국내 재래종 콩(*Glycin max* L. Merrill) 유전자원의 지리적 특성변이와 유전적 다양성

최유미¹ · 이명철¹ · 노나영¹ · 이수경¹ · 곽재균¹ · 윤문섭^{2*}

¹농촌진흥청 국립농업과학원, ²농촌진흥청

Morphological Characteristics and SSR Profilings of Soybean Landraces of Korea

Yu-Mi Choi¹, Myung-Chul Lee¹, Nayoung Ro¹, Sugyeong Lee¹, Jae-Gyun Gwag¹, and Mun-Sup Yoon^{2*}

¹National Academy of Agricultural Science, RDA, Jeonju 560-500. Republic of Korea

²Rural Development Administration, Jeonju 560-500. Republic of Korea

Abstract : This experiment was carried out to compare the morphological traits of 880 Korean soybean landraces from RDA genebank. Days to flowering were ranged from 51 to 104 days with an average of 74.4 days, days from flowering to maturity were ranged from 28 to 106 days with an average of 72.2 days, days from planting to maturity were ranged from 101 to 188 days with an average 146.6 days. Growth days were the shortest with 140.6 days in soybean landraces from Gangwon Province, and the longest with 152.8 days in those from Jeju Province. The 100 seed weight was ranged from 4.3 to 46.4 g with an average of 26.1 g, higher than other studies, relatively. The 100 seed weight was the lightest from Gyeongnam Province (22.7 g), and the heaviest from Chungnam Province (29.1 g). The highest percentage of seed coat color was black (52.4%), followed by yellow (28.5%). Landraces from Gyeongnam Province was the most yellow seed coat with 50.7%, seed coat color of those from Jeju was similar proportion in yellow (33.3%), green (25.9%) and black one (40.7%), and that from Gyeonggi was more green (28.8%) than yellow (16.7%). As a result of cotyledon color in 460 black seed was 59.7% with yellow, 40.1% with green. Three hundred fifty accessions of Korean soybean landraces were analyzed using 7 SSR markers. One hundred ten alleles were detected with a lowest 10 at the Satt307 and a highest 26 at the Satt173. The average polymorphism information content (PIC) was 0.71. Gene diversity was the highest in Jeju province while the lowest in Jeonnam.

Keywords : Soybean, Genetic resources, Days from planting to maturity, 100 seed weight, Allele, Polymorphism information content (PIC)

서 언

콩은 만주를 중심으로 한 동북아시아 지역이 원산지로서 추정되고 있으며 한국도 원산지 또는 그 주변지역에 속할 것으로 생각되고 있다(Kim et al. 1993a). 우리나라에서 콩의 재배는 기원전 4~5세기경으로 추정하고 있으며(Kwon et al. 1972c), 콩은 오곡의 하나로 취급하여 전분위주인 쌀을 주식으로 하는 식생활에 부족한 단백질과 지방을 보완해주는 주

요한 영양공급원으로서의 역할을 해왔다. 최근에는 콩의 생리 활성 물질이 항암효과, 골다공증, 신부전증, 신장질환과 같은 질병예방에도 효과가 있는 것으로 알려지면서 건강기능성 식품으로의 가능성과 더불어 더욱 활용이 많아질 것으로 보인다(Jong et al. 2007, Kim et al. 1993b, Kim & Park 2005, Yun et al. 2005). 우리나라는 고대로부터 콩을 재배하면서 다양한 재래종 자원이 발달해왔기 때문에 이를 인식하면서 1960년말 70년초부터 한국 재래종의 수집, 평가 및 보존에 관한 사업을 본격적으로 추진하여 수집된 재래종 자원을 한 국원자력연구원과 국립농업과학원 농업유전자원센터에 보존하고 있다. 이 자원들은 현재의 육성품종이 보유하고 있는 인자만 가지고는 앞으로의 신품종 육성에 부응하기 어렵기 때

*Corresponding author (E-mail: msyoon63@korea.kr, Tel: +82-63-238-4911, Fax: +82-63-238-4859)

(Received on September 15, 2014. Revised on October 17, 2014.
Accepted on October 22, 2014.)

문에 새로운 자원을 개발하고 보유해야 한다(Kwon et al. 1974)는 최근 육종의 추세에 따라 매우 중요한 일이라 생각된다.

우리나라의 콩 품종 육성은 1960년대까지는 다수성, 1970년대 초기에는 장류 및 두부용 콩, 그리고 후반기에는 기타 용도 및 생태형별, 그 후 1980년대에는 농촌노동력의 부족문제를 해결하기 위하여 다수성이며 기계화 적응성 품종들의 개발을, 1990년대에는 UR협상과 WTO 체제의 출범에 따른 수입개방화에 대응하기 위하여 국내품종과 외국품종과의 차별화를 목표로 시대에 따른 용도의 다양화와 품질 고급화를 품종육성의 목표로 하였다. 최근에는 콩 품종개발의 육종목표가 다수성 외에도 수요의 선호도에 따른 용도별 다양화, 기능성 고품질, 친환경, 식품안전성, 안정생산을 위한 병충해 및 재해저항성 등으로 다양화 되고 있어(Kim et al. 2006a) 품종을 육성하기 위한 다양한 소재를 확보해야 할 필요성이 더욱 커지고 있다.

대규모의 식물 유전자원의 효과적인 이용을 위해서 형태적 특성뿐 만 아니라 분자마커를 이용한 유전적 구조를 파악하는 것이 필요하며, SSR (Simple Sequence Repeat) 마커는 다른 어떤 마커보다 큰 다형성을 나타낸 분자마커로 육성품종의 유전적 구조를 확인하기 위해 주로 이용되어왔다(Kim et al. 2006b, Wang et al. 2006). Yoon et al. (2007)은 한·중·일 재래종 집단들 간에 대립인자 분포를 살펴보았더니 한국집단은 Satt286 (202bp, 232bp)에서 중국집단은 Satt197 (171bp)와 Satt458 (173bp)에서 그리고 일본집단은 Sat074 (244bp)와 Satt458 (170bp)에서 매우 높은 분포를 나타내었으며, 이와 같은 특징은 그들 자원들이 생육해온 지리적 차이

와 그들 민족의 식생활 문화차이 등에 따른 선발과정을 통하여 축적된 유전적 차이가 나타난 것이라고 하였다.

