



2022. 1. 10.(월)/즉시

연구책임자 농업생명과학대학 양태진 교수 (02-880-4557) / 교신저자
연구진 이세현 연구원 (02-880-45571) / 제1저자

**- 한국 토종 식물 백수오의 유전체 구조 및 다양성에 대한
연구 결과 국제학술지에 게재 -**

□ <주제문>

백수오는 한국 토종 식물로 전국의 산야에 분포하며 농민들은 수십년 전부터 야생 백수오를 수집하여 밭에서 재배 생산하고 있다. 갱년기 증상 완화, 항염, 항산화 등 다양한 약리적인 효능을 가지고 있어 한약재 및 건강기능성식품의 원료로 널리 사용되고 있다. 하지만, 같은 백수오라 하더라도 형태적, 기능적, 농업생산적 측면에서 매우 다양하기 때문에, 우수한 백수오 품종의 개발 및 이를 이용한 맞춤형 제품의 개발 등에 대한 수요가 증가하고 있다.

서울대학교 농업생명과학대학 농림생물자원학부 양태진 교수팀(BK21 농림생물자원창의인재양성사업단장) 은 우리나라 전국 각지에서 재배되고 있는 백수오 유전자원들을 대상으로 백수오의 유전체 구조 특징 및 유전적 다양성에 대한 연구를 수행하였으며, 이에 대한 내용을 2022년 1월 3일(월)자로 국제 학술지 BioMed Central plant biology에 게재했다.

□ <주요내용>

- 백수오는 박주가리아과 백미꽃속에 속하는 한반도 기원 식물로, 여성 갱년기 증상 완화에 뛰어난 효과가 있는 것으로 알려져 백수오를 소재로 한 여성 갱년기제품의 생산과 판매가 2015년까지 크게 증가했을 뿐 아니라 나고야 의정서에 부응하는 가장 모범적인 사례로 평가되었다.

- 그러나 2015년 무혐의로 종결된 가짜 백수오 사건 때문에 백수오 산업은 크게 위축되었으나, 최근 서서히 재성장하고 있다. 가짜 백수오로 알려진 이엽우피소는 백수오와 가까운 근연식물로, 중국에서 백수오(白首乌: Baishouwu)라고 불리며, 식품과 약재로 이용되고 있는 식물이다. 이엽우피소는 한국에 약 30년 전에 도입되어 농민들에 의해 재배되어 왔지만, 가짜 백수오 사건으로 인해 국내에서는 한 때 독초로 잘못 인식되기도 하였다.
- 우리 연구진은 2020년 연구논문에서 백수오와 이엽우피소 두 식물은 유전적으로 가장 가까운 식물이라 형태적, 유전적 특성이 구분하기 모호한 특성을 가지고 있어 유전자검사법 1-2개만을 적용할 경우 위양성이나 위음성과 같은 종판별 오류를 초래할 수 있음을 밝힌 바 있다. 이번 연구에서는 이러한 원인이 한반도가 고향인 백수오의 풍부한 유전적 다양성 때문으로 추정하고 전국에서 수집된 백수오의 유전체의 구조적 특징과 유전적 다양성을 밝히고자 하였다.
- 이세현 박사과정 학생 및 연구진은 전국에서 수집된 백수오를 대상으로 차세대 염기서열 분석 방법을 사용하여 엽록체 유전체들을 완성하고, 유전변이를 찾아낸 뒤 다양한 유전자검사법을 개발하여 백수오 집단 내 유전적 다양성을 분석하였다. 그 결과, 엽록체 유전체에서 많은 변이들이 관찰되었으며, 핵 유전체는 더욱 다양하고 높은 이형접합도를 보였다. 이는 백수오가 한반도를 기원으로 하는 토종 자원이며, 앞으로 분자유종 기술을 적용하여 우수한 품종을 개발할 수 있음을 시사한다.
- 본 연구에서는 세계 최초로 백수오의 염색체 형태와 구조, 계놈의 크기 정보 등 백수오 유전체 연구에 필수적인 기초 정보를 제공하고 있으며, 향후 이를 바탕으로 백수오 뿐 아니라 근연 식물인 이엽우피소 및 박주가리의 전체 유전체를 완성하고 백수오의 육종 및 관련 분야 연구를 위한 기반 데이터를 마련하고자 한다.
- 백수오의 형태 분석에서도 백수오는 잎과 뿌리 모두 몹시 다양했으며, 농업적 및 생리활성 기능면에서 매우 다양하며 우수한 특성을 가지고 있는 자원들을 발굴하였다. 한국의 토종 자원인 백수오가 형태적, 유전적으로 다양한 만큼, 육종 소재로서의 높은 잠재성과 우수성을 가진 것으로 평가되며 더욱 우수한 바이오제품 소재로서의 가치를 증진시키기를 기대한다.

