

EST마커의 넙치 연관 유전자 지도 작성에의 응용 가능성

남보혜, 김영옥, 변주영, 문은정, 조용철, 이상준

국립수산과학원 생명공학연구단

넙치의 연관 유전자지도 작성은 넙치의 분자유종연구 및 기초연구에 있어서 매우 중요한 작업이다. 연관 유전자지도 작성에 이용되는 유전자 마커는 기능을 알고 있는 유전자와 연관된 type I 마커와 전혀 정보를 알지 못하는 염기서열과 관련된 type II 마커로 구분되어진다. 따라서 type I 마커와 같은 기능을 알고 있는 유전자와 연관된 마커가 유전자 지도를 작성하는데 더 유용하게 사용될 수 있다. 이에 총 3,778개의 넙치 EST클론의 염기서열로부터 다형성 마커를 스크리닝하였다. 그 중 230개의 EST클론이 5', 3'-비번 역영역, 혹은 ORF(open reading frame) 영역에 다양한 repeat unit을 포함하고 있었다. repeat unit에는 AC 반복이 31개의 EST 클론에 존재하여 가장 많았고, 그 외 AT 반복과 AG 반복이 각각 21개, 17개의 EST 클론에서 발견되었다. 그 외에도 3염기 repeat unit, 4염기 repeat unit도 다수 존재하였다. 이 repeat unit가 포함되도록 프라이머를 디자인하여, 10개체의 넙치 게놈 DNA에 대하여 PCR을 수행하여 다형성 유무를 확인하였다. 현재 29종류의 프라이머 세트를 확인한 결과 9개의 repeat unit에서 다형성이 관찰되었다. 따라서 EST에서 유래한 type I 마커가 넙치의 연관 유전자지도 작성에 유용하게 응용되리라 예상된다.

*Corresponding author: bhnam@momaf.go.kr