J Plant Biotechnol (2015) 42:161-167
DOI:http://dx.doi.org/10.5010/JPB.2015.42.3.161

ISSN 1229-2818 (Print)
ISSN 2384-1397 (Online)

Review

고구마 유전체 연구현황 및 전망

윤웅한 · 정재철 · 곽상수 · 양정욱 · 김태호 · 이형운 · 남상식 · 한장호

Current status of sweetpotato genomics research

Ung-Han Yoon · Jae Cheol Jeong · Sang-Soo Kwak · Jung-Wook Yang · Tae-Ho Kim · Hyeong-Un Lee · Sang-Sik Nam · Jang-Ho Hahn

Received: 11 September 2015 / Revised: 16 September 2015 / Accepted: 16 September 2015
ⓒ Korean Society for Plant Biotechnology

Abstract Sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] grows well in harsh environmental conditions, and is cultivated as one of the top seven food crops in the world. Recently, sweetpotato is drawing interest from people as a healthy food because it is high in dietary fiber, vitamins, carotenoids and overall nutrition value. However, few studies have been conducted on sweetpotato genome sequencing in spite of its importance. This review is aimed at increasing the efficiency of sweetpotato genome sequencing research as well as establishing a base for gene utilization in order to control useful traits. Recently, animal and plant genome sequencing projects increased significantly. However, sweetpotato genome sequencing has not been performed due to polyploidy and heterogeneity problems in its genome. Meanwhile research on its transcriptome has been conducted actively. Recently, a draft of the diploid sweetpotato genome was reported in 2015 by Japanese researchers. In addition, the Korea-China-Japan Trilateral Research Association of Sweetpotato (TRAS) has conducted research on gene map construction and genome sequencing of the hexaploid sweetpotato Xushu 18 since 2014. The Bill & Melinda Gates Foundation launched the 'sweetpotato genomic sequencing to develop genomic tools for Sub-Sahara Africa breeding program'. The chloroplast genome sequence acquired during sweetpotato genome sequencing is used in evolutionary analyses. In this review, the trend of research in the sweetpotato genome sequencing was analyzed. Research trend analysis like this will provide researchers working toward sweetpotato productivity and nutrient improvement with information on the status of sweetpotato genome research. This will contribute to solving world food, energy and environmental problems.

Keywords Sweetpotato, Genoimcs, Transcripome, Molecular breeding

†These authors contributed equally to this work.
U. -H. Yoon† · T. -H. Kim · J. -H. Hahn (✉)
국립농업과학원 유전체과
(Genomics Division, National Academy of Agricultural Science, Jeonju 54875, Korea)
e-mail: hahnjho@korea.kr

J. C. Jeong† · S. -S. Kwak
한국생명공학연구원 식물시스템공학연구센터
(Plant Systems Engineering Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Korea)

J. -W. Yang · H. -U. Lee · S. -S. Nam
국립식량과학원 바이오에너지작물연구소
(Bioenergy Crop Research Institute, National Institute of Crop Science, Muan-gun 58545, Korea)

서 론

현재 세계인구의 급속한 증가와 산업화에 따른 바이오연료 사용증가, 사료용 곡류의 사용증가 등에 의해 식량의 수요가 크게 증가하고 있다. 이러한 식량부족 문제해결을 위하여 단위면적당 탄수화물 생산량이 가장 높은 작물로 알려진 고구마의 유전체해독을 통한 유용유전자 개발과 이들 유전자를 이용한 다수확품종, 환경내성품종, 기능성품종 개발 등의 기반연구 확대가 필요하다.

2015년 FAO의 보고서에 의하면 현재 세계인구의 약 10.9%인 약7억9천4백6십만 명이 영양부족 상태로 지내고 있다(FAO 2015). 향후 세계 인구는 점진적인 증가로 2050년 96억 명, 2100년 109억 명에 달할 것으로 예상되고 있다. 최근 개발도상국의 발전에 따라 식물성 단백질 섭취보다 동물성 단백질 섭취량이 증가하고 있으며 동물을

사육하기 위한 사료로서의 곡류사용이 증가하고 있다(Cargill 2014).

최근 세계 각국은 이러한 곡류 수요와 안정적인 식량의 공급 문제 해결을 위하여 안정적인 식량생산 및 식량공급에 대한 연구 전략 수립에 노력을 하고 있다. 특히 고구마는 전분, 항산화물질, 식이섬유, 칼륨 등이 풍부한 주요 식량작물로서 아시아 3국(한국, 중국, 일본)에서 유용형질을 가진 품종육종을 위해 유전체 연구결과를 이용하려는 연구에 관심이 증가하고 있다. 고구마 유전체 해독으로 분리된 고구마 뿌리형질 유전자들은 덩이뿌리를 가지는 카사바, 야콘, 타로 등의 타 작물에서도 유사한 기능을 나타낼 가능성이 있어 이들 유전자들의 활용 가능성 확대와 더불어 연구개발의 필요성이 크게 부각되고 있다. 특히 고구마 유전체 정보를 활용하여 글로벌 조건불리지역에 적합한 품종개발, 고령화에 적합한 기능성 고구마 품종개발 등으로 인류가 당면한 식량문제, 환경문제, 에너지문제, 보건문제 해결에 기여할 수 있을 것으로 기대된다. 본 논문에서는 고구마 유전체 연구에 대한 최근 동향 및 향후 전망에 대하여 소개하고자 한다.

