

## 국내산 및 제초제 내성 콩의 단백질 조성 분석

위춘화<sup>2</sup> · 석대은<sup>2</sup> · 양운형<sup>1</sup> · 오상희<sup>1</sup> · 김형진<sup>3</sup> · 윤원기<sup>3</sup> · 김환묵<sup>3</sup> · 김미리<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>충남대학교 식품영양학과

<sup>2</sup>충남대학교 약학대학

<sup>3</sup>한국생명공학연구원

## Protein Composition of Domestic and Glyphosate-Tolerant Soybean

Chun Hua Wei<sup>2</sup>, Dai-Eun Sok<sup>2</sup>, Yun-Hyoung Yang<sup>1</sup>, Sang Hee Oh<sup>1</sup>, Hyoung Chin Kim<sup>3</sup>,  
Won Kee Yoon<sup>3</sup>, Hwan Mook Kim<sup>3</sup> and Mee Ree Kim<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dept. of Food and Nutrition, and <sup>2</sup>College of Pharmacy,  
Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

<sup>3</sup>Bio-Evaluation Center, Korea Research Institute of Bioscience, and Biotechnology, Daejeon 305-333, Korea

### Abstract

In order to elucidate the differences of protein profiles among soybean cultivars, the protein composition of three conventional domestic soybean cultivars and two imported ones including glyphosate-tolerant HS2906 was analyzed by total nitrogen measurement, amino acid analysis and PAGE/densitometry. There were no statistically significant differences in the levels of any amino acid, including aromatic amino acids, between glyphosate-tolerant soybean and the conventional soybean WS82. In the extraction of protein, the SDS/buffer system was more efficient than the defatting/water system. The SDS-PAGE/densitometry analysis showed that there was a similar profile of proteins among cultivars, although the amount of total protein ranged from 380.2 mg/g to 423.9 mg/g. In addition, there was no discernable difference of protein profile between glyphosate-tolerant soybean (total protein amount, 380.2 mg/g) and the conventional soybean WS82 (390.2 mg/g), although the amount of  $\beta$ -conglycinin (55 kDa) was lower in glyphosate-tolerant soybean. Meanwhile, the amount of 25 kDa protein was greater in domestic soybean cultivars than imported ones. Thus, normal PAGE/densitometry method would be useful to analyze the difference in protein profiles of soybean proteins, and furthermore evaluate the protein profile of proteins between GMO and conventional soybean.

**Key words:** protein profile, soybean, PAGE

### 서 론

콩(*Glycine max* L.) 단백질은 식물단백질 중에서 영양적으로 우수하고 물리화학적 기능이 우수하다. 특히, 콩은 쌀을 주식으로 하는 우리 국민에게 쌀에 부족한 필수 아미노산인 lysine을 공급하여 영양상 균형을 이루게 해주는 우수한 식품이다(1). 콩단백질은 2개의 주요 성분으로 구성되어있다. Glycinin과  $\beta$ -conglycinin으로 총 단백질함량의 각각 30%와 40%를 차지하고 있다(2,3). 이들 주요 콩단백질은 소수성, 용해성, sulfhydryl crosslinking, 겔형성, film형성 등의 기능이 서로 다르므로 식품 또는 비식품 가공에 중요하다. 한편, 우리 한국인의 식생활에서 콩을 이용한 음식의 종류는 매우 다양한데, 예를 들면, 밥밀콩으로 콩밥을 만들어 먹는 것은 물론이고, 된장, 청국장, 고추장, 간장 등의 발효제품과 콩나물의 발아제품 그리고 두유, 두부, 식용유 등의 가

공제품으로서의 이용도가 높다(4).

한편, 콩단백질은 혈장 콜레스테롤을 낮춘다(5). 미국 FDA에서는 1999년 하루 25 g의 콩단백질 섭취는 심장병 위험을 감소시킬 수 있다는 Soy Protein Health Claim을 인정하였으며, 이후 콩식품은 서양인의 식생활에 매우 빠르게 침투되고 있다(6,7). 그러므로 고콜레스테롤에 의해 야기되는 심장병과 고혈압의 증가에 따른 문제해결을 위해서 또한 미래 동물성 단백질부족에 대비하기 위해서 콩단백질의 확대이용을 위한 연구가 필요하다(8).

