

# 출토유물과 유전적 다양성으로 본 한반도의 두류재배 기원

이영호\* · 박태식\*

\* 농촌진흥청 작물과학원

본 논문은 최근 한반도가 콩의 기원지라는 주장이 일부 제기되고 있으나 이에 대한 학문적 뒷받침이 미흡하여 필자들은 최근에 이루어진 유적 발굴 성과와 발굴된 유물 중 탄화된 곡물의 크기가 보고된 자료를 현재의 재배종과 야생종의 종실 크기와 비교하고, 동위효소와 세포핵과 세포질의 핵산지문 분석에 의한 두류 재배의 기원을 구명하고자 한 최근의 연구를 종합하여 한반도에서의 두류 재배의 기원에 관하여 견해를 밝히고자 한다.

한반도에서 두류 재배는 일반적으로 중국의 동북지방 또는 화북지방으로부터 콩이 도입되어 기원전 7세기 이후에 재배가 시작된 것으로 추정하여 왔다. 최근 청동기시대인 유적인 회령 오동, 평양 남경과, 양평 양근리, 보령 평라리 등 한반도의 다수 지역의 강 주변과 구릉지에서 무문토기와 벼, 조, 기장, 보리, 밀 등과 공반하여 다수의 탄화된 콩, 야생콩, 반재배콩, 팥, 야생팥, 녹두 등의 두류가 출토되어 한반도에서는 청동기시대(1500-300 BC)부터 두류(콩, 팥)가 널리 재배되었다고 판단된다.

콩의 재배 기원지에 관하여 중국동북설, 중국화북설, 남방설, 다기원중심설 등 다수의 설이 있으며, 대부분 콩의 기원지를 중국으로 추정하고 있으며, 그 근거로 옛 문헌, 출토유물 및 야생콩과 재배콩의 유전적 다양성을 들고 있다.

팥의 재배 기원지에 관하여 옛 문헌에 근거하여 중국 기원지설이 유력하나, 최근 분자유전학적 분석 결과에 따라 다기원설이 주장되기도 한다. 일본에서는 출토유물과 야생팥, 잡초팥 등의 유전적인 다양성에 의거하여 일본이 기원지일 것이라는 주장도 있다.

한편 한반도에는 콩의 야생형인 돌콩과 팥의 야생형인 새팥과 근연종인 애기새팥이 널리 자생하고 있으며, 재배종의 유전적 다양성이 매우 높은 편이며, 두류의 유전적 다양성도 높은 편이다.

따라서 지구의 최대 빙하 발달기 이후 중국 대륙과 한반도가 분리된 후(11000년 전) 한반도에서 독자적으로 한반도인의 선택과 순화에 의해 재배두류가 발달되었다고 추정되는 바, 한반도가 콩과 팥의 재배기원지 중의 하나라는 설을 뒷받침하고 있다.

앞으로 두류의 유물이 추가 발굴되고, 콩과 팥의 진화를 구명할 수 있는 DNA 분석에 의한 분자시계(molecular clock)를 구명하게 되면 한반도가 콩과 팥의 재배기원지로 널리 인정될 수 있을 것으로 판단된다.

**핵심주제어:** 출토유물, 유전적 다양성, 두류, 재배기원, 종자크기, 동위효소, 핵산지문분석, 한반도

## 1. 서언

콩과 팥은 한반도 어디에서나 널리 재배되고, 야생종인 돌콩, 새팥, 애기새팥 등이 널리 자생하고 있다. 또한 콩과 팥으로 만든 다양한 음식이 오래 전부터 존재하여 왔으며 지금도 널리 이용되고 있다.

한반도에서 콩과 팥 등 두류의 재배는 일반적으로 중국의 동북지방 또는 화북지방으로부터 콩이 도입되어 기원전 7세기 이후에 재배가 시작된 것으로 추정하여 왔다. 최근의 신석기시대 유적인 옥천 대천리, 진주 상촌리 등에서 콩 또는 콩과의 탄화곡물이 출토되었으나 출토된 곡물의 양이 적고 상태가 좋지 않아 종류 구분이 불확실한 면이 있어 고고학계에서는 부정적으로 보고 있다. 그러나 청동기시대의 유적인 회령 오동, 평양 남경과, 양평 양근리, 보령 평라리 등 다수 지역의 강 주변, 구릉지 및 해안지에서 무문토기와 함께 많은 탄화 두류가 출토되었다. 따라서 한반도에서 두류의 재배역사는 무문토기가 출현하여 조리가 가능하게 된 청동기시대(1500-300 BC) 초기로 거슬러 올라가게 되었다. 출토된 두류에는 콩, 야생콩, 반재배콩, 팥, 야생팥, 녹두 등이 있다. 그러나 출토된 두류에 대한 감정은 전문가가 거의 없어 외관상 감정에 주로 의존하여 일부의 경우 잘못 감정한 경우도 있다고 한다.

한반도에는 콩과 팥은 재배 이전부터 야생종이 자생하고 있다. 콩의 야생종인 돌콩은 1970년대에 콩 품종개량의 목적으로 남부지방에서 수집이 이루어졌으나, 형태적 특성, 동위효소 및 핵산(DNA)지문 분석에 의한 유전적 다양성 평가는 1990년대 이후에 주로 이루어졌으며, 팥의 야생종인 새팥과 근연종인 애기새팥에 대한 수집은 1990년대에 주로 이루어져 형태적 특성, 동위효소 및 핵산지문 분석에 의한 유전적 다양성 평가는 최근에 이루어졌다.

재배의 기원을 밝히는 데에 있어서 우리나라 자체에서의 선사시대에 대한 기록이 없으며, 선사시대 유적 발굴과 식물 자체에 대한 연구가 최근까지도 미흡하였다. 두류의 재배 기원에 관하여는 주로 미국, 중국, 일본의 학자에 의하여 콩과 팥의 야생종과 재배종을 이용하여 재배의 기원에 관한 연구가 이루어지다 보니 각국의 유전자원을 비교 분석할 때 한반도가 원산인 야생종과 재배종은 소수만 분석되어 한반도가 두류 재배의 기원지라는 것을 밝히는 데 미흡하였다.

최근에 이루어진 한반도 유적에 대한 새로운 발굴 성과와 콩 및 팥에 대한 유전적 다양성 분석 결과에 의하면 중국으로부터 콩과 팥이 도입되어 재배가 이루어졌다는 주장이 대세이기는 하나, 한반도 자체의 야생종과 재배종의 다양성이 높을 뿐만 아니라

일부 학자들은 다기원설도 주장하고 있어 한반도 자체에서도 야생종으로부터 콩과 팥이 순화되어 재배되었을 것으로 판단된다.

필자들은 최근에 이루어진 유적 발굴 성과와 발굴된 유물 중 탄화된 곡물의 크기가 보고된 자료를 현재의 재배종과 야생종의 종실 크기와 비교하고, 동위효소와 세포핵과 세포질의 핵산지문 분석에 의한 두류 재배의 기원을 구명하고자 한 최근의 연구를 종합하여 한반도에서의 두류 재배의 기원에 관하여 견해를 밝히고자 한다.

## 2. 한반도에서의 두류 출토지와 출토지의 지형

한반도에서 두류가 최초로 이용된 시기가 신석기시대라는 근거로 2개의 유적에서 두류가 출토되었다는 보고가 있다(표 1). 최초로 옥천 대천리 유적에서 탄화미, 보리, 밀, 조 등과 함께 콩류의 출토가 보고되었으나 그 후 두류가 아닌 것으로 확인되었다. 진주 상촌리 유적에서 콩과의 자엽도 1개가 출토되었다고 하였으나 추후에 연대 추정 결과 청동기시대 유물로 밝혀졌다. 따라서 한반도에서 신석기시대에 두류가 재배되었다는 근거는 현재까지는 없는 실정이다.

청동기시대의 유적에서 두류가 출토된 경우는 15개 유적이며, 콩, 팥, 녹두, 야생콩, 반재배콩, 야생팥, 동부 등 다양한 두류가 확인되었다(표 1). 한편 보령 평라리 유적에서 보고된 동부에 대해서 일부학자들이 이의를 제기하고 있는 실정이다. 출토된 유적은 주거지, 유물 산포지, 토기 가마와 밭 등에서 발견되었다. 조(2005)는 두류가 발견된 유적이 주로 생활유적에서 발견되어 이는 생산지로부터 이동된 것으로 수확 또는 채집의 가능성이 높으나, 진주 대평 유적과 같이 광범위한 밭 유구가 존재하는 유적의 출토자료는 현지의 재배 가능성이 높으며 이는 양 유적에서 공반된 식물자료가 벼와 조, 기장, 보리, 밀, 피 등 대표적인 전작물인 점이 그 추정을 뒷받침한다고 하였다. 이 시기의 유적이 많은 것은 발굴이 많이 이루어진 면도 있으나, 이 시기가 되면 한반도 거의 전 지역에서 두류의 재배가 본격적으로 이루어지고 있음을 반영한 것으로 보인다고 하였다(조, 2005).

초기철기시대의 유적에서 두류가 출토된 경우는 8개 유적이며, 경기, 강원, 광주, 제주 등의 주거지, 토탄층, 저습지, 패총, 석곽묘 등 다양한 장소에서 콩과 팥이 확인되었다(표 1). 조(2005)는 유적의 토양특성으로 보면 퇴적층에 위치한 가와지 유적의 자료는 외부로부터 유입 가능성이 높고, 화산회토지에 위치하여 밭농사에 호조건으로 되는 삼양동 유적에서 출토된 자료는 유적 인근에서 재배되었을 가능성이 많다고 하였다.

원삼국시대의 유적에서 두류가 출토된 경우는 10개 유적으로 전국 각지에서 고루 분포하였으며, 모두 주거지에서 출토되었고, 콩, 팥, 녹두, 동부, 야생콩 등이 확인되었다(표 1).