□ <마무리>

- 본 연구는 우수한 백수오 품종 육성과 맞춤형 바이오제품개발 및 산업에 유용한 정보를 제공할 것이다.
- 본 연구실은 인삼의 유전체를 세계 최초로 완성하였고 인삼의 유전자칩을 실용화하여 인삼의 분자유종 기술을 실제 적용하고자 하고 있다. 이러한 경험을 바탕으로 한국 고유 식물인 백수오의 유전체 연구, 다양한 자원 수집, 분자유종기술을 접목한 우수 품종 육종 연구를 병행하고 있다. 이는 한반도 고유 자원식물의 체계적인 연구를 위한 모델로서의 역할 뿐 아니라 우리나라 생물자원의 주권 확보 및 그린바이오산업의 성장을 위한 기반 연구로서 기능할 것이다.
- 본 연구는 서울대학교 농림생물자원학부 양태진 교수 연구팀에 의해 진행되었으며, 개인기초연구사업(한국연구재단)의 지원을 받아 수행되었다.

[붙임] 1. 연구결과 2. 용어설명 3. 그림설명

RESEARCH

Open Access



Genome structure and diversity among *Cynanchum wilfordii* accessions

Sae Hyun Lee¹, Jiseok Kim¹, Hyun-Seung Park¹, HyunJin Koo¹, Nomar Espinosa Waminal², Remnyl Joyce Pellerin², Hyeonah Shim¹, Hyun-Oh Lee³, Eunbi Kim¹, Jee Young Park¹, Hong Seob Yu¹, Hyun Hee Kim², Jeonghoon Lee⁴ and Tae-Jin Yang^{1*}

Abstract

Background: *Cynanchum wilfordii* (Cw) and *Cynanchum auriculatum* (Ca) have long been used in traditional medicine and as functional food in Korea and China, respectively. They have diverse medicinal functions, and many studies have been conducted, including pharmaceutical efficiency and metabolites. Especially, Cw is regarded as the most famous medicinal herb in Korea due to its menopausal symptoms relieving effect. Despite the high demand for Cw in the market, both species are cultivated using wild resources with rare genomic information.

Results: We collected 160 Cw germplasm from local areas of Korea and analyzed their morphological diversity. Five Cw and one Ca of them, which were morphologically diverse, were sequenced, and nuclear ribosomal DNA (nrDNA) and complete plastid genome (plastome) sequences were assembled and annotated. We investigated the genomic characteristics of Cw as well as the genetic diversity of plastomes and nrDNA of Cw and Ca. The Cw haploid nuclear genome was approximately 178 Mbp. Karyotyping revealed the juxtaposition of 45S and 5S nrDNA on one of 11 chromosomes. Plastome sequences revealed 1226 interspecies polymorphisms and 11 Cw intraspecies polymorphisms. The 160 Cw accessions were grouped into 21 haplotypes based on seven plastome markers and into 108 haplotypes based on seven nuclear markers. Nuclear genotypes did not coincide with plastome haplotypes that reflect the frequent natural outcrossing events.

