



2015년 11월 27일(금) 조간부터 보도해주시기 바랍니다

문의 연락처(02-880-4547)

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

## 식물진화와 종다양성의 기원 규명에 필수적인 첨단 유전체 해독 기술 완성

- 벼 30종 유전체 해독을 통해 재배벼의 진화기원 규명하여 Nature  
자매지인 Scientific Reports에 게재 -

- 나고야의정서 대비 생물주권 확보 및 활용의 새로운 지평 열어 -

□ 식물 진화와 종 다양성 연구에 핵심 유전체 정보로 활용되는 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자를 동시에 매우 효율적으로 완성할 수 있는 방법을 개발하였다. 본 기술은 차세대유전체분석기술(Next Generation Sequencing: NGS)로 생산된 소규모 염기서열정보를 효율적으로 가공하여 유전체 정보를 완성하는 분석방법이며 기존의 방법에 비해 적은 비용으로 매우 빠르고 정확하게 완성할 수 있는 생물정보분석 기술이다.

○ NGS기술은 최근 유전체 분석에서 가장 중요한 수단이며 식물, 동물, 미생물 등의 연구에 매우 많이 활용되고 있다. 하지만 NGS로 생산된 데이터양은 많지만 작은 조각들로 이루어져 있기 때문에 작은 조각 정보들의 퍼즐 맞추기를 통해 완전한 유전체정보를 완성하는 기술은 매우 중요하다.

○ NGS기술을 이용하여 전체 유전체를 해독하는 게놈프로젝트는 많은 노력과 시간이 소요되는 일이지만 최근 우리나라 주도로 배추, 양배추, 고추, 녹두, 팥, 인삼 등이 완성되었거나 거의 완성 단계에 있다.

○ 본 기술은 소규모의 NGS 데이터를 생산하여 식물의 종 다양성 및 진화

연구에 가장 많이 활용되는 세포질의 엽록체 유전체(약 150,000개의 DNA로 구성)와 핵 리보솜 유전자(약 10,000개의 DNA로 구성)를 완벽하게 완성하는 새로운 방법이다. 이 방법은 소규모 NGS 데이터를 이용한 조립방법으로 de novo assembly of low coverage whole genome sequence (dnaLCW)로 간단히 요약되며 기존의 방법에 비해 저비용 고효율의 비약적인 새로운 방법을 제시하고 있다.

□ 본 기술은 서울대학교 식물생산과학부 양태진 교수 연구팀에 의해 개발되었으며 이를 이용하여 벼와 야생벼 30종의 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자 서열을 완성하였고, 그 결과는 Nature의 자매지인 Scientific Reports 온라인판에 게재되었다.

○ 이를 통해 아시아와 아프리카 재배종 벼의 기원을 명확히 밝혔다.

□ 본 기술을 이용하여 인삼 품종 11개의 엽록체 서열을 완성하고 인삼 품종 특이 바코딩 마커를 개발하였으며, 그 결과는 PLOS ONE에 게재되었다.

○ 이를 통해 우리나라의 우수 인삼 품종의 분자 육종을 가능케 하였으며, 국내 우수 인삼 종자의 해외 유출을 차단할 수 있는 기반을 마련하였다.

□ 본 기술을 이용하여 국립생물자원관과 식품의약품안전처 등의 지원을 받아 최근 건강기능식품으로 사회 이슈화되었던 백수오와 이엽우피소뿐 아니라 산초와 초피, 오가피, 방풍, 식방풍, 해방풍 등 100여 종 이상의 식물종에 대한 엽록체 유전체 정보를 세계 최초로 완성하여 우리나라 고유 자원의 생물 주권 확보는 물론 생약자원의 기원 판별을 위해 최근 5개월 사이에 약 15편의 SCI 논문을 게재하였다.

□ 최근 나고야의정서의 국제적 발효와 더불어 자원주권의 중요성이

부각되고 있다. 본 기술은 우리나라 생물자원의 주권확보 및 효율적인 관리와 활용, 종자주권 확보 등에 비약적인 도움을 줄 것이다.

