

한국 콩 보급품종을 포함한 엘리트품종의 SSR마커에 의한 유전적 다양성과 품종판별

장성진* · 박수정* · 박경호* · 송항림* · 조용구* · 정승근* · 강정훈** · 김홍식*[†]

*충북대학교 농업생명환경대학, **농촌진흥청 국립농업과학원

Genetic Diversity and Identification of Korean Elite Soybean Cultivars including Certified Cultivars Based on SSR Markers

Seong Jin Jang*, Su Jeong Park*, Kyeong Ho Park*, Hang Lin Song*, Yong Gu Cho*, Seung Keun Jong*, Jung Hoon Kang**, and Hong Sig Kim*[†]

*College of Agriculture, Life & Environment Sciences, Chungbuk National University, Cheongju 361-763, Korea

**National Academy of Agricultural Science, RDA, Suwon 441-707, Korea

ABSTRACT A total of 26 Korean elite soybean cultivars including 21 certified cultivars was assessed to evaluate genetic diversity and to analyze relationship among them based on 15 SSR markers. Fifteen SSR markers generated a total of 201 alleles. Average number of alleles per SSR marker was 13.4 with a range from 8 to 19. Genetic diversity of 26 cultivars estimated by PIC value ranged from 0.782 to 0.931 with an average of 0.874. PIC value of Satt197 was the highest with 0.931 and Satt141 was the lowest with 0.782 among 15 SSR markers. Cluster analysis based on genetic distances classified 26 soybean cultivars into 3 clusters. Cluster I, II and III included 2, 7 and 17 cultivars, respectively. Average genetic diversity within clusters was 0.769 with a range from 0.720 to 0.799. Average genetic diversity between clusters was 0.813 with a range from 0.725 to 0.857. Genetic diversity was higher between clusters than within clusters. Genetic relationship among clusters was near between I and II, and I and III and far between II and III cluster. All of 26 Korean elite soybean cultivars could be identified by using any of 5 combinations of 2 SSR markers with higher PIC value, i.e., Satt197+Sat_088, Satt197+Satt245, Sat_088+Sat_036, Sat_088+Satt245 and Satt185+Satt245.

Keywords : Genetic Diversity, Genetic Relationship, Identification, SSR, Korean Elite Soybean Cultivar, Certified Cultivar

콩은 단백질과 지방의 중요한 자원이며 세계적으로 가장 중요한 작물의 하나이다. 한국에서도 예로부터 장류 및 두부콩, 밥밀콩, 나물콩 및 풋콩 등 다양한 형태로 이용되어 왔으며, 건강식품으로서 그 중요도가 날로 증가되면서 최근에는 콩의 육종목표가 다수성 외에도 용도별 다양화, 기능성고품질, 친환경, 식품안전성, 안정생산을 위한 병충해 및 재해저항성 등으로 다양화되고 있다(Hwang, 2004; Park *et al.*, 2000).

국내에서는 1960년부터 2007년까지 129개의 콩 품종이 육성되었으나(National Institute of Crop Science, RDA, 2008) 농가에서 재배되는 품종의 수는 매우 제한적이다. 품종은 육성되어 등록된 후 거의 재배되지 않는 품종, 일정기간 어느 정도 재배되다가 마는 품종, 또는 장기간 많이 재배되는 품종으로 구분된다. Satoh *et al.*(2003)은 일본 북해도의 두류 및 밀 육성품종의 보급속도와 수명에 관한 연구에서 보급율의 추이에 따라 품종을 3패턴으로 분류하였으며, 각 작물 별로 수명이 짧은 품종도 있지만, 콩에서는 30년이상, 팥, 강낭콩 및 밀에서는 25년이상 장수하는 품종도 있어 현재도 보급되고 있다고 하였다. 국내에서 육성된 콩 품종 중에서 보급기간이 길고, 재배면적이 많으며, 현재도 재배되고 있는 품종은 장류 및 두부콩인 황금콩, 태광콩 및 대원콩과 나물콩인 풍산나물콩이며(KOREA SEED & VARIETY SERVICE, <http://www.seed.go.kr>), 이들 품종들은 장수품종으로 인정되고 있다.

작물의 육종에 이용되는 품종이나 유전자원의 유전적 다양성과 그들간의 유연관계는 유전 변이의 확대와 품종육성의 효율성 증대에 매우 중요하다(Li & Nelson, 2001). 오래

[†]Corresponding author: (Phone) +82-43-261-2513
(E-mail) hongsigk@chungbuk.ac.kr

<Received May 26, 2009>

된 품종은 새로운 품종으로 대체되고 새로운 품종들은 기존의 품종들과 유전적으로 밀접하게 관련되어 있다. 유전적 거리가 가까운 엘리트 육종재료들의 교잡은 유전적 다양성을 감소시키고(Zhou *et al.*, 2002), 병충해 또는 비생물적 스트레스에 대한 유전적 취약성을 증가시킨다(Li *et al.*, 2001).

육종가들은 전통적으로 형태적 및 생화학적 특성에 의하여 유전적 다양성을 평가하여 왔으나 이러한 평가방법은 유전적 특성이 가까운 근연종간에는 사용이 매우 제한적이며, 대상형질이 환경의 영향을 받기 때문에 다양성의 평가가 불충분하다(Chen & Nelson, 2004). 최근에 RFLP, RAPD, AFLP 및 SSR 등 다양한 분자마커들이 유전적 다양성의 평가, 유전자원의 도입과 선발, 계통선발 및 품종구별 등 육종에 많이 이용되고 있다. 이들 마커중에서 SSR마커는 genome 전체에 널리 분포하며 품종 또는 개체간 다형성이 높아서 유전적 다양성과 유연관계를 평가하는데 효율적이다(Cregan *et al.*, 1999; Song *et al.*, 1999). 국내외에서 SSR마커를 이용하여 콩 품종 뿐만 아니라 재래종과 야생종의 집단내 및 집단간의 유전적 다양성과 유연관계에 대한 연구가 많이 보고되고 있다(Hwang *et al.*, 2008; Lee *et al.*, 2008; Fu *et al.*, 2007; Nichols *et al.*, 2007; Yoon *et al.*, 2007; Kim *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2006; Abe *et al.*, 2003; Van *et al.*, 2003; Burnham *et al.*, 2002; Tanya *et al.*, 2001; Brown-Guedira *et al.*, 2000; Narvel *et al.*, 2000).

