



문의 : 담당자 연락처(02-880-4547)

연구단장/연구책임자 양태진 교수(02-880-4547) / 교신저자
연구단/연구진 김경희, 원반빈, 이준기 연구원(02-880-4557) / 제1저자

유전체 정보를 통해 인삼과 인삼 근연식물의 진화와 기원 규명

- 인삼과 근연속 식물 10종 유전체분석을 통해 인삼의 진화 비밀을
밝히고 Nature 자매지 Scientific Reports에 논문 2건 게재 -

- 서울대학교 농업생명과학대학 양태진 교수팀은 인삼유전체 연구를 통해 인삼의 진화 비밀을 밝히는 2개의 우수 논문을 국제 우수 학술지 Scientific Reports (Nature 자매지) 에 2017년 7월 7일(금)과 8월 22(화)일 연이어 게재하였다. (김경희 제1저자, 이준기 제1저자)
- 양태진 교수팀은 인삼 15 품종과 야생산삼의 유전체 정보 뿐 아니라, 인삼, 미국 인삼 (화기삼), 전칠삼, 죽절삼, 베트남삼 등 인삼속 식물 5종과 두릅나무속 2종, 오가피속 2종, 황칠나무 등 10종의 식물에 대한 소규모 전장유전체 시퀀싱을 통해 식물 진화와 종 다양성 연구에서 핵심 정보로 이용되는 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자를 완성하여 비교 분석하고 인삼과 근연식물들이 분화된 시기와 과정을 제시하고 7월 7일(금)자 온라인 논문으로 게재하였다.
- 이어 8월 22일(화)에는 대표적인 5종의 주요 반복서열이 인삼속 (Panax) 식물 유전체의 약 50% 이상을 점유하며 인삼속 식물들의 분화와 진화 과정에 결정적인 역할을 하였다는 논문을 연이어 게재하였다.
- NGS (Next generation sequencing) 기술은 최근 유전체 분석에서 가장 중요한 수단이며 식물, 동물, 미생물 등의 연구에 활발하게 활용되고 있다. 하지만 NGS기술은 짧은 조각의 서열들을 대량으로 생성하기 때문에 이들을 재조립하여 완전한 유전체정보를 완성하고 이를 진화학적으로 해석하는 것이 매우 중요하다.

- NGS기술을 이용하여 전장유전체를 해독하는 게놈프로젝트(genome project)는 많은 노력과 시간이 요구되며, 국내에서는 배추, 양배추, 고추, 녹두, 팥 등을 완성하였으며 양태진 교수팀은 인삼게놈프로젝트를 거의 완성하여 마무리단계에 있다. 본 연구에서는 전장유전체 정보를 이용하지 않고 소규모 정보를 이용하여 인삼과 인삼 근연식물이 분화된 이후 전세계에 어떻게 분포하고 진화해 왔는지에 대한 궁금점에 대한 답을 제시하고 있다.
- 전세계적으로 인삼과 같은 속 식물은 15종 정도가 분포하지만 대부분 히말라야와 중국 운남성, 베트남 산악지역의 서늘한 지역에 주로 분포하고 있는데, 이런 베트남삼, 죽절삼, 전칠삼 등 인삼속 식물은 염색체 수가 우리 고려인삼보다 1/2 밖에 되지 않는 12쌍을 가지고 있으며 겨울에 월동을 하지 못하는 반면, 더운 기후도 적응을 못하여 1500미터 이상의 연중 서늘한 산악지역에서만 겨우 생존하고 있으며 멸종해가고 있는 식물이다. 반면 고려인삼과 미국의 화기삼은 배수체현상을 통해 24쌍의 염색체를 가지며 월동하는 능력을 가지게 되었고 북아시아와 북아메리카 넓은 지역에 분포하고 있다.
- 본 연구를 통해 고려인삼은 이배체 인삼속 식물들과 약 3백만년전에 분화가 되었으며 식물학적으로는 두릅나무와 가장 가까운데 지금으로부터 약 8백만 년전에 분화가 이루어졌다고 판단되며, 거슬러 올라가 황칠나무, 오가피나무 등과 약 1천만년전에 분화가 이루어졌다고 판단된다.
- 양태진 교수팀은 후속 연구로 인삼속식물의 소규모 NGS데이터를 이용하여 식물 유전체 크기에 중요한 영향을 미치는 반복서열의 정량 분석법을 개발하고 비교유전체 연구를 진행하였고, 이를 통해 인삼근연속 식물의 진화적 흐름을 추적하였다.
- 유전체 배수성과 반복서열의 축적은 식물 유전체의 진화에 많은 영향을 주었다. 인삼속 식물들의 유전체 크기는 2.0Gb-4.9Gb (20억-49억쌍)로 그 차이가 매우 큰 편이다. 본 연구에서는 이러한 인삼속 식물의 유전체 중 39-50%가 오직 4개의 long terminal repeat retrotransposons(LTR-RTs)인 *PgDel*, *PgTat*, *PgAthila*, *PgTork*로 이루어져 있음을 발견하였다.