동식물 유전체연구 동향

2005년 차세대염기서열분석(Next-generation sequencing, NGS)을 이용한 Roche사의 GS20 분석기가 등장한 이후 유전체 해독 비용이 급격히 감소하고 있으며 반면 염기서열분석 용량은 획기적인 증가를 나타내고 있다. 따라서 NGS를 이용한 동식물 유전체해독 연구가 활성화되어 매우 빠른 속도로 많은 연구가 동시에 이루어지고 있다. 2015년 8월 현재 세계적으로 수행되고 있는 진핵생물, 원핵생물, 세균류의 complete genome project 연구진행 현황을 나타내는 GOLD (Genomes Online Database, http://gold.jgi.doe.gov/) 자료에 의하면 56,287개의 게놈분석 연구가 진행 중이며 7,258개가 완료된 것으로 등록되어 있다.

중국의 BGI 연구소(http://www.genomics.cn/)는 2011년 11월에 차세대유전체해석기술을 이용한 3M genome project를 시작하였다. 동식물, 인간, 미생물 게놈분석을 각각 백만 종씩 분석을 실시하여 인류의 식량문제, 질병예방, 에너지문제 해결을 가속화하는데 연구목표를 두고 연구를 진행 중에 있다. 최근 진행되고 있는 식물유전체연구의 경우 500종의 표준 유전체 작성을 목표로 연구를 진행중이며 40종이 완료되어 논문으로 발표되었으며 150종이 NGS기술을 이용하여 유전체 해독이 이루어지고 있다. 이러한 유전체분석 결과들은 분자육종, 종 다양성 해석, 진화학적 연구, 유전자 기능분석 연구 등에 크게 활용될 것으로 예상된다.

국내외적으로 식물 유전체 분석을 통한 고유유전자 대량 개발을 위하여 최근 15년간 식물 유전체 해독연구를 수행하여 주요모델 식물 및 작물의 염색체 완전해독연구(애기장대 2000년, 벼 2005년, 콩 2010년, 감자 2011년, 배추 2011년, 보리 2012년, 밀 2014년)가 완료되었다(Arabidopsis Genome Initiative. 2000; International Rice Genome Sequencing Project. 2005; Kim MY et al. 2010; Potato Genome Sequencing Consortium. 2011; Brassica rapa Genome Sequencing Project Consortium. 2011; Internationa Barley Genome Sequencing Consortium. 2012; International Wheat Genome Sequencing Consortium. 2014). 아울러 식물 유전체 구조분석 결과를 이용한 식물 농업형질관련 유전자 기능분석 연구가 활발히 이루어지고 있다.

국제 감자유전체해독 컨소시엄에서 2011년 *de novo* whole-genome sequencing 방법으로 감자 유전체 해독을 완료 하였으며 게놈 크기는 844 Mb로 39,031개의 유전자를 가지고 있었다. 감자 유전체해독결과를 이용하여 애기장대, 포도 등 12종의 식물과 비교 유전체 연구를 수행하였다. 특히 감자 괴경에 발현하는 유전자군의 해석 및 병저항성 유전자군 분석에 대한 연구를 수행하였다. 향후 고구마 유전체 해독연구가 완료되었을 때 두 작물간의 유전자 비교 분석을 통하여 고유 유전자 개발이 가속화 될 것으로 생각된다.

고구마 유전체 연구 배경

고구마는 세계 7대 식량작물로서 2013년 전 세계의 117개국에서 약 1억7천만 톤이 생산되었으며 아시아 지역에서 약 85%를 생산하였으며 중국이 전체생산량의 81% (약 1억4천만 톤)을 생산하여 고구마는 아시아작물로 평가되고 있다(FAOSTAT, http://faostat3.fao.org/). 국내는 1965년 고구마를 약 300만 톤을 생산하다가 2013년에 약 32만9천 톤을 생산하고 있다. 고구마는 거주민의 식량원으로서만 아니라 사료, 주정 등의 상업용으로도 사용되어지고 있다. 아프리카, 남미 지역에서도 많은 재배가 이루어지고 있으나 아시아의 평균생산성이 비하면 매우 낮다. 세계 소비량의 54.2%가 식용, 39%가 사료용, 0.04%가 가공용으로 소비되고 있다. 세계 최대 고구마 생산국인 중국에서는 바이오에너지용 곡물 소비 증가에 따른 식용 농산물 가격 상승을 조절하고자 2008년부터 고구마 등을 이용한 바이오에너지 이용을 권장하고 있어 고구마는 산업적 가치가 매우 높은 작물로 평가 받고 있다. 특히 고구마는 뿌리 건조중량의 70% 이상이 전분으로 구성되어 있으며 단위면적 당 전분의 생산량은 옥수수에서 생산되는 양보다 2배 이상 높은 것으로 알려져 있다. 미농무성(USDA)은 다른 전분작물인 옥수수, 감자, 카사바, 사탕수수 등에 비해 척박한 땅에서 단위면적당 가장 많은 탄수화물을 생산함을 확인하여 척박한 지역에 적합한 최고의

바이오에탄올 작물로 평가하였다(Ziska et al. 2009).