농업유전자원센터에는 26,000여점의 콩 유전자원 중 국내 자원이 16,000여점, 재래종 자원은 11,000여점으로 국내 재래종 자원이 전체 자원의 40% 이상을 차지하고 있어 국내 재래종 자원의 지리적 특성변이와 유전적 다양성을 분석함으로써 새로운 정보와 자원의 활용을 위한 정보제공을 제공하고 자 본 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

시험재료 및 기초특성조사

농업유전자원센터에서 보존하고 있는 콩 유전자원 중에서 국내 재래종 자원 880점을 임의로 선발, 분양받아 시험재료로 공시하였으며 수집지별로 강원 84점, 경기 66점, 경남 152점, 경북 182점, 전남 109점, 전북 83점, 충남 101점, 충북 76점, 제주 27점이 포함되었다. 생육기간 중 농업적 특성을 조사, 비교하기 위하여 공시자원을 2011년 5월 17일에 육묘포트에 1주 1본식으로 파종하여 6월 14일에 각 자원당 15개체씩 수원시 탐동에 위치한 식량원 신포장 노지에 정식하여 각 자원간 재식거리 90×15cm, 1주 1개체로 재배하였다. 본 연구에서는 주요 형태적 특성, 생육 특성 등의 형질특성에 대한 조사를 하였으며, 대조품종으로는 태광콩(Kim et al. 1992), 대원콩(Kim et al. 1998), 일품검정콩(Shin et al. 1998), 풍산나물콩(Suh et al. 1997)을 공시하였다. 기초생육조사는 식물 유전자원 평가기준(Rural Development Administration, 2003)에 준하였다(Table 1).

Table 1. Morphological character descriptors invested in this study.

Characters	Methods	Rank or measurement unit	Remarks
Growth habit	Observation	1. Determinate 2. Indeterminate 3. Semi-determinate	At the end of growth
Flower color	Observation	1. White 2. Purple	Color of blooming flowers
Days to flowering	Calculation	Days	-
Days to maturity	Calculation	Days	-
Days from planting to maturity	Calculation	Days	-
Pubescence color	Observation	1. No hair 2. Gray 3. Tawny 4. Dark tawny	Pubescence color at maturity

Table 1. Continued.

Characters	Methods	Rank or measurement unit	Remarks
Seed coat color	Observation	1. Yellowing white 2. Yellow 3. Yellowing green 4. Green 5. Yellowing brown 6. Brown 7. Gray 8. Black	Seed coat color of mature seed
Seed coat lust	Observation	1. Shiny 2. Dull	Seed coat lust of mature seed
Hilum color	Obs	1. Yellow 2. Light brown 3. Brown 4. Dark brown 5. Green 6. Light black 7. Black	Hilum color of matured seed
Cotyledon color	Observation	1. Yellow 2. Green	Only for the black seed
100 seed weight	Calculation	Weight(g)	Weigh the 100 seed weight

분자마커를 이용한 프로파일링

분자마커를 이용한 DNA 프로파일링은 각 염색체별 다형성이 높은 SSR 마커 7개를 선발하여 기초특성조사된 880점 중 350점을 임의로 선발하여 수행하였다. 파종 후 20일에 자원별 한 개체로부터 어린잎을 채취하여 Dneasy Plant Mini Kits (Quiagen #69106)를 이용하여 DNA를 추출하고, PCR의 주형 DNA로 사용하였다. 각각의 SSR Marker를 FAM, HEX, NED로 형광 표지한 후 25 ng의 콩 genomic DNA, 0.25 mM의 dNTP, 25 mM MgCl₂, 10X PCR Buffer, 10 pmole의 형광표지 primer 그리고 5unit의 *Taq* DNA polymerase를 혼합하여 총 20 µl로 조정하여 PCR을 수행하였다. 증폭반응은 PTC-100 thermocycler (MJ Research Inc., Watertown, MA)를 이용하여 95°C에서 30초간 denaturation, 48~55°C에서 30초간 annealing 그리고 72°C에서 30초간 extension을 30~35회 수행하였다. 증폭산물은 ABI3130xl Genetic Analyzer (AB-PEC, Foster City, CA)를 이용하여 Cho et al. (2008)의 방법으로 분석하였다. 분석된 결과는 Genemapper 4.0 (Applied Biosystems, CA, USA.)과 Powermarker3.25 (Liu and Muse 2005) 프로그램을 이용하여 유전적 다양성지수와 heterozygosity를 산출하였다.

결과 및 고찰

유전자원 증식 및 기초형질조사

콩의 생육일수는 대부분 개화일수에 의해 결정되기 때문에 콩의 생태형에서 매우 중요하며, 본 시험에 사용된 지역 재래종 880점의 기초 특성조사 결과 개화일수가 최단 51일부터 최장 104일 사이에 분포하여 변이의 폭이 54일이나 되었으며 평균 74.4일이 소요되었다(Table 2). 대조품종들의 개화소요일수는 태광콩이 78일, 대원콩이 65일, 일품검정콩 62일, 풍산나물콩 78일로 한국 재래종 자원들의 평균 개화일수와 크게 다르지 않았다. 대원콩과 일품검정콩은 평균보다 7~10일 짧았고 태광콩과 풍산나물콩은 평균보다 6일 길었다. 개화소요일수는 60일 이하 자원 1.9%, 61~70일 자원과 71~80일 자원이 각각 30.0%와 40.2%로 대부분이었으며, 81~90일 자원도 27.2%로 많은 비중을 차지하였다. 반면 개화소요일수 90일 이상 소요 자원은 6점으로 대부분이 90일 이내에 개화한 것으로 조사되었다. Kwon et al. (1974) 연구결과에서 개화일수는 평균 71일, 최단 56일부터 최장 95일 사이에 분포한다고 하였는데 본 결과와 평균 개화일수는 비슷하였으나 변이폭은 본 연구결과에서 더 큰 것으로 나타났다. Yoon et al. (2003)의 한·중·일 재래종 콩의 개화일수 비교에서 한국