○ 특히 같은 사배체 식물임에도 인삼(*P. ginseng*: 3.6Gb)과 미국삼(*P. quinquefolius*: 4.9Gb)의 유전체 크기의 차이는 대부분 *PgDel* LTR-RT(0.9Gb)의 급속한 증가에 의한 것임을 밝혔는데, 이는 미국삼이 약 백 만년 전 아시아 대륙에서 북미 대륙으로 이주하며 새로운 환경에 적응하는 과정에 일어난 유전체내 급격한 변화 때문일 것으로 추정하였다. 또한 *PgDel2* LTR-RT의 관찰을 통해 사배체 인삼속 식물의 한쪽 조상과 이배체 인삼속 식물의 공동조상이 매우 밀접한 관련이 있었을 것으로 추측하였다.

□ 본 연구는 서울대학교 식물생산과학부 양태진 교수 연구팀에 의해 진행되었으며 농촌진흥청 바이오그린21 사업 (분자유종사업단, 농생물게놈활용사업단)의 지원을 받아 진행되었다.

[붙임] 1. 연구결과 2. 용어설명 3. 그림설명
4. 연구진 이력사항

연구결과

Evolution of the Araliaceae family inferred from complete chloroplast genomes and 45S nrDNAs of 10 *Panax*-related species

Kyunghee Kim*, Van Binh Nguyen*, Jingzhou Dong, Ying Wang, Jee Young Park, Sang-Choon Lee and Tae-Jin Yang

(2017년 7월 7일, Scientific Reports 게재)

엽록체 유전체 및 핵 리보솜 유전자는 식물종 다양성 및 진화를 이해하기 위한 중요한 유전체서열정보를 담고 있다. 본 연구에서는 소규모의 NGS 데이터를 이용하여 동시에 10종의 완전한 인삼근연속 식물의 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자 서열을 완성하였다. 시간에 지남에 따라 변이가 축적되는 유전자의 성질을 바탕으로 각 인삼근연속 식물들의 계통 분석과 분화시기를 연구하였으며, 그 결과 인삼속(*Panax*)과 두릅나무속(*Aralia*) 식물들은 약 8.81백만 년 전에 오갈피나무속과 황칠나무속은 그보다 더 이른 10.59백만 년 전에 분화했을 것으로 추정하였다.

Rapid amplification of four retrotransposon families promoted speciation and genome size expansion in the genus *Panax*

Junki Lee, Nomar Espinosa Waminal, Hong-Il Choi, Sampath Perumal, Sang-Choon Lee, Van Binh Nguyen, Woojong Jang, Nam-Hoon Kim, Li-Zhi Gao and Tae-Jin Yang

(2017년 8월 22일, Scientific Reports 게재)

유전체 배가와 반복서열의 축적은 식물 유전체의 진화에 많은 영향을 주었다. 인삼속 식물들의 유전체 크기는 2.0Gb-4.9Gb로 그 차이가 매우 큰 편이다. 본 연구에서는 이러한 인삼속 식물의 유전체 중 39-50%가 오직 4개의 long terminal repeat retrotransposons(LTR-RTs)인 *PgDel*, *PgTat*, *PgAthila*, *PgTork*로 이루어져 있음을 발견하였다. 특히 같은 사배체 식물임에도 인삼(*P. ginseng*: 3.6Gb)과 미국삼(*P. quinquefolius*: 4.9Gb)의 유전체 크기의 차이는 대부분 *PgDel* LTR-RT(0.9Gb)로 인한 것이었으며 이는 미국삼이 약 백 만년 전 아시아 대륙에서 북미 대륙으로 이주하며 적응하는 과정에 새로운 환경에 적응하는 과정에 일어난 유전체내 급격한 변화 때문일 것으로 추정하였다. 또한 *PgDel2* LTR-RT의 관찰을 통해 사배체 인삼속 식물의 한쪽 조상과 이배체 인삼속 식물의 공동조상이 매우 밀접한 관련이 있었을 것으로 추측하였다.

용 어 설 명

※ 보도자료에 포함된 전문 용어에 대해 간단한 설명한다.