따라서 고구마는 유전체 해독정보를 이용한 전분대사에 관련된 기작 등을 이해하는데 좋은 모델 작물로 생각되어지며 전분분해를 통한 바이오에너지 생산 등의 실용화에 활용 가능한 작물이다. 최근 소득수준의 증가와 생활여건의 향상에 따른 국민 건강에 대한 관심의 확대에 따라 기능성 식품으로서의 고구마가 주목을 받고 있다. 고구마는 비타민C와 베타카로틴, 안토시아닌 등의 항산화 성분을 많이 함유하고 있으며 고구마에 포함된 식이 섬유는 다이어트에 효과를 나타내는 것으로 알려지고 있다(Bovell-Benjamin 2007). 이와 같이 고구마는 식량으로서 뿐만 아니라 고령화 사회의 질병 예방에도 사용되어질 수 있다. 따라서 고구마 유전체 해독을 통하여 유용형질 유전자 개발과 고부가가치를 창출하는 품종 육성 연구는 우리 농산업의 경쟁력 확보와 해외시장 진출을 위한 핵심 개발 분야로 인식되어지고 있다.

고구마 유전체 연구 현황

고구마 [*Ipomoea batatas* (L.) Lam]는 나팔꽃, 메꽃 등과 메꽃과(*Convolvulaceae*)과에 속하며 600 ~ 700종이 보고되어 있다(Austin and Huam 1996). 고구마 재배역사는 멕시코 유카탄반도와 베네주엘라 오리노코강 지역으로 알려져 있으며 16세기 스페인과 포르투칼 항해자들에 의해 유럽과 아시아로 전파된 것으로 알려져 있다. 우리나라는 1763년 조선통신사로 가던 조엄선생에 의해 대마도를 통해 도입되었다. Roullier et al. (2013)은 폴리네시아 지역의 고구마 도입 경로를 연구하기 위하여 1,255종의 고구마에 대하여 엽록체 및 핵 DNA marker를 이용하여 이동성을 분석하였다.

고구마가 세계 7대 식량작물임에도 불구하고 6배체 (2n=6x=90)로서 유전체가 크고(2.2 ~ 3Gb) 배수체 구성도 복잡하여 유전학 및 유전체에 관한 연구는 국내외적으로 많이 이루어지지 않고 있는 실정이다. 고구마 유전체의 배수성은 진화와 다양성 연구에 중요하며 육종가들은 이러한 배수성을 이용하여 고구마, 바나나, 밀, 감자, 사탕수수 등의 육종에 이용하고 있다. 2015년 8월 현재 NCBI의 GenBank에 등록된 고구마 염기서열 정보는 219,633개로 이들 등록정보 중 EST 형태로는 33,367개가 등록되어 있다. 반면 벼의 EST는 1,695,551개, 감자의 EST는 420,075개 등록되어 있어 상대적으로 적은 수의 고구마의 유전자 정보만 공개된 상태이다.

국내 고구마 유전체 해독 기반 연구

국내에서 이루어진 고구마 유전체 관련 연구로는 한국생명공학연구원에서 산화스트레스에 강한 형질을 보이는 신황미 고구마 품종을 대상으로 전사체 분석을 통한 산화스트레스 특이적 유전자군의 네트워크 구축을 위한 연구 및 형질관련 유전자 기능분석 연구를 수행하고 있다(Jeong et al. 2015). 이 팀에서는 기존의 확립된 고구마 형질전환 기술을 기반으로 글로벌 조건 불리지역(건조지역, 고 염분지역, 추운지역, 오염된 토양 등)에서 재배가 가능한 환경재해 내성 고구마를 개발하고 있다(Kim et al. 2009). 최근에는 기능성 향상 고구마 개발을 위하여 색소 항산화물질(카로티노이드, 안토시아닌) 대사공학에 관한 연구를 수행하고 있다(Kim et al. 2010; Kim et al. 2013; Park et al. 2015a,b)

국립식량과학원 바이오에너지작물연구소에서는 국내 고구마 유전체 해독 연구를 위한 품종의 육성 및 특성평가관련 연구를 수행하고 있다. 동 연구소에서는 식용 고구마인 다호미, 전분함량이 높은 바이오에너지용 대유미(Lee et al. 2010), 안토시아닌 색소 함량이 높아 가공용으로 육성된 신자미(Ahn et al. 2002b), 베타카로틴 함량이 높은 주황미(Ahn et al. 2006) 등의 고구마 품종을 육성하였다. 내병충성 고구마 품종으로는 덩굴쪼김병에 대한 저항성이 강한 신건미(Ahn et al. 2002a) 등 품종과 고구마 뿌리혹선충에 저항성인 주황미 등 품종을 개발하여 보급하고 있다. 본 연구에서는 이들 품종을 이용하여 국내 고구마 품종의 유전체 해독 연구를 수행하고 있다.