- 최근 나고야의정서의 국제적 발효 등과 더불어 생물자원의 중요성 및 생물주권의 확보 노력 등이 매우 절실하게 필요한 상황이 되었다. 본 기술은 한반도에 분포하고 있는 다양한 생물자원의 효율적인 관리 및 활용체계 기반 마련에 획기적인 기여를 하리라 기대된다.
- 본 연구는 농촌진흥청의 차세대바이오그린21사업과 국립생물자원관의 주요생물자원의 유전자분석연구사업의 지원을 통해 이루어졌다.
- 본 기술은 서울대학교 식물생산과학부 양태진 교수 연구팀에 의해 개발되었으며 (주)파이젠에 기술이전되어 상용화 서비스되고 있어 국내 다양한 연구진이 활용할 수 있는 기반을 마련하였다.

□ 양태진 교수는 “미래는 자원의 중요성이 부각되는 시대이므로 본 연구에서 완성된 dnaLCW기술은 우리나라의 유전체분석기술이 세계로 뻗어나가는 계기가 될 뿐 아니라 자원식물의 중요성과 주권을 확보하는 것 뿐 아니라 종자주권과 국제경쟁력 확보 등의 응용연구분야에서 우리나라가 세계적으로 앞서는데 기여할 것” 이라고 말했다.

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

## 연구결과

### Complete chloroplast and ribosomal sequences for 30 accessions elucidate evolution of *Oryza* AA genome species

Kyunghee Kim\*, Sang-Choon Lee\*, Junki Lee\*, Yeisoo Yu\*, Kiwoung Yang, Beom-Soon Choi, Hee-Jong Koh, Nomar Espinosa Waminal, Hong-Il Choi, Nam-Hoon Kim, Woojong Jang, Hyun-Seung Park, Jonghoon Lee, Hyun Oh Lee, Ho Jun Joh, Hyeon Ju Lee, Jee Young Park, Sampath Perumal, Murukarthick Jayakodi, Yun Sun Lee, Backki Kim, Dario Copetti, Soonok Kim, Sunggil Kim, Ki-Byung Lim, Young-Dong Kim, Jungho Lee, Kwang-Su Cho, Beom-Seok Park, Rod A. Wing, and Tae-Jin Yang

(2015년 10월 28일, Scientific Reports 게재)

엽록체 유전체 및 핵 리보솜 유전자는 식물종 다양성 및 진화를 이해하기 위한 중요한 서열정보를 담고 있다. 본 연구에서는 소규모의 NGS 데이터를 이용하여 동시에 완전한 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자 서열을 완성하는 고효율의 방법을 개발하였다. 이 방법을 벼속 30여종에 적용하고 비교유전체 연구를 수행함으로써, 벼 AA 유전체 종내 유연관계를 확인하였고 재배벼 진화기원을 유추하였다.

### 본 논문에 소개된 기술을 이용하여 최근 5개월 사이 게재된 SCI 논문

1. Lee JH, Kim K, Kim NR, Lee SC, Yang TJ, Kim YD. **The complete chloroplast genome of a medicinal plant *Epimedium koreanum* Nakai (Berberidaceae).** Mitochondria DNA, 2015 Oct 14; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1089492.
2. Kim NR, Kim K, Lee SC, Lee JH, Cho SH, Yu Y, Kim YD, Yang TJ. **The complete chloroplast genomes of two *Wisteria* species, *W. floribunda* and *W. sinensis* (Fabaceae).** Mitochondria DNA, 2015 Oct 14; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1089497.
3. Nah G, Im JH, Kim JW, Kim K, Lim J, Choi AY, Choi IY, Yang TJ, Park TS, Lee D, Kim DS. **The**