최근에 식생활의 서구화에 따른 육류의 과다섭취로 인한 만성 성인병의 발병률이 높아지고 있는 시점에서 콩에 대한 관심이 점차 증대되고 있을 뿐 아니라 소비량도 증대되고 있다. 그러나 우리나라에서 생산되는 콩의 자급률은 해마다 감소되고 있어 1994년 12.6%로 매우 적다. 따라서 콩의 수입량은 매년 증가되고 있는 시점이다(9,10). 아울러 최근 인구

\*Corresponding author. E-mail: mrkim@cnu.ac.kr  
Phone: 82-42-821-6837, Fax: 82-42-821-8887

증가에 따른 식량수요의 부족, 이상기후, 농경지의 척박화 등으로 식량생산의 악화로 기인된 식량생산의 증진을 위해 미국을 비롯한 여러 나라에서 유전자변형 농산물의 재배가 증가하고 있다. 작물별로는 콩, 옥수수, 유채 등이 많으며, 특성으로는 제초제 저항성이 다수를 차지하고 있다. 우리나라에서는 유전자변형 작물을 재배하지는 않으나 연구가 진행 중에 있다. 유전자변형 식품과 자연식품의 영양적인 면에서 실질적 동등성의 평가는 수입 GMO 및 국내개발 GMO의 안전성 평가 시 기본단계이므로 매우 중요하다. 본 연구에서는 자연콩과 유전자변형 콩의 주요 영양성분 중 단백질의 함량 및 특성을 비교 분석하였다.

## 재료 및 방법

### 재료

본 연구에 사용된 국내산 콩 3종(황금콩, 풍산콩, 두유콩)은 유전자변형 콩이 아닌 자연콩으로 우리 식생활에서 두부나 메주용, 콩나물용, 두유용으로 각각 다르게 많이 이용되는 주요 품종을 유진종묘(대전, 한국)로부터 제공받았다. 수입콩은 미국산 2종으로 HS2906은 제초제 내성콩으로 CP4-EPSPS가 들어있는 glyphosate계 제초제 저항성 콩이다. 또 다른 한 종(WS82)은 미국 내에서 많이 생산 재배되는 품종으로 주로 식용유 제조에 많이 이용된다.

### 시료의 전처리

콩 시료는 냉동(-70°C)보관하며 분석에 사용하였다. 시료는 동결건조 후 분쇄기(Perten 3600, Perten Instrument Co., Sweden)로 마쇄하여 체(60 mesh, 250 µm)에 쳐서 사용하였다.

### 조단백 및 단백질함량 분석

시료의 조단백질은 AOAC를 참고하여 Kjeldahl법에 의하여 분석하였다(11).

탈지 콩시료의 제조를 위해 콩 분말시료 일정량에 10배의 n-hexane을 넣고 4시간 동안 상온에서 stirring한 후에 고형물을 분리하고 ventilation hood 안에서 묻어 있는 hexane을 제거하여 시료분말을 제조하였다. 이어서 분말(25 mg)에 증류수(1.8 mL)를 넣고 ultrasonicator water bath 내에서 1시간 동안 단백질을 추출한 후 원심분리(13,000 rpm, 20 min)하고, 상정액을 탈지 단백질 분석 시료용으로 사용하였다. 콩 분말시료 일정량(25 mg)에 1.8 mL의 추출용액(50 mM Tris-HCl, pH 6.8+0.17 M SDS+6 M urea)을 넣고 ultrasonicator water bath내에서 상온에서 1시간동안 단백질을 추출하였다. 이어서 원심분리(13,000 rpm, 20 min)를 실시하고 oil이 유입되지 않도록 상정액을 조심스럽게 취한 후에 4°C에서 보관하면서 비탈지 단백질을 분석하였다. 시료의 단백질 정량은 탈지 및 비탈지 추출 후 Biuret법에 의하여 분석하였다(12).

### 아미노산 조성 분석

아미노산 분석은 PITC labeling한 후에 automated amino acid analyzer(Waters Pico Tag HPLC system, Milford, MA, USA)에 의해 수행되었다. 즉 분말시료 11.87 mg을 취하여 PICO-Tag방법에 의거 PITC labeling된 시료 400 µL 중에서 5.0 µL를 취하여 HPLC로 아미노산의 종류와 함량을 분석하였다. 기기는 한국기초과학지원연구원에 있는 Waters 510 HPLC(Waters Co., Milford, MA, USA), Waters gradient controller, Waters 717 Automatic sampler로 구성된 HPLC와 Waters PICO-tag column(3.9×300 mm, 4 µm)를 사용하였으며 피크는 Waters 996 photodiode(PDA)로 254 nm에서 검출하였다. 이동상은 6% acetonitrile을 함유한 140 mM sodium acetate(A)와 60% acetonitrile(B)를 용매 구배시켰다.

### 전기영동 분석(SDS-PAGE electrophoresis)

상기 추출조건에서 제조된 콩 추출물시료의 10 µL를, 22 µL의 0.1 M Tris-HCl(pH 7.0)과 혼합한 후에 이어서 8 µL의 5배수 sample buffer[60 mM Tris-HCl, pH 6.8, 20%(v/v) glycerol, 2%(w/v) sodium dodecylsulfate 0.1%(w/v) bromophenol blue, 5%(v/v) 2-mercaptoethanol]를 넣고 잘 혼합한 후에 100°C에서 5분간 열처리 후 원심분리하여 상정액의 일정량(5 µL)을 시료로 사용하였다.