Conclusions: Cw germplasm had a huge morphological diversity, and their wide range of genetic diversity was revealed through the investigation with 14 molecular markers. The morphological and genomic diversity, chromosome structure, and genome size provide fundamental genomic information for breeding of undomesticated Cw plants.

Keywords: *Cynanchum wilfordii*, *C. Auriculatum*, Diversity, Karyotype, Genome size

Background

Cynanchum wilfordii (Cw) and *Cynanchum auriculatum* (Ca) are perennial plants with climbing vines and tuberous roots that are used in traditional medicine in Korea and China, respectively. The dried roots of Cw and Ca are

called “Baeksuo” and “Bai shou wu” in Korea and China, respectively, and are known to be high in nutrients, to have detoxifying effects, and to promote digestion. Scientific investigations have revealed various medicinal effects of Cw and Ca, particularly anti-inflammatory, antineoplastic, and anti-oxidative effects, reduction of depression, and relief of menopausal symptoms [28].

Cw and Ca are closely related species with similar medicinal effects. Cw is one of the best-known herbal plants used as a functional food in South Korea, and its cultivation area increased sharply from 2013 to 2016

*Correspondence: tjyang@snua.ac.kr

¹ Department of Agriculture, Forestry and Bioresources, Plant Genomics & Breeding Institute, College of Agriculture & Life Sciences, Seoul National University, 1 Gwanak-ro, Gwanak-gu, Seoul 08826, Republic of Korea
 Full list of author information is available at the end of the article



© The Author(s) 2021. **Open Access** This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons licence, and indicate if changes were made. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons licence, unless indicated otherwise in a credit line to the material. If material is not included in the article's Creative Commons licence and your intended use is not permitted by statutory regulation or exceeds the permitted use, you will need to obtain permission directly from the copyright holder. To view a copy of this licence, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>. The Creative Commons Public Domain Dedication waiver (<http://creativecommons.org/publicdomain/zero/1.0/>) applies to the data made available in this article, unless otherwise stated in a credit line to the data.

<https://bmcplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-021-03390-y>

Genome structure and diversity among *Cynanchum wilfordii* accessions

(백수오 수집자원들의 게놈 구조와 다양성)