- complete chloroplast genomes of three Korean *Echinochloa crus-galli* accessions. Mitochondrial DNA, 2015 Oct 14; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1089499.
4. KKim K, Hwang YJ, Lee SC, Yang TJ, Lim KB. The complete chloroplast genome sequence of *Lilium hansonii* Leichtlin ex D.D.T.Moore. Mitochondria DNA, 2015 Sep 24; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1079852.
  5. Lee SC, Oh Lee H, Kim K, Kim S, Yang TJ. The complete chloroplast genome sequence of medicinal plant *Glehnia littoralis* F. Schmidt ex Miq. (Apiaceae). Mitochondria DNA, 2015 Sep 14; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1079850.
  6. Park HS, Kim KY, Kim K, Lee SC, Lee J, Seong RS, Shim YH, Sung SH, Yang TJ. The complete chloroplast genome sequence of an important medicinal plant *Cynanchum wilfordii* (Maxim.) Hemsl (Asclepiadoideae). Mitochondria DNA, 2015 Sep 10; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1079887.
  7. Kim K, Lee J, Lee SC, Kim NH, Jang W, Kim S, Sung S, Lee J, Yang TJ. The complete chloroplast genome of *Eleutherococcus gracilistylus* (W.W.Sm.) S.Y.Hu (Araliaceae). Mitochondria DNA, 2015 Sep 10; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1079884.
  8. Lee J, Lee HJ, Kim K, Lee SC, Sung SH, Yang TJ. The complete chloroplast genome sequence of *Zanthoxylum piperitum*. Mitochondria DNA, 2015 Aug 11; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1074201.
  9. Sanderson MJ, Copetti D, Búrquez A, Bustamante E, Charboneau JL, Eguiarte LE, Kumar S, Lee HO, Lee J, McMahon M, Steele K, Wing R, Yang TJ, Zwickl D, Wojciechowski MF. Exceptional reduction of the plastid genome of saguaro cactus (*Carnegiea gigantea*): Loss of the *ndh* gene suite and inverted repeat. American J. of Botany, 2015 Jul; 102:1115-1127.
  10. Lee HO, Kim K, Lee SC, Lee J, Lee J, Kim S, Yang TJ. The complete chloroplast genome sequence of *Ledebouriella seseloides* (Hoffm.) H. Wolff. Mitochondria DNA, 2015 Jul 28; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1066366.
  11. Kim K, Lee SC, Lee J, Kim NH, Jang W, Yang TJ. The complete chloroplast genome sequence of *Panax quinquefolius* (L.). Mitochondria DNA, 2015 Jul 10; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1063121.
  12. Kim K, Lee SC, Yang TJ. The complete chloroplast genome sequence of *Dendropanax morbifera* (Léveillé). Mitochondrial DNA. 2015 Jul 8; Early Online: 1-2. DOI: 10.3109/19401736.2015.1060442.
  13. Kim S, Park JY, Yang TJ. Comparative analysis of complete chloroplast genome sequences of a normal male-fertile cytoplasm and two different cytoplasms conferring cytoplasmic male sterility in onion (*Allium cepa* L.). The Journal of Horticultural Science & Biotechnology, 2015; 90(4):459-468.
  14. Kim K, Lee SC, Lee J, Lee HO, Joh HJ, Kim NH, Park HS, Yang TJ. Comprehensive survey of genetic diversity in chloroplast genomes and 45S nrDNAs within *Panax ginseng* species. PLoS ONE, 2015 Jun 10; 10(6):e0117159.
  15. Cho KS, Yun BK, Yoon YH, Hong SY, Mekapogu M, Kim KH, Yang TJ. Complete chloroplast genome sequence of tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum*) and comparative analysis with common buckwheat (*F. esculentum*). PLoS ONE, 2015 May 12; 10(5):e0125332.