자원은 39~99일 범위에 있으며 평균 65.6일이라고 하였는데 그 결과보다는 평균이 길었다. 개화일수를 지역별로 살펴 보았더니, 강원지역 수집자원은 61~70일 개화자원이 63.1%로 가장 많았으며, 강원지역을 제외한 경기, 경남, 경북, 전북, 충남, 충북지역은 71~80일 범위의 비율이 36.6~45.8%로 가장 많은 것으로 조사되었다. 또한 전남과 제주는 81~90일 개화자원의 비율이 37.6%와 51.9%로 가장 많아 지역별 개화일수에 차이를 보였다. 지역별 평균 개화일수는 강원도가 69.5일로 가장 빠르고, 제주가 77.9일로 가장 늦었다. 이 같은 지역별 개화일수는 가장 북쪽에 위치한 강원도가 가장 빠르고 가장 남쪽에 위치한 제주도가 가장 늦어 위도에 따른 일장과 온도차에 의한 것으로 보이며, 궁극적으로는 생육일수에 영향을 주는 것으로 보인다.

국내 재래종 880점을 이용한 성숙일수 조사결과 평균 72.2일이었으며 최단 28일부터 최장 106일이었으며, 최단자원은 강원도 수집자원(IT183424)이며, 총 생육일수 111일로 9월 5일에 수확하였다. 성숙일수 40일 미만 자원이 2점이었고, 61~80일 자원이 80.2%로 가장 많고, 41~60일 자원과 81~100일 사이 자원이 각각 9.8%와 9.7%로 주로 61~80일 범

위에 집중되었다. 대조품종의 성숙일수 범위는 55~78일이었으며, 태광콩이 가장 빠르고 대원콩이 가장 늦었으며 일품검정콩과 풍산나물콩은 각각 67일과 68일로 평균보다 빨랐다. 지역별로도 61~80일 사이에 성숙하는 자원의 비율이 최소 66.7%(제주)에서 최대 86.9%(강원)로 가장 많았고, 강원과 전북지역 수집자원에서 성숙일수 40일 미만 자원 각 1점이 조사되었으며, 제주지역 수집자원 중에는 성숙소요일수가 101일이 넘는 자원 1점이 포함되어 있었다.

우리나라 검정콩 952계통을 이용한 성숙일수 조사결과 89%가 61~80일 사이에 분포하였다는 보고가 있었으며 (Kim et al. 1993a), 본 결과에서도 61~80일 사이의 자원이 80.2%로 가장 많아 비슷한 경향이였다.

성숙기는 콩 재배시 가장 중요한 형질 중 하나로(Yoon et al. 2003) 본 시험에 사용된 국내 재래종 880점의 생육일수는 101일에서 188일 범위에 있으며, 평균 146.6일이고, 생육일수 110일 이하 자원 13점이 조사되었다. 생육일수 141~160일 사이 자원이 44.4%로 가장 많았고, 121~140일 범위 자원이 29.8%, 161~180일 자원은 23.0% 분포를 나타내어 생육일수 140~147일을 4군, 148~155일을 5군이라고 하였을

Table 2. Distribution of days to flowering, to maturity, from planting to maturity of the soybean landraces by collecting sites of Korea.

Traits		Distribution rates of traits by collecting sites(%)									Statistics(days)		
		GW*	GG	GN	GB	JN	JB	JJ	CN	CB	Min	Max	Aver.
Days to flowering	60>	1.2	3.0	0.0	1.6	3.7	2.4	3.7	4.0	0.0	51	104	74.7 ± 7.45
	61-70	63.1	30.3	25.7	31.3	22.0	25.3	14.8	27.7	23.7			
	71-80	26.2	45.5	50.0	39.6	36.7	45.8	29.6	36.6	40.8			
	81-90	9.5	19.7	22.4	26.9	37.6	26.5	51.9	30.7	35.5			
	90<	0	1.5	2.0	0.5	0.0	0.0	0.0	1.0	0.0			
	Aver.(days)	69.5	73.5	74.9	74.3	75.4	74.7	77.9	74.7	76.1			
Days to maturity	40>	1.2	0.0	0.0	0.0	0.0	1.2	0.0	0.0	0.0	28	106	72.2 ± 8.79
	41-60	4.8	13.6	11.2	6.6	13.8	10.8	14.8	12.9	3.9			
	61-80	86.9	81.8	80.3	82.4	75.2	84.3	66.7	72.3	84.2			
	81-100	7.1	4.5	8.6	11.0	11.0	3.6	14.8	14.9	11.8			
	101<	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.7	0.0	0.0			
	Aver.(days)	71.0	70.4	70.5	73.5	71.8	70.0	74.9	73.5	75.4			
Days from planting to maturity	101-120	2.4	4.5	2.0	1.1	3.7	7.2	0.0	4.0	0.0	101	188	146.6 ± 12.89
	121-140	51.2	33.3	35.5	24.2	26.6	27.7	25.9	25.7	18.4			
	141-160	38.1	47.0	42.1	53.8	43.1	48.2	18.5	33.7	52.6			
	161-180	8.3	15.2	19.7	20.9	26.6	16.9	55.6	36.6	28.9			
	181<	0.0	0.0	0.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0			
	Aver.(days)	140.6	143.9	145.4	147.8	147.2	144.7	152.8	148.3	151.6			

* GW: Gangwon, GG: Gyeonggi, GN: Gyeongnam, GB: Gyeongbuk, JN: Jeonnam, JB: Jeonbuk, JJ: Jeju, CN: Chungnam, CB: Chungbuk