삼국시대의 유적에서 두류가 출토된 경우는 14개 유적이며, 전국 각지에 고루 분포 하였으며, 주거지, 산포지, 성책지, 패총, 수혈 등 다양한 장소에서 콩, 팥, 녹두, 야생 팥 등이 확인되었다(표 1).



Fig. 1. The sites of remains which carbonized grain legumes excavated in Korean peninsula. The name of remains and the species of excavated carbonized seeds are on the table 1.

Table 1. Legumes excavated from remains by periods in Korean peninsula.

No.	Name of remains	Species of carbonized seeds	Reference
<b>Neolithic Period</b>			
1	Daecheonri Okcheon, habitation site (BC 3500–3000)	L, 1 seed (?)	CG Han, 2002
2	Sangchonri Jinju, habitation site	L, 1 cotyledon (?)	Donga Univ., 1999
<b>Bronze Period (1500–300 BC)</b>			
3	Odong Hoeryeong, habitation site (Late BC 2000s)	S, A	YH Do, 1960
4	Namgyeong Pyeongyang, habitation site (End of BC 2000s to Early BC 1000s)	S	YG Kim & GJ Seok, 1984
5	Seoktanri Songrim, habitation site (BC 8–7c)	A	GR Lee, 1980
6	Pyodae Pyeongyang, habitation site	S	DI Kim et al, 2002
7	Yanggeunri Yangpyeong, scattered site	S, A mark (Mumuntogi)	BG Son & YJ Lee, 1974
8	Gungpyeongri Cheongwon, kiln site	S, A	TS Park, 1994
9	Pyeongrari Boryeong, habitation site	Soja, Vigna, C	TS Park et al., 1996
10	Baekseokdong Cheonan, habitation site	S, A	NS Lee et al., 1998
11	Dosamri Seocheon, habitation site	A	GA Lee & EJ Jo, 2005
12	Wolgiri Seocheon, habitation site	A?	GA Lee & EJ Jo, 2005
13	Wondong Pohang, habitation site	WA2, SWS, S	TS Park & YH Lee, 2003
14	Bonggyeri Hapcheon, habitation site	S mark (pottery)	BG Sim, 1989
15	Eoeun Jinju, habitation site and field	S, A	SG Lee & GA Lee, 1998
16	Okbang Jinju, field (1000–900 BC)	S, A	Donga Univ., 1999
17	Daundong Ulsan, habitation site (7C BC)	S, A	BI Ryu, 2000
<b>Early Iron Period (300–0 BC)</b>			
18	Gawaji Goyang, peat layer	L	YJ Lee et al., 1994
19	Sichangdong Gwangju, lowland	L	Natl. Gwangju Museum, 1997
20	Samyangdong Jeju, habitation site	S	CH Gang, 2001
21	Gangmundong Gangneung, habitation site	A	TS Park
22	Chodangdong Gangneung, habitation site	S	TS Park
23	Chodangdong Gangneung, shell midden	A	TS Park
24	Cheoncheonri Chuncheon, stone grave	A	TS Park
25	Wasuri Cheolwon, habitation site	A	TS Park
<b>Proto-three Kingdom Period (AD 0–300)</b>			
26	Juwolri Paju, habitation site	L (S, A)	TS Park, 1999
27	Dunnae Hoengseong, habitation site	S, S or A mark(pottery)	YH Won & BG Choi, 1984

28	Anin Myeongju, habitation site	S	HG Baek, 1992
29	Gapyeongri Yangyang, habitation site	S, A	TS Park, 1999
30	Suyanggaegae Danyang, habitation site	S, A, M	YJ Lee, 1996
31	Gajungri Buyeo, habitation site	A	TS Park
32	Gwanwonri Gunsan, habitation site	A	Wonkwang Univ., 2003
33	Songcheondong Jeonju, habitation site	WS	ES Ra, 2004
34	Misadong Hanam, habitation site	A	TS Park
35	Sonamri Sancheong, habitation site	S, A, M, C	Busan Women's Univ., 1997
	<b>Three Kingdom Period (AD 300-668)</b>		
36	Pungnaptoseong Seoul, habitation site	A	TS Park
37	Dongtan Hwaseong, habitation site	S, A, WA1	TS Park
38	Bangokri Buan, scattered site	S mark (pottery)	YR Jeon, 1975
39	Tosanri Buan, fortress palisade site	L mark (pressed mark pottery)	YR Jeon, 1975
40	Simpori Gimje, habitation site	A	BH Ryu & HS Choi, 1999
41	Singeum Haenam, habitation site	S, A	Honam Cultural Property Research Center, 2005
42	Yangjangri Muan, habitation site	S	YC Lee & HN Yun, 1998
43	Sangbangchon Jangheung, habitation site	S, A	SM An, 2005
44	Buwondong Gimhae, shell midden and habitation site	Testa of S and A	BG Sim, 1981
45	Jeopo Hapcheon, habitation site	A, M	EC Lee, 1987
46	Bongmyeongdong Cheongju, habitation site	S	TS Park
47	Wonbukri Nonsan, habitation site	WA1	Jungang Research Center of Cultural Heritage, 2001
48	Wanggungri Iksan, pit	L	Buyeo Natl. Research Inst. of Cultural Heritage, 2003
49	Jongdalri Jeju, shell midden	S	Shell heap, Jongdalri, 2000

\* L : Legume, S : soybean, WS : Wild soybean, SWS : Semi-wild soybean, A : Adzuki bean (*Vigna angularis*), WA1 : Wild adzuki bean 1 (*Vigna angularis* var. *nipponensis*), WA2 : Wild adzuki bean 2 (*Vigna nakashimae*), M : Mungbean (*Vigna radiata*), C : Cowpea (*Vigna unguiculata*).

출토지의 지형에 따른 두류 유물의 분포를 보면 표 2와 같다. 출토지의 지형은 시기에 관계없이 충적지, 퇴적층, 하천변, 댐 수몰지 등 하천유역과 구릉지가 대부분을 차지하며, 초기철기시대와 원삼국시대에는 해안에서 두류 유물이 많이 발견되었다.

Table 2. Classification of excavated legumes by topography.

Period	Topography				
	Alluvion and river drift	Riverside and submerged area	Hill area and low altitude mountain	Coastal area	Others (Lowland and valley)
Neolithic		Sangchonri Jinju	Daecheonri Okcheon		
Bronze (1500-300 BC)	Odong Hoeryeong, Namgyeong Pyeongyang, Yanggeunri Yangpyeong, Pyeongrari Boryeong, Eoeun Jinju	Pyodae Pyeongyang, Bonggyeri Hapcheon, Okbang Jinju	Baekseokdong Cheonan, Daundong Ulsan, Wondong Pohang, Dosamri Seocheon, Wolgiri Seocheon		Seoktanri Songrim
Early iron (300-0BC)	Gawaji Goyang		Samyangdong Jeju	Gangmundong Gangneung, Chodangdong Gangneung	Sinchangdong Gwangju
Proto-three Kingdoms (AD0-300)	Juwol Paju Dunnae Hoengseong Suyanggae Danyang Misadong Hanam	Sonamri Sancheong	Simpori Gimje, Songcheondong Jeonju	Aninri Myeongju, Gapyeongri Yangyang	
Three Kingdoms (AD300-668)		Sangbangchon Jangheung	Dongtan Hwaseong, Bangokri Buan, Tosanri Buan, Singeum Haenam, Buwondong Gimhae		Yangjangri Muan, Jeopo Hapcheon

### 3. 출토두류의 종류와 특징

한반도에서 출토된 탄화 콩과 야생콩의 종자 크기는 표 3과 같다. 탄화된 콩의 크기는 신석기시대에서 통일신라시대로 오면서 커졌다. 콩으로 확인한 유물 중 청동기시대에 출토된 청원 궁평리 유물은 평균으로 길이 4.0mm, 너비 3.4mm, 장폭비 1.18로 현 야생콩 유전자원의 평균인 길이 4.5mm, 너비 3.1mm(표 4)와, 윤 등(1999)이 보고한 국내 재래종 콩 중 가장 작은 것의 길이 3.8mm, 너비 3.4mm와도 비슷하나(표 5) 장폭비가 재래종 콩의 1.15에 더 가까운 편이다. 또한 삼국시대의 청주 봉명동 유적에서 출토된 소립콩은 길이 4.3mm, 너비 3.1mm, 장폭비 1.38로 야생콩에 가까운 것으로 보이며, 통일신라시대의 대구 칠곡 유적에서 출토된 소립콩은 길이 3.5mm, 너비 3.0mm로 크기는 야생콩에 가까우나 장폭비는 1.16로 재배콩과 비슷하여, 동 유적에서 출토된 야생콩으로 판정된 유물(길이 3.2mm, 너비 2.7mm, 장폭비 1.20)과 차이를 보이지 않았다. 한편 신석기시대의 옥천 대천리 유물은 콩류 1립은 크기 5.0mm, 두께 2.5mm로 야생콩의 크기와 비슷하나, 정식보고서에 포함되지 않아서 확인이 어려운 편이다.

최(2004)는 선사시대 재배콩의 크기는 기원전 1000년 무렵의 청원 궁평리 유적의 경우 크기에 있어 야생종과 큰 차이가 없으며, 시기적으로 이보다 늦은 옥방 유적에서

도 콩, 야생 돌콩 등 다양한 크기의 두류가 출현한 것을 보면 재배초기 단계의 콩은 크기가 다양했음을 알 수 있으며, 이 때문에 출토된 콩의 크기만으로 진화가 덜 된 품종이거나 야생종으로 판단하는 것은 곤란하다고 하였다.

Table 3. Seed size of carbonized soybeans and wild soybeans excavated from remains in Korean peninsula.