1. 엽록체 유전체(Chloroplast Genome)

- 엽록체 유전체는 세포질에 존재하며 광합성에 꼭 필요한 세포소기관인 엽록체내에 핵의 유전체 정보와 독립적으로 존재하는 유전체 정보로서 종에 따라 약간의 차이는 있지만 약 150,000개 내외의 원형 DNA로 구성되어 있다. 엽록체 유전체는 식물에 필수적이기 때문에 약 110개 정도의 유전자들이 서열 정보를 잘 보존하고 있어 식물의 진화기작을 구명하거나 종다양성 비교 연구에 핵심적으로 이용된다.

2. 핵 리보솜 유전자(nuclear Ribosome DNA)

- 단백질을 생합성하는 기관인 리보솜을 만드는 유전자로 동일한 유전자가 수백~수천개가 나란히 엽색체 특정 지역에 배열되어 있다. 이 유전자 또한 생명현상에 필수적인 단백질을 만드는 공장역할을 하므로 생물종에 있어 매우 잘 보존되어 있어 이 유전자의 intergenic spacer 1과 2 (ITS1&2)가 식물의 종 다양성 연구에 활용되고 있다. 엽록체는 세포질에 존재하며 대체로 모계유전을 하는 반면 리보솜 유전자는 핵에 존재하여 양친의 영향을 모두 받는 특징이 있다.

3. 반복서열(Repeat sequences)

- 반복 서열은 유전체 전반에 걸쳐 일정한 패턴의 서열들이 반복하여 존재하는 서열이다. 사람의 유전체에서도 2/3이상이 이 반복서열로 이루어져 있음이 보고되었을 정도로 많은 생물의 유전체에서 매우 큰 영역으로 존재하고 있다. 반복서열은 크게 두 종류로 분류할 수 있으며, 유전체 내에서 밀집하여 존재하는 Tandem Repeats과 유전체 내에서 흩어져서 존재하는 Dispersed repeats이 있다.

4. 차세대유전체분석기술(Next Generation Sequencing: NGS)

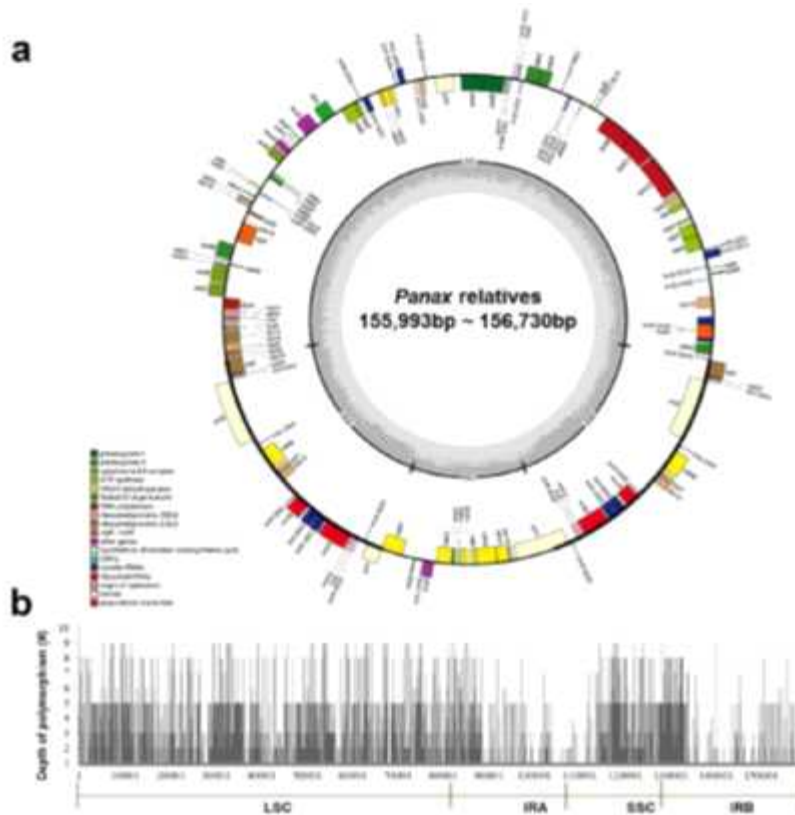
- 기존 Sanger 염기서열 분석 방식 대비, 더 짧은 시간에 더 적은 비용으로 더 많은 염기서열을 분석할 수 있는 기술로서, 2000년대 초반에 개발되었으며 현재 생명과학 분야 전반에서 유전체 연구에 이용되고 있다.

5. 인삼속(*Panax* genus)

- 두릅나무과(Araliaceae)에 속하는 다년생 식물로 아시아 지역 및 북미 지역에서 재배 및 자생하고 있다. 약용식물로서의 가치가 매우 높으며 음지에서 자라는 생육 특징을 가지고 있다.