# 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.

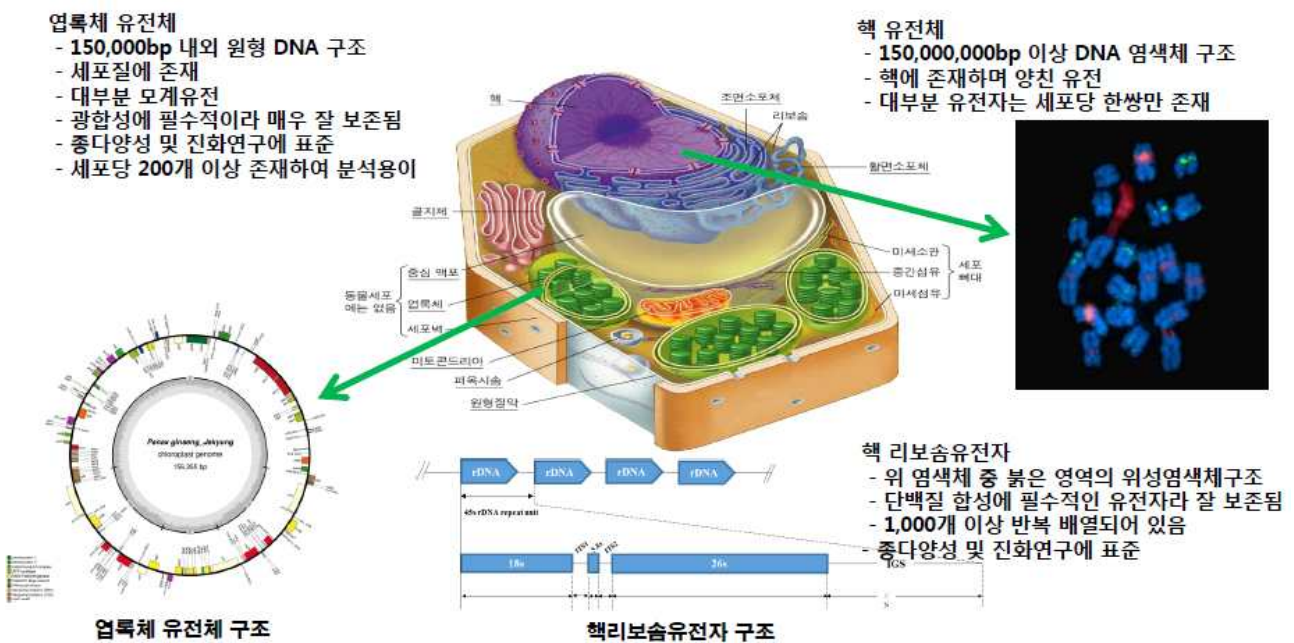
## 3. 차세대유전체분석기술(Next Generation Sequencing: NGS)

- 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.

# 그림 설명

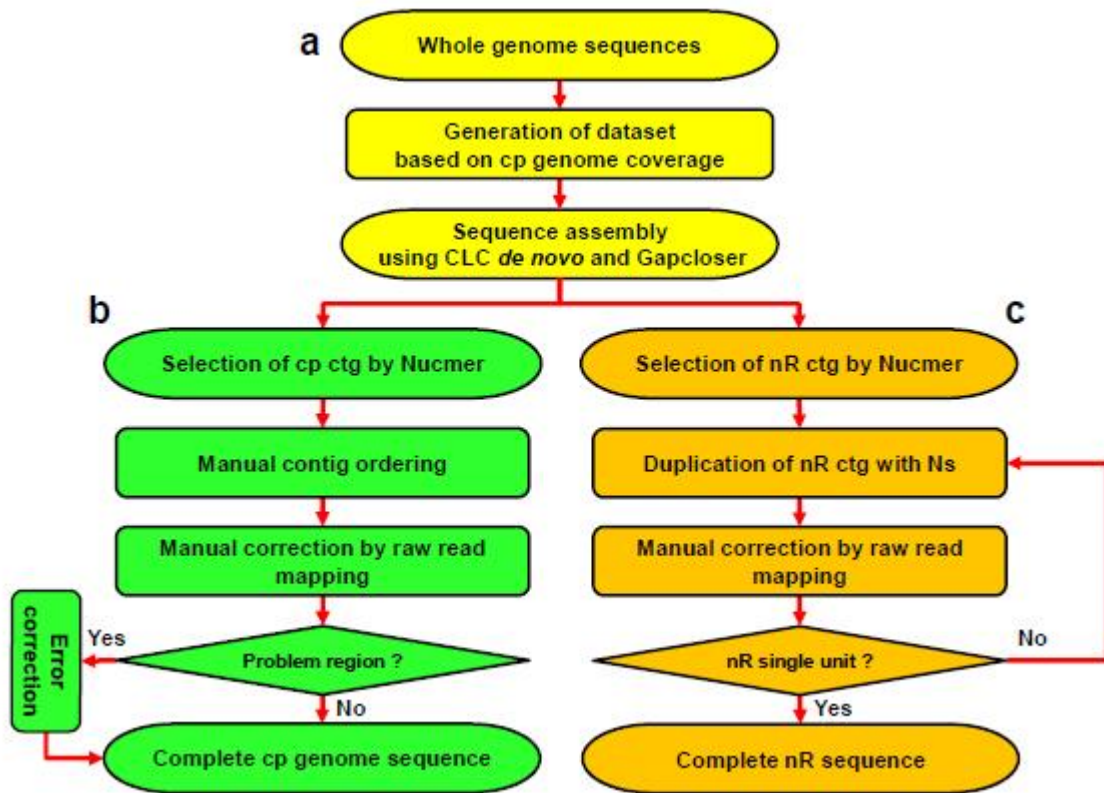
□ 소규모 NGS 데이터를 이용한 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자를 해독 기술 모식도

