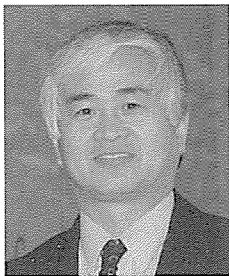


유전체 정보의 기능해석 시급



李大實

(한국생명공학연구원 책임연구원)

요즘 생명과학자들은 많은 시간을 컴퓨터 앞에서 유전체 정보와 씨름하고 있다. 각자 발굴한 유전정보를 DNA 데이터베이스 내 정보와 비교 분석하여 유용성을 판단하거나 새로운 정보를 찾아야 하기 때문이다. 그런데 현 컴퓨터의 언어 체계에서 생명의 정보를 해석하고 그 생물학적 기능을 유추하는 작업은 그리 간단치 않다.

우선 유전정보량이 너무도 많다. 앞으로 10년 내에 웬만한 생물의 유전체 정보가 모두 다 규명될 것이고, 여기에서 개인간 유전체 정보 차이를 보여주는 SNP(single nucleotide polymorphism) 정보까지 더해지면, 말 그대로 '정보의 바다'가 된다.

맨 눈으로 해석할 수 없으므로 컴

퓨터에 체계적으로 담아놓고 접근하는데, 이 유전체 정보의 데이터베이스 구축과 해석프로그램의 개발, 그리고 생명과학 지식과의 연계작업(networking)은 생물정보학(bioinformatics)의 일차 도전이라 할 수 있다.

다음은 유전체 정보를 컴퓨터 상에서 가공하여 생물학적인 의미를 부여하는 작업으로 생체부품의 구성과 그 기능 등을 유추할 수 있다. 그러나 컴퓨터가 모든 것을 알려주는 것은 아니다.

현 과학의 수준만큼 생명의 정보가 보이기 때문이다. 이 시점에서 정보의 해독능력을 높이는 작업은 가장 중요한 현안이라 할 수 있다. 지금 현장 과학자들은 생명과학과 전산학, 그리고 현대과학과의 만남을 통해 새로운 해석창구가 열리길 갈망하고 있다.

가령 서열 상동성의 비교분석방법이 지금 사용되고 있지만, 추가로 구조정보를 도입하여 교차 조사할 수 있다면 유전체 정보의 기능해석에 새로운 돌파구가 될 것이다. 더 나아가 생체분자간의 상호관계와 생체조립을 통해 가상세포(cyber cell)를 만들어 가동시킬 수도 있

다.

결국 생물정보학은 유전체 정보로부터 생체부품과 기능, 세포내 역할을 알려주고, 더 나아가 생물간의 관계와 생명현상의 본질의 문을 열어주는 '공통 통로'라 할 수 있다. 단백질에 초점을 맞춘 프로티오믹스(proteomics), 생물학 관점에서 보는 피노믹스(phenomics), 의학적 그리고 화학적인 관점에서 접근하는 유전체 후속 연구사업들도 생물정보학의 정보해석 수단을 통해서 진입할 수밖에 없다.

고유한 유전체 정보의 확보와 전산화작업의 고도화가 미래 바이오산업의 전략 거점사업으로 설정되면서, 유용한 정보의 산업재산권을 장악하려는 세계 바이오기업들의 경쟁이 점점 치열해지고 있다.

수많은 산업관련 생물의 유전체 정보를 자체 규명하고 독자적인 전산체계를 가동하면서 21세기 바이오산업의 지적재산권을 산출해 가고 있다.

결국 유전체 정보의 확보와 가공능력이 생명과학과 바이오산업을 판가름하기 때문이다. 지금 우리는 유전체 정보와 고도의 해석능력, 그리고 인재를 열망하고 있다.