** Days to flowering, to maturity, days from planting to maturity of check variety : Teakwangkong(78, 55, 133days), Daewonkong(65, 78, 143days), Ilpumgeomjeongkong(62, 67, 129days), Pungsan-namulkong(78, 68, 146days), respectively

때 4, 5군의 분포 비율이 66%로 가장 많았다는 결과(Kwon et al. 1974)와 차이를 보였으며 161~180일 자원의 비율이 23.0%로 성숙군 7군(164일 이상) 이상은 없었다는 결과와도 차이를 보여 그간 수집된 유전자원의 다양성의 폭이 넓어진 것이 아닌가 추측된다. 생육일수 181일을 넘는 자원도 1점 조사되었으며, 경남지역수집(K135258)자원이었다. Kwon et al. (1974)이 재래종 782계통을 대상으로 생육일수를 조사한 결과 평균이 144일이라고 하여 본 결과와 유사하였으나 생육일수 범위는 114~161일로 본 결과보다 변이의 폭이 작았다. 성숙기와 관련된 다양성의 폭이 증가한 것은 수집기간이 30년 이상 지나는 동안 보다 다양하고 많은 유전자원의 수집 결과일 것으로 생각된다. 수집지역별 생육일수는 개화일수의 지역별 경향과 유사하였으며 강원지역이 평균 140.6일로 가장 짧고, 제주지역이 152.8일로 가장 길어 가장 북쪽 수집 자원과 남쪽 수집 자원간 평균 12일의 생육일수 차이가 있는 것으로 조사되었다. 경기, 경남, 전북지역 수집자원의 생육일수가 평균보다 짧았고, 경북, 전남, 제주, 충남, 충북지역 수집자원은 평균보다 긴 것으로 나타났다. 대조품종의 생육일수는 태광콩(중만생종) 133일, 대원콩(만생종) 143일, 일품검정콩 129일(중생종), 풍산나물콩 146일(만생종)과 비교하였을 때 우리나라 재래종 자원은 만생종 자원의 비율이 높은 것으로 생각되며, 또한 중북부인 강원지역의 생육일수가 남부인 제주 지역보다 짧은 것을 알 수 있었다. 이는 앞서 언급한 바와 같이 위도별 일장에 따른 개화일수의 조만과 관련이 있을 것으로 생각되며, 또한 강원지역의 경우 남부지방보다 초상에서 불리하므로 그에 맞게 선발되어 왔을 가능성도 있을 것으로

추정된다. Kim et al. (1993a)는 우리나라 재래종 자원 중 생육일수 141일 이상의 극만생계통은 성숙, 수확기 저온과 서리로 정상적 등숙이 어려울 수 있으나, 꾸준히 농가에서 재배되어온 것으로 보아 만생종이 주로 대립이라는 점, 벼와 같은 주작물이나 기타 다른 작물과의 수확기 겹침으로 인한 작업 중복을 피할 수 있다는 점과 맛, 품질 등 여러 면에서 장점이 있을 것으로 추정하였다.

양적형질 중 두과작물의 100립중은 편차가 매우 커서 품종을 구분하는 중요한 특성이 되기도 하는데 콩의 경우 100립중이 큰 것은 주로 장용, 작은 것은 콩나물용으로 사용이 된다. 종실크기를 100립중에 따라 극소립(9.9 g 이하), 소립(10~14.9 g), 중립(15~24.9 g), 대립(25~34.9 g), 극대립(35 g 이상)으로 구분하였다(Rural Development Administration, 2012). 국내 재래종 880점을 대상으로 100립중 조사 결과 범위는 4.3 g (IT191212, 경기수집)에서 46.4 g (IT160616, 전북수집) 사이였으며 평균 26.1 g 이었다(Table 3). 립중별 분포는 대립중(25~34.9 g)이 39.2%로 가장 많았으나, 중립중(15~24.9)의 비율도 30.8%로 높았으며, 극대립 자원도 17.5%나 되었다. 극소립중은 평균 3.8%로 가장 적었으며, 제주수집 자원에는 극소립중이 없었고, 극소립중 비율은 충남수집자원에서 5.0%로 가장 많았다(Table 3). 소립중은 평균 8.8%로 극소립중 다음으로 적었으며, 지역별로는 제주와 경남지역의 소립중 비율이 평균보다 높은 14.8%와 13.8%, 충남수집자원은 4.0%로 가장 낮았다. 중립중은 평균 30.8%로 제주수집(14.9%)을 제외하고 모든 지역에서 20% 이상 분포하였으며, 가장 높은 자원은 전북수집(38.6%)이었고, 경남(38.2%)과 강

Table 3. The distribution of 100- seed- weight of soybean landraces by collecting sites of Korea.

100-seed weight	9.9g > (%)	10~14.9	15~24.9	25~34.9	35 <	Mean (g)
GW*	3.6	9.5	33.3	45.2	8.3	24.5
GG	4.5	6.1	21.2	43.9	24.2	28.3
GN	4.6	13.8	38.2	36.8	6.6	22.7
GB	1.6	8.2	30.8	46.7	12.6	26.5
JN	5.5	9.2	32.1	41.3	11.9	25.3
JB	4.8	8.4	38.6	37.3	10.8	24.9
CN	5.0	4.0	25.7	25.7	39.6	29.1
CB	2.6	5.3	23.7	31.6	36.8	29.0
JJ	0.0	14.8	14.8	40.7	29.6	28.1
Mean	3.8	8.8	30.8	39.2	17.5	26.1

* GW: Gangwon, GG: Gyeonggi, GN: Gyeongnam, GB: Gyeongbuk, JN: Jeonnam, JB: Jeonbuk, JJ: Jeju, CN: Chungnam, CB: Chungbuk

** 100-seed-weight of check variety : Teakwangkong 23.2 g, Daewonkong 22.5 g, Ilpumgeomjeongkong 27.3 g, Pungsan-namulkong 11.9 g