Period	Name of remains	Species*	No. of samples	Carbonized seed size (mm)			Seed length/seed width	
				Length	Width	Thickness		
Neolithic	Daecheonri Okcheon	L (?)	1	Mean	5.0	-	2.5	-
Bronze (1500-300 BC)	Gungpyeonri Cheongwon	S	2	Range	3.5-4.5	3.1-3.7	-	1.13-1.22
				Mean	4.0	3.4	-	1.18
	Pyeongrari Boryeong	SWS	13	Range	4.0-5.8	2.9-4.0	3.0-3.1	1.25-1.93
				Mean	5.0	3.3	-	1.53
	Baekseokdong Cheonan	S	2	Range	5.5-7.0	4.2	-	1.31-1.67
		WS	1	Mean	3.0	2.3	-	1.30
	Wondong Pohang	S	99	Range	5.3-9.1	3.9-6.8	3.4-6.0	1.07-1.61
				Mean	7.2	5.4	4.7	1.34
SWS		5	Range	4.2-5.3	3.3-4.1	3.1-3.7	1.24-1.32	
			Mean	4.8	3.7	3.4	1.29	
Early iron (300-0 BC)	Chodangdong Gangneung	S	107 g	Mean	8.2	5.8	4.8	1.42
Proto-Three kingdoms (AD 0-300)	Juwolri Paju	WS/SWS	100	Range	2.9-5.0	2.4-4.0	2.5-3.2	0.88-1.48
				Mean	4.1	3.3	2.9	1.24
	Gapyeongri Yangyang	S	13	Range	5.0-6.6	3.9-4.6	2.9-4.0	-
				Mean	5.7	4.2	3.4	1.36
Songcheondong Jeonju	WS	?	Mean	4.7	3.2	-	1.49	
Three kingdoms (AD 300-668)	Dongtan Hwaseong	S	1	Mean	7.1	4.3	3.9	1.66
	Sangbangchon Jangheung	S	1	Mean	6.2	5.1	4.3	1.22
	Bongmyeongdong Cheongju	S(SS)	8	Mean	4.3	3.1	-	1.38
		S(LS)		Mean	6.3	5.0	4.6	1.27
Unified Silla (AD 668-936)	Chilgok Daegu	S(SS)	7	Mean	3.5	3.0	-	1.16
		S(LS)	7	Mean	6.1	5.3	-	1.15
		WS	60	Mean	3.2	2.7	-	1.20

\* L : Legume, S : soybean, WS : Wild soybean, SWS : Semi-wild soybean, SS : Small seed, LS : Large seed.

Table 4. Variation of seed length, width, and thickness for 161 wild soybean accessions (Lee, 2006).

Seed length (mm)		Seed width (mm)		Seed thickness (mm)		Seed length/seed width	
Mean	Range	Mean	Range	Mean	Range	Mean	Range
4.46	2.15-5.76	3.14	1.32-3.96	2.59	1.06-3.18	1.43	1.23-2.10

Table 5. Variation of seed length, width, and thickness for Korean landrace pools with different seed coat color (Yoon et al., 1999).

Seed coat color	Seed length (mm)		Seed width (mm)		Seed thickness (mm)		Seed length /seed width
	Mean	Range	Mean	Range	Mean	Range	
Yellow	7.60	5.70-10.35	6.64	4.97-8.99	5.48	1.73-7.19	1.14
Green	7.89	5.77-10.63	6.97	5.17-8.90	5.63	4.50-7.18	1.13
Green mixed	6.63	3.82-10.41	5.85	3.37-8.49	4.90	2.51-6.83	1.13
Brown	8.71	6.16-10.76	7.59	4.76-9.51	5.93	2.95-7.77	1.15
Brown mixed	8.23	6.62- 9.08	7.13	6.25-7.74	5.80	5.47-6.24	1.15
Black	8.83	5.67-11.23	7.51	5.37-8.81	5.79	3.00-7.04	1.18
Pooled	7.98	3.82-11.23	6.95	3.37-9.51	5.59	1.73-7.77	1.15

한반도에서 출토된 탄화 *Vigna*속(동부속) 종자 크기는 표 6과 같다. 탄화된 팥의 크기는 시대에 따른 일정한 경향은 없었다. 팥으로 확인한 유물 중 청동기시대에 출토된 서천 도삼리 유물(길이 3.3mm, 너비 2.8mm, 장폭비 1.19), 삼국시대의 장흥 상방촌 유물(길이 2.9-4.0mm, 너비 2.0-3.0mm, 장폭비 1.16-2.00)은 야생팥(길이 4.4mm, 너비 3.4mm, 장폭비 1.30, 표 7)에 가까운 것으로 보인다.

이와 조(2005)는 도삼리 팥의 크기는 다운동 유적의 경우처럼 현생 재배 적두팥보다 작다. 그러나 주거지 바닥에서 검출된 점 특히 다운동 유적 주거지 바닥에서는 팥이 토양 1리터당 211립에 달할 만큼 다량으로 검출되었고, 현생 팥도 품종에 따라 그 크기의 변이가 큰 점으로 볼 때, 도삼리와 다운동의 팥은 야생종이라기보다는 소형 품종 또는 초기 재배종의 일종이라고 하였다.

Table 6. Seed size of carbonized *Vigna* excavated from remains in Korean peninsula.

Period	Name of remains	Species	No. of samples	Carbonized seed size (mm)			Seed length /seed width	
				Length	Width	Thickness		
Bronze (1500-300 BC)	Gungpyeongri	A	2	Range	5.0-5.1	3.4-3.8	-	1.34-1.47
	Cheongwon			Mean	5.1	3.6	-	1.41
	Pyeongrari Boryeong	A	1	Mean	4.0	3.0	3.2	1.33
				C	2	Range	5.3-6.7	3.3
		Mean	6.0			3.3	3.3	1.82
	Dosamri Seocheon	A	11	Range	2.6-4.2	1.8-3.5	-	1.06-1.50
Mean				3.3	2.8	-	1.19	
	Wondong Pohang	WA2	1	-	3.6	2.6	2.5	1.40
Early iron (300-0 BC)	Gangmundong	A	20	Range	3.9-5.3	2.7-3.7	2.0-3.7	1.20-1.68
				Mean	4.4	3.2	2.8	1.38
	Chodangdong	A	0.4 g	Mean	4.3	3.1	3.0	1.39
				Gangneung				
	Cheoncheonri	A	147	Range	3.3-6.3	3.1-3.8	-	-

	Chuncheon			Mean	4.4	3.6	-	1.25
	Wasuri Cheolwon	A	134	Range	3.3-6.0	2.6-4.3	3.0-4.5	-
				Mean	4.9	3.4	3.7	1.48
Proto-Three kingdoms (AD 0-300)	Gapyeongri Yangyang	A	13	Range	5.1-6.7	3.0-4.0	2.5-3.3	-
				Mean	5.9	3.5	3.0	1.67
	Gajungri Buyeo	A	-	Mean	4.8	3.3	2.9	1.44
				Mean	4.6	2.9	-	1.59
	Misadong Hanam	A	30	Range	4.1-6.0	2.9-4.5	2.7-3.8	1.25-1.81
				Mean	5.2	3.5	3.2	1.52
Three kingdoms (AD 300-668)	Dongtan Hwaseong	A (LS)	-	Mean	5.4	3.6	3.3	1.53
		A (SS)	-	Mean	4.6	3.3	2.7	1.41
		WA1	2	Range	3.6-4.1	3.0-3.1	2.6	1.16-1.35
				Mean	3.9	3.1	2.6	1.26
	Sangbangchon Jangheung	A	50	Range	2.7-4.1	2.1-3.2	-	-
				Mean	3.4	2.7	-	1.25
	Pungnaptoseong Seoul	A	-	Mean	5.7	3.8	-	1.50
	Wonbukri Nonsan	WA1	15	Range	3.0-4.2	2.4-2.9	2.6-3.1	1.26-1.70
Mean				3.8	2.6	2.8	1.46	
Unified Silla (AD 668-936)	Chilgok Daegu	A	381	Range	4.6-5.5	3.3-3.9	-	1.42-1.43
		A (LS)	262	Mean	5.5	3.9	-	1.43
		A (SS)	119	Mean	4.6	3.3	-	1.43
		M	63	Mean	4.3	3.3	-	1.31
Chosun (AD 1392-1910)	Busosanseong Buyeo	A	165	Range	3.6-5.6	2.8-4.4	3.0-4.4	-
		A (S1)	106	Mean	4.3	3.1	3.0	1.37
		A (S2)	59	Mean	5.0	3.7	3.6	1.35
		WA1	32	Mean	3.8	2.9	2.7	1.34
		M	57	Mean	4.5	3.4	3.3	1.32

\* A : Adzuki bean (*Vigna angularis*), WA1 : Wild adzuki bean 1 (*Vigna angularis* var. *nipponensis*), WA2 : Wild adzuki bean 2 (*Vigna nakashimae*), M : Mungbean (*Vigna radiata*), C : Cowpea (*Vigna unguiculata*), SS : Small seed, LS : Large seed, S1 : Sample 1, S2 : Sample 2.

Table 7. Variation of seed size of wild, weedy, and cultivated adzuki bean collected from Korea and Japan.

Species	Country	Seed length (mm)		Seed width (mm)		Seed thickness (mm)		Seed length /seed width	
		Mean	Range	Mean	Range	Mean	Range	Mean	Range
Wild	Korea <sup>1)</sup>	4.7	3.4-5.9	3.5	2.8-4.1	-	-	1.32	1.16-1.61
	Japan <sup>2)</sup>	4.1	3.7-4.6	3.2	2.8-3.7	2.8	2.4-3.3	1.28	-
	Pooled	4.4	3.4-5.9	3.4	2.8-4.1	-	-	1.30	-
Weedy	Japan	5.0	4.3-5.8	3.9	3.2-4.6	3.5	2.8-4.3	1.28	-
Cultivated	Korea	7.2	5.5-8.6	5.6	4.9-6.1	-	-	1.29	1.14-1.58
	Japan	6.8	5.2-8.4	4.9	3.5-6.2	4.4	3.0-5.8	1.39	-
	Pooled	7.0	5.2-8.6	5.3	3.5-6.2	-	-	1.34	-

1) Data from Kim et al., 1998

2) Data from Tomooka et al., 2002 and means were calculated from minimum and maximum.

