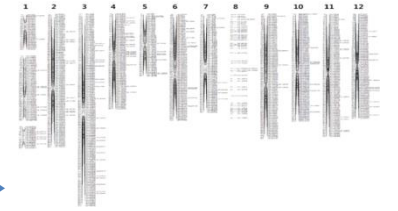


GBS 기반의 고추 F2집단 유전지도 작성



고추 GBS를 이용하여 작성한 유전지도 ▶

| 연구 현황 |



고추 유전자원

고추 유전체 해독! 기능 및 실용 연구의 기초석이 놓인다

원예학적으로나 경제적으로도 매우 가치 있는 작물인 고추(*Capicum spp.*)는 인간 유전체와 맞먹는 약 3GB의 크기를 지닌 도전적인 연구 분야이다. 2014년 국내 연구진에 의해 고추 유전체가 해독되어 세계적인 학술지 Nature genetics에 발표되었다. 이렇게 밝혀진 유전체 서열을 이용하여 고추의 유전체 확장(genome expansion) 및 매운맛을 포함한 여러 영양학적 특징 등에 대해 같은 가지과(*Solanaceae*) 작물인 토마토, 감자와 비교유전체학적(Comparative genetics) 연구가 활발히 진행 중이다. 고추 유전체 해독은 가지과 유전체와의 비교분석을 통해 기능 및 실용 연구에 있어 좋은 재료가 되고 있으며, 영양학적으로 가치가 있는 품종을 육성할 수 있는 자원이다.

| 성과의 의의 |

고추에 최적화된 Library 제작 기술이 연구 시간 단축으로 이어

본 연구의 대표적 성과는 고추에 최적화된 GBS Library 구축 시스템의 확립이다. 자체 기술을 통해 adapter dimer를 최소화했을 뿐 아니라 DNA fragments 길이를 170-350bp 범위로 조절하는 기술로 고추에 최적화된 Library 제작 조건을 확립하였다. 또한 목적 형질 별 F2 집단을 만들 경우, 2~3달 이내에 유전지도 작성 혹은 QTL mapping 까지 가능할 정도로 연구 소요시간을 단축시켰다. 이는 유전체 정보의 활용을 촉진하여 분자마커 개발과 육종 실용화를 가속화하는 놀라운 성과로 볼 수 있다.

| 핵심기술의 내용 |

F2 교배집단의 장점과 GBS 기술의 융합이 맺은 결실

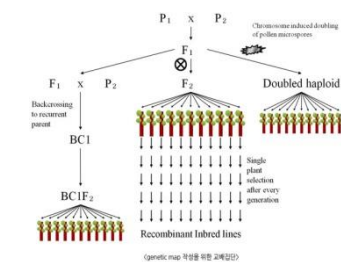
육종 연구에 주로 사용되는 RIL(Recombination Inbred Line), F2, DH(Double Haploid) 집단 중 F2집단은 육성기간이 짧아 가장 효율성이 높은 연구 소재로 많이 활용되고 있으나 RIL집단에 비해 각 계통의 고정 이 약해 이형접합성(Heterozygosity)이 높은 점을 주의해야 한다. 본 연구진은 이형접합성이 높은 F2집단을 사용하여 GBS 기반의 고추 유전지도 작성에 성공하였다.

GBS(Genotyping by Sequencing) 기술은 특정 제한효소로 genomic DNA를 절단한 후 주변 서열만 부분적으로 해독하는 방식이다. 기존 Resequencing 방법은 시료(sample) 단위로 분석하는 반면 GBS 기술은 1회 최대 96개 시료까지 적용 가능하다. Sequencing 양을 줄이면서 시료수를 증가시킬 수 있는 장점으로 인해 비용 대비 많은 시료에서 충분한 SNP를 확보할 수 있다. 비용 대비 양질의 결과 또한 얻을 수 있었는데 고추의 경우, 약 200개 F2 시료의 GBS로 생산된 염기서열들이 표준유전체(Reference genome)에 균일하게 분포함을 확인할 수 있었고, 유전지도 작성에 충분한 약 2,000(1,598)개의 SNP 마커를 imputation 없이 선발할 수 있었다.

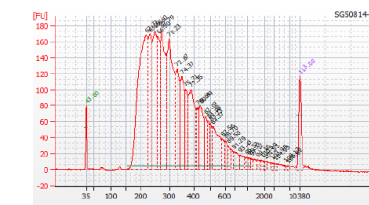
| 후속 연구 |

실용연구의 기반이자 고추 유전체 육종의 진보

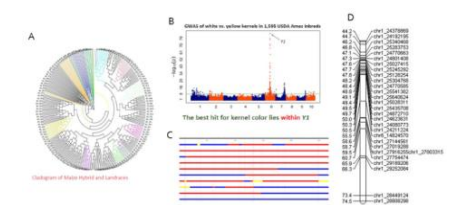
고추 F2집단을 이용한 GBS 기반의 유전지도 작성은 고추 유전체 정보의 실용 연구에 기반이 되는 연구 성과이다. 이를 통해 여교잡 육종을 위한 MAB 마커 선발, GWAS(Genome-Wide Association Studies), 형질 연관도 분석, 군집구조 분석, 계통 분석 등 다양한 응용 및 활용 수준의 연구로 진입할 수 있으며, 고추 및 가지과 작물의 육종의 진보에 박차를 가할 수 있는 촉매제 역할을 감당할 수 있다.



교배집단



Library 제작 결과



후속 연구 가능성