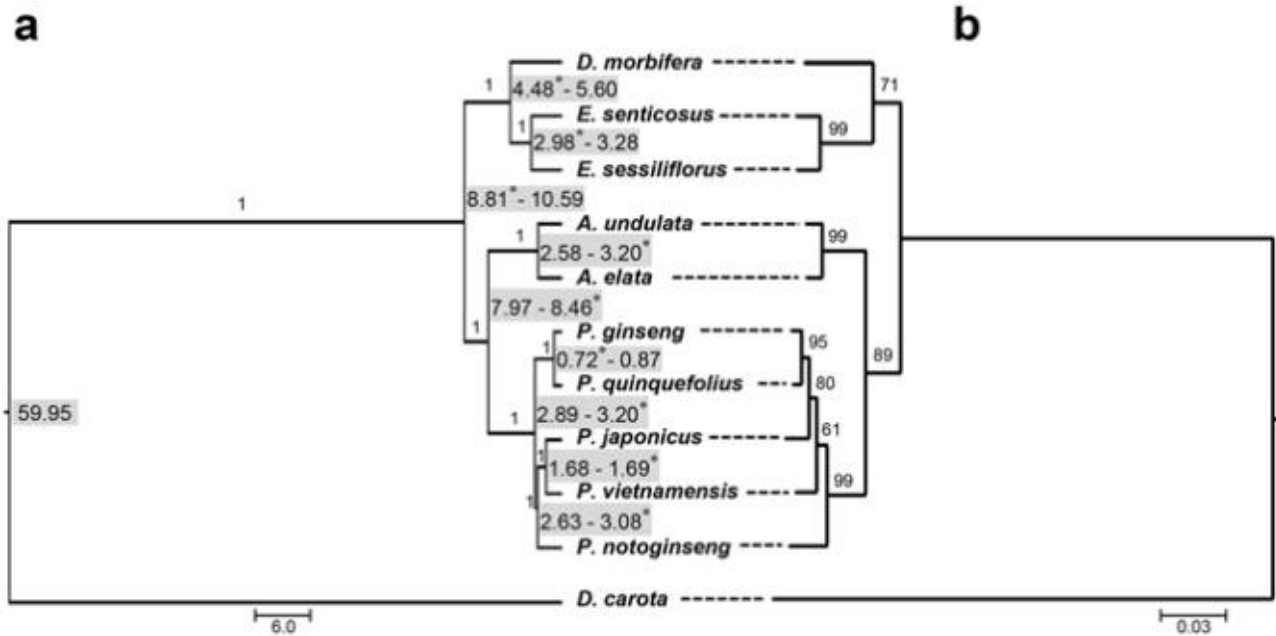
그림 설명

- 소규모 NGS 데이터를 이용하여 생성한 인삼근연속 식물의 엽록체 유전체 서열정보와 유전다양성 정보 (2017 7월, Scientific Reports 게재)