Laemmli법(13)에 의거 normal gel PAGE와 gradient gel PAGE 조건하에 전기영동장치(Heofer Lab Co., LTD, San-francisco, CA, USA)를 사용하여 수행하였다.

Normal gel PAGE 조건은 4%(w/v) stacking gel과 12.5%(w/v) separating gel로 구성된 1.5 mm-thick PAGE gel을 사용하였고, running buffer(pH 8.3)는 192 mM glycine, 0.1% SDS 및 25 mM tris(hydroxymethyl) amino-methane으로 구성되었으며, 일차적으로 80 V에서 20~30분간, 이어서 120 V에서 60~70분간 전기영동을 진행하였다.

Gradient gel PAGE 조건은 1.0 mm 두께의 4~20%(w/v) precast Tris-HCl gel(Bio-Rad)을 사용하였고, running buffer(pH 8.3)는 192 mM glycine, 0.1% SDS 및 25 mM tris(hydroxymethyl)aminomethane으로 구성되었다.

PAGE gel은 Coomassie blue(1 g/L)로 염색하였고 이어서 탈색시킨 후에 각 단백질 밴드의 양을 Scanning densitometer(UMAX PowerLook1100, Taiwan)와 TotalLab software(Phloretix International LTD., England)에 의해 단백질의 분포를 평가하였다.

### 통계처리

모든 실험은 3회 반복하였으며 SPSS program중에서 분산분석(ANOVA)을 하였고 유의성이 있는 경우 Duncan의 다중범위 검정하여 각 평균값에 대한 유의차를 조사하였다. 유의수준은 5%이내로 하였으며, 각 실험치의 평균값과 표준오차로 표시하였다.

## 결과 및 고찰

## 단백질함량

콩에 함유된 단백질을 탈지 추출법 또는 비탈지 추출법에 의해 추출한 후에 biuret법에 의한 단백질함량을 정량한 값과 Kjeldahl방법에 의해 정량한 조단백함량을 Table 1에 나타내었다. 탈지 추출법에 의한 분석에서 콩 시료의 단백질함량은 341.6~364.8 mg/g의 범위를 나타내는 것으로 관찰된 반면에, 비탈지 추출법에 의한 분석에서 단백질함량은 406.1~453.2 mg/g의 범위를 함유하는 것으로 관찰되었다. 두 가지 추출법에 따른 단백질함량을 비교시 비탈지 추출법이 탈지 추출법보다 더 효과적인 것으로 사료되나, 총 질소량에 근거한 조단백 함량은 329.3~356.4 mg/g weight의 범위로 나타남 탈지 추출법이 더 정확한 것으로 파악된다. 한편 비탈지 추출법에서 함량이 더 높게 측정된 이유로는 추출시 사용된 SDS 및 urea 등의 시료가 biuret법에 의한 단백질함량의 측정값을 증대시켰기 때문으로 사료된다. 또한 비탈지 추출법에서 관찰되는 oil phase의 방해가 함량 증

가의 요인으로 작용할 수 있다. 일반적으로 콩 시료 내에 있는 단백질량은 전체 중량의 약 35~41%에 해당하는 것으로 알려져 있으며(14-16), 국내의 non-GMO콩의 조단백이 36.2%, 34.4~42.6% 범위에 속한다는 보고(17,18)와 비교하였을 때, 본 실험에서 관찰된 품종간의 단백질함량의 차이는 거의 없는 것으로 파악되었다. 특히, 미국산 재래종 콩(WS82)과 제초제 저항성 콩(HS2906)간에 총 단백질량의 차이가 유의적이지 않았으므로 제초제 저항성 GMO콩은 단백질의 총 함량에 영향을 주지 않는 것으로 생각되었다.

## 아미노산 조성

추출된 콩 단백질을 염산 가수분해 후에 PICO-tag방법에 의해 아미노산 조성을 분석한 결과는 Table 2와 같다. 아미노산 조성은 국내산 및 수입산 콩 품종 간에 유의적인 차이가 있었다( $p < 0.01$ ). 국내에서 재배된 non-GMO콩의 아미노산 조성은 기 보고된 범위에 속하였으며(17), 품종간의 아미노산 조성비는 tryptophan과 prolamin을 제외하고는 유의적인 차이가 없는 것으로 보아, 국내지질 환경에서는 콩 품종

Table 1. Protein amount of soybean of different cultivars

(mg/g dry base)

Method	S01 <sup>1)</sup>	S02	S03	S04	S05
Defatting/water extraction	345.5±1.9 <sup>2)(3)</sup>	342.7±14.9 <sup>a</sup>	347.3±4.4 <sup>a</sup>	364.8±7.35 <sup>b</sup>	341.6±2.1 <sup>a</sup>
Non-defatting/buffer extraction	406.1±4.3 <sup>a</sup>	406.5±3.8 <sup>a</sup>	451.9±9.9 <sup>b</sup>	453.2±22.4 <sup>c</sup>	439.9±17.5 <sup>b</sup>
Kjeldahl method	356.5±7.3	349.7±6.8	338.7±3.6 <sup>b</sup>	356.4±0.6 <sup>c</sup>	329.3±0.7 <sup>a</sup>

<sup>1)</sup>S01, WS82; S02, HS2906 (GMO); S03, Hwanggumkong; S04, Pungsankong; S05, Duyukong.