## 식물의 핵, 엽록체, 리보솜 DNA 유전체 정보와 이용



유전체의 대부분을 차지하는 핵유전체는 크기가 크고 대부분 한쌍의 유전자와 반복서열로 구성되어 있어 핵유전체 전체를 완성하기는 매우 많은 노력과 시간이 소요된다. 하지만 식물에서 가장 안정적이며 중요한 구조인 엽록체와 핵 리보솜 유전자는 세포내 수백개 이상 존재하기 때문에 이 특성을 이용하여 소규모 NGS 데이터를 이용하여도 엽록체와 핵 리보솜 유전자의 유전체 서열을 완성할 수 있으며 이 정보는 생물주권확보 및 종다양성과 진화연구에 매우 필수적인 정보를 제공한다.

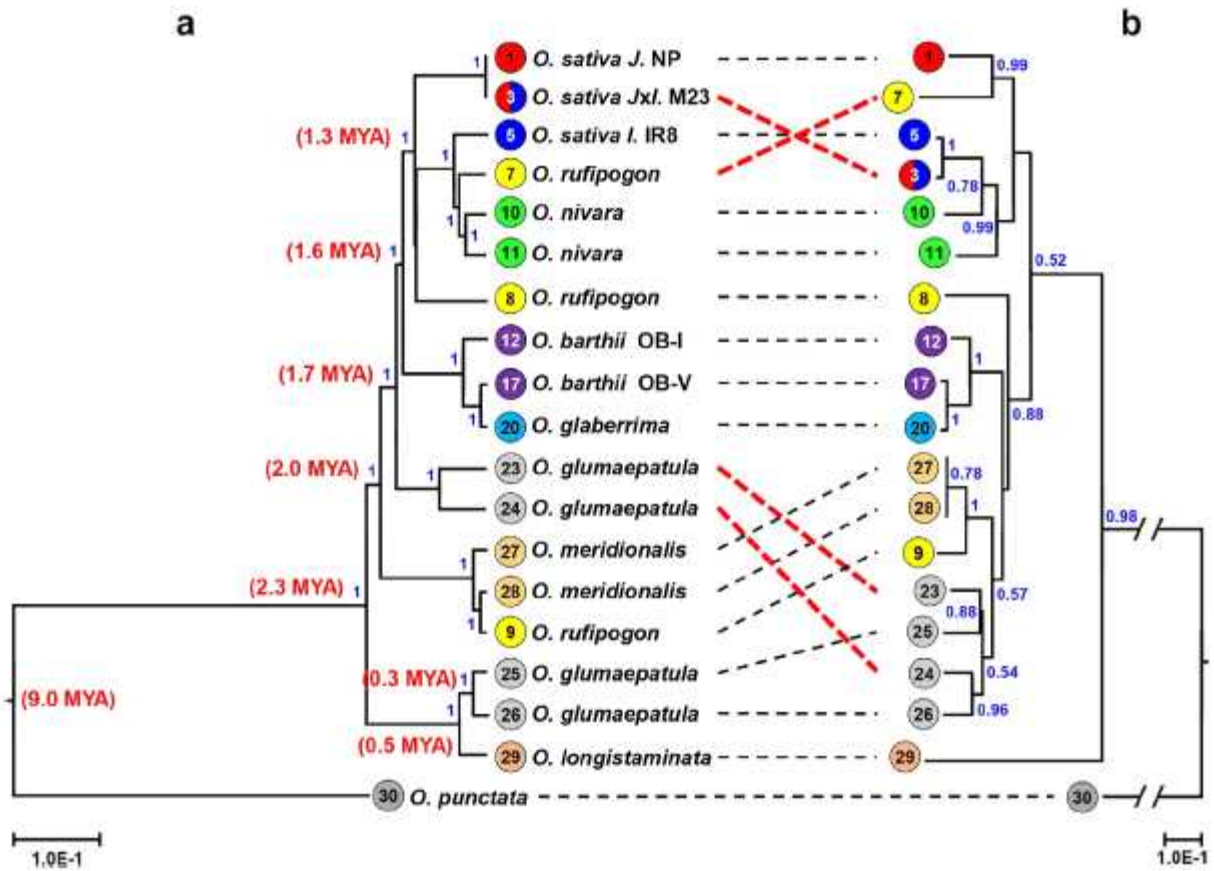
□ 소규모 NGS 데이터를 이용한 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자를 해독 기술 모식도



