



서울대학교

연구처 연구지원과

보도자료

보도일시: 2014. 11. 20.(목) 조간부터 보도해주시기 바랍니다.

배 포 일	즉시	매 수	5매
담당과장	이 선 희	배포부서	기획처 홍보팀(880-9072)
자료문의	식물생산과학부 이석하 교수 (880-4545)		

농생대 이석하 교수 연구팀, 녹두 유전체 전체 염기서열 해독 'Nature Communications' 게재

서울대학교 농업생명과학대학 식물생산과학부 이석하 교수 연구팀이 녹두의 전체 유전체 염기서열을 해독한 논문이 Nature 자매지 Nature Communications에 2014년 11월 11일(화) 게재되었다. 녹두의 전체 유전체 염기서열을 해독한 것은 이번이 처음이다.

□ 연구진

이석하 교수

강양제 (박사후연구원) 등

국제반건조아열대작물연구소 (ICRISAT) : Rajeev Varshney

□ 내용 및 의의

차세대염기서열분석기를 이용하여 중요한 콩과작물로서 세계의 여러 나라에서 재배되고 있으며 숙주나물 원료로 이용되고 있는 선화녹두 (VC1973A)의 11개 염색체 전체의 염기서열을 해독하였다.

연구팀은 녹두 유전체에서 약 23,000개의 유전자를 구명하였으며 콩의 유전체와 비교 분석하여, 콩은 유전체중복이 2회에 걸쳐서 이루어졌으나, 녹두는 한번 밖에 일어나지 않아 유전체 크기가 콩의 절반임을 밝혔다. 연구결과는 우리나라 뿐만 아니라 동남아 개발도상국가 베트남, 캄보디아, 미얀마 등에서의 생산을 목적으로 하는 유전체기반 녹두 우량 다수성 신품종의 획기적인 개발을 유도할 수 있을 것으로 기대된다.

□ 연구진 소개

식물생산과학부 이석하 교수 및 작물유전체학연구실은 최근 차세대염기서열분석기를 활용한 콩과작물의 유전체 분석, 유용 유전자 발굴, 유전체 정보를 이용한 우수한 형질과 연관된 분자 마커 개발, 콩 신품종 개발에 연구 역량을 집중하였으며, 특히 야생콩 등을 포함한 주요 콩과작물의 전장 유전체정보를 해독 완료하였으며, 효율적 분자표지이용 선발기술과한 전통 육종기술을 접목시켜 다양한 부가가치 콩 종자 개발 및 생산을 위해 연구를 진행 중에 있다.

녹두유전체 분석은 이석하 교수 주도로 제1저자인 강양제 (식물생산과학부 박사후연구원), 공동교신저자인 Rajeev Varshney (ICRISAT), 공동저자인 Peerasak Srinives (Kasesart Univ.) Roland Schefiner (AVRDC) 등이 참여하였다.

□ 연구비 지원 프로그램

농촌진흥청 차세대 바이오그린 사업 (Next-Generation BioGreen 21) 차세대유전체연구사업단

□ 관련사진(연구책임자 및 연구관련 사진)



