

I-1

한국산 어류의 유전체학 Genomics of Korean Fishes

김창배

한국생명공학연구원 유전자원센터

서론

최근에 급격히 발전하고 있는 유전체학 기술은 매우 많은 양의 유전정보를 단시간에 생산해내고 있다. 그렇지만, 이러한 유전체학 방법론을 분류진화학, 생태학, 보전생물학에 적용하는 작업은 아직도 미미하다(Thornston and DeSalle, 2000). 이러한 접근 방법은 얻고자 하는 유전체 부위의 유전정보를 여러 생물종에서 획득할 수 있고, 비교연구를 위한 계통분석(phylogenetic analysis)의 정확성을 확보할 수 있다. 반면에, 계통분류학의 개념과 분석방법이 비교유전체학(comparative genomics)에는 아직 적용되지 못하고 있다. 유전체 구조와 기능유전체학(functional genomics) 자료분석에 진화학적 연구자료들이 매우 유용하게 쓰일 수 있다(Bull and Wichman, 2001; Eisen, 1998).

Fugu (*Fugu rubripes*) Genome Project: 2001. 10. First draft announced
JGI, IMCB, HGMP-RC

//www.jgi.doe.gov/

The *Danio rerio* Sequencing Project: started in 2001, ongoing
Sanger Institute and zebrafish community

//www.sanger.ac.uk/Project/D_rerio/

Medaka

//biol1.bio.nagoya-u.ac.jp:8000/

Tilapia Genome Project: genetic maps

//tilapia.unh.edu/WWWpages/TGP/TGP.html/

***Tetraodon nigroviridis* Sequencing Project:** ongoing

Genoscope and Whitehead Institute

//www.genoscope.cns.fr/externe/teraodon/sequencing.html/

***Xiphophorus* Gene Mapping**

//www.xiphophorus.org/mapping.htm/

Table 1. Fish species are under genome project

결과 및 가능성 제시

본 세미나에서는 유전체학 방법론을 적용하여 대량의 유전정보를 중요 자원 생물종인 한국산 어류에서 어떻게 얻을 수 있는 가 하는 기초적인 자료들을 제시하려고 한다. 그 대상 유전체 부위는 미토콘드리아 유전체(mitochondrial genome)(Pollock et al., 2000)와 초기발생에 중요한 유전자인 Hox 유전체(Hox genome)(Kim et al., 2000)이다. 이러한 접근이 계통진화, 형태학, 생태학, 발생학 등의 의문들을 얼마나 해결할 수 있는 지 설명하려고 한다. 또한, 한국산 어류의 유전체사업을 위한 기초자료를 탐색하고(예, 어류의 지놈 크기-Animal Genome Size Database), 유전체사업을 위한 어류 생물종의 genomic BAC library 구축 및 이의 이용체계에 대한 가능성을 제시하고자 한다. 마지막으로, 유전정보 비교분석의 예를 제시하고, 한국산 어류의 생물정보학 이용체계 구축도 제시하고자 한다.

참고문헌

- Animal Genome Size Database <http://www.genomesize.com>
Bull, J.J. and Wichman, H.A. 2001. Applied evolution. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* **32**:183-217.
Eisen, J.A. 1998. Phylogenomics: Improving functional prediction for uncharacterized genes by evolutionary analysis. *Genome Res.* **8**:163-167.
Kim, C., C. Amemiya, W. Bailey, K. Kawasaki, J. Mezey, W. Miller, S. Minishima, N. Shimizu, G. Wagner and F. Ruddle, 2000. Hox cluster genomics in the horn shark, *Heterodontus francisci*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **97**: 1655-1660.
Pollock, D.D., Eisen, J.A., Doggett, N.A. and Cummings, M.P. 2000. A case for evolutionary genomics and the comprehensive examination of sequence biodiversity. *Mol. Biol. Evol.* **17**:1776-1788.
Thornston, J.W. and DeSalle, R. 2000. Gene family evolution and homology: Genomics meets phylogenetics. *Annu. Rev. Genomics Hum. Genet.* **1**:41-73.