“쌀 유전자지도 초안 나왔다”

중국-Syngenta 99% 규명 성공 … 비상업용 연구에 공개

쌀 유전자지도 초안이 드디어 발견됐다. 과학자들은 인류의 쌀 재배 역사 7000여년만에 가장 혁명적인 전기가 마련된 것으로 평가했다.

미국 과학잡지 사이언스는 4월5일 중국의 베이징대학 유전자연구소와 스위스 생명공학 기업인 Syngenta의 미국 샌디에이고 연구소가 쌀 유전자 지도를 각각 99%와 99.8%의 정확도로 완성했다고 보도했다.

이로써 유전자 변형을 통해 가뭄과 병충해에 강한 쌀의 개발이 촉진돼 인류의 식량난이 크게 해소될 것으로 기대된다. 특히, 옥수수 및 밀 등 비슷한 유전자가 많은 연관 작물의 증산에도 기여할 것으로 예상된다.

발표된 유전자 지도는 초안으로 1-2년 이내에 지도가 완성될 것으로 과학자들은 보고 있다.

북경지놈연구소와 11개 중국 연구소들이 공동으로 참여한 워싱턴지놈센터가 인디카 쌀을, 스위스 Syngenta가 자포니카 쌀에 대한 지놈 해독을 각각 맡아 초안을 작성했다.

연구 결과에 따르면, 쌀의 Genome 가운데 4억3000만개의 DNA염기쌍이 규명됐으며, 그 복잡성에서는 과학자들의 예상보다 더 복잡해 인간의 지놈을 능가했다.

또 자포니카 쌀은 4만2000-6만3000개의 유전자를 보유하고 있으며, 인디카 쌀은 4만5000-5만6000개의 유전자를 보유하고 있는 것으로 나타나 인간(3만-4만개) 보다 훨씬 복잡한 것으로 밝혀졌다.

특히, 쌀지놈 해독을 통해 2개 품종 사이에도 크지는 않지만 중요한 유전적 변이를 밝혀냈다. 수치상으로 2개 품종은 0.5-1% 정도의 유전적 변이를 갖고 있는 것으로 확인됐는데 2개 인종 사이에 나타나는 변이의 10배에 해당하는 것이다.

게다가 쌀의 지놈상는 다른 식물처럼 엄청난 복제가 이뤄진 것으로 나타났으며, 전체 쌀지놈의 4분의 3 정도에서 같은 암호가 반복되고 있는 것으로 조사됐다.

연구팀은 쌀이 진화과정에서 외부 압력을 받으면서 선택적으로 유전자의 복제와 수정을 거듭해온 것이라고 설명했다. 쌀지놈 연구는 미국의 Celela Genomics이 인간의 지놈 해독에 사용했던 '샷건방식'이 적용됐다.

중국과 Syngenta는 상업용 목적이 아닌 국제적인 쌀 연구 프로젝트에 연구결과를 제공한다는 입장을 밝혔다.

한편, 일본 주도의 국제쌀지놈해독프로젝트(IRGSP)는 쌀지놈 연구와는 별도로 전통적인 방법에 의해 현재 자포니카 품종에 대한 지놈 해독을 진행중인데 2002년 말 결과를 발표할 수 있을 것으로 전망된다.

<Chemical Daily News 2002/04/08>