서울대학교 SEOUL NATIONAL UNIVERSITY **보 도 자 료** http://www.snu.ac.kr

2022. 6. 28.(화)/ 즉시

연구책임자 농림생물자원학부]허진회 교수(02-880-4562) / 교신저자
연구진 신호섭, 박정은 연구원(02-880-4539) / 공동 제1저자

교배장벽을 극복한 배추와 무의 속간교잡종 배무채

- 이질 유전체 공존에 의한 유전적 안정성 획득 -

□ 배추와 무의 속간교잡종 배무채

o 배추과(Brassicaceae)에는 배추, 양배추, 유채, 브로콜리, 갓, 무 등 농업적으로 중요한 작물들이 속해 있으며, 매우 다양한 형태적 특성이 존재한다. '씨 없는 수박'으로 잘 알려진 우장춘 박사는 1934년 배추과에서 종간 교배에 의해 새로운 종이 탄생할 수 있는 '종의 합성' 이론을 '우의 삼각형' 모델로 제시한 바 있다. 예를 들어 유채는 배추와 양배추 간의 교배를 통해 만들어진 것으로 배추와 양배추의 염색체를 모두 포함하고 있는 종간 잡종 식물이다. 그러나 종간 교배는 진화적 거리가 멀수록 교배가 억제되는 '교배장벽' 효과로 인해 자연적으로 거의 일어나지 않으며, 흔히 생육불량, 유전적 불안정성, 불임 등의 문제점을 수반한다.

o 그러나 간혹 이러한 **교배장벽을 극복한 새로운 교잡종**이 만들어지기도 한다. **배무채는 다른 속(屬)에 속하는 배추와 무의 교배에 의해 탄생한 속간 교잡 식물**이다. 배무채는 기대와는 달리 (풍성한 잎과 튼실한 뿌리 대신) 결각이 있는 무의 잎과 비대가 적은 배추 뿌리를 갖고 있다. 그러나 배추와 무의 특성을 동시에 지님과 동시에 우수한 임성과 유전적 안정성을 갖고 있어 **식물의 교배 친화성 연구에 매우 중요한 재료**이다.

□ 배추와 무 이질 유전체 공존에 의한 배무채의 유전적 안정성 획득

o 배추와 양배추의 교배를 통해 합성된 종간 교잡종인 유채의 경우 염색체상에 진화적으로 유사한 부분들이 남아있어 감수분열 중 비상동염색체 간의 접합 및 교차가 흔히 발생한다. 이는 염색체 구조의 변화를 야기하여 주로 전위(translocation), 소실(deletion) 혹은 이수성(aneuploidy) 등의 비정상적 염색체를 갖는 배우자를 형성하게 되며, 따라서 임성에 심각한 문제점을 가져온다. 그러나 배무채의 경우 진화적으로 거리가 먼 배추와 무 염색체 간의 유사 부위가 거의 존재하지 않아 비상동염색체 간의 원하지 않는 교차가 거의 일어나지 않으며, 이는 배추와 무의 염색체가 하나의 핵 안에 안정적으로 존재할 수 있는 긍정적 요인으로 작용한다.

o 이동성 유전인자를 처음으로 보고하여 노벨생리의학상을 수상한 바 있는 바바라 맥클린톡(Barbara McClintock)은 종간교잡 시 염색체의 불안정 및 이동성 유전인자의 비정상적 활성화로 인한 유전체 쇼크(genome shock) 현상을 잡종 개체의 유전적 안정성을 저해하는 주요 요인으로 제시한 바 있다. 그러나 배무채의 경우 비상동염색체 간의 교차 억제와 더불어 DNA 메틸화를 통한 이동성 유전인자 활성 제어를 통해 안정적인 염색체 구조를 유지하는 것으로 추정된다.