고구마 유전자지도 작성 연구

고구마 유전체분석 및 분자육종을 위한 기반연구인 유전자지도 작성연구 또한 많이 이루어지지 않고 있으며 현재까지 RAPD, SSR, AFLP, retrotransposon insertion polymorphisms 분석을 통하여 유전자지도를 작성한 6편의 논문(Ukoskit and Thompson 1997; Kriegner et al. 2003; Cervantes-Flores et al. 2008; Li et al. 2010; Zhao et al. 2013; Monden et al. 2015)이 보고되어 있다(Table 1). 중국농업대학의 Zhao et al. (2013)은 고구마의 수량성, 내염성, 색소합성관련, 줄기선충 저항성 유전자분리 연구를 수행중이며 Xushu 18 계통과 Xu 781 계통을 교배하여 Xushu 18 계통의 고밀도 유전자 지도를 작성하였으며 AFLP 마커와 SSR 마커를 이용하여 수량성 QTL 분석을 하였다. 또한 Wang et al. (2011)은 NGS를 이용하여 고구마 발현유전자 분석을 수행하여 얻어진 181,615개 EST정보를 이용하여 8,294개의 EST-SSR 마커를 개발하였다. 일본 Kazusa DNA Institute에서는 배수체 식물의 유전체 분석을 위한 기반연구로 고구마 등 27종 식물체의 DNA 마커개발 연구를 수행하고 있으며 일본 고구마 3개 품종의 발현유전자 정보를 이용하여 SNP 분석 연구를 수행하였다.

Table 1 Summary of the segregation ratios of molecular markers analyzed in sweetpotato (Monden et al. 2015).

Types of markers	Parent cultivars	No. of markers	No. of simplex markers	%	Publication
RAPD	Vardaman	102	76	74.5	Ukoskit and Thompson (1997)
	Regal	94	67	71.3	
AFLP	Bikilamaliya	641	410	64.0	Kriegner et al. (2003)
	Tanzania	808	519	64.2	
AFLP	Beauregard	1751	1303	74.4	Cervantes-Flores et al. (2008)
	Tanzania	1944	1511	77.7	
SRAP	Luoxushu 8	770	446	57.9	Li et al. (2010)
	Zhengshu 20	523	325	62.1	
AFLP and SSR	Xushu 18	2772	1204	43.4	Zhao et al. (2013)
	Xu 781	2850	1298	45.5	
Retrotransposon based	PSL	154	133	86.4	Monden et al. (2015)
	90IDN-47	158	140	88.6	

고구마 전사체 분석 연구

고구마 전사체 분석 연구는 최근 NGS를 이용한 전사체 분석연구가 이루어지고 있으며 중국의 Tao et al. (2012)은 고구마 Xushu 18 품종의 Illumina PE RNA-seq 염기서열분석 결과를 이용 *de novo* transcriptome assembly를 수행하여 128,052개의 전사체를 얻었으며 Blast2GO 분석을 통하여 전사체 annotation을 하였다. BlastX 분석결과 상동성을 나타내는 51,763개의 전사체를 얻었다. 고구마 7개 조직의 전사체 분석결과를 이용하여 DEG tag profiling 해석을 수행하여 이들 전사체들의 조직특이 발현양상을 분석하였다. Xie et al. (2012)은 RNA-seq 분석을 통하여 자색고구마에 발현하는 전사체 해석을 하였다. 자색고구마에서 58,800개의 unigene을 분리하였으며 40,280개(68.5%)가 단백질을 coding하는 유전자였으며 이들 유전자 중 11,978개가 애기장대와 5,184개가 벼와 상동성을 나타내었다. 그리고 이들 전사체 정보를 이용하여 색소합성관련 유전자 분리 및 발현양상을 해석하였다. Wang et al. (2010)은 고구마 전사체 분석을 수행하여 56,516개의 unigene을 분리하고 114 종의 KEGG 대사계와 비교분석을 하였다. 아울러 전분대사 경로 및 2차 대사산물 대사 경로에 해당하는 유전자군의 분석을 수행하였다. 국제감자연구소(International Potato Center)의 Schafleitner et al. (2010)은 NCBI에 등록되어 있는 고구마의 EST와 건조처리를 한 Tanzania 고구마 품종을 pyrosequencing 방법을 이용하여 전사체 분석을 하였으며 그 결과를 통합하여 Sweetpotato Gene Index DB를 구축하였다(https://research.cip.cgiar.org/confluence/display/SPGI/Home).