소규모 NGS 데이터(a)는 두가지 독립된 조립 단계를 거쳐서 완전한 엽록체 유전체(b)와 핵 리보솜 유전자 서열(c) 해독에 이르게 된다.

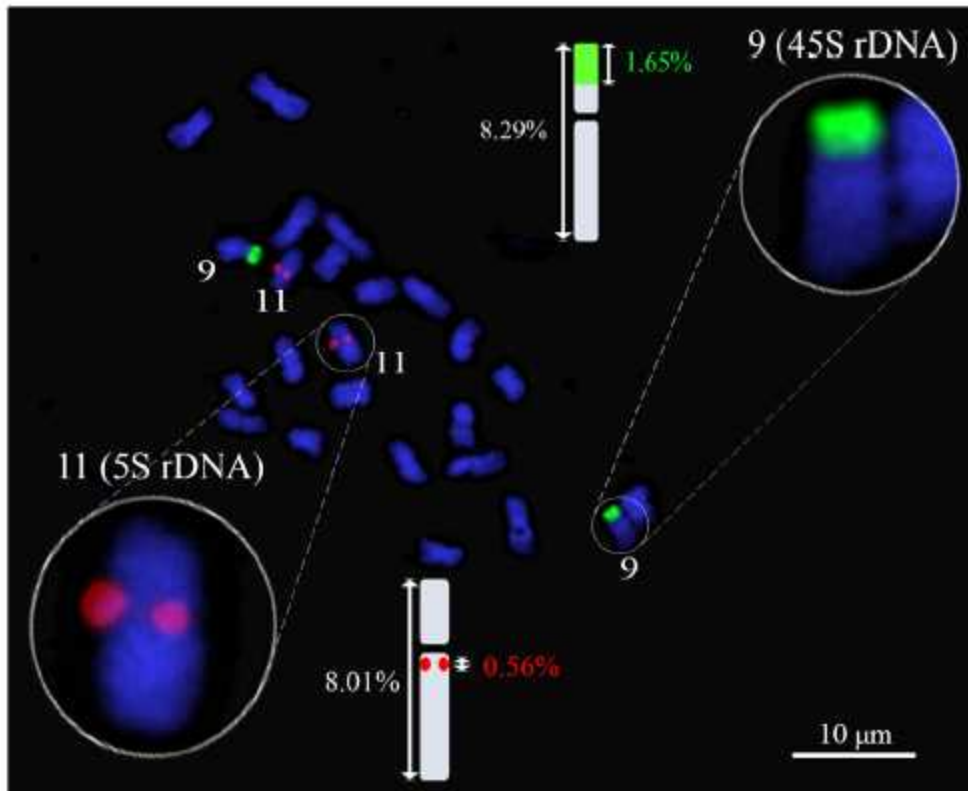


□ 엽록체 유전체와 핵 리보솜 유전자 서열의 완성 및 이를 통해 유추되는 재배벼 진화기작 (2015년 10월 28일, Scientific Reports 게재)



재배벼와 야생벼의 엽록체 유전체(a)와 핵 리보솜 유전자 서열(b)를 완성하고 비교함으로써, 아시아 재배벼(*Oryza sativa* ssp. *japonica*, *indica*)와 아프리카 재배벼(*Oryza glaberrima*)의 야생벼와의 유연관계를 파악하고 재배벼의 진화를 유추할 수 있게 되었다.

□ 벼 염색체와 핵 리보솜 유전자 위치와 양 (2015년 10월 28일, Scientific Reports 게재)





## 연구자 이력사항 - 양태진 교수

### 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