#### 4. 한반도 두류의 유전적 다양성

Hymowitz and Kaizuma(1981)는 아시아 15개 국가 및 지역에서 얻어진 1,603 품종에 대한 2개의 단백질 대립인자(alleles)를 분석하였다(표 8).  $Ti^a$ ,  $Ti^b$ ,  $Ti^c$ 로 표시되는 Kunitz trypsin inhibitor(쿠니츠트립신억제인자) 또는 SBTI-A<sub>2</sub>의 3개 대립인자들은 전기영동적으로 용질이동율(retention factor value, Rf가)이 0.79, 0.75, 0.83으로 달라서 서로 구분된다.  $Sp_1$  종자단백질 또는  $\beta$ -amylase는  $Sp_1^a$ 와  $Sp_1^b$ 로 표시되는 2개의 대립인자들이 있는데, 전기영동적으로 용질이동율이 0.36과 0.42로 달라 서로 구분된다. 콩 품종의 94%는  $Ti^a$  대립인자를 보유하고, 한국의 2품종 PI157440(금두)과 PI196168(백태)은 SBTI-A<sub>2</sub> 단백질을 보유하지 않았으며(ti), 2품종(파키스탄 1, 한국 1)은  $Ti^c$ 를 보유하고 있다.

Table 8. Distribution of alleles of the Ti and  $Sp_1$  loci in soybean accessions from 15 Asian countries or regions (Hymowitz and Kaizuma, 1981).

Country or region	No. of introductions tested	Plant introductions in each category				% $Ti^b$	Plant introductions in each category		% $Sp_1^a$
		$Ti^a$	$Ti^b$	$Ti^c$	ti		$Sp_1^a$	$Sp_1^b$	
Korea	417	366	48	1	2	11.5	83	334	19.9
USSR	16	16	0	0	0	0	2	14	12.5
Northeast China	661	656	5	0	0	0.8	66	595	10.0
Central and south China	142	138	4	0	0	2.8	12	130	8.4
Taiwan	18	17	1	0	0	5.6	0	18	0.0
Philippines	20	20	0	0	0	0	1	19	5.0
Vietnam	5	5	0	0	0	0	0	5	0.0
Thailand	34	34	0	0	0	0	0	34	0.0
Malaysia	13	13	0	0	0	0	0	13	0.0
Indonesia	33	32	1	0	0	3.0	0	33	0.0
Burma	2	2	0	0	0	0	0	2	0.0
Nepal	14	14	0	0	0	0	5	9	35.7
India	219	184	35	0	0	0	52	167	23.7
Pakistan	4	3	0	1	0	0	0	4	0.0
Afghanistan	5	5	0	0	0	0	0	5	0.0

권 등(1990)은 polyacrylamide gel electrophoresis를 이용하여 콩은 한국 재래종 1,706점, 외국 재래종 167점, 야생종은 한국 103점, 외국 71점에 대한 trypsin inhibitor의 변이를 분석한 결과 trypsin inhibitor를 함유하지 않은 ti/ti형과  $Ti^c/c$ 형은 한국 재래종에서만 발견되었으며,  $Ti^c$ 형을 Hymowitz도 일본 콩 품종에서 보고한 바 있으나 그도 이 계통은 한국 도래종일 가능성이 크다고 보고한 바 있다. 한국 기원 콩에서 trypsin inhibitor에 관한 이형접합형의 출현빈도가 외국 기원 콩에서 보다 비교적 높았으며, 재래종에서 3.6%(N=61)와 야생종에서 9.7%(N=10)이었으며, 종합적으

로 보아 중국, 일본 등의 콩에 비해 한국 기원의 콩이 가장 큰 변이를 나타내고 있음을 확인하였다.

Table 9. Soybean trypsin inhibitor phenotypes of Korean native soybean cultivar and wild soybeans (Kwon et al., 1990).

Cultivar	N	Ti a/a	Ti b/b	Ti c/c	Ti a/b	Ti b/c	Ti c/a	ti
Landraces	1,706	1,399 (82.0%)	226 (13.2%)	16 (1.0%)	34 (2.0%)	11 (0.6%)	16 (1.0%)	4 (0.2%)
Wilds	103	90 (87.4%)	3 (2.9%)	0	6 (5.8%)	0	4 (3.9%)	0

박과 권(1993)은 2,415계통의 한국 재래종 콩과 한국 야생종 144계통을 포함한 중국, 일본, 러시아 및 대만의 야생종 등 228계통에 대한  $\beta$ -amylase 변이를 분석한 결과 3가지 유전자형 Amy3 1-1, Amy3 2-1, Amy3 2-2가 검출되었으며,  $\beta$ -amylase가 없는 Amy3 N은 재배종과 야생종에서 발견되지 않았다(표 10, 표 11). 한국 재래종 콩 종자의  $\beta$ -amylase 분포는 Amy3 1-1이 76.7%로 Amy3 2-2형의 20.0%보다 많았으며, 이형접합체인 Amy3 2-1은 3.3%가 발견되었다. Amy3 2-2의 분포는 나라에 따라 큰 차이가 나서 한국 재래종에서 19.9-20.0%, 중국 재배종 4.6-9.7%, 일본 재배종 5.5%, 인도 재래종 23.7%로 한국은 인도와 비슷하게 빈도가 높았다. 한국 야생종의 Amy3 2-2 분포는 32.7%로 재래종의 20.0%보다 높았고, 이는 중국, 일본 등에서도 같은 결과로 재래종은 Amy3 1-1이 높았으며, 야생종에서는 Amy3 1-1과 Amy3 2-2는 비슷한 비율로 나타났다. 이형접합체인 Amy3 2-1은 9.0%로 재래종보다 야생종에서 높았다. 이는 자연교잡율이 재래종보다 야생종에서 높기 때문이라고 하였다.

Table 10. Distribution of  $\beta$ -amylase of Asian soybean cultivars (Park and Kwon, 1993).

Country	N	Amy3 1-1	Amy3 2-2	Amy3 2-1	Amy3 <sup>an</sup>	Amy3 N	References
Korea	2,415	1,951 (76.7%)	484 (20.0%)	80 (3.3%)			Park and Kwon, 1993
	417	334 (80.1%)	83 (19.9%)				Hymowitz et al., 1979
India	219	167 (76.3%)	52 (23.7%)				"
China	2,277	2,147 (94.3%)	104 (4.6%)		13 (0.6%)	13 (0.6%)	Shuwen et al., 1991
South	744	707 (95.0%)	37 (5.0%)				
Central	814	754	47		8	5	

		(92.6%)	(5.8%)		(1.0%)	(0.6%)	
North	719	688 (95.4%)	20 (2.8%)		5 (0.7%)	8 (1.1%)	
China	803	725 (90.3%)	78 (9.7%)				Hymowitz et al., 1979
Japan	477	451 (94.5%)	26 (5.5%)				"

Table 11.  $\beta$ -amylase phenotype and gene frequencies in Asian origin wild soybean (Park and Kwon, 1993).

Country	N	Amy3 1-1	Amy3 2-2	Amy3 2-1	Heterozygosity (%)	gene frequencies
China	38	31 (86.6%)	5 (13.1%)	2 (5.3%)	5.3	Amy3*1=0.8421±0.0481 Amy3*2=0.1579±0.0481
Korea	144	84 (58.3%)	47 (32.7%)	13 (9.0%)	9.0	Amy3*1=0.6285±0.0285 Amy3*2=0.3175±0.0285
Japan	30	11 (36.7%)	16 (53.3%)	3 (10.0%)	10.0	Amy3*1=0.4716±0.0636 Amy3*2=0.5833±0.0636
USSR	14	14 (100.0%)				
Taiwan	2	2 (100.0%)				
Total	228	142	68	18		

윤 등(2000)은 한국, 중국, 일본 재래종 콩의 isoelectric focusing (IEF)에 의한  $\beta$ -amylase 동위효소의 변이와 지리적 분포를 조사한 결과 Hymowitz & Kaizuma (1981)는 한국 남부 콩은 일본의 큐슈에 가장 가까워  $Ti^b$ 와  $Sp1^a$ 의 빈도가 높다고 하였는데, 한국 콩 집단의  $Ti^b$ 와  $Sp1^a$  대립인자의 축적은  $Ti^bTi^bSp1^aSp1^a$ 유전자형을 가지는 일본 현대품종의 도입에 의한 가능성이 가장 클 것이라고 하였으나, 이 연구에서는 한국 남부 수집종과 일본 큐슈 수집종 간의 관계를 밝힐 수 없었다(표 12, 표 13).

Table 12. Distribution of  $\beta$ -amylase isozyme variations of Korean, Chinese, and Japanese soybean germplasm by isoelectric focusing in pH 4~6.5 gel (Yoon et al., 2000).