□ 우장춘 박사의 종의 합성 모델 확장 및 식물 진화의 재해석

o 다윈의 진화론은 모든 생물 종은 변이의 축적과 자연선택에 의한 것임을 주장한 학설이며, 이의 핵심은 점진적이며 비가역적인 진화로 요약될 수 있다. 이미 상당한 변이가 축적된 종 간에는 교배장벽에 의해 자연적으로 교배가 차단되며, 이는 독립적인 종을 구분하는 가장 기본적인 기준이기도 하다. 그러나 우장춘 박사의 '우의 삼각형' 모델이나 배무채에서 볼 수 있듯이 이미 분화된 종 간에도 교배를 통해 간헐적으로 새로운 종의 합성이 가능하며, 놀랍게도 유전체의 비유사성이 합성종의 염색체 안정성에 긍정적으로 작용할 수 있음을 증명하였다.

o 다윈은 백악기 이후 속씨식물 종의 폭발적인 증가와 다양성을 기존의 진화론으로는 설명할 수 없어 이를 '끔찍한 미스터리'(abominable mystery)라고 명명하였다. 따라서 **배무채는 '우의 삼각형' 모델을 속간 교배 수준으로 확장함과 동시에 기존 다윈의 진화론에 덧붙여 새로운 진화 경로의 가능성을 제시하는 매우 흥미로운 사례**라고 할 수 있겠다. 또한 **새로운 품종 육성에 많이 활용되고 있는 교배육종 기술 개발 및 잡종강세 현상 연구에도 큰 기여를 할 것으로 예상**된다.

[붙임] 1. 연구결과 2. 용어설명 3. 그림설명

연 구 결 과

Admixture of divergent genomes facilitates hybridization across species in the family Brassicaceae

Hosub Shin, Jeong Eun Park, Hye Rang Park, Woo Lee Choi, Seung Hwa Yu, Wonjun Koh, Seungill Kim, Hye Yeon Soh, Nomar Espinosa Waminal, Hadassah Roa Belandres, Joo Young Lim, Gibum Yi, Jong Hwa Ahn, June-Sik Kim, Yong-Min Kim, Namjin Koo, Kyunghee Kim, Sampath Perumal, Taegu Kang, Junghyo Kim, Hosung Jang, Dong Hyun Kang, Ye Seul Kim, Hyeon-Min Jeong, Junwoo Yang, Somin Song, Suhyoung Park, Jin A. Kim, Yong Pyo Lim, Beom-Seok Park, Tzung-Fu Hsieh, Tae-Jin Yang, Doil Choi, Hyun Hee Kim, Soo-Seong Lee, Jin Hoe Huh

(New Phytologist 235: 743-758)

• Hybridization and polyploidization are pivotal to plant evolution. Genetic crosses between distantly related species are rare in nature due to reproductive barriers but how such hurdles can be overcome is largely unknown. Here we report the hybrid genome structure of x*Brassicoraphanus*, a synthetic allotetraploid of *Brassica rapa* and *Raphanus sativus*.

• We performed cytogenetic analysis and de novo genome assembly to examine chromosome behaviors and genome integrity in the hybrid. Transcriptome analysis was conducted to investigate expression of duplicated genes in conjunction with epigenome analysis to address whether genome admixture entails epigenetic reconfiguration.

• Allotetraploid x*Brassicoraphanus* retains both parental chromosomes without genome rearrangement. Meiotic synapsis formation and chromosome exchange are avoided between nonhomologous progenitor chromosomes. Reconfiguration of transcription network occurs, and less

divergent *cis*-elements of duplicated genes are associated with convergent expression. Genome-wide DNA methylation asymmetry between progenitors is largely maintained but, notably, *B. rapa*-originated transposable elements are transcriptionally silenced in x*Brassicoraphanus* through gain of DNA methylation.

• Our results demonstrate that hybrid genome stabilization and transcription compatibility necessitate epigenome landscape adjustment and rewiring of *cis-trans* interactions. Overall, this study suggests that a certain extent of genome divergence facilitates hybridization across species, which may explain the great diversification and expansion of angiosperms during evolution.

• 교잡과 배수화는 식물 진화에 매우 중요한 역할을 한다. 거리가 먼 종간의 교잡은 교배장벽으로 인해 드물게 발생하나 이러한 장벽이 어떻게 극복되는지는 거의 알려지지 않았다. 본 연구에서는 배추와 무의 교배를 통해 얻어진 합성 이질배수체인 배무채의 유전체 구조를 보고하고 있다.

• 배무채의 염색체 분리 양상과 유전체 안정성 연구를 위해 세포유전학적 분석과 전장유전체 조립을 수행하였다. 중복 유전자의 발현 연구를 위해 전사체 분석을 실시하고, 이질 유전체 공존에 의한 후성유전학적 변화 양상을 이해하기 위해 후성유전체 분석을 수행하였다.