<sup>2)</sup>Data are expressed as mean±standard deviation of at least three replications.

<sup>3)</sup>Means in the same row with different letters are significantly different ( $p < 0.05$ ).

Table 2. Amino acid composition of soybean cultivars

AA	S01 <sup>1)</sup>		S02		S03		S04		S05	
	ng/mg	%	ng/mg	%	ng/mg	%	ng/mg	%	ng/mg	%
Ala	2,090 <sup>2)(3)</sup>	3.19	1,934 <sup>b</sup>	3.22	2,268 <sup>a</sup>	3.36	2,002 <sup>a</sup>	3.21	1,672 <sup>a</sup>	3.00
Ile	3,101 <sup>b</sup>	4.74	2,779 <sup>b</sup>	4.62	3,380 <sup>a</sup>	5.01	2,990 <sup>a</sup>	4.80	2,736 <sup>a</sup>	4.91
Leu	4,735 <sup>b</sup>	7.23	4,072 <sup>b</sup>	6.77	5,358 <sup>a</sup>	7.95	4,784 <sup>a</sup>	7.67	4,320 <sup>a</sup>	7.75
Met	782 <sup>b</sup>	1.20	708 <sup>b</sup>	1.18	562 <sup>a</sup>	0.83	500 <sup>a</sup>	0.80	466 <sup>a</sup>	0.84
Val	3,733 <sup>b</sup>	5.70	3,318 <sup>b</sup>	5.52	4,536 <sup>a</sup>	6.73	4,212 <sup>a</sup>	6.75	3,722 <sup>a</sup>	6.68
Gly	4,066 <sup>b</sup>	6.21	3,876 <sup>b</sup>	6.45	5,718 <sup>a</sup>	8.48	5,304 <sup>a</sup>	8.50	4,820 <sup>a</sup>	8.65
Arg	2,887 <sup>b</sup>	4.41	2,670 <sup>b</sup>	4.44	3,684 <sup>a</sup>	5.47	3,492 <sup>a</sup>	5.60	2,928 <sup>a</sup>	5.26
Lys	765 <sup>b</sup>	1.17	645 <sup>b</sup>	1.07	890 <sup>a</sup>	1.32	720 <sup>a</sup>	1.16	608 <sup>a</sup>	1.09
His	2,872 <sup>b</sup>	4.39	2,762 <sup>b</sup>	4.59	2,222 <sup>a</sup>	3.30	2,028 <sup>a</sup>	3.25	2,096 <sup>a</sup>	3.76
Glu	10,161 <sup>b</sup>	15.52	8,844 <sup>b</sup>	14.71	10,996 <sup>a</sup>	16.31	9,692 <sup>a</sup>	15.54	8,210 <sup>a</sup>	14.74
Asp	3,776 <sup>b</sup>	5.77	3,234 <sup>b</sup>	5.38	4,888 <sup>a</sup>	7.25	4,514 <sup>a</sup>	7.24	3,728 <sup>a</sup>	6.69
Ser	2,822 <sup>b</sup>	4.31	2,628 <sup>b</sup>	4.37	3,856 <sup>a</sup>	5.72	3,424 <sup>a</sup>	5.49	3,118 <sup>a</sup>	5.60
Thr	3,982 <sup>b</sup>	6.08	3,779 <sup>b</sup>	6.28	5,320 <sup>a</sup>	7.89	4,938 <sup>a</sup>	7.92	4,442 <sup>a</sup>	7.98
Cys	765 <sup>b</sup>	1.17	851 <sup>c</sup>	1.42	1,284 <sup>a</sup>	1.90	1,270 <sup>a</sup>	2.04	1,164 <sup>a</sup>	2.09
Pro	11,264 <sup>b</sup>	17.20	10,872 <sup>b</sup>	18.08	4,080 <sup>a</sup>	6.05	4,496 <sup>a</sup>	7.21	4,528 <sup>a</sup>	8.13
Cys2	208 <sup>a</sup>	0.32	160 <sup>a</sup>	0.27	340 <sup>a</sup>	0.50	362 <sup>a</sup>	0.58	326 <sup>a</sup>	0.58
Phe	5,284 <sup>b</sup>	8.07	4,940 <sup>b</sup>	8.22	5,926 <sup>a</sup>	8.79	5,614 <sup>a</sup>	9.00	4,954 <sup>a</sup>	8.90
Trp	28 <sup>a</sup>	0.04	25 <sup>a</sup>	0.04	114 <sup>b</sup>	0.17	130 <sup>b</sup>	0.21	134 <sup>b</sup>	0.24
Tyr	2,160 <sup>b</sup>	3.30	2,030 <sup>b</sup>	3.38	1,990 <sup>a</sup>	2.95	1,892 <sup>a</sup>	3.03	1,730 <sup>a</sup>	3.10
Total	65,487	100.00	60,132	100.00	67,418	100.00	62,364	100.00	55,702	100.00

<sup>1)</sup>Samples are the same as in Table 1.