Country (n)/Locality (n)	Low pI type ( $Sp1^b$ )	High pI type ( $Sp1^a$ )
Korea (771)	70.7%	29.3%
Kyunggi (78)	84.6	15.4
Kangwon (47)	76.5	23.4
Chungchong (43)	69.8	30.2
Chulla (249)	73.4	26.5
Kyungsang (354)	64.9	35.0
China (237)	89.9	10.1
Northeast (195)	93.8	6.2
Central (28)	67.9	32.1

South (5)	80.0	20.0
Others (9)	77.8	22.2
Japan (144)	93.1	6.9
Hokkaido (72)	95.9	1.4
Honshu (60)	90.0	10.0
Kyushu (2)	100.0	0.0
Others (10)	90.0	10.0

Table 13. Distribution of low pI types of amylase isozyme of Korean, Chinese, and Japanese soybean germplasm by isoelectric focusing in gel of pH 4~6.5 (Yoon et al., 2000)

Country (n)/Locality (n)	Low pI type			
	A	E	F	G
Korea (545)	85.0%	13.6%	2.7%	1.3%
Kyunggi (66)	100.0	0.0	0.0	0.0
Kangwon (36)	86.1	13.9	0.0	0.0
Chungchong (30)	90.0	6.7	0.0	3.3
Chulla (183)	78.2	16.3	4.9	0.5
Kyungsang (230)	85.4	12.2	1.2	2.2
China (213)	86.7	10.9	0.5	1.9
Northeast (183)	89.6	8.2	0.6	1.7
Central (19)	63.2	31.5	0.0	5.3
South (4)	100.0	0.0	0.0	0.0
Others (7)	71.5	28.5	0.0	0.0
Japan (134)	81.3	16.4	0.7	1.5
Hokkaido (69)	82.6	16.0	0.0	1.4
Honshu (54)	77.8	18.5	1.9	1.9
Kyushu (2)	100.0	0.0	0.0	0.0
Others (9)	88.9	11.1	0.0	0.0

Griffin and Palmer(1995)는 USDA 콩 유전자원 수집종에서 1005점의 재배콩과 258점의 야생콩에 대한 13종의 동위효소 좌위에서 유전자형을 조사하였다. 북미에서 공공기관 개발 콩 품종은 동북아시아 재배콩 수집종과 같은 군락에 속하였고, 인도와 남-중앙아시아 수집종그룹은 야생콩 수집종과 가장 밀접하게 관계가 있었고, 원시적인 농경적인 유형을 포함할 것으로 추정되었다. 그들은 동남아시아의 재배콩 수집종은 *Aco3-b*, *Dial-a*, *Enp-a* 대립인자의 빈도가 높았기 때문에 다른 지역의 재배콩과 다르다는 것을 발견하였다. 또한 늦은 성숙군의 수집종은 빠른 성숙군의 수집종으로부터 별개의 집단을 대표한다고 제안하였다. 또한 재배콩 그룹 간의 거리는 일반적으로 재배콩과 야생콩 그룹간보다는 작았다. 도입종으로부터 선발에 의하여 개발된 재배콩 품종은 중국, 일본, 한국과 만주·시베리아 지역의 수집종에 가장 가까웠다. Unrooted phylogenetic trees가 작성되었는데, 야생콩 그룹은 하나의 군락을 형성하였고 재배콩 수집종과 구별되었다. 만주·시베리아 유전자 중심의 재배콩 수집종 그룹과 중국 유전자

중심은 밀접하게 관련이 있었고, 일본과 한국 유전자 중심의 그룹도 마찬가지로였다. 인도와 남-중아시아 수집종그룹은 야생콩 수집종과 가장 밀접하게 관계가 있었다. 동남아시아의 유전자 중심의 재배콩 수집종은 독특하였고, 다른 그룹과 구별되었다.

Table 14. Nei's genetic distances between groups of soybean (*G. max*) and wild soybean (*G. soja*) accessions (Griffin and Palmer, 1995).

Species and origin	<i>G. max</i> accessions								<i>G. soja</i> accessions			
	Cultivars (H)	Origin*							Origin*			
		China	IndSCA	Japan	Korea	ManSib	SEAsia	Europe	China	Japan	Korea	ManSib
<i>G. max</i> cultivars (P)	0.020	0.009	0.042	0.012	0.016	0.010	0.054	0.019	0.115	0.105	0.137	0.099
<i>G. max</i> cultivars (H)	-	0.033	0.055	0.032	0.041	0.037	0.073	0.050	0.133	0.109	0.156	0.121
<i>G. max</i> China	-	-	0.033	0.028	0.031	0.007	0.054	0.015	0.133	0.124	0.152	0.110
<i>G. max</i> IndSCA	-	-	-	0.054	0.061	0.057	0.049	0.045	0.155	0.148	0.151	0.156
<i>G. max</i> Japan	-	-	-	-	0.011	0.035	0.046	0.031	0.144	0.122	0.157	0.131
<i>G. max</i> Korea	-	-	-	-	-	0.029	0.064	0.034	0.156	0.136	0.170	0.143
<i>G. max</i> ManSib	-	-	-	-	-	-	0.086	0.022	0.111	0.104	0.137	0.087
<i>G. max</i> SEAsia	-	-	-	-	-	-	-	0.080	0.270	0.219	0.243	0.261
<i>G. max</i> Europe	-	-	-	-	-	-	-	-	0.142	0.161	0.177	0.134
<i>G. soja</i> China	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.036	0.026	0.019
<i>G. soja</i> Japan	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.030	0.040
<i>G. soja</i> Korea	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.044

\* P= North American cultivars developed by selection from plant introduction; H = North American cultivars developed by hybridization breeding; IndSCA = India-South Central Asia; ManSib = Manchuria-Siberia; SEAS = Southeast Asia.

윤 등(1998)은 총 61점의 한국, 중국 및 일본 재래종 콩 집단을 대상의 5개의 SSR primer로 분석한 결과 전체 대립인자수는 54개로 나타났으며, 집단별 대립인자수는 한국 39개, 중국 35개, 일본이 33개로 한국이 가장 많은 대립인자수를 나타내었다. 이는 우리나라의 재래종 콩이 다른 기원지의 국가들에 비해 매우 다양한 용도로 분화되어 다양한 gene pool을 구성하고 있음을 추정하였다. 또한 microsatellite에 의한 다양성 정도를 Nei의 방법에 의하여 계산한 결과 평균 다양성은 0.786으로 비교적 높은 다양성을 나타내었으며, 집단별 평균 다양성은 한국 재래종 집단이 0.809로 가장 높은 다양성을 나타내었으며, 중국 및 일본 재래종 집단이 0.789와 0.761로 나타났다. 5개의 primer를 이용하여 나타난 54개의 복수 대립인자를 NTSYS를 통하여 지역간의 유전적 유연관계를 분석한 결과 한국의 재래종 집단은 다른 두 집단과는 다른 독립적인 군을 형성하였으며, 중국과 일본 재래종 집단 간에는 약한 유연관계를 나타냈다.

Yu and Kiang(1993)은 남한의 야생콩 6개 집단을 17개 동위효소와 1개 단백질에 대한 35개 좌위를 조사한 결과 보고된 94개의 대립인자 중 72개가 존재하였다. 총 집단에서 좌위당 평균대립인자수가 2.1개, 99% 다양성은 77.1%, 예상 heterozygosity는 0.215였다. 이 변이는 다른 지역의 콩과 야생콩 857점에서의 변이보다 높았다. 그

들은 이 높은 변이에 근거하여 남한의 야생콩이 재배콩과 마찬가지로 남한이 주요 콩 유전자중심의 하나임을 제안하였다.

Table 15. Number of alleles at each simple sequence repeat (SSR) locus in Korean, Chinese, and Japanese soybean germplasm (Yoon et al., 1998).

Locus	Group of soybean landraces			Total number of alleles
	Korea	China	Japan	
SAT1	9	9	8	12
SAT43	7	8	7	13
SATT1	8	4	5	10
SATT2	8	7	6	11
SATT5	7	7	7	8
Total number of alleles	39	35	33	54
Total number of individuals	23	19	19	61

Table 16. Comparison of simple sequence repeat (SSR) diversity levels by Nei's method in soybean landraces originated from Korea, China, and Japan (Yoon et al., 1998).

Locus	Group of soybean landraces			Average
	Korea	China	Japan	
SAT1	0.843	0.853	0.840	0.842
SAT43	0.775	0.831	0.831	0.812
SATT1	0.836	0.678	0.580	0.698
SATT2	0.775	0.781	0.731	0.762
SATT5	0.819	0.803	0.825	0.816
Average	0.809	0.789	0.761	0.786

일반적으로 Eukaryotic(유핵세포) DNA에서는 두개의 대립인자가 쌍을 이루며 존재하는데, 이 쌍을 이루는 각각의 대립인자 상에서 1차원적으로 배열하고 있는 특정한 type을 haplotype이라고 한다. Haplotype은 동종의 생명체가 공유하는 태고의 조상으로부터 그 다음 세대로 유전정보가 교환될 때 블록 단위로 다량의 염기서열이 파괴되지 않고 그대로 전해져 내려오는 것으로 알려져 있다.

Xu 등(2002)은 아시아의 여러 나라에서 수집된 326점의 야생과 재배 콩 유전자원의 엽록소 DNA의 SSR(simple sequence repeat) 즉, cpSSR의 변이를 조사하였는데, 야생콩에서는 모든 변이체가 발견되었으나 재배콩에서는 14가지만 존재하였다. Haplotype은 야생콩에는 52개가 존재하였으나 재배콩에는 8개만 존재하였고, 재배콩의 75%는 haplotype no. 49를 보유하고 있으나 야생콩은 일본 남부의 6점과 중국 남부의 1점 등 7점만이 보유하고, 재배콩에 존재하는 나머지 7 haplotype 유형은 지역적으로 분포하였는데, 3 유형(no. 21, no. 26과 no. 48)은 드물었고, 동일한 각각의

haplotype은 야생콩의 분포와 중첩되었는데 그 결과에 의거하여 다른 cpDNA를 가지는 재배콩은 다른 야생의 genepool로부터 또는 재배콩과 야생콩 간의 잡종집단으로부터 다른 지역에서 독립적으로 기원하였다고 하였다.

王 등(2002)은 야생팥 58점과 재배팥 249점에 대한 4종의 동위효소를 분석한 결과 야생종이 재배종에 비하여, 중국지방종이 일본지방종에 비하여 동위효소의 분포빈도가 높았으나, 동위효소의 다양성은 지리구역과의 차이와의 뚜렷한 상관은 없다고 하였다.