고구마 유전체 해독 진행 현황

고구마 유전체 해독을 통한 유용 농업형질 유전자분리를 위하여 최근 고구마 유전체 연구가 수행되고 있다. 일본 Kazusa DNA연구소 Hirakawa et al. (2015)은 2배체 고구마(*I. trifida*)의 유전체 해독 초안을 발표하였다. 유전체 분석에 사용된 야생종 2배체 고구마인 *I. trifida* (H.B.K.) G. Don.은 6배체 고구마인 *I. batatas* (L.) Lam의 조상으로 알려져 있다. 연구에서는 Illumina HiSeq 염기서열분석기를 이용하여 순계의 Mx23Hm종과 잡종의 0431-1종 등 2종의 유전체분석을 수행하여 각각 513 Mb와 712 Mb의 유전체를 조립하였다. 유전체내에 존재하는 유전자분석을 통하여 Mx23Hm종에서는 62,407개 유전자, 0431-1종에서는 109,449개의 유전자를 확인하였다. 이들 2종의 유전자들을 이용하여 애기장대, 카사바, 감자 등 다른 종과의 유전자 비교분석을 통하여 Mx23Hm 종 특이적 5,849개 유전자와 0431-1종 특이적 15,020개 유전자를 분리 하였다 (Fig. 1).

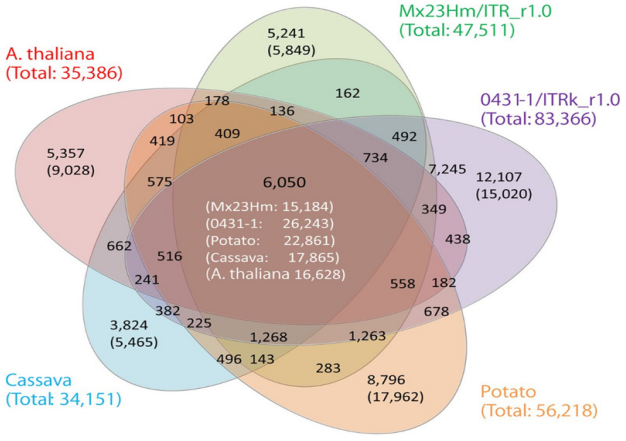

Fig. 1 Venn diagram of gene clusters in *Ipomoea trifida* and other plant species (Hirokawa et al. 2015)

고구마 유전체 해독과정에서 얻어지는 엽록체 유전체

염기서열 정보를 이용하여 고구마 유전체의 종간 다양성 및 분자진화학적 분석이 수행되었다(Yan et al. 2015). 고구마의 엽록체 유전체 길이는 161,303 bp이며 145개의 유전자로 구성되어 있었다. 2014년 사하라남쪽 아프리카지역의 기근과 영양문제를 해결하기 위해 빌게이츠재단(Bill & Melinda Gates Foundation)은 '유전체 기반 고구마 육종 도구개발 프로젝트'를 시작하여 미국 노스캐롤라이나 주립대학을 주축으로 국제감자연구소, 미시간 주립대학, 보이스 톰슨 연구소, 퀸즐랜드 대학, 우간다 국립작물자원연구소, 가나 과학산업연구위원회 등이 참여하는 컨소시엄을 구성하였다.

국내에서의 고구마 유전체 해독 연구는 포스트게놈 다부처유전체 사업으로 2014년 4월부터 농촌진흥청(국립농업과학원, 국립식량과학원 바이오에너지작물연구소), 한국생명공학연구원이 참여하여 연구를 수행하고 있다.

2004년부터 한·중·일 고구마 연구자들은 격년으로 한·중·일 고구마워크숍을 개최하고 있으며 특히 지난 2012년 9월 제주에서 개최된 제5차 워크숍에서는 고구마 연구협력의 가속화를 위해 한·중·일 고구마연구협의회(Trilateral Research Association of Sweetpotato, TRAS)를 구성하고 1차적으로 세계에서 가장 많은 면적에서 재배되고 있는 중국의 Xushu 18 (6배체) 고구마 유전체 해독을 우선적으로 추진하기로 하였다(TRAS 2015).

기본적으로 신규 고구마 유전체 분석을 3개국이 분담하여 데이터를 생산하고, 일본(Kazusa DNA연구소, NARO 큐슈오끼나와 농업연구센터)에서는 유전체분석용 라이브러리 작성, 6배체 유전체 조립과 2배체 재래종에 대한 참조용 유전체를 작성하며 macro-synteny 분석을 담당하기로 하였다. 중국(중국농업대학, 중국농업과학원 고구마연구소)에서는 유전체 해독 위한 식물재료(Xushu 18 계통, high density mapping용 S1 population)를 제공하고 분석한다. 한국(농촌진흥청, 한국생명공학연구원)은 신규 유전체(NGS) 데이터 생성과 함께 유전체 주석달기(genome annotation) 및 전사체 분석을 담당하기로 협의하고 연구를 진행 중이다(Fig. 2).