원(33.3%)순이었다. 대립종자는 39.2%로 전체적으로 가장 많은 분포를 보였다. 경북과 강원지역 수집자원에서 대립종의 비율이 높았으며, 각각 46.7%와 45.3%였다. 또한 100립중 35 g 이상인 극대립 자원은 충남과 충북지역 수집종에서 39.6%와 36.8%로 가장 많고, 경남지역에서 6.6%로 가장 적었다. 중립종 이상의 자원이 87.5%로 대부분이었으며, 반면 소립종 이하의 자원은 12.5%에 불과하였다. Yoon et al. (2003)의 한·중·일 100립중 비교에서 한국자원의 100립중은 평균 18.8 g로 중국자원의 평균 14.7 g과 일본자원의 평균 17.3 g보다 크다고 하였는데 본 결과에서의 100립중 평균은 26.1 g으로 매우 높은 것으로 조사되었다. Kwon et al. (1972c) 역시 한국, 미국, 중국, 베트남 자원의 100립중 비교 시험에서 한국자원의 100립중 평균이 22.7 g으로 가장 크고, 한국, 중국, 일본 등 동아시아 지역에서 수집된 자원보다 동남아시아에서 수집된 자원의 100립중이 작은 것으로 나타나 저위도 지방일수록 소립종이라고 하였다. 국내 지역별 위도차는 가장 큰 차이가 4° 정도로 크지 않기 때문인지 지역별로 뚜렷한 백립종의 차이를 보이지는 않았다. 본 연구결과에서 100립중의 평균이 다른 결과보다 컸던 것은 대조품종의 100립중이 본래 특성을 벗어나지 않은 것으로 보아 샘플링 과정에서 대립종이 많이 포함되었을 것으로 보인다. 또한 우리나라의 콩 이용은 주로 된장, 두부제조와 같이 가공용으로 많이 활용되어 오면서 종자가 큰 대립종이 선호되어 꾸준히 선발되어 왔기 때문에 다른 나라 수집종에 비해 100립중이 클 것으로

생각된다.

본 시험에 사용된 콩 자원의 질적형질 분포를 살펴보면 다음과 같다. 생육습성은 그 작물의 재배에 있어서 파종기와 재배적기를 선택하는데 매우 중요한 형질로 본 시험에서는 유한형이 약 57.7%, 중간형이 41.8%, 무한형이 0.5%로 조사되었다. 지역별 유한형의 비율은 강원지역 수집자원이 67.9%로 가장 많았고 충남지역 수집자원의 유한형 비율이 41.6%로 가장 낮았다(Fig. 1).

국내 재래종 880점을 대상으로 한 꽃색 조사결과 자색 자원이 평균 84.0%, 백색 자원이 16.0%로 전체적으로는 자색 대 백색이 약 5대 1로 나타났다. 지역별로는 특히 충북지역의 자색꽃 비율이 94.8%로 매우 높았으며, 경남지역은 자주색의 비율이 72.3%로 가장 낮아 지역별 차이를 보였다.

국내 재래종 880점을 대상으로 한 모용 유무와 모용색 조사 결과 모용이 없는 자원은 없었으며, 모용의 색은 회색이 평균 30.2%, 갈색이 69.8%였다. 회색모용의 비율이 가장 많은 지역은(경남) 40.8%, 가장 적은 지역은(충남) 15.8%로 지역간 차이가 비교적 큰 것으로 나타났다. Song et al. (1991)이 보고한 한국 재래종 대두 모용색 조사결과에서도 갈색대 회색의 비율이 6대 4로 나타나 본 연구결과와 유사하였으나, Kim et al. (1993a)이 국내 수집 검정콩 계통을 대상으로 한 모용색 조사에서는 갈색모용이 98%로 조사되어 본 연구결과와 차이가 있었다.

재래종 880점을 대상으로 종피색을 조사한 결과 검정색과

Fig. 1. Frequency distribution of qualitative traits including growth habit, flower color and pubescence color in soybean landraces by collecting sites of Korea.

* GW: Gangwon, GG: Gyeonggi, GN: Gyeongnam, GB: Gyeongbuk, JN: Jeonnam, JB: Jeonbuk, JJ: Jeju, CN: Chungnam, CB: Chungbuk

** The qualitative traits of check variety : all determinate, Flower color : Taekwangkong (purple), Daewonkong (white), Ilpumgeonjeongkong (purple), Pungsan-namulkong (purple), Pubescence color : Taekwangkong (gray), Daewonkong (gray), Ilpumgeonjeongkong (tawny), Pungsan-namulkong (gray)

황색이 대부분이었으며 각각 52.4%와 28.5%로 총 80.9%를 차지하였다. 한국 재래대두를 이용한 종피색 조사결과 황색이 34.2%, 검정색이 14.5%, 갈색이 24.2%인 Song et al. (1991)의 결과와 비교하여 검정색 종피가 월등히 많고 황색콩의 비율은 그보다 적은 것으로 조사되어 본 결과와 차이를 보였다. 지역별 종피색 비율을 살펴보면 지역별로 대체로 검정색 종피의 비율이 높았으나 경남 지역 수집자원에서는 황색 종피의 비율이 50.7%로 검정색 종피 비율인 33.6%보다 높았으며, 제주지역은 검정색 종피, 황색 종피, 녹색 종피의 비율이 각각 40.7%, 33.3%, 25.9%로 종피색간 비율이 유사하였으며 경기지역 수집종은 녹색 종피의 비율이 28.8%로 황색종피 비율 16.7% 보다 높아 지역마다 종피색의 비율이 상이함을

알 수 있었다. 이는 재래종 콩의 용도나 선호도가 지역마다 특색을 달리하였기 때문일 수 있을 것으로 보인다.

본 연구결과에 사용된 국내 재래종 880자원의 배꼽색 분포는 흑색이 58.3%로 월등히 많았고 황색이 14.2%, 연갈색 11.1%, 갈색 10.7% 순이었다. 우리나라에서 배꼽색은 외관상 품질평가의 중요한 요소가 되며 배꼽색이 연한 것이 품질이 좋은 것으로 평가되어(Kim 2002), 황색 종피색을 선호하는 것으로 알려져 있어 품종육성용으로 자원 활용시 유용한 정보가 될 것으로 생각된다.

