

유전체 연구와 미래작물 신품종 개발

의생명과학과 유희주 교수는 주로 무와 포도에 대한 연구를 진행하고 있다. 특히 무에 대해서는 우리나라 무 유전체 연구를 선도적으로 이끌고 있다. 무는 배추, 양배추 등과 함께 십자화과에 속하는 작물로서 2014년도부터 우리나라 전체 종자 수출 1위를 지키고 있는 핵심 작목이다. 무를 포함한 우리나라 고유 원예작물들의 품종 복사를 방지하고, 고품질의 신품종을 지속적으로 개발하기 위해서는 유전체 정보 분석이 어느 때보다 중요한 시대이다. 이를 위해 유 교수 연구팀은 우리나라의 기술력만으로 무의 유전집단을 제작하고 유전지도를 작성했으며, 유전체를 해독·조립했다. 유 교수 연구팀이 발표한 조선무 타입의 WK10039 유전체는 426.2 Mb 크기로서 9개 염색체 염기서열로 정렬되었고 총 46,514개 유전자 정보를 담고 있다. 이는 이제까지 발표됐던 일본 무와 중국 무 유전체에 비해 훨씬 정밀한 것이다. 또한 무와 십자화과 작물의 유전체 비교를 통해 배추, 양배추, 무가 거의 같은 시기에 분화된 형제 관계의 작물임도 밝혔다. 유 교수는 세계적인 유전학 학술지 「Theoretical and Applied Genetics」 (IF 4.439, Agronomy and Crop Science 분야 상위 0.8%)에 무 유전체에 관한 연구논문 총 5편을 발표했다. 한편, 유전체 정보를 활용하여 배추과 작물에서 공통으로 사용할 수 있는 SNP(단일염기 다형성) 마커를 개발하고 품종 판별과 종자순도 검정이 가능한 대량분석 체계를 만들어 기술이전 했다.

현재 유 교수팀은 유전자원 소재를 활용해 향암, 항염 효능을 가진 글루코시놀레이트 같은 성분이 많이 들어 있고, 다양한 색깔을 갖는 무 신품종을 개발하고 있다.

유 교수의 또 다른 주 연구 대상인 포도는 전 세계적으로 와인 제조용(71%), 생식용(27%), 건과용(2%)으로 재배되고 있는 중요한 과수작물이다. 우리나라는 주로 '캠벨'과 같은 생식용 포도를 재배하는데, 최근 들어 소비자들은 고품질의 씨가 없고 과립이 큰 포도를 선호하고 있다. 식물의 과일은 종자에서 만들어지는 호르몬에 의해 커지기 때문에 종자가 없는 큰 과일을 만들기 위해서는 반드시 생장조절 호르몬제를 처리해야한다. 유 교수팀은 이 점에 착안, 종자는 발달하지만 물러서 씹을 때 이물감이 없고 생장조절 호르몬제 처리 없이도 과립이 비대해지는 포도를 개발하기 위해 연구하고 있다. 유 교수팀은 포도 종자의 종피(껍질층)에 딱딱한 성분인 리그닌이 축적된다

는 점을 확인하고 종피의 경화 물질을 생산하는 유전자를 탐색할 수 있는 시스템을 개발해 특허 등록하고 기술이전 했다. 이 유전자 탐지 체계를 활용하면 포도의 신품종을 육종할 때 딱딱한 종자를 갖는 품종이나 무른 종자를 갖는 품종을 어린 유묘 상태에서 구분하여 경제적으로 선발할 수 있다. 유 교수는 또한 종자 발달이 비정상적인 포도 품종의 유전체를 비교 분석하여 씨가 없거나 무르고 과립이 큰 포도를 만들기 위한 원천기술 확보와 신품종 개발을 위해 노력하고 있다.

유 교수는 지난 5년 간 21편의 SCI(E)급 논문 발표, 21건의 특허 등록, 5건의 유상 기술이전, 4건의 저서를 출판하는 등 활발한 연구 활동을 하며 식물 생명과학 분야 발전에 기여하고 있다.