품종의 보급은 작물학적 특성 뿐만 아니라, 환경적 및 사회적 요인이 복잡하게 연관되어 있으므로 품종의 판별은 보급품종의 정확한 구별 뿐만 아니라 품종의 순도유지를 위해서도 매우 중요하다. Rongwen *et al.*(1995)은 새로운 콩 품종들은 유전적으로 가까운 엘리트 그룹들간의 교잡에 의하여 육성되어 형태적 특성으로 구별하기가 매우 어렵기 때문에 DNA 마커를 이용하여 품종을 구별하는 것이 효율적이라고 하였다. Bommi & Ferguson(2005)은 콩 품종 판별에 SSR마커가 매우 효율적인 것으로 보고하였다.

최근의 콩 육종에서는 유전변이의 확대를 통하여 다수성, 고품질 및 내병충성 등 농업형질의 개선과 수입콩과의 구별을 위한 품종판별이 중요한 과제로 대두되고 있다. 그러므로 과거에 재배되었거나 현재에 재배되고 있는 주요 엘리트 콩 품종들의 유전적 다양성과 유연관계를 분석하고, 정확한 품종 판별방법을 확립하는 것은 콩 품종육성의 효율성 제고나 품질관리에 매우 필요하다.

따라서 본 연구는 국내에서 보급되었던 콩 품종들과 앞으로 수요가 증가될 것으로 예상되는 몇몇 유망품종들을 SSR 마커를 이용하여 유전적 다양성과 유연관계를 분석하고, 품종판별의 가능성을 검토하여 콩 품종육성에 필요한 기초자

료를 제공하고자 하였다.

재료 및 방법

시험품종 및 DNA 추출

시험품종은 한국에서 1994년부터 2007년까지 국립종자원에서 보급한 20개 품종과 몇년내에 바로 보급품종이 될 3개의 유망품종 및 지역특산화의 일환으로 단지화 재배되고 있는 3개의 품종을 포함한 총 26품종이었으며, 농촌진흥청 농업유전자원센터 및 각 육성모지로부터 종자를 분양받았다. 이들을 육성년도에 따라서 구분하면 1990년 이전에 육성된 품종이 8개, 1991년-2000년에 육성된 품종은 13개 및 2001년 이후에 육성된 품종은 5개이었으며, 용도별로는 장류 및 두부콩이 16품종, 나물콩과 밥밀콩이 각각 5품종씩이었다(Table 1).

DNA 추출은 콩 종실을 Cho *et al.*(2000)의 방법에 의하여 수행하였다. 분석시료는 24시간 종자를 증류수에 침지시킨 후 막자사발에 넣고 액체질소를 사용하여 곱게 간 분말 5 ml에 extraction buffer[0.5 M NaCl, 0.1 M Tris-HCl pH 8.0, 0.05 M EDTA, Sodium bisulfate 0.38 g / 100 ml] 5 ml를 첨가하여 혼합한 다음 65°C의 항온수조에 넣고 5분 간격으로 혼합하면서 20~30분 동안 반응시켰다. Proteinase K를 넣어 37°C 항온수조에서 1시간 반응시킨 후 Chloroform : isoamylalcohol(24 : 1)용액 10 ml를 첨가하고 15분간 혼합하여 3,500 rpm에서 20분간 원심분리 하였다. 상등액을 새로운 15 ml tube에 옮긴 다음 5 µl RNase(10 µg/ml)를 첨가 후 혼합하여 30분간 37°C에서 반응시켰다. Isopropanol을 2/3~1 volume 첨가하여 DNA를 응축시킨 다음 굵은 파스테르 피펫으로 꺼내어 70% cold ethanol로 세척한 후 DNA를 풍건하였다. TE용액 500 ml에 녹인 DNA를 5,000 rpm으로 10분간 원심분리하여 상등액을 새 tube에 옮긴 후 PCR 분석에 사용하였다.

SSR 및 유전적 다양성 분석

SSR분석은 콩 연관군과 다형성지수(Polymorphic Index Content; PIC)를 고려하여 Yoon *et al.*(2007)과 Kim *et al.*(2006)에 근거하여 다형성이 높은 15개의 primer를 선발하였다(Table 2). PCR 용액의 조성은 50 ng의 genomic DNA, 10X PCR buffer, 0.2 µmol의 primer, 200 µmol의 dGTP, dATP, dTTP, dCTP, 50 mM의 KCl, 10 mM Tris-HCl pH 8.3 0.01% gelatin, 1.5 mM MgCl₂와 1 unit의 Taq DNA polymerase를 혼합하여 이용하였다. DNA 증폭은 Longgene MG96G 모델을 사용하였다. PCR에 의한 DNA의 증폭은

Hot step을 94℃에서 5분간 실시하였고, 94℃에서 1분간 denaturation, SSR마커에 따라 47~55℃로 1분간 annealing, 72℃에서 1분간 extension의 과정을 32회 반복하였고, 5분 동안 최종 extension을 수행하였다. SSR마커의 증폭된 DNA는 6% polyacrylamide sequencing gel 상에서 전기영동하여 silver staining 하였다.

SSR마커의 다양성 및 PIC value의 분석은 PCR에 의해 증폭된 산물을 6% page gel에서 분리한 후 분자량 확인용 10 bp DNA ladder band를 기준으로 하여 각 SSR마커의 정확한 band 위치를 확인한 후 각 품종별로 분자량을 측정하여 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 $PIC_{ij} = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$ (P_{ij}는 마커 i번째 band들 중에서 j번째 band의 확률)의 식으로 산출하여 SSR marker locus의 유전적 다양성 정도를 Nei(1973)의 방법에 의해 산출하였다. 유연관계는 NTSYSpc software(version 2.1)과 Power maker software를 이용하여 Jaccard similarity coefficient로 유전적 유사도를 구하였으며, UPGMA 방법으로 dendrogram을 작성하여 시험품종들의 그룹분류와 유연관계를 비교하였다.