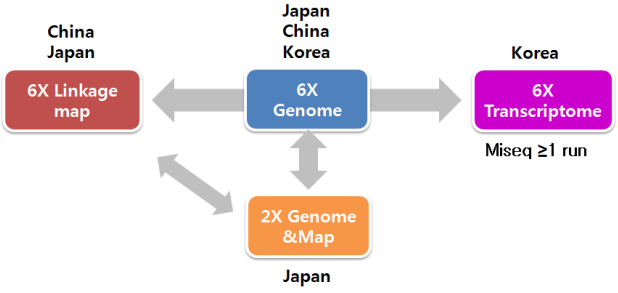

Fig. 2 Cooperation scheme of Korea, China and Japan for the sweetpotato genome sequencing project

고구마 유전체 연구 전망

NGS 분석기술의 발달에 따라 동식물 유전체 해독연구가 활발히 이루어지고 있음에도 불구하고 다배수체 유전체의 식물 유전체 해독연구는 많이 이루어지지 않고 있다. 한·중·일 고구마 유전체 해독연구에 사용하는 Xushu 18 고구마의 유전체 크기는 3 Gb 정도로 매우 크고 염색체는 6배체를 나타내어 다른 2배체 작물과 비교하여 유전체 해독연구를 수행하는데 많은 어려움이 예상된다. 그러나 한중일 3개국이 고구마 유전체 해독 연구협력을 통하여 각국이 수행할 분야의 효율적인 협력과 2배체 고구마 유전체 정보 및 고밀도 유전자 지도 정보를 활용하여 빠른 시일에 유전체 해독이 완료될 것으로 생각한다. 향후 고구마 유전체 해독을 통하여 전분대사, 항산화물질대사, 환경스트레스, 기능성 등의 기작에 관여하는 고유 유전자 분리 및 활용연구의 활성화에 기여 할 것이며 6배체 고구마 유전체 해독연구는 식물 유전체 해독에 있어 가장 문제시되는 다배수체 식물의 유전체 해독 문제해결에 가장 큰 기여를 할 것으로 기대되어진다.

최근 미국과 일본은 자국의 재배품종을 이용하여 고구마 유전체 해독 기반연구를 수행하고 있다. 이러한 국내외 고구마 유전체 연구의 진행상황을 고려하여 적극적인 국제협력과 더불어 국내 고구마품종에 대한 유전체 해독과 비교연구를 수행하여 고유 유전자 분리 및 다양한 기능성, 병해충 저항성 고구마 육종을 위한 형질 유전자 분리 등의 연구 기반을 확립이 필요하다. 특히 고구마는 척박한 환경의 최고의 수량을 보장하는 작물이라는 점에서, 유전체 정보를 활용하여 식량, 에너지, 환경, 보건 문제를 해결 할 수 있는 고구마 품종육성이 기대된다.

아울러 국내 고구마 유전체 연구 분야 중 상대적으로 많은 연구가 이루어진 고구마 전사체 분석정보를 제공하여 국내외 연구자들 간의 연구협력 강화를 도모하고, 고구마 유전체 해독 정보 종합한 DB 구축을 통하여 유용형질 유전자관련 정보를 제공함으로써 관련 연구의 활성화가 기대된다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 포스트게놈 다부처유전체사업(과제번호: PJ010339) 지원에 의해 이루어졌다.

적 요

고구마는 척박한 환경에서도 생육이 가능한 세계 7대 농작물로 식량뿐만 아니라 사료용, 전분 등의 산업용으로

도 중요하다. 최근 고구마는 항산화물질, 식이섬유질 등을 고함유하는 건강식품으로 각광을 받고 있다. 그러나 고구마 유전체 해독에 관한 연구는 고구마의 중요도에 비해 많이 이루어지지 않고 있다. 본 총설의 목적은 고구마 유전체 연구 동향분석을 통하여 유전체 해독 연구의 효율성 증대 및 유용형질 유전자의 실용화 연구를 위한 기반구축을 모색하는데 있다. 최근 NGS 분석을 통한 동식물 유전체해독이 급진적으로 많이 이루어지고 있다. 고구마 유전체 해독의 경우는 다배수성 문제와 이질유전체 문제로 유전체 완전해독 연구가 이루어지지 않고 있으며 반면 전사체 분석 연구는 활발히 이루어지고 있는 실정이다. 최근 2015년 일본 연구자들에 의해 2배체 고구마의 유전체 해독 초안이 보고되었다. 한중일 고구마 연구협의회(Trilateral Research Association of Sweetpotato, TRAS)에 의해 6배체 고구마 Xushu 18의 유전자지도 작성 및 유전체 해독 연구가 2014년부터 이루어지고 있다. 빌게이츠재단(Bill & Melinda Gates Foundation)은 사하라사막 남쪽 아프리카지역의 기근과 영양문제를 해결하기 위해 고구마 유전체 기반 분자육종을 위한 분자도구 개발에 관한 프로젝트를 미국을 중심으로 한 컨소시엄을 구성하여 출범하였다. 고구마 유전체 해독과정 중에 분석된 고구마 엽록체 유전체 분석을 통하여 진화학적 해석연구가 이루어지고 있다. 본 총설을 통하여 고구마 유전체 해독 연구동향을 살펴보았다. 이러한 연구 동향 분석은 고구마의 생산성 및 기능성 향상 등의 실용화 연구를 수행하는 연구자들에게 최근의 연구현황을 제공할 수 있을 것이며 세계적인 식량, 에너지, 환경문제의 해결에 크게 기여 할 것으로 생각된다.