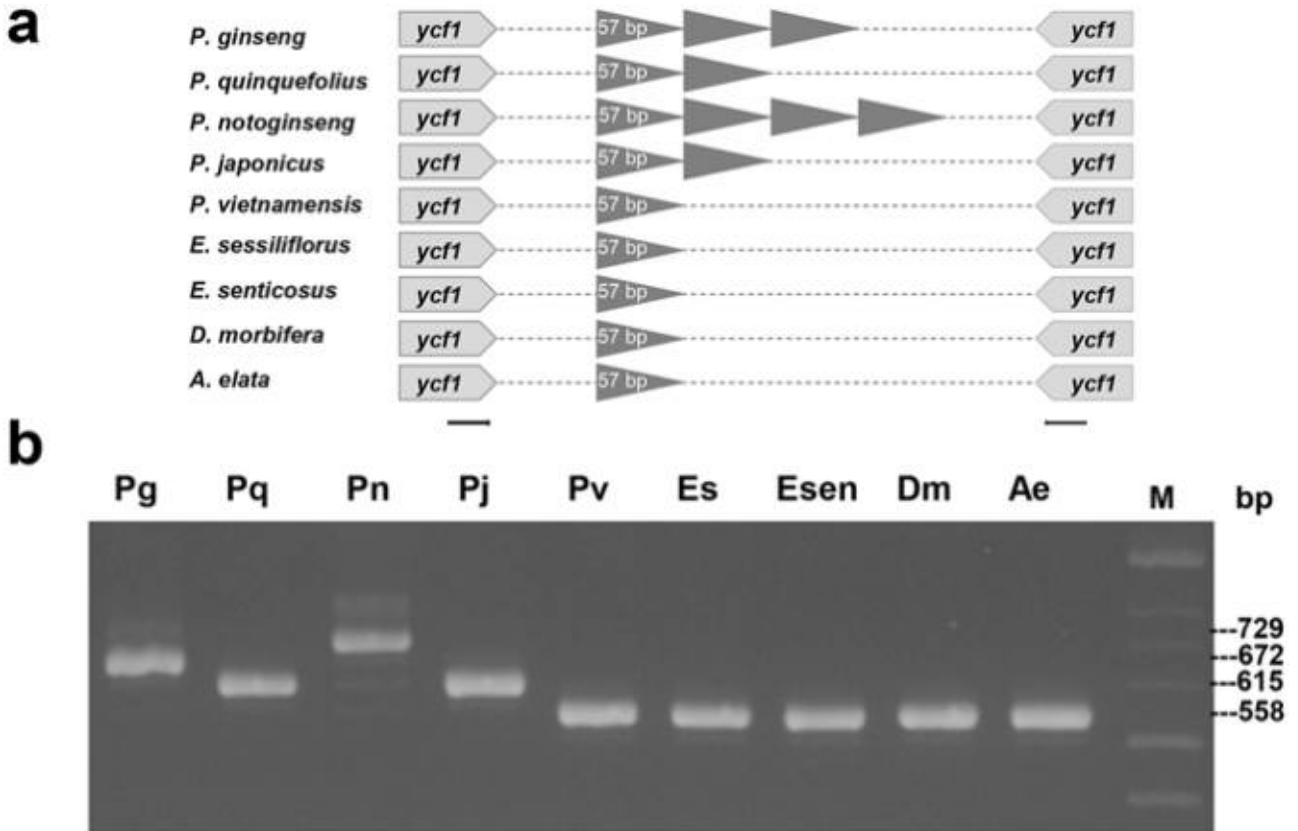
식물에서 가장 안정적이며 중요한 구조인 엽록체와 핵 리보솜 유전자를 인삼 근연속 식물 10종에 대해 세계 처음으로 완성하였다.

□ 소규모 NGS 데이터를 이용하여 생성한 인삼근연속 식물의 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자를 이용한 계통 분석 (2017 7월, Scientific Reports 게재)

