

Session 3, O-9

The comparative study of Mitochondrial gene of *Physa acuta* and Mollusks Mitochondrial Genome using bioinformatics.

Yong-Seok Lee, Jun-Sang Lee¹, Sang-Haeng Choi², Tae Yun Kim
Weon-Gyu Kho, Kye-Heon, Jeong³ and Hong-Seog Park²

Inje University, College of medicine, Department of parasitology

Korea Shell and Fin Fish Research Institute Yellow Sea Co., Ltd.¹

Genome Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology²

Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University³

*Physa acuta*의 cDNA 라이브러리 및 EST(Expressed Sequence Tag)연구를 통해 46 type 96개의 mitochondrial 유전자를 BLAST(BLASTN, BLASTX)를 통해 검색하였다. 이 중 어떠한 유전자가 생물학적 분류에 사용되어질 수 있는가를 검증하기 위해 이미 full sequence가 알려진 연체동물 19종의 mitochondrial genome 구조를 비교 분석 하였으며, 이 결과를 근거로 하여 mitochondrial genome 에 *Physa acuta*의 mitochondrial 유전자 96개를 모두 mapping 하였다.

Mitochondrial genome 전체의 구조를 파악하기 위하여 dotplot 및 EMBOSS 패키지의 polydot 분석을 이용 하였으며, 19종의 mitochondrial genome 전체의 dendrogram 작성을 위해 리눅스용 ClustalW 및 MEGA 3.0 버전을 사용하였다. 또한 sequence의 handling을 위하여 perl script 를 이용하였다.

Dotplot 분석결과 19종 대부분의 경우 repeat을 가지고 있었으나, 복족류인 *B. glabrata*와 이매패류인 *R. philippinarum*이 유사성이 높은 매우 많은 repeat 서열을 포함 하고 있는 것으로 나타났다. 이러한 경향은 두족류, 굴족류 및 다판강의 전반에 걸쳐서도 나타났다. 또한 게놈 일부 서열의 duplicate 현상을 보여준 경우는 부족류인 *R. philippinarum*과 *C. gigas*, 두족류인 *L. bleekeri*, *T. pacificus* 모두 4종 이었다. Mitochondrial genome 전체의 dendrogram에서 묶여진 5개의 그룹에 대해 *Physa acuta*의 mitochondrial 유전자 96개를 모두 Mapping한 결과 cytochrome C oxydase I, III 및 16S Ribosomal RNA, Ribosomal Protein L 및 S 중 몇 개의 유전자가 분자생물학적 분류에 유용하게 적용될 수 있음을 보여주고 있다.