Table 1. List of Korean elite soybean cultivars including certified cultivars used in this experiment.

Entry No.	Cultivar name	Cross combination	Years released	Usage	Years supplied
1	Jangyeobkong	Miyagisirome/Gwangdu ² /Baegmokjangyeop	1978	ST [†]	1994-2000*
2	Danyeobkong	Introduction(USA)	1978	BS	1993-1995
3	Hwangkeumkong	(Kwangkyo/Clark63)/Baegmokjangyeop	1980	ST	1993-2007
4	Saealkong	Kwangkyo/SS7145	1984	ST	1996-1997
5	Eunhakong	D-96-7816/Suwon85	1986	BS	1994-2004
6	Pokwangkong	Jangyeobkong/PI 219787	1986	ST	1993, 1996-1998, 2000
7	Dankyeongkong	Kwangkyo/Williams	1986	ST	1992-1995, 1997
8	Danwonkong	Williams/Suwon61	1989	ST	1995
9	Taekwangkong	SS77011/Dongsan53	1991	ST	1998-2007
10	Jinpumkong	Introduction(Japan)	1994	ST	2001, 2003
11	Pungsannamulkong	Pangsakong/KLS87092	1996	BS	2000-2007
12	Jinpumkong2	Introduction(Japan)	1996	ST	2003
13	Daewonkong	Suwon133/Milyang18	1997	ST	2002-2007
14	Ilpumgeomjeongkong	SLSB87-3/YS558(HwangkeumkongSLSB-45)	1997	CR	2001
15	Jangmikong	YS110-2B-3-1/SLSB87-2	1997	ST	2003
16	Saeolkong	Dankyeongkong/Paldalkong//Keunolkong/3/Baeksajajidu	1998	ST	2002-2005
17	Sodamkong	SNUA78010/Dongsan127	1998	ST	2003-2005
18	Sowonkong	Eunhakong/Pangsakong	1999	BS	2004-2006
19	Heugcheongkong	Yeongwol local cultivar	1999	CR	**
20	Jangwonkong	Pokwangkong/SS84040	2000	ST	2007
21	Cheongjakong	Milyang55/Geomjeongkong	2000	CR	***
22	Daepungkong	Baegunkong/Sinpaldalkong2	2002	ST	**
23	Cheongja2	Milyang70/Ilpumgeomjeongkong	2003	CR	2007
24	Cheongdu1	SI93006/Sinpaldalkong2	2003	CR	***
25	Nogchaekong	Pureunkong/Milyang44	2004	BS	***
26	Sunyakong	Suwon162/YS548	2004	ST	**

†ST: Soy sauce and tofu soybean, CR: Cooking soybean with rice, BS: Bean sprout soybean

*Years supplied as certified seed, **Promising cultivar for certified seed in near future

***Special cultivar cultivated on a large scale for local market

품종판별

품종판별은 다형성이 높은 5개의 SSR마커를 선발하여 분자량확인용 10 bp DNA ladder band를 기준으로 품종에 따른 각 마커의 확인된 분자량을 이용하여 품종을 구별하였으며, Turuspekov *et al.*(2001)의 방법에 따라 1단계에서 다형성이 높은 마커를 사용하여 품종을 판별하였고, 1단계에서 판별되지 않은 품종은 다음으로 다형성이 높은 마커를 사용하여 2단계에서 판별하는 2단계 판별법으로 판별 모식도를 작성하였다.

결과 및 고찰

유전적 다양성과 유연관계

콩 보급품종을 포함한 엘리트 26개 품종에 대하여 15개의 SSR마커를 사용하여 대립인자의 수, 범위 및 유전적 다양성을 분석한 결과는 Table 3과 같다. 총 201개의 대립인자가 확인되었고, 각 유전좌별로는 최소 8개(Satt141)에서 최대 19개(Satt197)까지 확인되었으며, 마커당 평균 13.4개의 대립인자가 확인되었다. 대립인자의 범위는 Sat_043이 138-290 bp으로 가장 넓게 분포되었고, 다음으로 Satt185가

Table 2. Information on 15 markers used for SSR analysis.

Primer	Core motif and no. of repeats	Sequence	Annealing temperature
Satt187	(ATT) ₁₉	F: GCG TTT TAA TTT ATG ATA TAA CCA A R: GCG TTT TAT CTC TTT TTC CAC AAC	55°C
Satt197	(ATT) ₂₀	F: CAC TGC TTT TTC CCC TCT CT R: AAG ATA CCC CCA ACA TTA TTT GTA A	49°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
Satt532	(ATT) ₁₅	F: GCG CCA ATA TTA TCA TGC TTT ATG T R: GCG TGT AAA AAT CTT TGA ATC TTG A	49°C
Satt157	(ATT) ₃₁	F: GGG CTC ACT CTC GAT AGT AGG TAT AAA G R: GGG ATA CCA AAA GGA ATA ATT GTC TT	47°C
Satt141	(ATT) ₂₆	F: CGG TGG TGG TGT GCA TAA TAA R: CCG TCA TAA AAA GTC CCT CAG AAT	46°C
Satt458	(ATT) ₃₁	F: TTG GGT TGA CCG TGA GAG GGA GAA R: GCG AAC CAC AAA CAA CAA TCT TCA	47°C
Satt185	(ATT) ₂₉	F: GCG CAT ATG AAT AGG TAA GTT GCA CTA A R: GCG TTT TCC TAC AAT AAT ATT TCA T	47°C
Satt045	(ATT) ₁₈	F: TGG TTT CTA CTT TCT ATA ATT ATT T R: ATG CCT CTC CCT CCT	55°C
Sat_074	(AT) ₃₀	F: GGG TGA GAA ATA CAT GCA ACT TAC A R: GGG CAT CAA AAT TGA TAT TAA ATG TCT AA	50°C
Sat_088	(AT) ₁₇	F: TTC AAT TGT ACA TAG TCA TCA A R: TAA TGA GCG AGG AAT CTA A	47°C
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
Satt463	(ATT) _{19(CAA)}	F: TTG GAT CTC ATA TTC AAA CTT TCA AG R: CTG CAA ATT TGA TGC ACA TGT GTC TA	50°C
Satt245	(ATT) _{13(ATG)}	F: AAC GGG AGT AGG ACA TTT TAT T R: GCG CCT CCT GAA TTT CAA AGA ATG AAG A	46°C
Sat_022	(AT) ₂₇	F: GCG GCC TTT TCT GAC TGT TAA R: GCG CAG TGA CTA AAA CTT ACT AT	47°C

Table 3. Number of alleles, range of allele size and polymorphic information content (PIC) of 15 SSR markers in 26 Korean elite soybean cultivars.