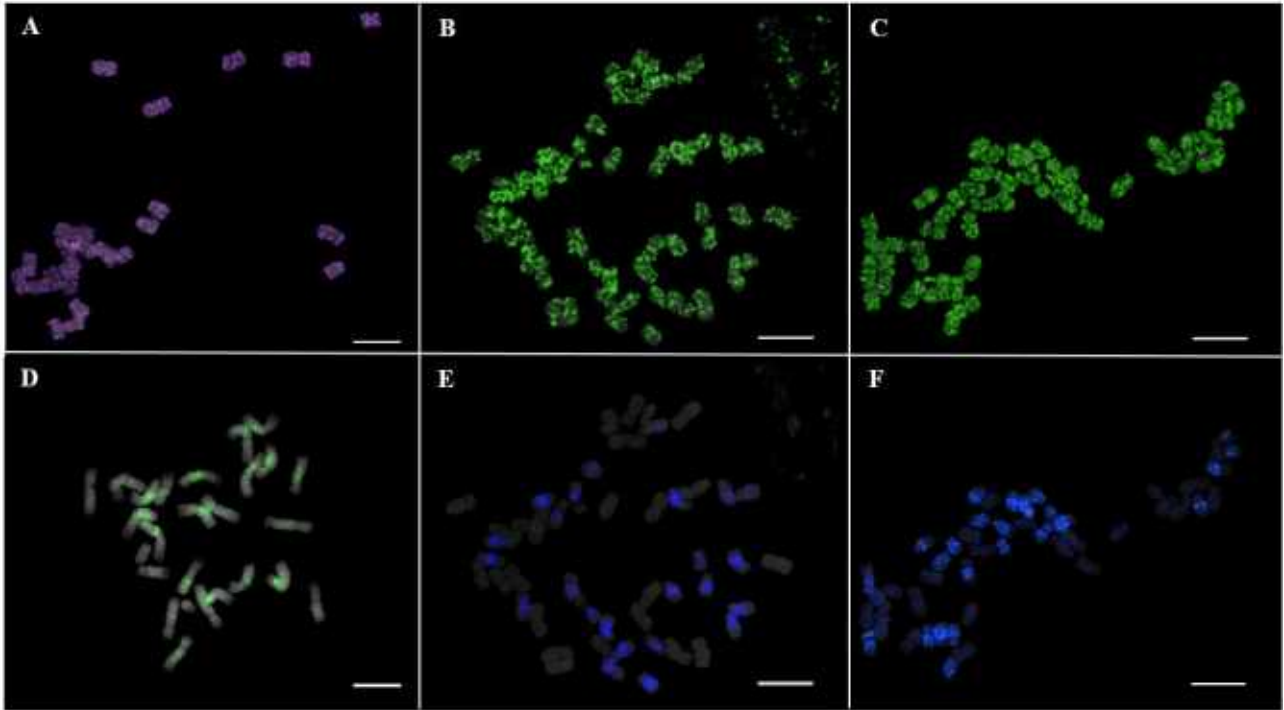


식물에서 가장 안정적이며 중요한 구조인 엽록체와 핵 리보솜 유전자를 이용하여 인삼근연속 식물들의 계통관계를 분석하고 각 종의 분화시기를 추정하였다 (단위: 백만년전).

□ 인삼근연속 엽록체 유전체내의 반복서열의 차이를 이용한 종간 구분 마커 개발 (2017 7월, Scientific Reports 게재)

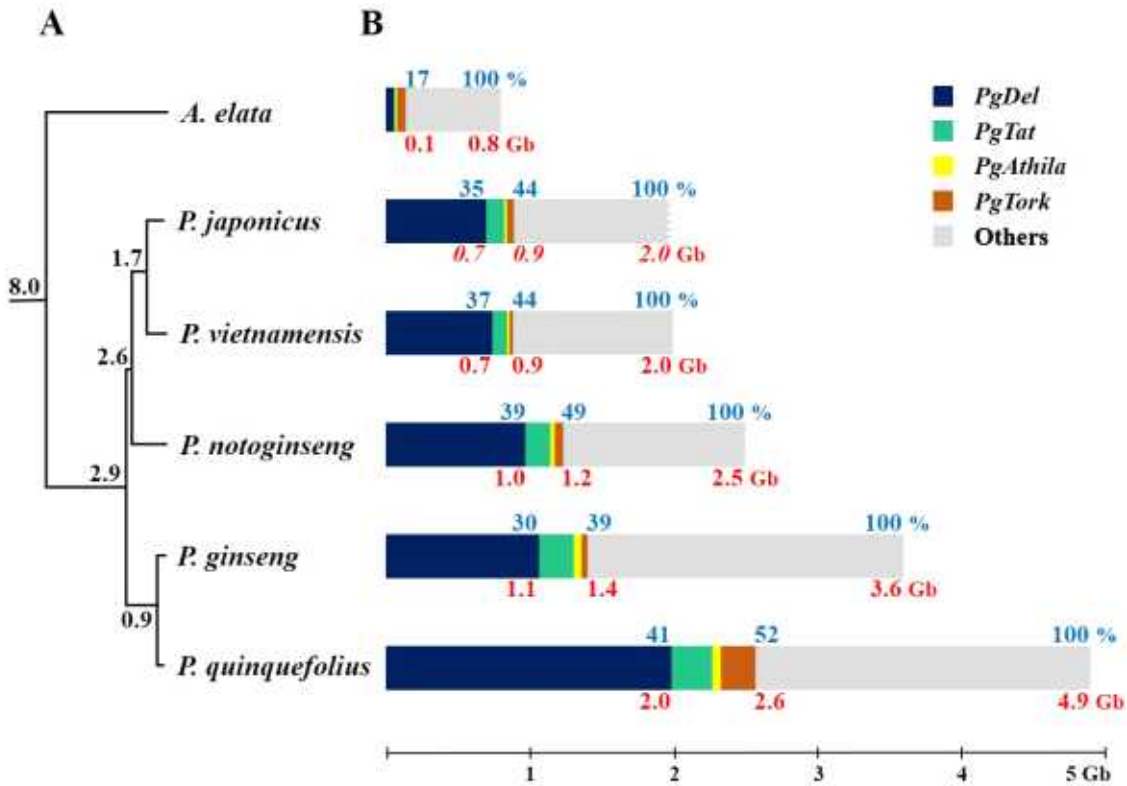


□ 주요반복 서열의 정보를 기반으로 수행한 인삼속 3종의 형광동소혼성화 (fluorescence in situ hybridization, FISH) 분석 (2017년 8월22일, Scientific Reports 게재 예정)