종피광택에 대한 품질평가 기준은 나라마다 다르지만, 우리나라에서는 밥밀콩용을 제외하고는 주로 종피의 광택이 있는 자원을 선호하는데 재래종 자원 880점에 대해 조사한 결

Fig. 2. Frequency distribution of seed qualitative traits including seed coat color, cotyledon color, hilum color and seed coat lust in soybean landraces by collecting sites of Korea.

- * GW: Gangwon, GG: Gyeonggi, GN: Gyeongnam, GB: Gyeongbuk, JN: Jeonnam, JB: Jeonbuk, JJ: Jeju, CN: Chungnam, CB: Chungbuk
- ** The seed qualitative traits of check variety. Seed coat color : Taekwangkong (yellow), Daewonkong (yellow), Ilpumgeonjeongkong (black), Pungsan-namulkong (yellow), Hilum color : Taekwangkong (yellow), Daewonkong (yellow), Ilpumgeonjeongkong (black), Pungsan-namulkong (yellow), Seed coat lust : Taekwangkong (shiny), Daewonkong (dull), Ilpumgeonjeongkong (shiny), Pungsan-namulkong (dull), Cotyledon color : Ilpumgeonjeongkong (yellow)

과 종피광택이 없는 자원과 있는 자원의 평균은 약 76.8%와 23.2%로 종피 광택이 없는 자원이 많았으며 수집지별 큰 차이는 없으나 광택자원의 비율이 가장 작은 지역은 충북 14.5%, 가장 많은 지역은 전남 31.2% 였다.

880점의 국내 재래종 중 종피색이 검정인 콩 460점을 대상으로 자엽색을 조사한 결과 황색이 평균 59.7%, 녹색이 40.1%로 (Fig. 2) 녹색 자엽의 비율이 비교적 높았다. 자엽색의 지역별 분포는 차이가 매우 커서 제주와 경남지역 수집자원은 녹색 자엽의 비율이 각각 83.3%와 62.7%로 황색 자엽 비율보다 월등히 많은 반면 전북과 전남지역의 녹색자엽 비율은 각각 5.7%, 13.8%로 극히 낮은 것으로 조사되었다. 지역별 자엽색 분포의 차이는 샘플수를 늘리고 지역별 콩의 용도에 대한 검토가 이루어져야 설명이 가능할 것으로 보이나 우리나라는 검정콩이 밥밀콩용으로 많이 사용되고 있어 검정콩의 녹색자엽에 대한 소비자의 기호도가 높아 오랜기간 재배되면서 선발되어져 왔을 것으로 보인다. 본 시험결과는 수집 검정콩 900여점을 대상으로 한 자엽색 조사에서 72%가 황색, 27%가 녹색이라고 한 결과(Kim et al. 1993b)보다 녹색자원의 비율이 높았다. 또한 검정콩은 일반콩에 비하여 안토시아닌(anthocyanin), 아이소플라본(isoflavone), 항산화성 등 기능성이 강한 것으로 보고(Kim 2002)되면서 수요는 더욱 늘어날 것으로 보이며, 추후 검정콩을 대상으로 안토시아닌 함량 등 기능성분에 대해 추가적인 조사를 수행함으로써 활용도를 높일 필요가 있을 것으로 사료된다.

분자생물학적 특성조사

기초 특성 평가된 자원 중 350점(강원 19점, 경기 33점, 경남 28점, 경북 77점, 전남 56점, 전북 41점, 제주 27점 충남

36점, 충북 33점)에 대해 7개의 SSR 마커를 이용하여 프로파일링을 수행한 결과 총 110개의 대립인자(allele)가 확인되었으며 각 유전자좌별로 대립인자수는 10개에서 26개로 평균 15.7개였다(Table 4).

유전자좌별 대립인자수는 Satt173에서 가장 많은 26개를 보인 반면 Satt307에서는 가장 적은 10개의 대립인자를 나타냈다(Table 4). Kim et al. (2006a)이 91개의 콩품종에 대해 20개의 SSR마커로 다양성을 분석한 결과 총 149개의 대립인자가 확인되었으며, 유전자좌별로 최소 3개에서 최대 15개까지, 평균 7.5개의 대립인자를 확인하였다고 한 보고와 Cho et al. (2006)의 재래종 콩 130점에 대해 7개의 SSR 마커를 이용하여 평균 9.9개의 대립인자를 확인한 보고와 Kim et al. (2010)이 44개 재래종 자원을 15개의 SSR 마커를 이용하여 얻은 유전자좌당 평균 대립인자수 7.4개 보다 많았으며, Yoon et al. (2007)이 한국 재래종 3,248점, 중국 재래종 646점, 일본 재래종 257점, 한국 야생콩 259점을 9개의 SSR 마커를 이용하여 분석한 결과 대립인자는 총 267개, 평균 29.6개가 조사되었으며 최소 21개에서 58개까지 조사되었다는 보고보다는 적었다. 마커별 유전적 다양성(PIC value)은 0.5024~0.8709의 범위로 Satt390에서 가장 낮고 Satt537에서 가장 높았으며 평균 0.711로(Table 4), Kim et al. (2006a)의 육성품종을 이용한 다양성지수 0.711과 Yoon et al. (2007)의 국내재래종 콩의 다양성지수 0.69와 크게 다르지 않았다. 특히 재래종의 다양성지수와 육성품종의 다양성 지수간에 큰 차이가 없었던 것은 Kim의 연구재료로 사용된 1913년부터 2002년까지 육성된 99개 품종이 시대별로 요구되는 다양한 특성의 국내의 유전자원을 재료로 하였기 때문이 아닌가 추측한다. Allele size 범위는 Satt173이 117~345로 가장 컸고,

Table 4. SSR markers used in this study, their associated chromosome number, major allele frequency, allele size range, the number of alleles per locus, gene diversity, heterozygosity, and polymorphism information content (PIC).