■ 주요 논문 및 저서

[저서]

1. 2019.03 | 라이프사이언스 | 공동
생명과학 : 이론과 응용
2. 2019.02 | 월드사이언스 | 공동
(Karp's) 세포생물학
3. 2017.10 | Springer International Publishing AG | 공동
The radish genome
4. 2015.09 | Springer Verlag | 공동
The Brassica rapa Genome
5. 2012.03 | 라이프사이언스 | 공동
생명과학
6. 2011.11 | 차세대유전체연구사업단 | 공동
유전체연구 미래투자방향 설정을 위한 유전체 결과활용 기반 조사, 분석, 기획보고서

[논문](최근 10년)

1. 2020.08 | Horticulture, Environment, and Biotechnology | 제1저자
Marker integration and development of Fluidigm/KASP assays for high throughput genotyping of radish
2. 2020.07 | BMC GENOMICS | 공동저자
Comparative chloroplast genome analysis of Artemisia (Asteraceae) in East Asia: insights into evolutionary divergence and phylogenomic implications
3. 2020.06 | PLANT BREEDING | 교신저자
Anatomical, biochemical and transcriptome analyses of *Vitis vinifera* cv. 'Hongju' reveal novel information regarding the seed hardness of stenospermocarpic soft-seed grapes
4. 2019.06 | Horticulture, Environment, and Biotechnology | 교신저자
An efficient strategy for developing genotype identification markers based on simple sequence repeats in grapevine
5. 2019.04 | SCIENTIFIC REPORTS | 공동저자
MtGA2ox10 encoding C20-GA2-oxidase regulates rhizobial infection and nodule development in *Medicago truncatula*
6. 2019.02 | DATABASE-THE JOURNAL OF BIOLOGICAL DATABASES AND CURATION | 제1저자
The radish genome database (RadishGD): an integrated information resource for radish genomics
7. 2018.10 | Horticulture, Environment, and Biotechnology | 교신저자
Assembly of a radish core collection for evaluation and preservation of genetic diversity
8. 2018.09 | GENOME BIOLOGY | 공동저자
Draft genome sequence of wild *Prunus yedoensis* reveals massive

inter-specific hybridization between sympatric flowering cherries

9. 2018.03 | MITOCHONDRIAL DNA PART B | 공동저자

The complete chloroplast genome of *Artemisia hallaisanensis* Nakai (Asteraceae), an endemic medicinal herb in Korea

10. 2017.12 | Plant Biotechnology Reports | 공동저자

Genomic clues to the parental origin of the wild flowering cherry *Prunus yedoensis* var. *nudiflora* (Rosaceae)

11. 2017.04 | HORTICULTURE ENVIRONMENT AND BIOTECHNOLOGY | 제1저자

Development of gene-based identification markers for *Phalaenopsis* 'KS Little Gem' based on comparative genome analysis

12. 2017.03 | MITOCHONDRIAL DNA PART A | 공동저자

The complete chloroplast genome of *Aconitum chiisanense* Nakai (Ranunculaceae)

13. 2016.12 | PLANT SYSTEMATICS AND EVOLUTION | 공동저자

Reproductive traits and molecular evidence related to the global distribution of cultivated radish (*Raphanus sativus* L.)

14. 2016.09 | MITOCHONDRIAL DNA PART B | 공동저자

The complete chloroplast genome of *Aconitum austrokoreense* Koidz. (Ranunculaceae), an endangered endemic species in Korea

15. 2016.09 | THEORETICAL AND APPLIED GENETICS | 교신저자

Identification of candidate domestication regions in the radish genome based on high-depth resequencing analysis of 17 genotypes

16. 2016.07 | THEORETICAL AND APPLIED GENETICS | 교신저자

Elucidating the triplicated ancestral genome structure of radish based on chromosome-level comparison with the Brassica genomes