Tomooka 등(2001)과 Xu 등(2000a, 2000b)은 일본에서 잡초형 및 야생형과 잡초형이 같은 장소에 분포하는 집단은 킨키(近畿), 호꾸리꾸(北陸), 산인(山陰)지방에서 많이 발견되고, DNA 수준에서의 집단내-집단간변이 또한 크다는 점에서, 이 지역이 야생-잡초팥의 다양성중심이라고 하였으며, 종자단백질에서 본 재배팥의 다양성도 킨키(近畿)에서 쭈고꾸(中国)지방에 걸친 지역에서 컸고, 생화학적 특성에 관한 다양성은 일반적으로 야생종이 재배종보다 크데, 일본 팥에서도 RAPD 및 AFLP 분석에 의해서 확인되었다고 하였다.

Yee 등(1999)은 RAPD 및 AFLP 다형분석을 통해서, 일본의 팥과 중국의 팥 간에 유전적 분화가 있다고 하였다. 또한, 松本은 리보솜 DNA의 ITS영역에 관한 SSCP 분석을 하였고, Isemura 등 (2001)은 종자단백질 분석을 함으로서 동아시아의 팥과 부탄과 네팔의 팥이 상이한 유전적 특성을 가지고 있음을 구명하였고, 양자가 독립적인 재배화의 역사를 가졌다고 주장하였다. 또한 RAPD 및 AFLP 다형분석의 결과 일본의 팥과 네팔·부탄의 팥 간에 유전적 분화가 크게 나타남을 확인하였다(友岡 등, 2001; Zong 등, 2003a).

## 5. 재배두류의 기원

콩의 기원, 진화 및 전파에 관하여 여러 가지 논법이 있다. 주요 근거로는 야생콩(*G. soja*), 반야생콩(*G. gracilis*)과 재배콩(*G. max*) 분포현상, 야생콩에서 재배콩으로의 형태변화, 교잡 가능성 및 그 후대의 분리 상황, 고고 및 역사문헌기록과 콩의 단일감응성 등의 변화에 관하여 연구가 이루어져 왔다. 분자 집단유전의 발전은 이 문제에 대한 연구를 진일보시켰으며, 생물체 생산의 단백질을 사용하여 전기영동분석 방법으로 돌연변이 동위효소를 검정하고, 그 효소의 비율 변화를 추정하고, 집단유전구조의 지속적인 변화과정에 대한 측정은 주요한 연구방법이다.

재배콩의 기원에 관하여 1) 중국동북설, 2) 중국화북설, 3) 중국북방설, 4) 장강이남설, 5) 다기원중심설 등이 있다. 일본학자인 Fukuta(福田)는 유전자 이론에 근거하여 콩 품종이 풍부하고, 야생콩과 재배콩의 중간형(*Glycine gracilis*)인 반야생콩이 널리 존재하며, 콩의 변이형이 매우 많이 존재한다는 점을 들어 원산지를 중국동부지구 즉 만주라고 하였다. 그러나 유전자중심설은 그 후 중간형 콩의 경우 형질의 변이가 많기



중국 출토 콩 유물에 관하여 郭(1996)은 동북지구에서는 1950년대 말-1960년대 초에 흑룡강성 寧安縣 大牧丹屯과 牛場의 2개 원시사회 유적에서 콩이 발굴되었으며, 길림성에서는 永吉縣 烏拉街에서 3천년 전 전후의 콩이 발굴되었고, 1980년대에는 길림성 永吉縣 大海猛 유적에서 탄화콩이 발굴되었는데 유적은 西團山文化에 속하며, C<sup>14</sup> 측정연대는 2590±70년 전으로 교정연대는 2655±120년에 속하여 중원지구 춘추시대의 콩 유적에 상당하였으며, 그 탄화콩은 농업생산도구인 石斧, 石鏟, 石鋤, 石磨盤, 石磨棒, 돼지 뼈, 陶猪 등과 같이 출토되어 재배콩에 속하였으며, 이 콩의 백립중은 10g 내외로 비교적 진화 정도가 낮은 秣食豆類型에 속한다고 하였다(李, 1994). 조지군(2005)은 서요하 상류지역인 내몽고 적봉시 興陵溝 유적의 제3지점에서 하가점 하층 문화(4000-3500BP)의 취락이 조사되었는데 14,000여개의 탄화종자가 확인되었는데, 기장, 조, 콩 등의 종자가 종자 총수의 99%를 차지하였다. 화북지구에서는 1959년 山西省 候馬市 牛村 古城 南東 周 유적에서 저장양식의 고혈 중에서 탄화콩이 출토되었는데 탄소연대 측정 결과 2300년 전 유물로 종피색은 황색이며 100립중은 20g으로 현재의 콩과 상당히 비슷하였다. 장강이남지구에서는 1970-1980년대에 호남, 호북, 귀주 등지에서 漢대의 콩 유물이 모두 출토되었다. 호남성박물관과 중국과학원 고고연구소는 1970년대 長沙 馬王堆 1호와 3호 한(漢)묘에서 함 내의 수장품으로 2100년 전 콩 유물이 출토되었는데, 함 내의 콩은 흑색, 타원형으로 이미 탄화되었고, 외형적으로 보면 백립중은 4g 내외였으며, 그 밖에 하나의 함 위에 “黃券”의 2자가 써져 있었다. 1975년 발표된 湖北 江陵 鳳凰山 168호 한묘 중에 출토된 콩은 타원형 또는 신장형으로 길이 8-9mm, 폭 5mm, 흑색종피로 2100년 전 유물이었다. 1984년 貴州 赫章 可樂의 西南夷墓(153호묘)에서 銅鼓 중에서 벼와 콩 등 식물의 유물이 발견되었다.

Table 18. The earliest archaeological remains and literature records of soybean in China (Zhao and Gai, 2004)

Area	Earliest remain		Earliest literature		Earliest civilization	
	Site	Time	Name of book	Time	Site	Time
Northeast China	Ning'an county, Heilongjiang and Yongji county, Jilin	About 3000 years ago	《Yi Zhou Shu》, 《Guan Zi》 recorded 'Rongshu'	About 3000 years ago	Hongshan excavation, Yangshao excavation	About 8000 years ago
Huang-Huai-Hai valleys	Houma city, Shanxi	About 2300 years ago	《Shi Jing》 recorded "Houjie planted soybean"	About 4000 years ago	Dawenkou excavation, Yangshao excavation, Longshan excavation	About 10000 years ago
	G. soja relic	About 6000	《Zhou Li》			

	Wuyang city, Henan	years ago	recorded the distribution of soybean			
Southern China	Changsha, Hunan	About 2200 years ago	《Chu Ci》, 《Yue Jue Shu》 recorded 'Wugu' & soy production	About 2200 years ago	Hemudu excavation, Qujialing excavation, Majiabin excavation	About 10000 years ago
	Jiangling city, Hubei					

Table 19. Distribution of cpSSR haplotypes of cultivated soybean in different regions of Asia (Xu et al., 2002).

Region	No. of accessions tested	cpDNA types/cpSSR haplotype							
		Type III						Type I and Type II	
		no.20	no.21	no.25	no.26	no.29	no.34	no.48	no.49
Northern Japan	21						4		17
Southern Japan	20	6							14
Korean peninsula	19	2		4			1		12
Northeast China and far-eastern Russia	19			7					12
Huang-Huai-Hai River Valley of China	21			5					16
Changjiang River Valley of China	32			1		6			25
Southern China	23			2	1	1		1	18
Southeast Asia <sup>a)</sup>	15					1			14
South and Central Asia <sup>b)</sup>	13	1	1	2					9
Total	183	9	1	21	1	8	5	1	137

a) Vietnam, Indonesia, Thailand, and Myanmar

b) India, Bhutan, Nepal, Pakistan, and Kirgыз

팥의 기원지는 분명하지 않으나 그 재배지역이 중국, 한국, 일본 등에 한정되어 온 점으로 미루어서 원산지가 동양이라는 견해가 일치하며, 그 중에서도 중국은 後魏때의 『齊民要術』에 팥에 관한 기록이 있는 바와 같이 재배역사가 오래되어 만주를 포함한 중국을 원산지로 보는 견해가 유력하다고 하였다.(조, 1997). 일본 학자들 중에서도 Narikawa(1972)와 Hoshikawa(1985)는 팥의 기원지를 중국이라고 보고하였으며, Fujita(1974)는 동남아시아에서 중국을 거쳐 한반도를 통하여 일본에 전래되었거나 또는 동남아시아에서 대만을 거쳐 일본에 전래되었다고 하였다.

海妻 등(2003)은 중국에서는 2500-3000년 전에 씌어진 神農書 및 2300년 전에 씌어진 黃帝內經素問에 팥의 재배품종에 관한 기록이 있고, 서기 533-544년에 씌어진

齊民要術에는 팔의 재배가 2000-2500년 전에 중국에서 시작되었다고 기록되어 있으며, 호남성 동정호 남부의 長沙 부근에서 발견된 漢나라 시대의 유적에서 서기 22년경으로 추정되는 탄화종자가 출토되었고 이 종자의 평균 크기는 5.5mm x 3.7mm로서 재배화에 의한 대형화가 진행되었던 종자가 확실하다고 하였다. 또한 일본에서는 조몽시대(繩文時代) 후기(4000-5000년전)의 유적에서 탄화된 팔의 종자가 출토되었고, 조몽시대의 만기·우에노하라 유적(쿠마모토현)의 탄화종자는 야생팔으로 동정되어 있으며, 시즈오카현의 토로(登呂)유적(기원전 100년-서기 100년)에서도 팔의 종자가 발견되었고, 문헌상에는 古事記(712년) 및 日本書紀(720년)에는 오곡의 한가지로 기록되어 있으며, 북해도에서는 9세기의 아이누족의 유적에서 팔의 종자가 출토된 바 있다고 하였다. 또한 지금까지는 일본의 팔이 중국에서 3-8세기에 전파되었다고 하는 설이 일반적으로 받아들여져 왔으나. 이러한 설은 일본의 3세기경 작물을 알 수 있는 자료인 魏志東夷傳의 倭人傳에는 팔이 일본(倭)의 생산물로서 기록되어 있지 않지만, 8세기의 일본서기 및 고사기의 작물기원신화에 팔에 관한 내용이 등장한다는 사실에 근거한다고 하였다.