Marker	Chromosome Number	Major allele frequency	Allele size range	Allele no. per locus	Gene diversity	Heterozygosity	PIC
Satt146	13	0.3814	154-328	12	0.7409	0.0429	0.7009
Satt173	10	0.2608	117-345	26	0.8412	0.0317	0.8241
Satt182	19	0.6043	116-235	15	0.5434	0.1043	0.4760
Satt270	20	0.4097	140-243	15	0.7438	0.0143	0.7101
Satt307	6	0.3854	140-200	10	0.7371	0.0458	0.6962
Satt390	8	0.6786	175-241	11	0.5024	0.060	0.4676
Satt537	2	0.2392	114-202	21	0.8709	0.0173	0.8584
Mean		0.4228		15.7	0.7114	0.0375	0.6762

Satt390에서 175~241로 가장 작았다(Table 4).

수집지별 분석결과 유전자좌별 대립인자수는 경북지역이 9.7로 가장 많았고 전북이 5.9로 가장 적었으며, 전남과 제주 지역도 각각 9.4와 7.6으로 평균 7.3보다 높았다. 다양성지수(PIC)는 평균 0.644로 0.6095~0.6930 범위였으며, 제주가 가장 높고 충북지역이 가장 낮았다(Table 5). Wang et al. (2006)에 따르면 대립인자수는 표본의 크기에 영향을 크게 받으며, 다양성지수는 영향을 덜 받는다고 하였는데 본 결과에서 경북과 전남지역의 대립인자수가 많았던 것은 표본수의 차이에 의한 결과일 수 있을 것으로 보인다. 두 지역을 제외한 나머지 지역은 표본수는 19~41점 범위로 표본수가 많지 않아 영향이 크지 않을 것으로 생각된다. 또한 제주지역의 다양성지수가 높은 이유는 지역재래종 자원이 여러 차례 수집되는 과정에서 제주의 지리적 여건상 타지역보다 자원의 중복수집 가능성이 상대적으로 낮기 때문일 수 있을 것으로 생각되나 추후 지역별 표본수를 비슷한 수준으로 하여 추가 실험으로 확인해 볼 필요성이 있을 것으로 보인다. Kuroda et al. (2009)은 중국, 일본, 한국, 러시아 재래종과 야생콩 유전자원 1,318점을 이용하여 국가내와 국가간의 유전적 다양성을 분석하고, 다양성이 최대화 되도록 핵심집단을 작성한 결과 한국의 야생콩 자원에 희귀 대립인자가 많아 핵심집단 선발 비율이 높았다고 하였으며, 그 이유로 한국은 고유의 야생콩이 있었을 뿐 아니라 중국과 일본 양국으로부터 자원이 도입되었기 때문일 것으로 추정하여 한국자원의 다양성이 높음을 간접적으로 시사하였다.

적 요

본 연구는 농업유전자원센터에 보존 되어있는 콩 유전자원 중 한국 재래종 자원 880점을 대상으로 농업적 특성을 조사하고, 분자마커를 이용하여 유전적 다양성을 분석하였으며 결과는 다음과 같다. 첫째, 개화일수는 51~104일, 평균 74.4일이었으며 성숙일수는 28~106일, 평균 72.2일이었고 생육일수는 101~188일, 평균 146.6일이었다. 지역별 평균 개화일수는 강원지역이 69.5일로 가장 짧고, 제주지역이 77.9일로 가장 길었다. 또한 평균 생육일수는 강원지역이 평균 140.6일로 가장 짧고, 제주지역이 152.8일로 가장 긴 것으로 나타났다. 대조품종의 생육일수는 태광콩 133일, 대원콩 143일, 일품검정콩 129일, 풍산나물콩 146일과 비교하였을 때 중만생종인 태광콩보다 생육일수가 길어 우리나라 재래종에 만생종이 많음을 알 수 있었다. 둘째, 100립중의 범위는 4.3~46.4 g이며, 평균 26.1 g이고, 립중별 분포는 대립종의 비율이 39.2%로 가장 많고, 중립종 30.8%, 극대립종 17.5%, 소립종 8.8%, 극소립종 3.8% 순으로 중립종 이상의 비율이 87.5%로 대부분이었다. 셋째, 종피색은 검정색의 비율이 52.4%로 가장 많았고, 황색 28.5% 순이었다. 지역별로는 경남지역 수집 자원은 황색 종피 비율이 높고, 제주지역은 황색, 녹색, 검정색의 비율이 유사하였으며, 경기지역은 녹색종피의 비율이 28.8%로 황색종피보다 많았다. 넷째, 검정콩 460점을 대상으로 자엽색 조사 결과 황색이 59.7%, 녹색이 40.1%이었다. 자엽색의 지역별 분포는 매우 커서 제주와 경남지역은 녹색 자엽비율이 각각 83.3%와 62.7%로 황색 자엽보다 월등히 많았

Table 5. Major allele frequency, the number of alleles, gene diversity, heterozygosity, polymorphism information content(PIC) based on soybean landraces by collecting sites of Korea.

collecting sites	Major Allele Frquency	Allele no. per locus	Gene Diversity	Heterozygosity	PIC
GW*	0.4233	6.3	0.6990	0.0677	0.6559
GG	0.4307	7.3	0.6881	0.0433	0.6522
GN	0.4691	6.6	0.6527	0.0153	0.6120
GB	0.4153	9.7	0.7142	0.0187	0.6751
JN	0.4090	9.4	0.7190	0.0439	0.6865
JB	0.4894	5.9	0.6420	0.0422	0.5891
CN	0.4515	6.4	0.6671	0.0476	0.6226
CB	0.4756	6.1	0.6530	0.0261	0.6095
JJ	0.4083	7.6	0.7234	0.0643	0.6930
Mean	0.4414	7.3	0.6843	0.0410	0.6440

* GW: Gangwon, GG: Gyeonggi, GN: Gyeongnam, GB: Gyeongbuk, JN: Jeonnam, JB: Jeonbuk, JJ: Jeju, CN: Chungnam, CB: Chungbuk

으며, 전북과 전남지역의 녹색자엽 비율은 각각 5.7%와 13.8%로 극히 낮아 지역별 차이를 보였다. 다섯째, 기초특성 평가 자원중 350점에 대해 7개의 SSR 마커를 이용하여 프로파일링한 결과 총 110개의 대립인자(allele)가 확인되었으며 각 유전자좌별로 대립인자수는 10개에서 26개 평균 15.7개였다. 유전적 다양성(PIC)은 0.711로 비교적 높았으며, 각 유전자좌별 allele의 수는 경북지역이 9.7로 가장 많고, 유전적 다양성은 제주가 0.693으로 가장 높았다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 농업과학기술연구 개발사업(과제번호: PJ0101062014)의 지원에 의해 이루어졌습니다.