<sup>2)</sup>Mean of triplicate.

<sup>3)</sup>Means in the same row with different letters are significantly different ( $p < 0.05$ ).

간 아미노산의 생합성과정의 큰 차이는 없는 것으로 사료된다. 한편, 미국산 콩 품종의 경우 GMO콩과 non-GMO콩 간에는 아미노산 조성에 있어서 유의적인 차가 없었으며, GMO콩의 아미노산 함량을 국내의 non-GMO콩(17,18)과 비교하였을 때 아미노산의 함량은 non-GMO콩의 범위에 속하였으며, 또한 이 범위는 외국에서 생산된 콩의 성분함량 보고서(19)의 범위에 속하였다. 이러한 결과는 glyphosate 내성 품종에서 아미노산 조성의 변화가 없음을 나타내는 것으로 기 보고된 결과와 일치하였다(19).

전기영동

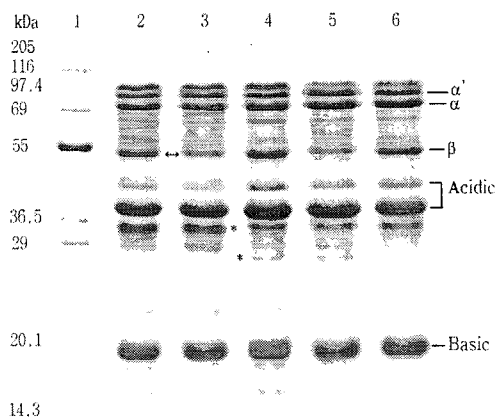
상기에서 추출된 단백질의 구성 차이를 파악하기 위해 두 가지 PAGE 조건(12.5% PAGE과 4~20% gradient PAGE)에서 SDS-전기영동한 결과, normal 12.5% PAGE gel(Fig. 1A)과 4~20% gradient PAGE gel(Fig. 1B) 모두에서 품종간에 유사한 양상의 단백질 분포를 나타냈다. 두 가지 PAGE 조건에서의 glycinin의 acidic subunit이 normal gel에서는 3개로 분리되었으나, gradient gel에서는 2개의 subunit는 뚜렷하였으나 다른 한개는 불분명하였다.

반면에 glycinin A3로 Zhang 등(20)에 의해 보고된 25 kDa 밴드는 normal gel에서 뚜렷하게 관찰된 반면에 gradient gel의 경우 분명하지가 않았다. 그 외에 표준 단백질의 경우도 normal gel이 gradient gel보다 분리도면에서 더 우수하였다. 이와 같이 콩 단백질의 분리에서 12.5% normal PAGE 분석은 작은 분자량의 단백질의 분리에 더 유리한 반면에 4~20% gradient PAGE 분석은 큰 분자량의 단백질의 분리에 더 적합한 것으로 사료된다. 전체적으로 전기영동상에서 콩 품종간에 각 단백질, 즉  $\alpha$ ,  $\alpha'$ ,  $\beta$ -conglycinin, acidic 및 basic glycinin의 함량의 차이가 현저하지 않았으

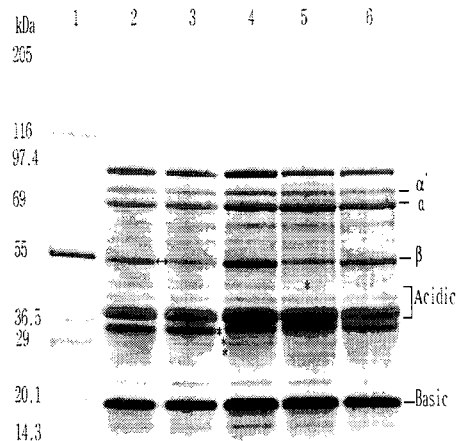
나, 특별히 구별되는 점은 다음과 같다. 미국산 재래종 콩(WS82)에 비해 제초제 저항성 GMO콩(HS2906)에서 beta conglycinin(55 kDa) 양이 다소 적은 것으로 나타났는데 이러한 현상은 재현성 있게 관찰되었다. 또한 25 kDa 단백질의 경우 미국산 콩 시료에서는 관찰되지 못한 반면에 국산콩 시료에서는 뚜렷하게 관찰되었는데, 이러한 결과는 normal PAGE(Fig. 1A)와 gradient PAGE(Fig. 1B)에서 공통적으로 나타났다. 이외에 국내산 황금콩은 다른 cultivar에 비해 단백질함량이 더 큰 것으로 파악되었는데, 이러한 결과는 총 단백질함량의 결과와 일치하는 것이다.