• 이질배수체인 배무채는 유전체 재배열 없이 두 양친의 염색체를 온전히 소유하고 있으며, 감수분열 시 양친의 비상동염색체 간 재조환이 일어나지 않는다. 배무채에서는 전사체 네트워크의 재구성이 일어나며, 중복유전자는 조절부위 서열의 유사성에 의해 발현 양상이 비슷해진다. 양친의 유전체는 DNA 메틸화 패턴에 차이가 존재하나, 배무채 내 배추 유래 이동성 유전인자는 메틸화 증가에 의해 발현이 억제된다.

• 본 연구 결과는 교잡 유전체 안정화 및 유전자 발현 친화성에 후성유전체의 변화 및 전사 네트워크의 재구성이 필요함을 보여준다. 궁극적으로 이 연구는 어느 정도 수준의 유전체 분화는 오히려 원연간 교잡에 긍정적으로 작용하며, 또한 진화과정 동안 속씨식물 군의 확장과 분화를 가속화하였을 가능성을 제시하고 있다.

용 어 설 명

1. 배무채(x*Brassicoraphanus*)

○ 배무채는 배추와 무의 교배를 통해 합성된 속간교배종으로서 1980년대 국내에서 이수성 박사에 의해 처음으로 개발됨.

2. 우의 삼각형(U’s triangle)

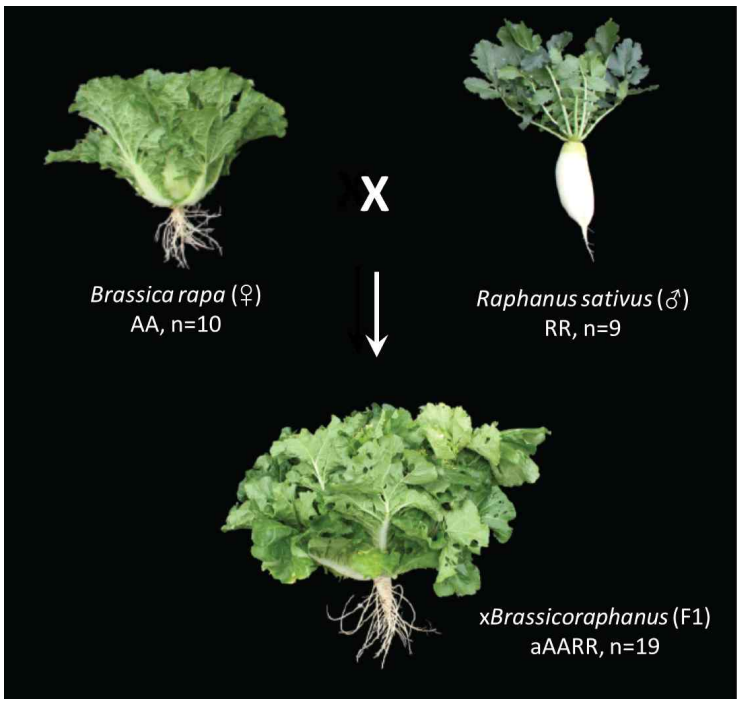
○ 우장춘 박사가 제시한 종의 합성 모델로서 배추속 2배체 식물들인 배추, 양배추, 흑겨자가 종간 교배를 통해 유채, 갓, 황겨자 등 4배체 식물들로 합성될 수 있음을 보여줌.

3. 교배장벽(hybridization barrier)

○ 서로 다른 종 사이의 교배가 억제되는 현상으로서 수정 전후에 작동하여 생육불량, 불임, 유전적 불안정성 등을 야기하고 종의 독립성 유지에 기여.

그 림 설 명

배추와 무의 속간교배를 통해 합성된 배무채



배추과(Brassicaceae) 내의 다른 속(genus) 식물인 배추(*Brassica rapa*)와 무(*Raphanus sativus*)의 속간교배를 통해 합성된 배무채(xBrassicoraphanus). 크고 넓은 잎을 가진 배추와 비대한 뿌리를 가진 무의 교배를 통해 태어난 배무채는 기대와는 달리 무의 잎과 배추의 뿌리 특성을 갖고 있다. 일반적인 종간교잡종과는 달리 배무채의 핵에는 배추와 무의 염색체가 온전하게 공존하며, 이러한 안정성 획득에는 진화과정 중 집적된 양친 간 유전체 구조의 분화가 긍정적으로 작용하는 것으로 추정된다.