REFERENCES

1. Cho GT, Lee J, Moon JK, Yoon MS, Baek HJ, Kang JH, Kim TS, Paek NC. 2008. Genetic diversity and population structure of Korean soybean landrace [*Glycine max* (L.) Merr.]. J. Crop Sci. Biotech. 11: 83-90.
2. Shin DC, Baek IY, Park CK, Kang ST, Song SB, Hur SO, Kwack YH, Oh YJ, Hwang YH. 1998. A new early maturity, diseases and lodging resistance, high yielding and black seed coat soybean variety "Ilpumgeomjeongkong" RDA. J. Crop Sci. 40: 92-96.
3. Suh SK, Kim HS, Oh YJ, Kim KH, Cho SK, Kim YJ, Kim SD, Pakr HK, Park MS, Cho SY. 1997. A new soybean variety for sprout with small seed and high yielding "Pungsan-namulkong" RDA. J. Crop Sci. 39: 120-124.
4. Jong SK, Woo SH, Kim HS. 2007. Evaluation of external quality of brand soybeans. Korean J. Crop Sci. 52: 239-248.
5. Kim CY, Lee JR, Cho GT, Yoon MS, Baek HJ. 2010. Evaluation of external quality of brand soybeans. Korean J. Crop Sci. 52: 239-248.
6. Kim KC, Park EH. 2005. Variation of protein, oil contents and fatty acid composition of Korean wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) seeds. Korean J. Crop Sci. 50: 118-122.
7. Kim SD, Hong EH, Lee YH, Hwang YH, Moon YH, Kim HS, Park EH, Seong YG, Kim YH, Kim WH, Ryu YH, Park RK. 1992. Resistant to disease, good in seed quality, high yielding and widely adapted new soybean variety "Taekwangkong". Res. Rept. RDA(U&I). 34: 11-15.
8. Kim SD, Kim YH, Hong EH, Park EH. 1993a. Agronomic characteristics of black soybean collections in Korea. Korean J. Crop Sci. 38: 432-436.
9. Kim SD, Kim YH, Hong EH, Park EH. 1993b. Seed characteristics of black soybean collections in Korea. Korean J. Crop Sci. 38: 437-441.
10. Kim SD, Park KY, Kim YH, Yun HT, Lee YH, Lee SH, Seung YK, Park EH, Hwang YH, Ryu YH, Hwang CJ and Kim YS. 1998. A new soybean variety for soypaste with large seed and disease resistnat "Daewonkong". RDA. J. Crop Sci. 40: 107-111.
11. Kim SH, Jung JH, Moon JK, Woo SH, Cho YG, Jong SK, Kim HS. 2006a. Genetic diversity and relationship by SSR markers of Korean soybean cultivars. Korean J. Crop Sci. 51: 248-258.
12. Kim SH, Chung JW, Moon JK, Woo SH, Cho YG, Jong SK, Kim HS. 2006b. Discrimination of Korean soybean cultivars by SSR markers. Korean J. Crop Sci. 51: 658-668.
13. Kim YH. 2002. Current achievement and perspectives of seed quality evaluation in soybean. Korean J. Crop Sci. 47: 95-106.
14. Kuroda Y, Tomooka N, Kaga A, Wanigadeva SMSW, Vaughan DA. 2009. Genetic diversity of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) and Japanese cultivated soybeans[*G. max* (L.) Merr.] based on microsatellite (SSR) analysis and the selection of a core collection. Gene. Resour. Crop Evol. 56: 1045-1055.
15. Kwon SH, Im KH and Kim JR. 1972c. Studies on diversity of seed weight in the Korean soybean land races and wild soybean. Korean J. Breed. Sci. 4: 70-74.
16. Kwon SH, Kim JR, Song HS, Im KH. 1974. Characteristics of important agronomic traits of Korean local soybean collections. Korean J. Breed. Sci. 6: 67-70.
17. Liu K, Muse SV. 2005. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data. Bioinformatics 21: 2128-2129.
18. Rural Development Administration. 2003. The Analysis standard of research and investigation for agricultural science technology.
19. Rural Development Administration. 2012. The Analysis standard of research and investigation for agricultural science technology.

20. Song HS, Lee YI, Kwon SH. 1991. Studies on the agronomic traits of Korean native soybean (*Glycine max*). Korean Soybean Digest. 8: 1-16.
21. Wang L, Guan R, Zhangxiong L, Chang R, Qiu L. 2006. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. Crop Sci. 46: 1032-1038.
22. Yoon MS, Baek HJ, Lee JR, Kim HH, Cho YH, Ahn JW, Kim CY. 2003. The major morphological characteristics and variations of soybean landraces. Korean. J. Intl. Agri. 15: 294-303.
23. Yoon MS, Lee JR, Baek HJ, Cho GT, Kim CY, Cho YH, Kim TS, Cho EG. 2007. SSR profiling and its variation in soybean germplasm. Korean J. Crop Sci. 52: 1-8.
24. Yun HT, Seo MS, Kim SL, An SO, Kim SJ. 2005. Variation of seed component contents in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.). Korean J. Crop Sci. 50: 108-111.