Entry No.	Primer	Linkage group	No. of alleles	Range of allele size (bp)	PIC value
1	Satt187	A2	13.0	238-280	0.861
2	Satt197	B1	19.0	126-202	0.931
3	Sat_036	D1a	17.0	121-190	0.924
4	Satt532	D1a	12.0	160-176	0.864
5	Satt157	D1b	14.0	187-289	0.875
6	Satt141	D1b	8.0	146-200	0.782
7	Satt458	D2	12.0	158-196	0.846
8	Satt185	E	17.0	132-266	0.924
9	Satt045	E	9.0	124-150	0.841
10	Sat_074	F	9.0	224-254	0.809
11	Sat_088	G	18.0	133-244	0.927
12	Sat_043	K	15.0	138-290	0.894
13	Satt463	M	10.0	120-147	0.829
14	Satt245	M	15.0	136-216	0.898
15	Sat_022	N	13.0	200-264	0.897
Average		-	13.4	-	0.874

132-266 bp로서 넓었으며, Satt532와 Satt045가 각각 160-176 bp, 124-150 bp로서 분포가 좁았다. PIC값은 0.782-0.931의 범위이었는데 Satt197이 가장 컸으며, Satt141이 가장 작았고, 평균 0.874로서 유전적 다양성이 높았다. 이러한 결과는 Kim *et al.*(2006)이 보고한 2002년까지 국내에서 육성된 91개 콩 품종들에 대한 SSR분석의 평균 PIC값(0.711)보다 더 높은 값이었다. Narvel *et al.*(2000)은 미국 39개 엘리트 콩 품종 및 계통들의 SSR분석에서 평균 PIC값이 0.50으로서 유전적 다양성이 낮았다고 보고하였으며, Hwang *et al.*(2008)도 일본의 엘리트 52개 콩 품종의 377개 SSR마커 분석에 의한 PIC값은 평균 0.37로서 유전적 다양성이 낮았다고 하였다. Fu *et al.*(2007)은 캐나다의 콩 45개 품종과 한국자원 11종을 포함한 국외자원 37종의 총 82종에 대한 SSR분석에서 평균 PIC값은 0.63이었다고 보고 하였다. Wang *et al.*(2006)은 중국의 콩 122개 재래종과 7개 품종을 포함한 총 129종의 SSR분석에서 PIC값은 평균 0.78이었다고 하였으며, Rongwen *et al.*(1995)은 북미 26개 콩 품종의 7개 SSR마커 분석의 PIC값은 평균 0.74이었다고 보고한 바 있다. 본 연구에서 SSR마커로 분석한 품종들은 국내에서 실제로 재배되었거나 현재도 재배되고 있는 우수한 품종들로서 다른 연구결과에 비하여 유전적 다양성이 높았다. 이러한 결과는 1980년대부터 수입개방화에 대응하고 소비자의 기호도를 충족키 위하여 용도별로 품종을 다양화하고

품질의 고급화를 육종목표로 설정하면서 이전에 비하여 다양한 교배친들이 이용되었기 때문인 것으로 생각된다.

SSR마커에 의하여 26개 품종을 군집 분석한 결과(Fig. 1), 3개 그룹으로 분류되었는데 I그룹에 대풍콩과 선유콩의 2품종(7.7%), II그룹에 청자콩 등 7품종(26.9%), 그리고 III그룹에 장원콩 등 17품종(65.4%)이 포함되었다. 즉, III그룹에 가장 많은 품종이 속하였으며, II그룹과 III그룹에 전체의 90% 이상이 속하였다. 용도별로는 I그룹에 장류 및 두부콩 2품종이, II그룹에 장류 및 두부콩 2품종, 나물콩 1품종 및 밥밀콩 4품종이, III그룹에 장류 및 두부콩 12품종, 나물콩 4품종 및 밥밀콩 1품종이 속하였다. II그룹과 III그룹에는 용도별로 품종이 혼재되어 있지만 밥밀콩은 주로 II그룹에, 그리고 장류 및 두부콩과 나물콩은 III그룹에 많이 속하였다.

국내의 보급품종 중에서도 보급기간이 긴 품종은 농민의 수요도가 높고, 재배면적이 넓은 매우 우량한 엘리트품종이라고 할 수 있다. 보급기간으로 볼 때 장류 및 두부콩에서는 황금콩이 15년으로 가장 긴 장수품종이었으며, 다음으로 태광콩이 10년으로 긴 장수품종이었다. 그 외에 장엽콩, 보광콩, 단경콩 및 대원콩의 보급기간이 길었다. 나물콩에서는 은하콩이 보급기간이 11년으로 장수품종이었고, 다음으로 풍산나물콩이 8년으로 길었으며, 밥밀콩은 보급기간이 1년으로 짧았다(Table 1). 보급기간이 긴 우량품종들의 SSR분