References

Ahn YS, Chung MN, Jeang BC, Lee JS, Oh YH (2002a) A New Sweetpotato variety Resistance to Fusarium Wilt, “Singeonmi”. Korean J. Breed. Sci. 34:381-382

Ahn YS, Jeang BC, Chung MN, Lee JS, Oh YH (2002b) New Variety Developed : A New Purple-Flesh and High Anthocyanin Sweetpotato Variety, "Sinjami". Korean J. Breed. Sci. 34: 379-380

Ahn YS, Chung MN, Lee JS, Jeang BC (2006) A New Sweetpotato variety for Food and Processing, “Juhwangmi”. Korean J. Breed. Sci. 38:69-70

Arabidopsis Genome Initiative (2000) Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. Nature 408:796-815

Austin DF, Huam Z (1996) A synopsis of *Ipomoea* (Convolvulaceae) in the America. Taxon 45:3-38

Bovell-Benjamin AC (2007) Sweetpotato: a review of its past, present, and future role in human nutrition. Adv Food Nutr Res 52:1-59

Brassica rapa Genome Sequencing Project Consortium (2011) The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa*. Nat Genet 43:1035-1039

Cargill (2014) Food security: The challenge, 1-3

Cervantes-Flores JC, Yencho GC, Kriegner A, Pecota KV, Faulk MA, Mwanga ROM, Sosinski BR (2008) Development of a genetic linkage map and identification of homologous linkage groups in sweetpotato using multiple-dose AFLP markers. Mol Breed 21:511-532

Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) (2015) The state of food insecurity in the world, 8-18

Hirakawa H, Okada Y, Tabuchi H, Shirasawa K, Watanabe A, Tsuruoka H, Minami C, Nakayama S, Sasamoto S, Kohara M, Kishida Y, Fujishiro T, Kato M, Nanri K, Komaki A, Yoshinaga M, Takahata Y, Tanaka M, Tabata S, Isobe SN (2015) Survey of genome sequences in a wild sweetpotato, *Ipomoea trifida* (H.B.K.) G. Don. DNA Res 22:171-179

International Barley Genome Sequencing Consortium (2012) A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. Nature 491:711-716

International Rice Genome Sequencing Project (2005) The map-based sequence of the rice genome. Nature 436:793-800

International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC) (2014) A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. Science 345:1251788

Jeong JC, Ji CY, Park SC, Lee HS, Kwak SS (2015) Comparative transcriptome analysis of sweetpotato and its land races in response to oxidative stress. Proceeding Book of Annual Academic Meeting of Korean Society for Plant Biotechnology (Korean Culture Training Institute, June 18~19, 2015). p59.

Kim CY, Ahn YO, Kim SH, Kim YH, Lee HS, Catanach AS, Jacobs JME, Conner AJ, Kwak SS (2010) The sweetpotato IbMYB1 gene as a potential visible marker for sweetpotato intragenic vector system. Physiol Plantarum 139:229-240

Kim MD, Ahn YO, Kim YH, Kim CY, Lee JJ, Jeong JC, Lee HS, Mok IJ, Kwak SS (2009) Strategies of development of environmentally firendly industrial sweetpotato on marginal lands by molecular breeding. J Plant Biotechnol 36:197-201

Kim MY, Lee S, Van K, Kim TH, Jeong SC, Choi IY, Kim DS, Lee YS, Park D, Ma J, Kim WY, Kim BC, Park S, Lee KA, Kim DH, Kim KH, Shin JH, Jang YE, Kim KD, Liu WX, Chaisan T, Kang YJ, Lee YH, Kim KH, Moon JK, Schmutz J, Jackson SA, Bhak J, Lee SH (2010) Whole-genome sequencing and intensive analysis of the undomesticated soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) genome. Proc Natl Acad Sci USA 107: 22032-22037

Kim SH, Ahn YO, Ahn MJ, Jeong JC, Lee HS, Kwak SS (2013) Cloning and characterization of an Orange gene that increases carotenoid accumulation and salt stress tolerance in transgenic sweetpotato cultures. Plant Physiol Biochem 70:445-454