다음으로 상기 normal PAGE 분석결과를 토대로 각 단백질의 구성 차이를 파악하기 위해 품종별로 주요 단백질( $\alpha'$ ,  $\alpha$ ,  $\beta$ -conglycinin 및 glycinin A&B)의 구성비를 densitometry법에 의해 분석하였을 때 Fig. 2에서와 같이 나타났으며, 이러한 결과에서 Fig. 1에서 관찰된 결과와 일치하였다.

이어서 상기 densitometry 결과로부터 주요 단백질의 구성비를 산출하여 비교한 결과는 Table 3과 같다. 주요 단백질(conglycinin과 glycinin)함량의 비율은 품종간에 유의적인 차이를 나타내지 않았으나, subunit의 경우  $\alpha$ -,  $\alpha'$ -,  $\beta$ -conglycinin의 각 함량은 품종간에 유의적인 차이가 있었다. 특히  $\beta$ -conglycinin은 제초제 저항성 GMO콩(HS2906)과 국산품종 풍산콩에서 상대적으로 낮은 것으로 관찰되었다. 그러나 풍산콩의 경우  $\beta$ -conglycinin이 낮게 나온 반면에  $\alpha$ -conglycinin과  $\alpha'$ -conglycinin은 상대적으로 높게 나타났다. 이와 같이 conglycinin의 subunit은 품종간에 변화가 있는 것으로 파악된 바, 이러한 결과는 기보고(19,21,22)에서와 같이 저장단백질인 conglycinin의 subunit은 환경에 따라서 변화되는 것으로 사료된다. 따라서 본 실험에 사용된 normal gel PAGE/densitometry법은 콩 품종간의 단백질 구



A. 12.5% acrylamide gel.



B. 4~20% precast gradient gel.

Fig. 1. SDS-PAGE patterns of soybean proteins.

$\alpha'$ ,  $\alpha$  &  $\beta$  subunits of conglycinin. Acidic/basic subunits, polypeptides of glycinin. \*Significantly different. Lane 1, Koma-tech molecular weight standard; lanes 2 to 6, S01 to S05, respectively.