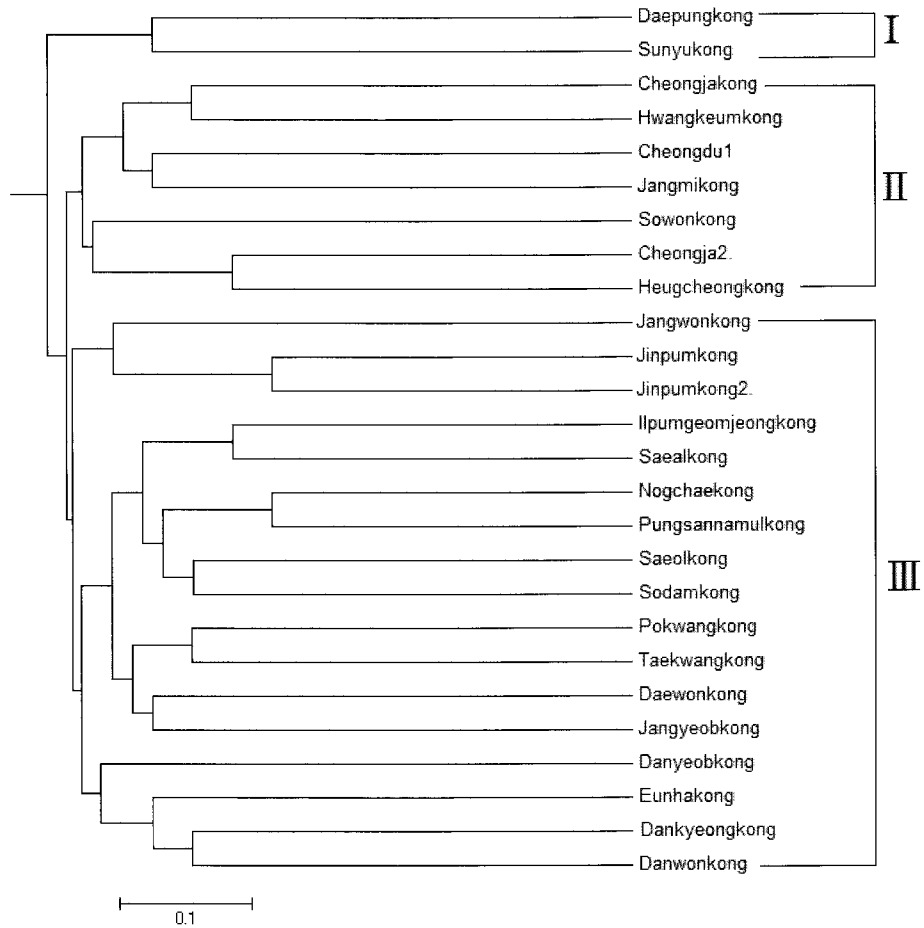


Fig. 1. A UPGMA dendrogram based on genetic distance by 15 SSR markers in 26 Korean elite soybean cultivars.

석에 의한 유연관계로 볼 때 장류 및 두부콩 중에서 황금콩은 II그룹에 속하였고, 그 외의 태광콩, 장엽콩, 보광콩, 단경콩 및 대원콩은 III그룹에 속하였는데 III그룹 내에서 이들 품종들은 단경콩을 제외하고는 유전적 거리가 매우 가까웠다. 나물콩의 은하콩과 풍산나물콩은 동일한 III그룹에 속하였지만 유전적 거리가 비교적 멀었다(Fig. 1).

SSR분석에 의하여 분류된 그룹 내 및 그룹 간의 유전적 다양성은 Table 4와 같다. 그룹 내의 유전적 다양성은 0.720-

0.799로 평균 0.769이었는데, II그룹과 III그룹 간에는 큰 차이가 없었으며 I그룹이 다소 낮은 경향이였다. 그룹 간의 유전적 거리는 0.725-0.857으로 평균 0.813이었으며 그룹내의 평균 유전적 다양성보다 높았다. I그룹과 II그룹 및 III그룹 간은 유전적 거리가 각각 0.856과 0.857로서 큰 차이가 없었으며, II그룹과 III그룹 간은 유전적거리가 0.725로서 I그룹과 II그룹간 및 I그룹과 III그룹간의 유전적거리보다 다소 멀었다. 그룹 간 유전적다양성과 유연관계의 차이는 용도별 육종목표 및 육성모지 등 육종환경에 따라 육종재료의 이용이 다르고 또한 선발의 기준이 달랐기 때문인 것으로 생각된다.

품종판별

품종판별을 위해서 선발된 다형성 및 PIC값이 높은 5개의 SSR마커(Satt197, Sat_088, Sat_036, Satt185, Satt245) 중에서 1단계로 대립인자수가 가장 많고, PIC값이 가장 높은 마커를 이용하여 품종을 구별하였고, 2단계로 1단계에서

Table 4. Genetic diversity and relationship based on SSR markers within a cluster (on diagonal) and between clusters (below diagonal) in 26 Korean elite soybean cultivars.

Cluster	I	II	III
I	0.720		
II	0.857	0.799	
III	0.856	0.725	0.787

구별되지 않은 나머지 품종을 다음으로 대립인자수가 많고, PIC 값이 높은 마커를 사용하여 구별하는 2단계 판별법으로 품종을 판별하였다. 엘리트 품종 26개의 판별 모식도는 Fig. 2, 3, 4, 5 및 6과 같다. 품종판별을 위한 5개의 SSR마

커의 조합, 1) Satt197+Sat_088, 2) Satt197+Satt245, 3) Sat_088+Sat_036, 4) Sat_088+Satt245, 5) Satt185+Satt245이 선정되었으며, 이 중에서 어떠한 마커조합을 사용하여도 26개 품종 모두의 판별이 가능하였다. 즉, 1단계로 다형성이 가