Kriegner A, Cervantes JC, Burg K, Mwanga ROM, Zhang D (2003) A genetic linkage map of sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] based on AFLP markers. Mol Breed 11:169-185

Lee JS, Ahn YS, Chung MN, Kim HS, Jeong KH, Bang JK, Song

YS, Shim HK, Han SK, Suh SJ (2010) A New Sweetpotato Cultivar for Use of Bioethanol 'Daeyumi'. Korean J. Breed. Sci. 42:674-678

Li AX, Liu QC, Wang QM, Zhang LM, Zhai H, Liu SZ (2010) Establishment of molecular linkage maps using SRAP markers in sweetpotato. Acta Agron. Sin. 36:1286-1295

Monden Y, Hara T, Okada Y, Jahana O, Kobayashi A, Tabuchi H, Onaga S, Tahara M (2015) Construction of a linkage map based on retrotransposon insertion polymorphisms in sweetpotato via high-throughput sequencing. Breed Sci 65:145-153

Park SC, Kim SH, Park SY, Lee HU, Lee JS, Bae JY, Ahn MJ, Kim YH, Jeong JC, Lee HS, Kwak SS (2015a) Enhanced accumulation of carotenoids in sweetpotato plants overexpressing IbOr-Insgene in purple-fleshed sweetpotato cultivar. Plant Physiol Biochem 86:82-90

Park SC, Kim YH, Kim SH, Jeong YJ, Kim CY, Lee JS, Bae JY, Ahn MJ, Jeong JC, Lee HS, Kwak SS (2015b) Overexpression of the IbMYB1 gene in an orange-fleshed sweetpotato cultivar produces a dual-pigmented transgenic sweetpotato with improved antioxidant activity. Physiol Plantarum 153:525-537

Potato Genome Sequencing Consortium (2011) Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. Nature 475:189-195

Roullier C, Benoit L, McKey DB, Lebot V (2013) Historical collections reveal patterns of diffusion of sweetpotato in Oceania obscured by modern plant movements and recombination. Proc Natl Acad Sci USA 110:2205-2210

Roullier C, Duputié A, Wennekes P, Benoit L, Fernández Bringas VM, Rossel G, Tay D, McKey D, Lebot V (2013) Disentangling the origins of cultivated sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). PLoS One 8:e62707

Schafleitner R, Tincopa LR, Palomino O, Rossel G, Robles RF, Alagon R, Rivera C, Quispe C, Rojas L, Pacheco JA, Solis J, Cerna D, Kim JY, Hou J, Simon R (2010) A sweetpotato gene index established by de novo assembly of pyrosequencing and Sanger sequences and mining for gene-based microsatellite markers. BMC Genomics 11:604

Tao X, Gu YH, Wang HY, Zheng W, Li X, Zhao CW, Zhang YZ (2012) Digital gene expression analysis based on integrated de novo transcriptome assembly of sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam]. PLoS One 7:36234

TRAS (2015) Sweetpotato genomic sequencing. TRAS Newsletter 1:3

Ukoskit K and Thompson PG (1997) Autopolyploidy versus allopolyploidy and low-density randomly amplified polymorphic DNA linkage maps of sweetpotato. J Amer Soc Hort Sci 122:22-828

Wang Z, Fang B, Chen J, Zhang X, Luo Z, Huang L, Chen X, Li Y (2010) De novo assembly and characterization of root transcriptome using Illumina paired-end sequencing and development of cSSR markers in sweetpotato (*Ipomoea batatas*). BMC Genomics 11:26

Wang Z, Li J, Luo Z, Huang L, Chen X, Fang B, Li Y, Chen J, Zhang X (2011) Characterization and development of EST-derived SSR markers in cultivated sweetpotato (*Ipomoea batatas*). BMC Plant Biol 11:139

Xie F, Burklew CE, Yang Y, Liu M, Xiao P, Zhang B, Qiu D (2012) *De novo* sequencing and a comprehensive analysis of purple sweetpotato (*Impomoea batatas* L.) transcriptome. Planta 236:101-113

Yan L, Lai X, Li X, Wei C, Tan X, Zhang Y (2015) Analyses of the complete genome and gene expression of chloroplast of sweetpotato [*Ipomoea batata*]. PLoS One 10:e0124083

Zhao N, Yu X, Jie Q, Li H, Li Hua, Hu J, Zhai H, He S, Liu Q (2013) A genetic linkage map based on AFLP and SSR markers and mapping of QTL for dry-matter content in sweetpotato. Mol Breeding 32:807-820

Ziska LH, Runion GB, Tomecek M, Prior SA, Torbet HA, Sicher R (2009) An evaluation of cassava, sweetpotato and field corn as potential carbohydrtae sources for bioethanol production in Alabama and Maryland. Biomass Bioenerg 33:1503-1508