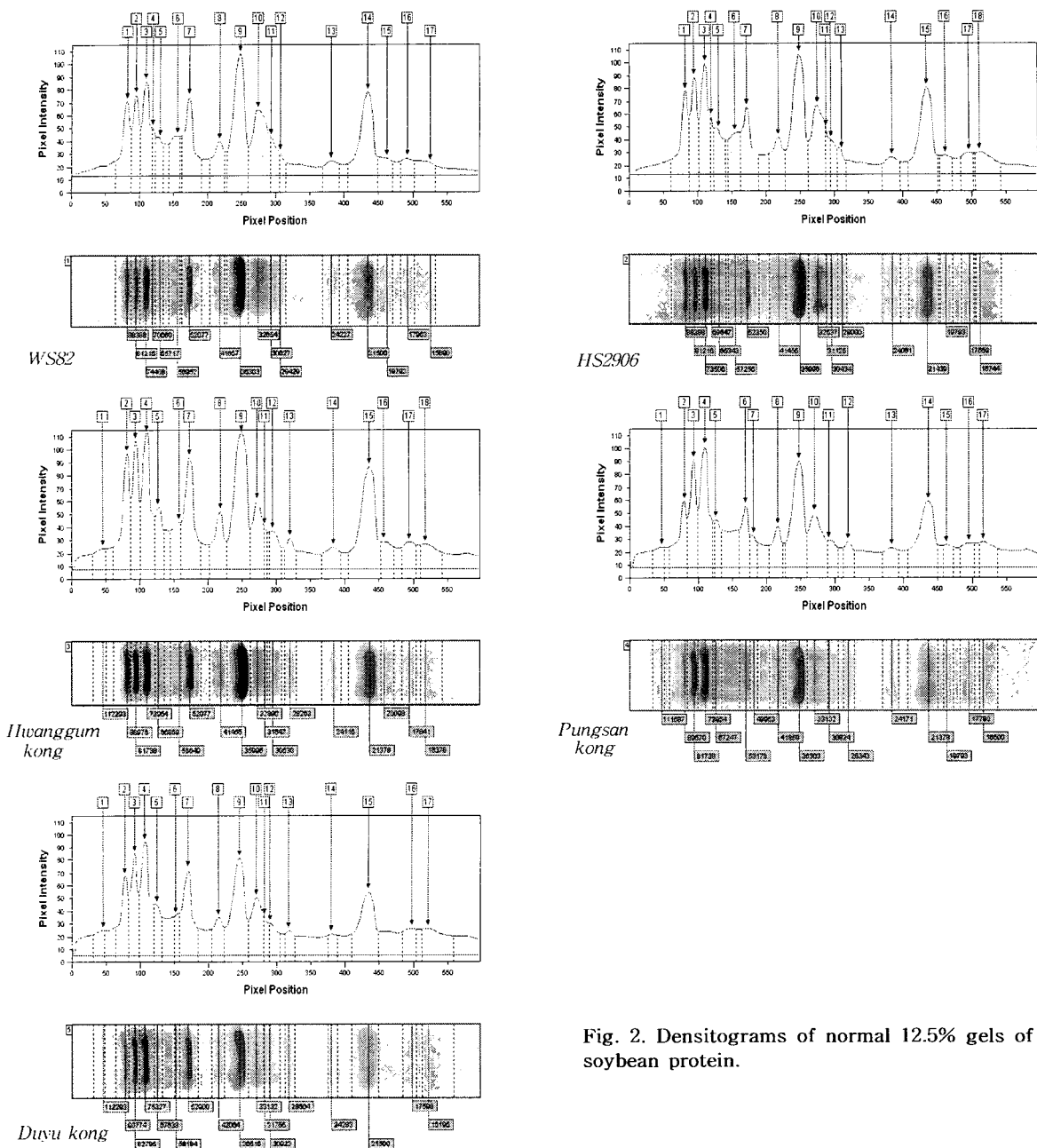


Fig. 2. Densitograms of normal 12.5% gels of total soybean protein.

Table 3. Ratio of soybean polypeptides by SDS-PAGE analysis

(%)

	S01 <sup>1)</sup>	S02	S03	S04	S05
$\alpha'$ (85 kDa)	9.37 ± 0.45 <sup>2)bc3)</sup>	10.87 ± 0.56 <sup>ah</sup>	9.92 ± 0.65 <sup>ab</sup>	12.92 ± 1.09 <sup>c</sup>	10.99 ± 1.27 <sup>bc</sup>
$\alpha$ (71 kDa)	14.04 ± 0.63 <sup>ai</sup>	15.03 ± 0.58 <sup>ah</sup>	14.38 ± 0.96 <sup>ab</sup>	18.93 ± 1.67 <sup>c</sup>	16.09 ± 1.60 <sup>bc</sup>
$\beta$ (54 kDa)	16.45 ± 1.05 <sup>b</sup>	12.49 ± 0.99 <sup>a</sup>	16.41 ± 0.80 <sup>bc</sup>	10.32 ± 0.83 <sup>a</sup>	18.09 ± 1.23 <sup>c</sup>
Conglycinin ( $\alpha'$ , $\alpha$ , $\beta$ )	39.86 ± 0.94 <sup>ab</sup>	38.39 ± 1.32 <sup>a</sup>	40.72 ± 1.96 <sup>bc</sup>	42.18 ± 2.49 <sup>bc</sup>	45.17 ± 3.32 <sup>c</sup>
A (38~47 kDa)	36.07 ± 1.63 <sup>ai</sup>	35.92 ± 1.58 <sup>ai</sup>	35.76 ± 3.51 <sup>ai</sup>	34.15 ± 3.49 <sup>ai</sup>	33.09 ± 3.73 <sup>ai</sup>
B (20 kDa)	24.06 ± 1.17 <sup>ai</sup>	25.69 ± 1.02 <sup>ai</sup>	23.53 ± 0.75 <sup>ai</sup>	23.67 ± 1.24 <sup>ai</sup>	21.74 ± 1.75 <sup>ai</sup>
Glycinin (A, B)	60.14 ± 1.10 <sup>ai</sup>	61.61 ± 1.26 <sup>ai</sup>	59.29 ± 3.65 <sup>ai</sup>	57.82 ± 3.54 <sup>ai</sup>	54.83 ± 4.56 <sup>ai</sup>

The extracted proteins were subjected to SDS-PAGE at 10  $\mu$ L/lane in a 12.5% normal gel. The density of each polypeptide was determined by using scan density meter. Conglycinin includes three subunits ( $\alpha'$ ,  $\alpha$  and  $\beta$ ), glycinin includes two subunits, acidic subunit (A) and basic subunit (B).

<sup>1)</sup>Samples are the same as in Table 1.

<sup>2)</sup>Data are expressed as mean  $\pm$  standard deviation and are the mean of three replications.

<sup>3)</sup>Means in the same row with different letters are significantly different ( $p < 0.05$ ).

성 및 분포의 비교를 위해 유용하게 활용될 수 있음을 보여 주었다.