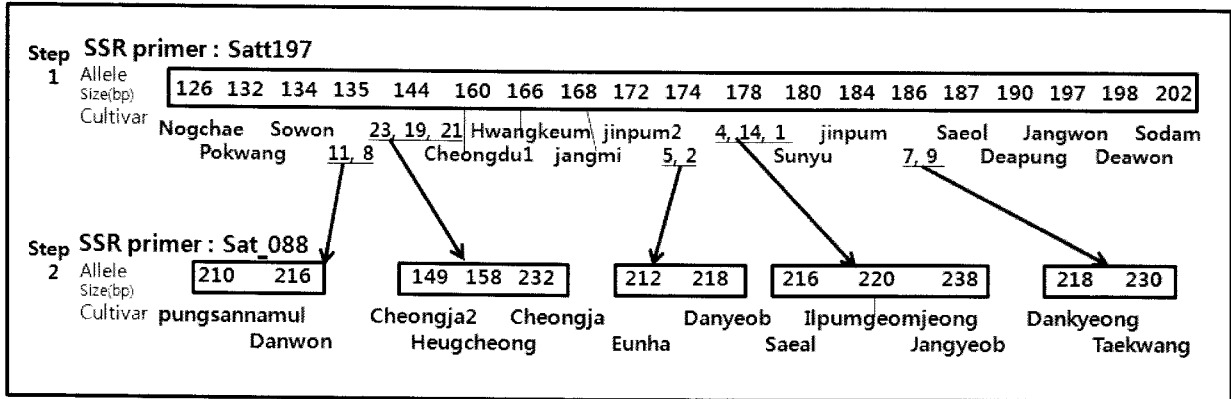


Fig. 2. Identification steps for 26 Korean elite soybean cultivars by Satt197 and Sat_088.

* Cultivar's number indicates the entry number of Table 1.

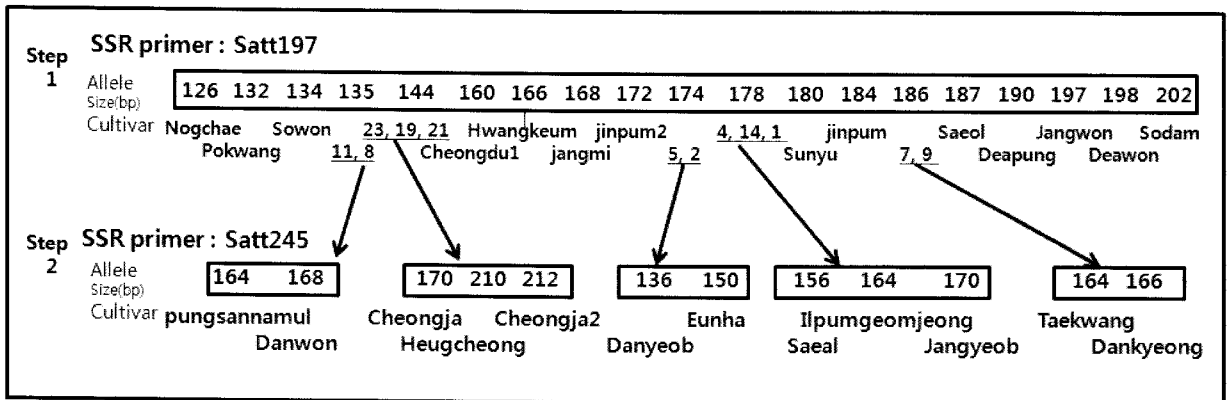


Fig. 3. Identification steps for 26 Korean elite soybean cultivars by Satt197 and Satt245.

*Cultivar's number indicates the entry number of Table 1.

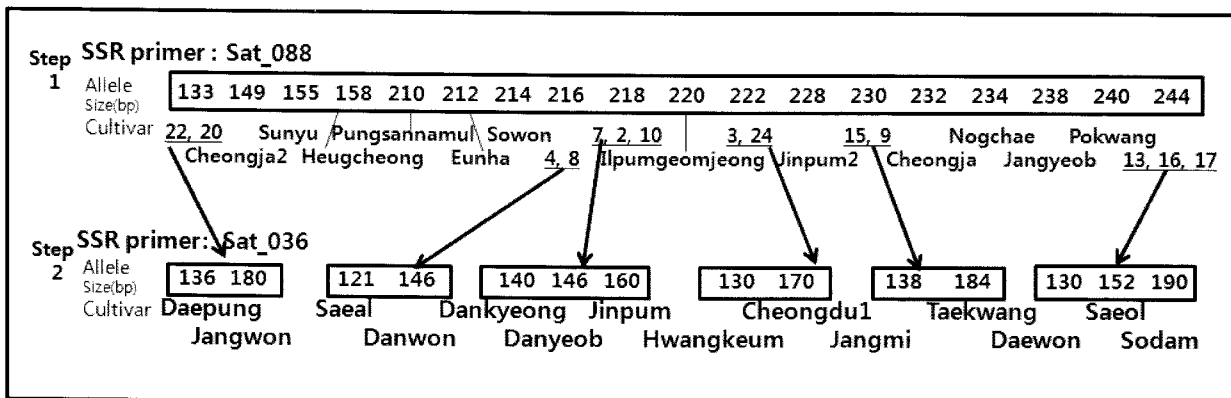


Fig. 4. Identification steps for 26 Korean elite soybean cultivars by Sat_088 and Sat_036.

*Cultivar's number indicates the entry number of Table 1.

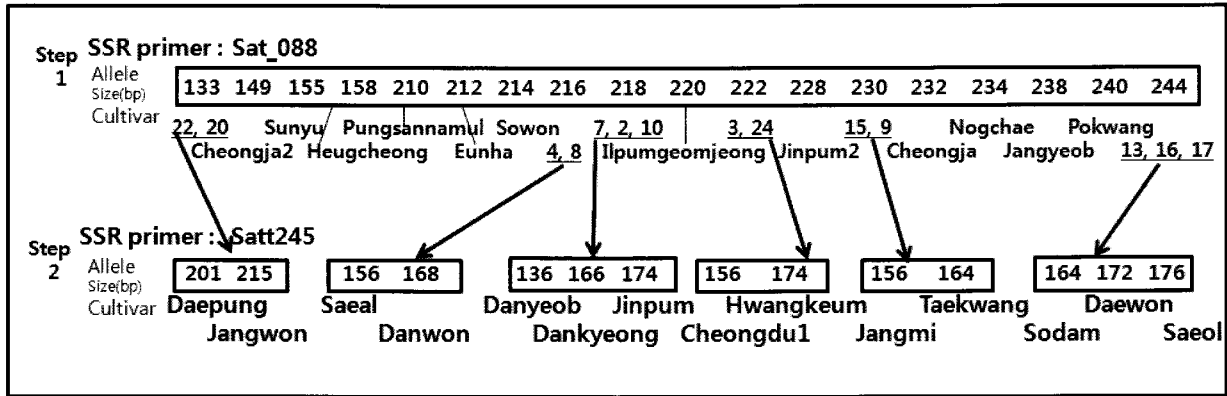


Fig. 5. Identification steps for 26 Korean elite soybean cultivars by Sat_088 and Satt245.
*Cultivar's number indicates the entry number of Table 1.