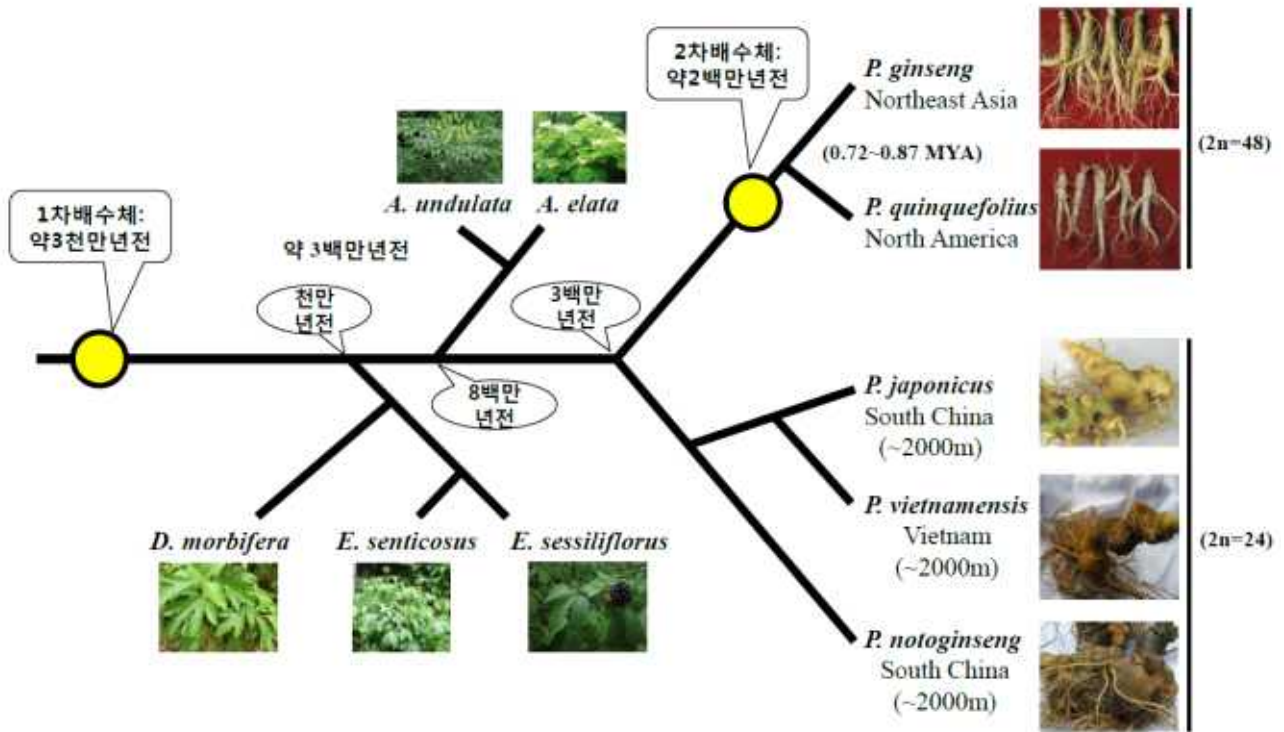
배수성과 무관하게 인삼속식물의 유전체에서 *PgDel1* LTR-RT가 우점하고 있으며(A, B, C), 이배체인 중국삼과 이질사배체인 인삼과 미국삼의 *PgDel2* LTR-RT의 불균형한 신호를 통해(D, E, F) 이배체의 공동조상과 이질사배체의 한 쪽 조상이 매우 밀접한 관련이 있었을 것을 추정하였다.

□ 인삼속식물 5종의 주요반복서열의 정량을 통한 비교 분석 (2017년 8월 22일, Scientific Reports 게재 예정)