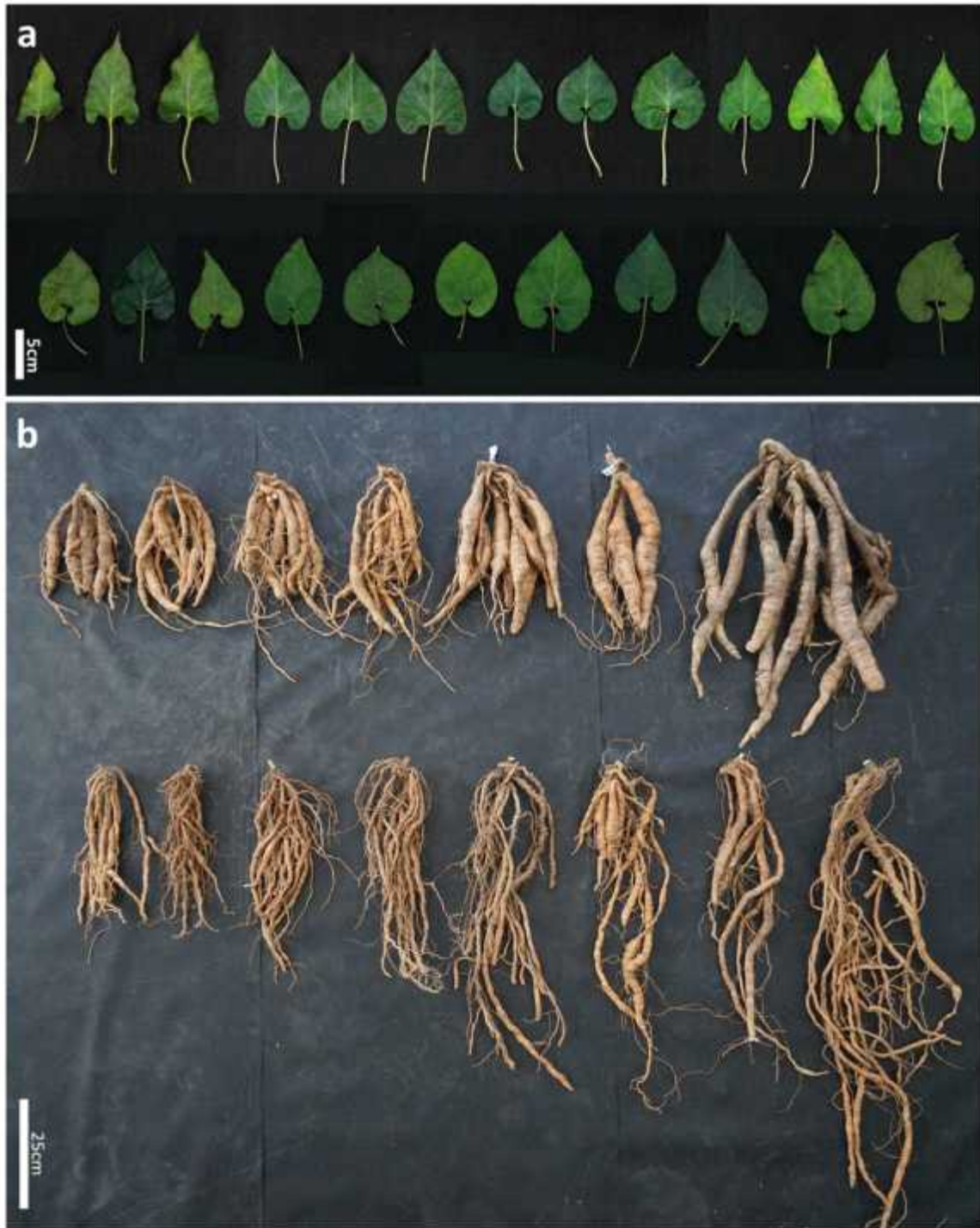
본 연구는 백수오와 이엽우피소의 엽록체 유전체에 대한 비교유전체 연구와, 백수오의 엽색체 구조를 밝히고 백수오 자원의 형태적 유전다양성을 규명하고 향후 분자유종기술을 접목한 우수 품종개발의 기초를 제시하고자 하였다. 차세대 염기서열 분석 기술, 핵형분석, 형태적 분석 등을 통해 백수오의 기초적인 게놈의 구조, 형태적 다양성에 대해 밝혔으며, 국내에서 재배되고 있는 백수오들이 유전적으로 몹시 다양하며, 육종 소재로서 높은 가치를 가지고 있음을 주장했다.