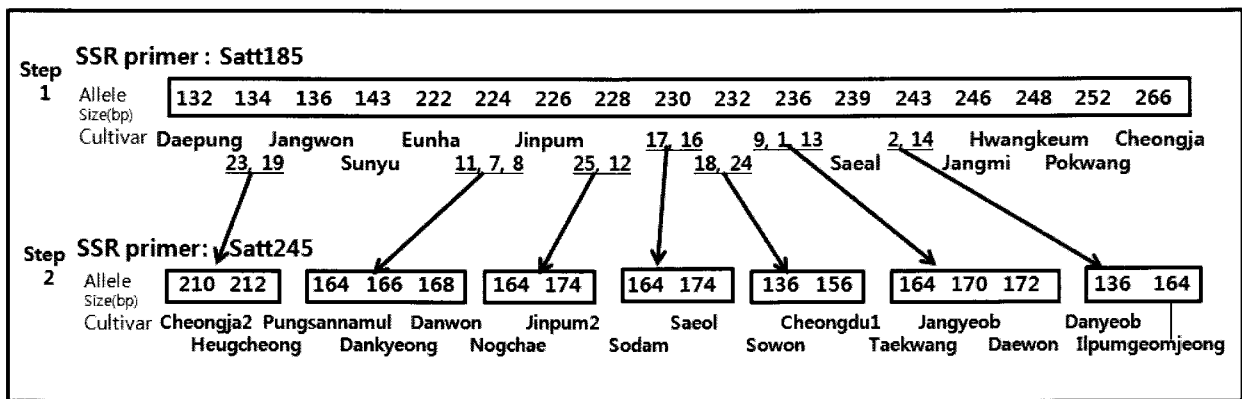


Fig. 6. Identification steps for 26 Korean elite soybean cultivars by Satt185 and Satt245.
*Cultivar's number indicates the entry number of Table 1.

장 높은 마커인 Satt197을 사용하면 26개 품종 중에서 녹채 콩 등 14개 품종이 판별되었으며, 2단계로 1단계에서 판별되지 않은 품종들을 다음으로 다형성이 높은 Sat_088을 사용하거나(Fig. 2), 또한 Satt245를 사용하면(Fig. 3), 나머지 12개 품종이 모두 판별되었다. Fig. 4, 5 및 6도 동일한 방법으로 26개 품종이 각각 모두 판별되었다. 최근에 Kim *et al.*(2006)은 Sat_043, Sat_036, Sat_022, Sat_088 및 Satt045의 5개 SSR마커로 2002년까지 육성된 국내 콩 91개 품종을 단계적으로 판별하였는데 이중에서 82개 품종이 판별되었다고 보고한 바 있다. Turuspekov *et al.*(2001)도 SSR 21개 마커를 이용하여 일본의 보리품종 18개에 대한 유전적 다양성을 분석하였고, 5개의 SSR마커를 선발하여 18개 품종을 단계적으로 모두 판별하였다. 본 연구에서 이용된 SSR마커는 Kim *et al.*(2006)이 콩 품종판별에 이용한 마커들보다 다형성이 매우 높아 품종판별에 보다 손쉽게 이용할 수 있어 농가에서 재배되는 보급품종들의 판별에 실제로 활용할 수 있을 것이다.

이상의 결과와 같이 국내의 보급품종을 포함한 콩 엘리트 품종들에 대한 SSR분석에서 PIC값은 평균 0.874로서 유전적 다양성이 높았으며 분류된 그룹간에 유전적 다양성 및 유연관계가 다르게 나타나고 있다. Jong *et al.*(1999)은 친연계수(CP)에 근거한 한국 콩 육성품종의 유전적 다양성이 높다고 하였으며, Kim *et al.*(2006)도 SSR마커에 근거한 한국 콩 육성품종의 유전적 다양성이 높다고 하였다. 국내에 분포하는 다양한 재래종과 야생종 뿐만 아니라 육성품종도 미래의 콩 육종에 유전적다양성을 확대시킬 수 있는 중요한 자원으로 생각된다.

한국 콩 엘리트품종들의 SSR마커에 의한 유전적다양성과 유연관계 및 품종판별에 대한 본 연구의 결과는 한국의 콩 육종가들에게 품종개발의 효율성 증대를 위한 유용한 정보를 제공할 수 있을 것으로 생각된다. Cui *et al.*(2000)은 중국의 현대 콩 품종이 유전적다양성을 성공적으로 확보하고 있는 것은 새로운 유전자원의 이용과 유전적으로 가까운 육종재료의 교잡을 피하였기 때문이라고 하였다. Zhou *et*

al.(2002)도 일본의 육종가들이 콩 품종의 유전적 다양성을 확보하기 위해서는 유전적으로 비슷한 집단내의 교잡을 피하는 것이라고 하였다. 따라서 우리나라 콩 품종의 유전적 다양성을 지속적으로 유지하기 위해서는 우수한 국내자원의 발굴뿐만 아니라 국외의 다양한 유망 유전자원을 도입 발굴하여 유전변이를 확대시키고, DNA 분석을 통하여 유전적거리가 가까운 자원들과의 교배친 이용을 피하여야 할 것이다.

또한 본 연구에서 다형성이 높은 5개의 SSR마커 중에서 2개를 이용한 5개 마커조합의 어느 조합을 사용하여도 26개의 엘리트품종 모두가 판별이 가능하였다. 이러한 품종 판별기술은 실용적으로 활용이 가능하고, 콩 품질관리에도 효율적인 것이다. 따라서 새로이 육성되어 보급되는 품종들에 대한 DNA마커를 이용한 품종 판별기술은 육성자의 권리보호와 국산콩과 수입콩과의 차별화를 위하여 지속적으로 개발되어야 할 것이다.