17. 2016.03 | MITOCHONDRIAL DNA | 교신저자
The complete mitochondrial genome of cultivated radish WK10039 (Raphanus sativus L.)
18. 2016.03 | MITOCHONDRIAL DNA PART A | 공동저자
The complete chloroplast genome of Phalaenopsis "Tiny Star"
19. 2015.10 | Horticulture, Environment, and Biotechnology | 공동저자
Phenotypic Analysis Between Parents and Their Reciprocal F1 Hybrids in Phalaenopsis
20. 2015.09 | 과수학기술지(KOREAN JOURNAL OF FRUIT SCIENCE AND TECHNOLOGY) | 교신저자
'탐나라'와 '힘로드' 포도에서 꽃 발달 단계 판별 유전자 표지의 선발
21. 2015.07 | PLANT PHYSIOLOGY | 공동저자
Deep sequencing of the Medicago truncatula root transcriptome reveals a massive and early interaction between nodulation factor and ethylene signals
22. 2015.06 | KOREAN JOURNAL OF HORTICULTURAL SCIENCE & TECHNOLOGY | 교신저자
'캠벨얼리'와 '탐나라' 포도의 꽃과 소포자 발달
23. 2015.02 | THEORETICAL AND APPLIED GENETICS | 교신저자
Construction of a reference genetic map of Raphanus sativus based on genotyping by whole-genome resequencing
24. 2014.11 | GENE | 교신저자
De novo assembly and characterization of the complete chloroplast genome of radish (Raphanus sativus L.)
25. 2014.09 | THEORETICAL AND APPLIED GENETICS | 교신저자

Comparative analysis of the radish genome based on a conserved ortholog set (COS) of Brassica

26. 2014.04 | MOLECULAR GENETICS AND GENOMICS | 공동저자
Construction of a genetic map based on high-throughput SNP genotyping and genetic mapping of a TuMV resistance locus in Brassica rapa

27. 2014.04 | PLOS ONE | 공동저자
Gibberellin Application at Pre-Bloom in Grapevines Down-Regulates the Expressions of VvIAA9 and VvARF7, Negative Regulators of Fruit Set Initiation, during Parthenocarpic Fruit Development

28. 2013.10 | 원예과학기술지 | 공동저자
아카풀코나리에서 Differential Slot Blot을 이용한 약발현 유전자 목록작성

29. 2013.08 | MOLECULAR BREEDING | 공동저자
Identification of a broad-spectrum recessive gene in Brassica rapa and molecular analysis of the eIF4E gene family to develop molecular markers

30. 2013.06 | SCIENTIA HORTICULTURAE | 공동저자
Functional analysis of female gametophyte specific promoters in Chinese cabbage

31. 2013.02 | MOLECULAR PLANT-MICROBE INTERACTIONS | 공동저자
Development of Tools for the Biochemical Characterization of the Symbiotic Receptor-Like Kinase DMI2

32. 2013.02 | 원예과학기술지 | 공동저자
Establishment of Early Verification Method for Introduction of the Binary Trans-activation System in Chinese Cabbage (Brassica rapa L. ssp Pekinensis)

33. 2012.12 | KOREAN JOURNAL OF HORTICULTURAL SCIENCE & TECHNOLOGY | 제1저자

Centromere Repeat DNA Originated from Brassica rapa is Detected in the Centromere Region of Raphanus sativus Chromosomes

34. 2012.11 | BMC PLANT BIOLOGY | 제1저자

Identification and profiling of novel microRNAs in the Brassica rapa genome based on small RNA deep sequencing

35. 2012.10 | MOLECULAR GENETICS AND GENOMICS | 제1저자

Auxin response factor gene family in Brassica rapa: genomic organization, divergence, expression, and evolution

36. 2011.12 | KOREAN JOURNAL OF HORTICULTURAL SCIENCE TECHNOLOGY | 제1저자

The Brassica rapa Tissue-specific EST Database

37. 2011.10 | KOREAN JOURNAL OF HORTICULTURAL SCIENCE TECHNOLOGY | 교신저자

Pickprimer: A Graphic User Interface Program for Primer Design on the Gene Target Region