용 어 설 명

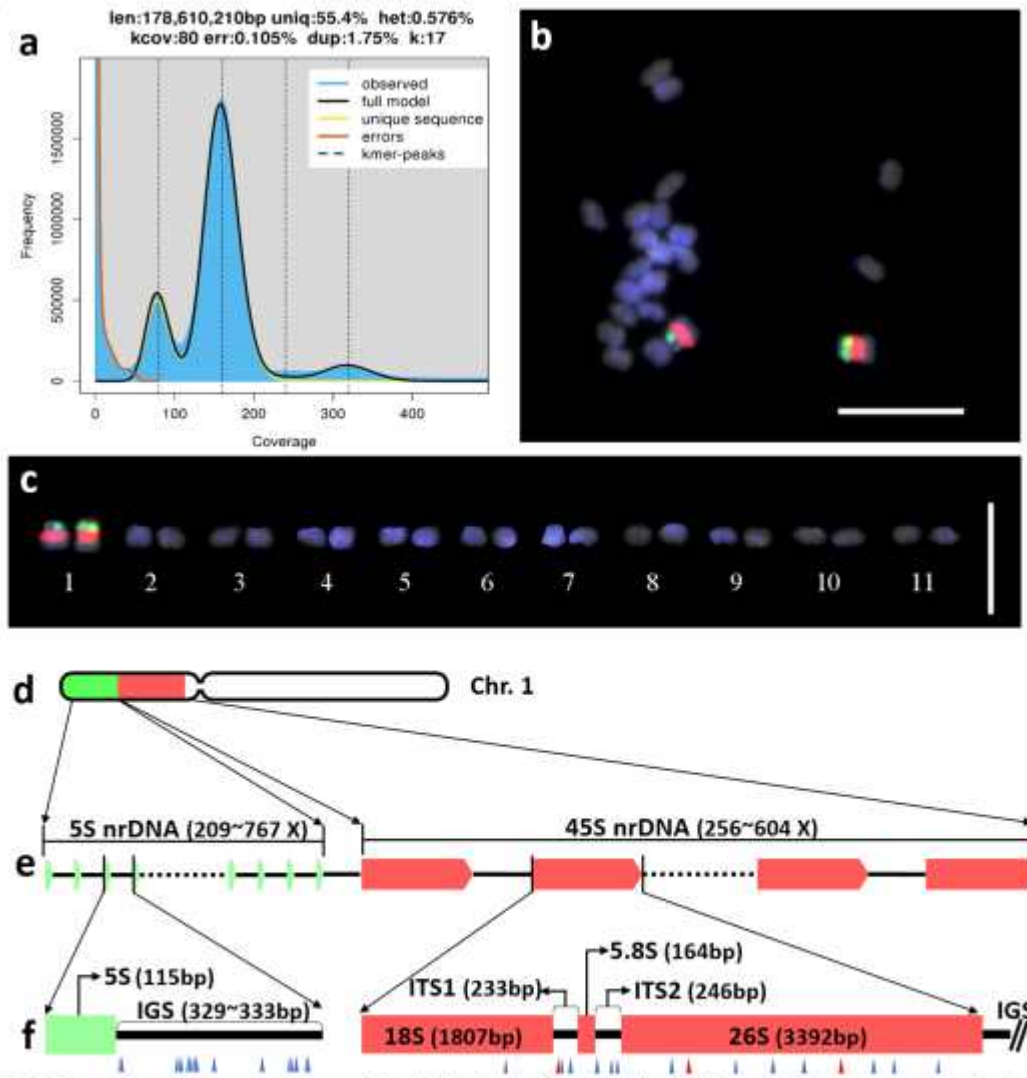
1) 엽록체 유전체 (Chloroplast Genome)

식물의 유전체 정보는 핵과 엽록체 그리고 미토콘드리아에 존재한다. 한 개의 세포에 거대한 핵 DNA는 1쌍이 존재하는 반면, 엽록체 유전체는 약 500개 존재하는데, 엽록체 유전체는 세포질에 존재하며 광합성에 꼭 필요한 세포소기관인 엽록체 유전체 정보로서 종에 따라 약간의 차이는 있지만 약 150,000개 내외의 염기쌍으로 이루어진 원형 DNA로 구성되어 있다. 엽록체 유전체는 식물에 필수적이기 때문에 약 110개 정도의 유전자들이 서열 정보를 잘 보존하고 있어 식물의 진화기작을 구명하거나 종 다양성 비교 연구에 핵심적으로 이용된다.

그림 설명



백수오 유전자원들의 형태적인 다양성. a: 1년간 동일 환경에서 재배된 백수오 잎의 다양한 형태들, b: 1년간 동일 환경에서 재배된 백수오 뿌리의 다양한 형태



백수오의 게놈 크기와 염색체의 구조. a:게놈의 크기를 분석하기 위한 k-mer 분석 결과. b: 백수오의 핵형 분석을 위한 Fluorescence *in situ* hybridization (FISH) 분석 결과. c: 11쌍의 백수오 염색체, d,e,f: 45S, 5S 리보솜 유전자지역의 구조 모식도.