이석하

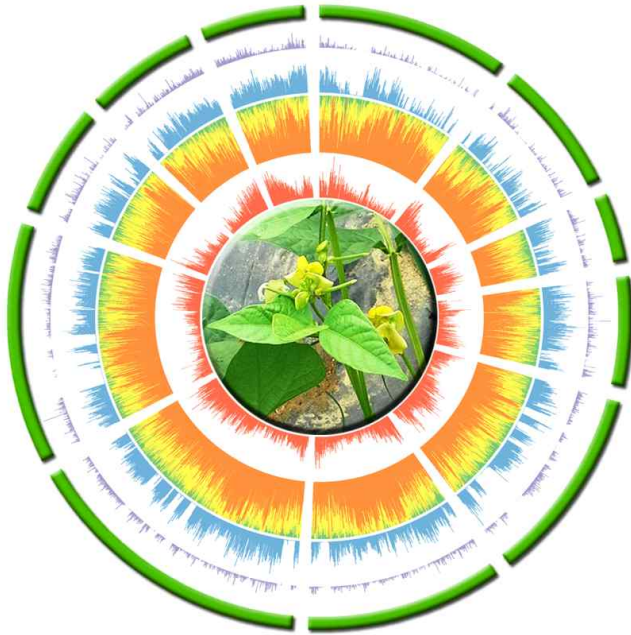


그림 1. 녹두의 유전체

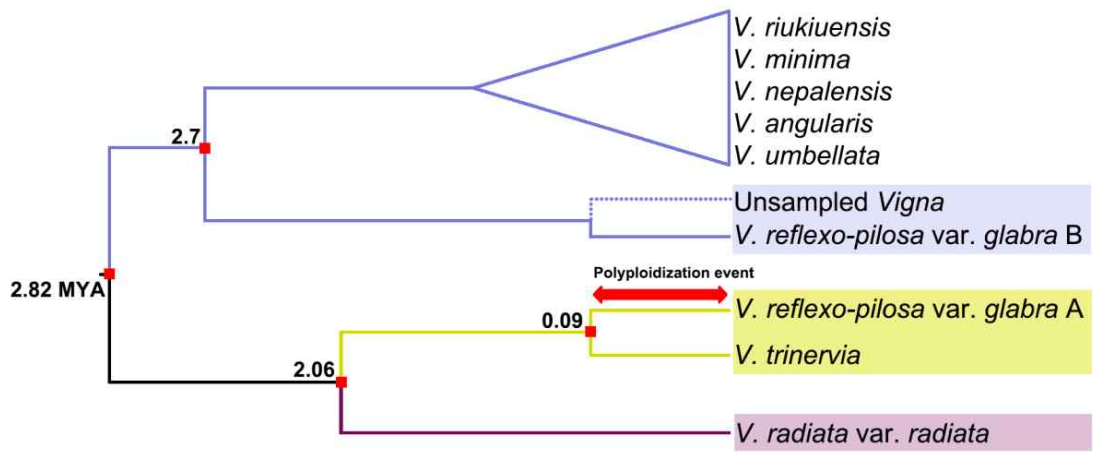


그림 2. Vigna 속의 진화

관련 자료

이석하 교수 연구팀, 녹두 유전체 전체 염기서열 세계 첫 해독

2014. 11. 18

서울대학교

Title: 녹두 유전체 전체 염기서열 세계 첫 해독

1. 연구배경 및 현황

이석하 서울대학교 농업생명과학대학 식물생산과학부 교수 연구팀이 녹두의 전체 유전체 염기서열을 해독한 논문이 Nature 자매지 Nature Communications에 실린다. 녹두의 전체 유전체 염기서열을 해독한 것은 이번이 처음이다.

2. 연구내용 및 결과

차세대염기서열분석기를 이용하여 중요한 콩과작물로서 세계의 여러 나라에서 재배되고 있으며 속주나물 원료로 이용되고 있는 선화녹두 (VC1973A)의 11개 염색체 전체의 염기서열을 해독하였다. 연구팀은 녹두 유전체에서 약 23,000개의 유전자를 구명하였으며 콩의 유전체와 비교 분석하여, 콩은 유전체 중복이 2회에 걸쳐서 이루어졌으나, 녹두는 한번 밖에 일어나지 않아 유전체 크기가 콩의 절반임을 밝혔다.

3. 연구성과 및 향후계획

녹두의 전체 유전체 염기서열은 우리나라 뿐 만 아니라 동남아 개발도상국가 베트남, 캄보디아, 미얀마 등에서의 생산을 목적으로 하는 유전체기반 녹두 우량 다수성 신품종의 획기적인 개발을 유도할 수 있을 것으로 기대된다.