

관련 자료

국내 토종 야생콩 유전체 전체염기서열 분석

2010. 12.

서울대학교

Title: Whole-genome sequencing of the undomesticated soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) genome

1. 연구 배경 및 현황

콩의 원산지로 알려진 우리나라의 토종 야생콩 전체유전체 염기서열이 처음으로 국내연구진에 의하여 결정되었다.

2. 연구 내용 및 결과

서울대학교 식물생산과학부 이석하 교수는 농촌진흥청 바이오그린사업의 일환으로 테라젠이텍스(주) 박종화 박사팀과 공동연구를 통하여 한국 토종 야생콩 유전체 순서를 모두 해독하여 미국 유명 학술잡지 Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS) 인터넷판에 11월 22일자로 게재하였다고 밝혔다. 본 연구 논문 결과의 중요성이 인정되어 PNAS의 커버스토리로 게재되었다.

이번에 해독된 야생콩 유전체는 재배콩의 원시종으로 6천에서 9천년 전 인간이 야생콩을 재배화하면서 다양한 특성들이 소실 또는 획득된 과정을 재배콩 유전체와 비교를 통해 알 수 있으며 앞으로 진화 연구와 우량 품종육성 등을 위한 유전자를 검색하는 기준으로 사용할 수 있게 되었다. 한국 야생콩 유전체는 약 4만 6천여 개의 유전자들로 이루어져 있는데, 염기서열은 재배콩과 0.31%가량 차이를 보였으며, 약 1만 8천여개의 유전자의 기능이 변한 것으로 나타났다.

3. 연구 성과 및 향후 계획

이러한 유전자들의 변화를 바탕으로 다수확, 병해충 저항성, 고기능성 물질과 같은 주요 농업 형질에 관여하는 유전자들이 어떤 것들이 있는지를 밝힘으로써 농업적으로 중요하게 활용될 것이며 다양한 기능을 가진 친환경 맞춤형 콩 육성에 크게 기여할 전망이다. 또한 해독된 야생콩 염기서열의 결과는 야생콩과 재배콩의 종분화가 이미 27만년전 재배화 이전에 일어났다는 것을 보여주었다. 이는 야생콩이 초기인류의 재배화를 통해 재배콩이 생겨났다는 기존의 학설과 다른 결과를 의미한다. 이에 이석하 교수 연구팀은 야생콩 및 재배콩의 유전자 정보를 지속적으로 해석함으로써 콩과 식물의 진화적 연구와 유용 유전자 발굴에 힘을 계획이다.