

☆ 5월 31일 (목) 조간부터 보도하여 주시기 바랍니다.

<p>보도자료 2012. . ()</p>	<p>함께하는 공정사회 더 큰 희망 대한민국</p>  <p>교육과학기술부 Ministry of Education, Science and Technology</p> <p>홍보담당관실 ☎ 2100-6580</p>
-----------------------------	---

<자료문의> ☎ 02-880-4568 (019-489-1934) 서울대학교 농업생명과학대학 최도일 교수
☎ 02-880-4941 작물유전체기능연구단 최양도 단장

토마토 유전체 염기서열 밝혀졌다

- 국내 포함 전 세계 12개국 연구진 참여, 8년만에 해독 -

□ 토마토 유전체의 전체 염기서열이 모두 해독되었다 .

염기서열분석은 14개국 1백여 명의 과학자가 참여해 8년 만에 이루어졌다. 국내에서는 교과부 21세기프론티어작물유전체기능연구사업단 (단장 최양도)과 한국생명공학연구원 원장 정혁의 지원을 받아 서울대 식물유전체육종연구소의 최도일 교수팀과 한국생명공학연구원 허철구 박사팀이 참여하였다 . 이 내용은 생명과학분야 최고 학술지인 네이처 지에 5월 31일 게재되었다 .

□ 9억 염기쌍의 DNA로 구성된 토마토 유전체의 염기서열 정보는 35,000여 개의 토마토 유전자 기능정보 뿐만 아니라 유전자의 배열 및 구성구리고 유전체 구조 등 광범위한 내용을 담고 있어 이를 활용한 관련 연구가 한 단계 도약할 것으로 기대된다 .

토마토는 연간 세계 교역량이 10조원에 달하는 대표적 채소작물이다.

□ 토마토는 가지과 식물의 공통적인 DNA를 가장 많이 갖고 있는 가지과 식물의 모델종으로 이번 해독된 유전체 정보는 같은 과에 속하는 고추, 담배, 감자, 가지, 등 다양한 근연종 작물의 육종에 매우

유용하게 활용될 전망이다 .

□ 토마토 유전체 정보는 육종 기술개발을 가속화하여 생산성 높은 고품질의 토마토를 키워낼 전망이다또한 이 정보를 근연종인 고추 , 감자 등에 활용하면 다양한 고품질의 신품종 농산물을 신속하게 식탁에 오르게 할 수 있다 .

□ 토마토가 속하는 가지과 식물은 진화적으로 가장 종 분화가 다양하게 일어난 식물 분류군 중 하나로 지구상에 약 천천 3백여종이 알려져 있다가지과 식물의 특징 중 하나는 라이코펜캡사이신 및 니코틴과 같은 유용한 차세대사산물을 생산한다는 것이다토마토의 유전체 정보는 이들 차세대사산물을 만들어내는 유전자의 진화 및 가지과 식물의 종 분화 연구에도 핵심적인 역할을 할 것으로 예상된다 .

□ 토마토 유전체 염기서열분석은 국제 컨소시엄을 구성하여 12개의 염색체를 참여 국가에 하나씩 나누는 방법으로 진행되었다이 중 한국은 1개 염색체를 할당 받아 분석을 진행했다이와같은 국제 공동 프로젝트의 참여로 인해 관련분야의 국내 기술력 또한 높이는 효과를 얻게 되었다염기서열분석 방법은 박테리아 인공 염색체 (BAC)를 활용하는 1세대 염기서열 분석 방법으로 시작하였고최종적인 마무리 는 차세대 염기서열 분석장비 (NGS)를 이용하는 방법으로 진행하여 완성도 높은 결과를 얻을 수 있었다 .

염기서열 관련 정보는 홈페이지 (<http://solgenomics.net/tomato>)를 통해 확인할 수 있다 .

□ 최도일 교수팀은 토마토 유전체 정보 분석을 통하여 축적된 기술력을 바탕으로 국내 최고 채소작물인 고추의 유전체 분석을 독자적으로 진행하고 있다 .

첨부 1 국제컨소시엄을 통한 토마토 전체 유전체서열분석