적 요

우리나라에서 1994년부터 2007년까지 보급된 콩 20개 보급품종과 6개의 유망품종을 포함한 26개의 엘리트품종들을 SSR마커를 이용하여 유전적 다양성과 유연관계를 분석하고, 품종을 판별한 결과를 요약하면 다음과 같다.

1. SSR마커 15개를 이용하여 분석한 결과 총 201개의 대립인자가 확인되었고, 각 유전자별로 최소 8개(Satt141)에서 최대 19개(Satt197)의 대립인자가 확인되었으며, 마커당 대립인자수는 평균 13.4개이었다.
2. 15개 SSR마커에 의한 국내 콩 엘리트품종들의 유전적 다양성(PIC값)은 평균 0.874이었고 그 범위는 0.931-0.782이었으며, 마커별로는 Satt197이 0.931로 가장 높았고 Satt141이 0.782로 가장 낮았다.
3. SSR마커를 이용한 유전적거리에 의한 군집분석한 결과, 26개 품종이 3개 그룹으로 분류되었으며, I그룹에 2품종(7.7%), II그룹에 7품종(26.9%), 그리고 III그룹에 17품종(65.4%)이 속하였다.
4. SSR마커에 의하여 분류된 3그룹내의 유전적 다양성은 0.720-0.799으로 평균 0.769이었고, 그룹간의 유전적 다양성은 0.725-0.857으로 평균 0.813이었다. 그룹간이 그룹내보다 유전적 다양성이 더 높았으며, 유연관계는 I그룹은 II그룹 및 III그룹과 유전적거리가 가까웠으며, II그룹과 III그룹간은 서로 유전적거리가 다소 멀었다.
5. 다형성이 높은 5개의 SSR마커 중에서 2개 마커를 이용한 5개조합(Satt197+Sat_088, Satt197+Satt245, Sat_088+

Sat_036, Sat_088+Satt245, Satt185+Satt245)이 선정되었으며, 이중 어느 조합을 사용하여도 26개 엘리트품종 모두의 판별이 가능하였다.

사 사

본 논문은 2007년도 충북대학교 학술연구지원사업에 의하여 연구되었습

인용문헌

- Abe, J., D. H. Xu, Y. Suzuki, and A. Kanazawa. 2003. Soybean germplasm pools in asia revealed by nuclear SSRs. *Theor. Appl. Genet.* 106 : 445-453.
- 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.
- Burnham, K. D., D. M. Francis, A. E. Dorrance, R. J. Firitto, and S. Kt. martin. 2002. Genetic diversity patterns among phytophthora resistant soybean plant introductions based on SSR markers. *Crop Sci.* 42 : 338-343.
- Chen, Y. and R. L. Nelson. 2004. Genetic variation and relationships among cultivated, wild and semiwild soybean. *Crop Sci.* 44 : 316-325.
- 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.
- Fu, Y. B., G. W. Peterson, and M. J. Morrison. 2007. Genetic diversity of Canadian soybean cultivars and exotic germplasm revealed by simple sequence repeat markers. *Crop Sci.* 47 : 1947-1954.
- Hwang, T. Y., Y. Nakamoto, I. Kono, H. Enoki, H. Funatsuki, K. Kitamura, and M. Ishimoto. 2008. Genetic diversity of cultivated and wild soybeans including Japanese elite cultivars as revealed by length polymorphism of SSR markers.

- Breeding Science 58 : 315-323.
- 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.
- 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.
- Kim, S. H., J. W. Chung, J. K. Moon, S. H. Woo, Y. G. Cho, S. K. Jong, and H. S. Kim. 2006. Discrimination of Korean soybean cultivars by SSR markers. Korean J. Crop Sci. 51(7) : 1-11.
- Korea seed & variety service. 2009. <http://www.seed.go.kr>.
- Lee, J. D., J. K. Yu, Y. H. Hwang, S. Blake, Y. S. So, G. J. Lee, H. T. Nguyen, and J. G. Shannon. 2008. Genetic diversity of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) accessions from South Korea and other countries. Crop Sci. 48 : 606-616.
- Li, C. D., C. A. Fatokun, B. Ubi, B. B. Singh, and G. J. Scoles. 2001. Determining genetic similarities and relationships among cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. Crop Sci. 41 : 189-197.
- Li, Z. and R. L. Nelson. 2001. Genetic diversity among soybean accessions from three countries measured by RAPDs. Crop Sci. 41 : 1337-1347.
- 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.
- National Institute of Crop Science, RDA. 2008. Compendium of legume cultivars (Soybean, Adzuki bean, Mung bean, Pea, Common bean, Cowpea). pp. 842.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 70(12) : 3321-3323.
- Nichols, D. M., W. Lianzheng., Y. Pei, K. D. Glover, and B. W. Diers. 2007. Variability among Chinese *Glycine soja* and Chinese and North American soybean genotypes. Crop Sci. 47 : 1289-1298.
- 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.
- Satoh, H., S. Sawada, and S. Itoh. 2003. Rate of acceptance and longevity of pulse and wheat cultivars in Hokkaido. Jpn. J. Crop Sci. 72(4) : 418-423.
- 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.
- 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.
- 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.
- Van, K. J., M. Y. Kim, J. G. Gwag, K. G. Bea, Y. J. Oh, K. H. Kim, H. K. Park, and S. H. Lee. 2003. Genetic variation in sprout-related traits and microsatellite DNA loci of soybean. Korean J. Crop Sci. 48(5) : 413-418.
- 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 : 1032-1038.
- 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. 1-28.
- Yoon, M. S., J. R. Lee, H. J. Beak, G. T. Cho, C. Y. Kim, Y. H. Cho, T. S. Kim, and E. G. Cho. 2007. SSR profiling and its variation in soybean germplasm. Korean J. Crop Sci. 52(1) : 81-88.
- Zhou, X., E. Thomson, Jr. Carter, Z. Cui, S. Miyazaki, and J. W. Burton. 2002. Genetic diversity patterns in Japanese soybean cultivars based on coefficient of parentage. Crop Sci. 42 : 1331-1342.