

P55

생물정보학을 이용한 단백질군의 보존적 유전자 파악

이동근 · 이진옥 · 심두희 · 하배진 · 하종명 · 이상현 · 이재화

신라대학교 생물공학과

생물정보학적 방법인 COG (clusters of orthologous groups of proteins) 알고리즘을 이용하여, 자연계의 물질대사에 중요한 역할을 담당하는 단백질군 (*Proteobacteria*)의 보존적유전자 (conserved gene)를 파악하고 서로간의 유연관계를 밝히고자 하였다. 원핵생물 42 종 (species), 진정세균 33 종, 단백질군 16 종 등 비교 대상 미생물의 수를 줄여가면 보존적유전자가 증가하는 것을 확인하였다. 각 단백질군 그룹은 독자적인 COG 레퍼토리를 소유하였으며 물질대사에 관련된 보존적 유전자는 beta 그룹이 다른 그룹에 비해 다양한 것을 확인하였다. 본 연구는 단백질군의 진화적 유연관계와 기원을 파악하는데 이용될 수 있을 것이며 향후 세균분류학과 생명공학에 필수적인 유용유전자 탐색 등에서도 충분한 이용가치가 있는 것으로 사료되었다.