우리나라에는 재배팔의 선조종인 야생팔(*Vigna angularis* var. *nipponensis* (Ohwi) Ohwi & Ohashi: 새팔)과 *Vigna nakashimae* (Ohwi) Ohwi & Ohashi(애기새팔)가 전국적으로 분포하고 있다(윤 등, 2002). 야생팔은 한국, 일본, 중국, 네팔, 미얀마 북부 및 대만에 분포되어 있으며(Smartt, 1985; Yamaguchi, 1989 & 1992), 식용으로 이용되지 않는다.

팔의 선조는 아직 정확히 밝혀지지 않으나 야생팔로부터 순화되었거나 예팔로부터 진화되었을 것이라는 2가지 설이 있다(Lumpkin and McClay, 1994). Ohashi and Takahashi(1981)는 야생팔이 팔과 화분형태가 유사하기 때문에 팔의 선조라고 하였다. 한편 일본에는 야생팔 이외에 야생팔과 재배팔의 중간적 생육특성을 나타내는 잡초팔이 넓게 분포되어 있다고 하였다(Yamaguchi, 1989, 1992; Tomooka 등, 2001). Lawn(1979)은 예팔이 재배팔과 형태적, 생화학적으로 유사할 뿐만 아니라, 예팔과 재배팔 간에 종간잡종이 가능하여 팔의 선조라고 하였고, Baudoin & Marechal(1987)은 예팔의 야생형으로 *Vigna umbellata* var. *gracillis* (Prain) M. M. & S가 동남아시아 뿐만 아니라 인도차이나반도를 중심으로 분포된다고 하였다. 山口(1993)는 한국에는 잡초팔의 분포는 많으나 야생팔은 적고, 한국의 잡초팔은 재배팔에서 유래된 것으로 판단되므로 한반도 및 중국북부를 팔의 기원지라는 설에 부정적인 견해를 보였으며, 중국 강남지방에는 야생팔이나 잡초팔의 분포를 확인할 수 없었고, 강남지방의 잡초팔은 예팔(*Vigna. umbellata*)의 잡초형이었다는 점 등에서, 팔의 재배기원지가 중국이라는 근거를 발견할 수 없다고 하였다. 또한 山口 등(1999)은 중국의 운남성, 광서성, 광둥성, 강서성, 사천성 등의 서남부에는 야생팔의 분포가 희귀하다고 하였다. 그러나 앞

에서 기술한 바와 같이 윤 등(2002)은 우리나라에는 재배팠의 선조종인 야생팠과 애기새팠이 전국적으로 분포하고 있다고 하였으므로 山口(1993)의 주장은 설득력이 낮다.

Zong 등(2003a)은 부탄, 중국, 인도, 일본, 한국, 네팔 등의 팠 재배종 123점, 야생 및 잡초성 23점을 AFLP primer 12종을 사용하여 분석한 결과 팠 유전자원을 지리적 원산지로 볼 때 1) 히말라야 야생종, 2) 네팔·부탄 재배종, 3)중국 야생종, 4) 대만 야생종과 부탄 재배종, 5) 동북아 수집종 등 5개 그룹으로 분류할 수 있었고, 동북아시아 수집종들은 다시 1) 일본 복합체와 한국 재배종, 2) 일본 재배종, 3) 중국 재배종으로 분류되었다. 그러나 한국 야생종에 대한 조사가 없었다.

Zong 등(2003b)은 AFLP primer를 사용하여 분석한 결과 재배종 팠은 최소 3개의 지리적 원산지에서 최소 4개의 조상으로부터 순화되었다고 하였다.

海妻 등(2003)은 팠의 다기원설을 검증하기 위해서는, 네팔에 분포하는 야생팠이 네팠·부탄 팠의 선조종이라는 가능성을 검토할 필요가 있으며, 팠의 기원에 관한 연구는 시작된 단계이므로 앞으로 더욱 넓은 지리적 분포 지역을 대표하는 재배종, 야생종, 잡초형에 관한 생태 및 유전적 유연관계를 설명하기 위한 연구가 수행되어야 한다고 하였다.

## 6. 결 론

한반도에서 두류 재배는 일반적으로 중국의 동북지방 또는 화북지방으로부터 콩이 도입되어 기원전 7세기 이후에 재배가 시작된 것으로 추정하여 왔다. 그러나 최근 청동기시대의 유적인 회령 오동, 평양 남경과, 양평 양근리, 보령 평라리 등 한반도의 다수 지역의 강 주변과 구릉지에서 무문토기와 벼, 조, 기장, 보리, 밀 등과 같이 많은 탄화 두류가 출토되었다. 출토된 두류에는 콩, 야생콩, 팠, 야생팠, 녹두와 더불어 야생콩과 재배콩의 중간종으로 추정되는 두류도 출토되었다. 따라서 한반도에서는 청동기 시대(1500-300 BC)부터 두류(콩, 팠)가 널리 재배되었다고 판단된다.

콩의 재배 기원지에 관하여 옛 문헌, 출토유물 및 야생콩과 재배콩의 유전적 다양성 근거하여 다수의 설이 존재한다. 일반적으로 콩의 기원지를 중국으로 보고 있으며, 최근에는 중국 남부를 기원지로 많이 주장하고 있다.

팠의 재배 기원지에 관하여 옛 문헌에 근거하여 중국 기원지설이 유력하나, 일본에서는 출토유물과 유전적 다양성을 근거로 일본 기원설을 주장하기도 하면서 중국과 한국은 야생팠의 분포가 적어 기원지가 아니라고 하였으며, 일부 학자들은 다기원설을 주장하기도 하나 연구가 미흡한 실정이다.

한편 한반도에는 콩의 야생형인 돌콩과 팠의 야생형인 새팠과 근연종인 애기새팠이 널리 자생하고 있으며, 재배종의 유전적 다양성이 매우 높은 편이나, 다수의 학자들이 유전적 다양성을 분석할 때 중국과 일본의 유전자원을 중심으로 분석하여 세계의 학계

가 한반도 두류의 유전적 다양성을 간과한 면이 많다.

최근 한반도 남부에서 속속 출토되고 있는 청동기시대의 탄화 콩과 팥 유물과 현 한반도 콩과 팥의 유전적 다양성을 종합해 보면 지구의 최대 빙하 발달기 이후 11,000년 전 중국 대륙과 한반도가 분리(김, 1997)된 후 한반도에서 독자적으로 한반도인의 선택과 순화에 의해 재배두류가 발달되었다고 추정할 수 있다. 따라서 한반도가 콩과 팥의 재배기원지 중의 하나라는 설을 뒷받침한다고 본다.

앞으로 두류의 유물이 추가 발굴되고, 콩과 팥의 진화를 구명할 수 있는 DNA 분석에 의한 분자시계(molecular clock)를 구명하게 되면 한반도가 콩과 팥의 재배기원지로 널리 인정될 수 있을 것으로 판단된다.

## 사 사

이 논문을 발표하기까지 다수의 자료와 조언을 제공하여 주신 원광대학교 안승모 교수께 깊은 감사를 드리는 바이다.

## 참고문헌

- 안승모. 2002. 두류재배 기원에 대한 고고학적 고찰. *한콩연지* 19(2) : 24-33.
- Baudoin, J. P. and R. Marechal. 1988. Taxonomy evolution of the genus *Vigna*. In : S. Shanmugasundaram (ed.). Proceedings of the second international mungbean symposium, Bangkok, Thailand 16-20 Nov, 1987. pp. 2-12.
- 조재영. 1994. 四訂 田作 p. 539.
- 조현종. 2005. 선사 고대 유적 중의 콩. 한국콩박물관건립추진위원회 편. *콩. 고려대학 교출판부*. pp. 45-80.
- 최덕경. 2004. 대두재배의 기원론과 한반도. *한국사연구* 31 :65-110.
- Fujita, Y. 1974. *Panicum crusgalli* Linn. var. *frumentaceum* Trin., *P. millacerum* Linn. and *Phaseolus angularis* W. F. Wight : an ethno-botanical treatise (in Japanese). *Biological Science* 26(2) : 102-105.
- Fukuta. 1933. Cytogenetical studies on the wild and cultivated Manchurian soybeans (*Glycine* L.). *Japanese Journal of Botany* 6 : 489-509.
- 郭文韜. 1996. 試論中國栽培大豆起源問題. *自然科學史研究* 15(4) : 326-333.