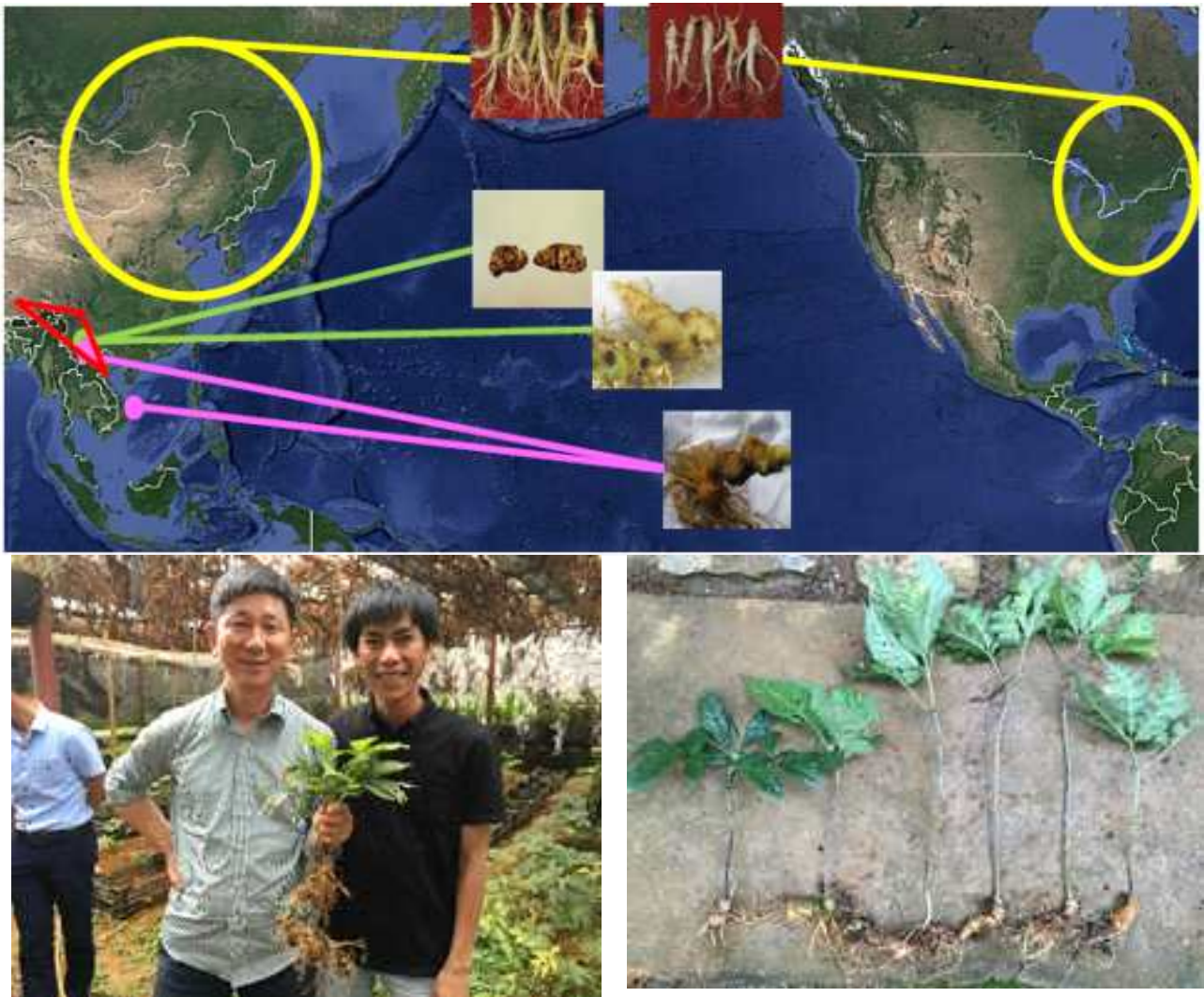
인삼속식물의 유전체 크기확장에 4개의 주요 반복서열이 전체 유전체 크기의 약 50% 정도를 점유하고 있으며 종의 분화와 유전체 크기변화에 매우 큰 영향을 주었음을 확인하였다.

□ 인삼속식물 진화 설명자료



인삼은 두릅나무과에 속한 식물인데, 약 천만년 전부터 황칠나무와 오가피나무가 인삼속 식물과 분화되었으며 이어 약 8백만년전에 두릅나무와도 분화되었고 약 3백만년 사이에 음지식물이며 초본식물인 다양한 인삼속 식물이 분화되었고 현재의 고려인삼은 약 2백만년 전에 배수체 현상을 통해 생성되었다고 추정된다.

□ 인삼속식물 진화 설명자료



전세계 인삼속 식물은 월동하지 못하는 이배체 인삼속 식물 10여 종이 중국 운남성 남쪽 지역의 따뜻한 지역 높은 고산지역 서늘한 기후에 서식하고 있다 (위의 붉은 삼각형). 아래 사진은 베트남 북부 사과 산악지역에 방문하여 위와 같이 다양한 인삼 야생종들의 잎시료를 베트남 과학기술부와 중국의 과학자 협조를 받고 이로부터 유전체 정보를 생산하여 연구를 진행하였다.

연구자 이력사항



1. 인적사항

- 소 속 : 서울대학교 식물생산과학부 교수
- 전 화 : 02-880-4547
- E-mail : tjyang@snu.ac.kr

2. 학력

- 1985 - 1989 서울대학교 학사
- 1992 - 1994 서울대학교 석사
- 1994 - 1997 서울대학교 박사

3. 경력사항

- 1996 - 2006 농촌진흥청 농업연구사
- 2000 - 2003 미국 아리조나 유전체 연구소 박사후 연구원
- 2006 - 현재 서울대학교 식물생산과학부 교수

4. 기타 정보

5. 연구팀 사진

