 1350-1355.
- Perry, M. C., M. S. Mcintosh, and A. K. Stoner. 1991. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection : II. Allozyme frequencies. *Crop Sci.* 31 : 1356-1360.
- Rongwen, J., M. S. Akkaya, A. A. Bhagwat, U. Lavi, and P. B. Cregan. 1995. The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theor. Appl. Genet.* 90 : 43-48.
- Saghari Maroof M. A., R. M. Biyashev, G. P. Yang, Q. Zhang, and R. W. Allard. 1994. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley : Species diversity, chromosomal locations and population dynamics. *Pro. Natl. Acad. Sci. USA.* 91 : 5466-5470.
- 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.
- Song, Q. J., L. F. Marek, R. C. Shoemaker, K. G. Lark, V. C. Concibido, X. Delannay, J. E. Specht, and P. B. Cregan. 2004. A new integrated genetic linkage map of the soybean. *Theor. Appl. Genet.* 109 : 122-128.
- Yoon, M. S., J. W. Ahn, S. J. Park, H. J. Baek, N. K. Park, and Y. D. Rho. 2000a. Geographical patterns of morphological variation in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm. *Korean J. Crop Sci.* 45(4) : 267-271.
- Yoon, M. S., J. W. Ahn, J. H. Kang, H. J. Baek, N. K. Park, and Y. D. Rho. 2000b. Genotypic and geographical variations of  $\beta$ -amylase isozyme in soybean land races by isoelectric focusing (IEF). *Korean J. Crop Sci.* 45(1) : 139-142.
- Park, K. S. and M. S. Yoon. 1997. Variation of leucine aminopeptidase isozyme in Korean land races and wild soybeans. *Korean J. Crop Sci.* 42(2) : 129-133.