- Griffin, J. D. and R. G. Palmer. 1995. Variability of thirteen isozyme loci in the USDA soybean germplasm collections. *Crop Sci.* 35 : 897-904.
- Hirata, T., J. Abe, and Y. Shimamoto. 1999. Genetic structure of the Japanese population. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46 : 441-453.
- Hoshikawa, K. 1985. Azuki beans. p. 460-471. In *Edible crops*. Yokendo, Tokyo.
- Hymowitz, T. and N. Kaizuma. 1981. Soybean seed protein electrophoresis profiles from 15 Asian countries or regions : Hypothesis on paths of dissemination of soybeans from China. *Econ. Bot.* 35 : 10-23.
- Isemura, T., C. Noda, S. Mori, M. Yamashita, N. Nakanishi, M. Inoue, and O. Kamijima. 2001. Genetic variation and geographical distribution of azuki bean(*Vigna angularis*) land races based on electrophoregram of seed storage proteins. *Breeding Sci.* 51 : 225-230.
- 海妻矩彦, 喜多村啓介, 酒井眞次. 2003. わが国における食用マメ類の研究. 独立行政法人 農業技術研究機構 中央農業総合研究センター. p. 14-22.
- 권신한, 채미령, 박경숙, 송희섭. 1990. 한국 재래종 및 야생종 대두의 Trypsin Inhibitor 변이. *한작지* 35(2) : 171-175.
- 김연옥. 1997. 한반도 고기후의 변화. *자연보존* 100 : 12-17.
- Lawn, R. J. 1979. Agronomic studies on *Vigna* spp. in southern-eastern Queensland. II. Vegetative and reproductive response to sowing date. *Australian J. Agric. Res.* 30 : 871-882.
- 이경아, 조은지. 2005. 도삼리유적 식물유체 보고. 고려대학교 고고환경연구소,
- 이석기. 2006. 야생콩의 종자 크기의 변이(미발표 자료).
- 이성우. 1984. 대두문화는 동방에서. *한콩연지* 1(1) : 24-26.
- 李福山. 1994. 大豆起源及其演化研究. *大豆科學* 13(1) : 61-66.
- Lumpkin, T. A. and D. C. McClary. 1994. Azuki bean: botant, production and uses. CAB International, Wallingford UK.
- Miura, M., K. Yasuda, and H. Yamaguchi. 2000. RAPD variation in wild, weedy and cultivated azuki beans Asia. *Genetic Resources and Crop Xvolution* 47(6) : 603-610.
- Narikawa. T. 1972. Kidney bean and azuki bean in Japan with reference to breeding in Hokkaido. In : Symposium on food legumes. Proceedings of symposium on tropical agricultural research. 12-14 Sep. 1972. Tropical Agriculture Research Series No. 6. pp. 179-188.

- Ohashi, H. and H. Takahashi. 1981. Pollen morphology of *Vigna angularis* (Leguminosae). J. Plant Res. 94(2) : 177-180.
- 박경숙, 권신한. 1993. 한국 재래종과 야생종 콩의 Beye-amylase 변이. 한육지 25(2) : 151-155.
- 呂世霖. 1978. 關於我國栽培大豆原產地問題的探討. 中國農業科學 1978 (4) : 90-94.
- Smartt, J. (1985). Evolution of grain legumes: 3. Pulses in the genus *Vigna*. Experimental Agriculture 21(2) : 87-100.
- Tomooka, N., D. A. Vaughan, R. O. Xu, K. Kashiwaba, and A. Kaga. 2001. Japanese native *Vigna* genetic resources. JARQ 35 : 1-9.
- 友岡憲彦·加賀秋人·P. Domingues·柏葉晃一·土井孝爾·D. A. Vaughan. 2001. RAPD分析によって明らかになったアズキの地理的分化. 日本作物學會紀事70(別 1) : 266-267.
- 王金陵. 1947. 大豆性狀之演化. 農報 12(5) : 6-11.
- 王金陵, 楊慶凱, 吳宗璞. 1999. 中國東北大豆. pp. 1-10.
- 王述民, 譚富娟, 胡家蓬. 2002. 小豆種質資源同工酶遺傳多樣性分析与評價. 中國農業科學 35(11) : 1311-1318.
- 徐豹, 鄭惠玉, 路琴華, 趙述文, 鄒淑華, 胡志昂 . 1986. 大豆起源地的三個新論據. 大豆科學 5(2) : 123-130.
- Xu, D. H., J. Abe, J. Y. Gai, and Y. Shimamoto. 2002. Diversity of chloroplast DNA SSRs in wilds and cultivated soybeans : evidence for multiple origins of cultivated soybean. Theor. Appl. Genet. 105 : 645-653.
- Xu, R. Q., N. Tomooka, and D. A. Vaughan. 2000a. AFLP markers for characterizing the azuki bean complex. Crop Sci. 40 : 808-815.
- Xu, R. Q., N. Tomooka, D. A. Vaughan, and K. Doi. 2000b. The *Vigna angularis* complex : genetic variation and relationship revealed by RAPD analysis, and their implications for *in situ* conservation. Genetic Res. and Crop Evol. 47 : 123-134.
- Yamaguchi, H., 1989. Weed azuki bean, an overlooked representative. Bull. Univ. Osaka Prefect. Ser. B 41: 1-7.
- Yamaguchi, H. 1992. Wild and weed azuki beans in Japan. Econ. Bot. 46 : 384-394.
- 山口裕文. 1993. 野生アズキの分類評價 3. 雜草アズキの地理的分布と變異. 育雜43 (別1) : 242.
- 山口裕文·梅本信也·阿部純. 1999. 野生遺傳資源の自生地保全 : 中國西南部における野

生アズキとツルマメの生育地. 育種學研究 1(別 1) : 193

- Yee, E., K. K. Kidwell, G. R. Sills, and T. A. Lumpkin. Diversity among selected *Vigna angularis* (azuki) accessions on the basis of RAPD and AFLP markers. *Crop Sci.* 39 : 268-275.
- Yoon, M. S., J. W. Ahn, S. J. Park, H. J. Baek, N. K. Park, and Y. D. Rho. 2000. Geographical patterns of morphological variation in soybean germplasm. *Korean J. Crop Sci.* 45(4) : 267-271.
- 윤문섭, 백형진, 정종욱, 마경호, 이정란, 김행훈, 김창영. 2002. 한국의 남한강 및 북한강유역의 *Vigna*속 유전자원의 유연관계. *한옥지* 34(3) : 195-200.
- 윤문섭, 박용진, 강정훈, 백형진, 임무상, 송희섭, 노영덕. 1998. Microsatellite에 의한 재래종 대두의 DNA 다형성과 유연관계. *한옥지* 30(2) : 192-198.
- Yu, H and YT Kiang. 1993. Genetic variation in South Korean natural populations of wild soybean (*Glycine soja*). *Euphytica* 68(3) : 213-221.
- 趙團結 盖鈞鑑. 2004. 栽培大豆起源与演化研究進展. *中國農業科學* 37(7) : 954-962.
- 조지균. 2005. 속류 작물과 중국 북방 한작 농업 기원연구의 새로운 자료와 사고, 경관의 고고학(고려대학교 고고환경연구소 제1회 국제학술회의)
- Zong, X. X., A. Kaga, N. Tomooka, X. W. Wang, O. K. Han, and D. Vaughan. 2003a. The genetic diversity of the *Vigna angularis* complex in Asia. *Genome* 46 : 647-658.
- Zong, X. X., D. Vaughan, N. Tomooka, A. Kaga, X. W. Wang, J. P. Guan, and S. M. Wang. 2003b. Preliminary study on geographical distribution and evolutionary relationships between cultivated and wild adzuki bean (*Vigna angularis* var. *angularis* and var. *nipponensis*) by AFLP analysis. *Plant Genetic Resources* 1(2-3) : 175-183.

# Origin of Legumes Cultivation in Korean Peninsula by Viewpoint of Excavated Grain Remains and Genetic Diversity of Legumes

Yeong-Ho Lee and Tae-Shik Park

## <ABSTRACT>

It has been presumed, in general, that legumes in Korean peninsula have been cultivated since they were introduced from Northeast or North, China in the seventh century BC. Recently, carbonized legume seeds were excavated from the Neolithic vestiges sites in Korea, such as Daecheonri in Okcheon and Sangchonri in Jinju. However, classification and identification of the excavated seeds were not clearly made because their amount was not much and their shapes were not well-maintained enough for analysis. On the other hand, many kinds of carbonized seeds of leguminous plants were discovered along with those of rice, foxtail millet, broomcorn millet, barley, and wheat from the Bronze Age vestiges sites, such as Odong in Hoeryeong, Namgyeong in Pyeongyang, Yanggeunri in Yangpyeong, and Pyeongrari in Boryeong. Leguminous seeds excavated from the areas include *Glycine max*, *Glycine soja*, *Vigna angularis* var. *angularis*, *Vigna angularis* var. *nipponensis*, *Vigna radiata*, and notably intermediate forms between cultivated soybean and wild type soybean. Evidences show that leguminous family such as soybean and adzuki bean have been widely cultivated in Korean peninsula since Bronze Age (1500-300 BC). Although many theories have been proposed about the place of origin for soybean and adzuki bean but, in general, China has been recognized as the one. It has been supported by historic records, excavated relics, and genetic variability of wild and domesticated legumes. However, Dolkong (*Glycine soja*, a wild type soybean), Saepat (*Vigna angularis* var. *nipponensis*, a wild type adzuki bean), and Aegisaepat (*Vigna nakashimae*, a relative of adzuki bean) are widely distributed and soybean and adzuki bean germplams demonstrate high genetic diversity in Korean peninsula, which has been overlooked in the genetic analysis for soybean and adzuki bean on the global basis. Lack of prehistoric records and genetic analysis on wild type legumes in Korean peninsula made it difficult to estimate the legume cultivation in Korea.

Nevertheless, diverse types of legumes excavated from the Bronze Age vestiges sites provide strong evidence that Korean peninsula is one of the place of origin for soybean and adzuki bean. As considering Korean peninsula was formed by rising sea level about 11000 years ago in the mid-Glacial Epoch, it is presumed that wild type legumes in nature had been selected and domesticated independently by the residents in Korean peninsula. These finding and interpretations strongly support that Korean peninsula is one of origins of cultivation in soybean and adzuki bean. Molecular clock by DNA analysis that explains evolution of plants may provide direct evidences whether Korea is the place of origin for soybean and adzuki bean.

**Key words:** excavated grain remain, genetic diversity, grain legume, origin of cultivation, seed size, isozyme, DNA analysis, Korean peninsula