## 요 약

국내산 콩 품종 3종과 미국산 콩 2종(non-GMO 및 GMO glyphosate-tolerant HS2906)에 대하여 단백질함량과 분포의 차이를 아미노산 분석, 총 질소량, PAGE/densitometry법에 의해 분석하였다. 아미노산 구성과 총 질소량에서 품종간 유의적인 차이는 없었다. 한편 단백질 추출에서 SDS/buffer 추출법이 더 효과적이었다. 총 단백질함량(380.2~423.9 mg/g)과 단백질 분포는 품종간 유사하였으나, 상세 PAGE(12.5% normal gel) 결과 재래종 콩(WS82)에 비해 제초제 저항성 GMO콩(HS2906)에서 beta conglycinin(55 kDa) 양이 낮게 나타났으며, 25 kDa 단백질의 경우 미국산 콩에서는 관찰되지 못한 반면에 국내산 콩 품종에서는 뚜렷하게 관찰되었으며,  $\beta$ -conglycinin은 미국산 제초제 저항성 GMO콩과 국내산 황금콩에서 상대적으로 낮은 것으로 관찰되었다. 이와 같은 결과는 normal PAGE/densitometry 분석법은 콩시료 분석에 유용하게 활용될 수 있음을 보여주었다.

## 감사의 글

본 논문은 과학기술부의 지원(Project No. M1-0337-02-0001-03-B10-02-000-00)에 의하여 수행된 연구결과의 일부이며, 이에 감사를 드립니다.

## 문 헌

- Ju JS. 1985. Nutrition of soybean. *Korea Soybean Digest* 2: 16-19.
- Utsumi S, Gidamis AB, Mikami B, Kito M. 1993. Crystallization and preliminary X-ray crystallographic analysis of the soybean proglycinin expressed in *Escherichia coli*. *J Mol Biol* 233: 177-178.
- Utsumi S, Katsube T, Ishige T, Takaiwa F. 1997. Molecular design of soybean glycinins with enhanced food qualities and development of crops producing such glycinins. *Adv Exp Med Biol* 415: 1-15.
- Cho JS. 2002. Changes in dietary culture of soybean. *Korea Soybean Digest* 19: 34-54.
- Kito Y, Takahashi J, Endo M, Agishi T, Kitamura S, Matsuda H, Fujiwara T, Dohi T, Ito T, Kawashima Y. 1993. The effect of LDL-apheresis on the long-term prognosis of hypercholesterolemic patients with coronary artery bypass grafts: a multicenter study. *Kyobu Geka* 46: 399-404.
- Fukushima D. 2000. Recent progress on biotechnology of soybean proteins and soybean protein food products. Proceedings of the Third International Soybean Processing and Utilization Conference, Tsukuba, Tokyo, Japan. p 11-16.
- Hermansson AM. 1978. Some physico-chemical aspects of the structure formation of proteins. Proceedings of the FEBS Meeting Volume Date 1977, 44 (Biochem. Aspects New Protein Food). p 99-108.
- Zhang X, Shu XO, Gao YT, Yang G, Li Q, Li H, Jin F, Zheng W. 2003. Soy food consumption is associated with lower risk of coronary heart disease in Chinese women. *J Nutr* 133: 2874-2878.
- Kim SD, Hong EH, Ryu YH. 1988. Trends of soybean demand/supply and its utilization in Korea. *Korean Soybean Digest* 15: 25-38.
- Kim YH. 2002. Current achievement and perspectives of seed quality evaluation in soybean. *Korean J Crop Sci* 47: 95-106.
- AOAC. 1990. *Official Methods of Analysis*. 15th ed. Association of official analytical chemists, Washington DC.
- Gornall AG, Bardawill J, David MM. 1949. Determination of serum proteins by means of the biuret reaction. *J Biol Chem* 177: 751-766.
- Laemmli UK. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature* 227: 680-685.
- Kim JG, Kim SG, Lee JS. 1988. Fatty acid composition and electrophoretic patterns of protein of Korean soybeans. *Korean J Food Sci Technol* 20: 263-271.
- Kown SH, Oh JH, Kim JR, Song HS, Kim BW. 1975. Diversity of protein and oil contents of the Korean native soybean seeds. *Korean J Breeding* 7: 40-44.
- Yaklich RW. 2001. beta-Conglycinin and glycinin in high-protein soybean seeds. *J Agric Food Chem* 49: 729-735.
- KRDA. 1996. *Food Composition Table*. 5th ed. National Rural Living Science Institute, Korea Rural Development Administration. p 64, 538.
- International Life Sciences Institute. 2003. www.cropcomposition.org
- Taylor NB, Fuchs RL, MacDonald J, Shariff AR, Padgett SR. 1999. Compositional analysis of glyphosate-tolerant soybeans treated with glyphosate. *J Agric Food Chem* 47: 4469-4473.
- Zhang GY, Hayashi Y, Matsumoto S, Matsumura Y, Mori T. 2002. Molecular species of glycinin in some soybean cultivars. *Phytochemistry* 60: 675-681.
- So EH, Chae YA, Kim YH, Lee YH, Yang MH. 1999. Varietal variation of 7S and 11S proteins in soybean. *Korean J Breed* 31: 393-399.
- Mujoo R, Trinh DT, Ng PKW. 2002. Evaluation of soybean varieties for soymilk and tofu production potential using laboratory-developed procedures. *Food Sci Biotechnol* 11: 470-476.

(2005년 12월 15일 접수; 2006년 3월 27일 채택)