

I-2

한국산 어류의 분자계통

김창배

한국생명공학연구원 유전자원센터

유전체학 방법론을 적용하여 대량의 유전정보를 중요 자원생물종인 한국산 어류에서 얻어서 이를 바탕으로 하여, 어류의 계통연구에 이용하려고 한다. 그 대상 부위는 미토콘드리아 유전체이다. 현재 GenBank와 같은 데이터베이스에 공개된 약 73종의 어류 정보(Mitochondrial Gene Arrangement Source Guide, 2001)로부터 안정된 PCR primers를 제작할 수 있다. 이를 가지고 long PCR approach를 통해 긴 염기서열 조각들을 얻어서 이를 direct sequencing하거나 plasmid cloning을 통해 정보를 얻을 수 있다(Pollock et al., 2000, unpublished data). 이러한 방법은 소규모 연구비를 운용하는 연구실에서도 수행할 수 있다(Miya et al., 2001). 이러한 접근을 통해 다양한 한국산 어류종들에서 정보를 얻으면 유전자원의 확보 측면 뿐만 아니라, 보다 정확한 어류의 분자계통을 작성할 수 있는 기회가 될 것이다. 이를 통해 한국산 어류 Mitogenomics Project의 설립이 가능해 질 수 있다.

참고문헌

- Mitochondrial Gene Arrangement Source Guide. October 2001. Jeffery Boore. DOE Joint Genome Institute. Version 6.0.
- Miya M, Kawaguchi A, Nishida M. 2001. Mitogenomic exploration of higher teleostean phylogenies: a case study for moderate-scale evolutionary genomics with 38 newly determined complete mitochondrial DNA sequences. *Mol Biol. Evol.* 18:1993-2009.
- 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.