

## 연/구/동/향

### [식물유전체] 벼 유전체의 Transposable Element

전 종 성

인디카형 및 자포니카형 벼의 전체 유전체의 염기서열 분석이 완료됨에 따라 이들을 서로 비교함으로써 새로운 형태의 transposable element를 찾는 연구가 진행되었다.

미국 Georgia 대학교의 Wessler 박사는 컴퓨터를 이용한 두 벼 유전체의 분석을 통하여 처음으로 활성형 MITE (miniature inverted-repeat transposable element)를 발견하였다(Jiang N, Bao Z, Zhang X, Hirochika H, Eddy SR, McCouch SR, Wessler SR. 2003. An active DNA transposon family in rice. *Nature* 421:163-167). 430 bp 크기의 miniature Ping (mPing)이라고 불리는 transposon은 자포니카형 벼인 Nipponbare에는 약 70 copy, 인디카형 벼인 93-11에는 단지 14 copy가 존재하였으며, mPing은 인디카형 벼의 세포배양 과정을 통하여 활발히 이동된다는 것을 밝혔다.

특히 일본 기초생물학연구소의 Hirano 박사는 mPing의 이동이 벼 약 (anther) 배양과정에서 특히 활발해진다는 것을 밝혔다(Kikuchi K, Terauchi K, Wada M, Hirano HY. 2003. The plant MITE mPing is mobilized in anther culture. *Nature* 421:167-170).

일본 교토대학교의 Tanisaka 교수는 벼 돌연변이 중의 하나인 slender glume(slg)이 mPing의 삽입에 의한 것이라는 사실을 추가로 발견하였으며, 만약 mPing이 slg 돌연변이가 유전자로부터 분리되어 다른 곳으로 이동된 경우에 정상적인 식물체로 회복되는 것을 확인하였다(Nakazaki T, Okumoto Y, Horibata A, Yamahira S, Teraishi M, Nishida H, Inoue H, Tanisaka T. 2003. Mobilization of a transposon in the rice genome. *Nature* 421:170-172).

이러한 연구결과는 mPing이 벼 유전자의 기능분석을 위한 유용한 도구로서 활용될 수 있음을 보여주었다.

### 생물정보학 연구동향

박 기 정

생물정보학 분야의 가장 대표적인 학술지인 'Bioinformatics'의 최근호들을 통해 최근의 연구동향을 분석하면 대략 다음과 같이 요약할 수 있다.

먼저, 최근 몇 년 동안에, 그 중에서도 2002년과 2003년을 통해 나타난 논문 수 면에서 큰 변화는, 바로, 대량의 데이터를 분석 대상으로 한다는 것이다. 즉, 유전체 서열 데이터, microarray 데이터, EST 데이터 등을 대상으로 특정 정보를 data mining하기 위한 기법들이 가장 많은 수의 논문을 차지한다. 이에 비하면, 고전적인 계산 알고리즘의 개발이나 개선을 다루는 논문은 여전히 가장 중요한 분야이기는 하지만, 양적으로는 매우 적은 비중을 차지하고 있다. 고전적인 방법에서의 큰 변화가 없거나 거의 같은 기법을 사용하지만, 대규모 프로젝트의 대규모 데이터를 다루기 위해서 자동화를 통한 프로젝트 지원을 위한 시스템 개발들의 비중이 크게 된 것이다. 소위 비교유전체학(comparative genomics)에 해당하는 연구들도 이 부류에 속하며, 이에 해당하는 논문들도 단일 주제로는 특징적으로 급성장하고 있다.

이론적인 면에서 봉착했던 난관을 대량의 데이터를 통해 해결하려는 분야로, motif나 domain 분석, promoter 분석과 같은 고전적인 문제 분야도 있다. 기초 데이터의 절대 부족으로 인해 이론적인 해결이 어려웠지만, 다수의 데이터를 확보하게 되면서, 이들 분야는 여러 특성에 대한 데이터베이스 개발, 이를 활용하는 알고리즘의 개발 등을 통해 활발한 연구가 진행되고 있다. 멀지 않아 유전체 분석이나 개별 유전자 기능 예측 등에서 이들이 매우 강력한 도구로 사용될 것으로 기대되고 있다.

한편, 미래 지향적인 새로운 패러다임을 조금씩 만들어 가는 분야로, pathway 분석, protein-protein-interaction 등과 같은 분야는, 아직은 느리게 진행되고 있고 논문 수

Korea Genome Organization

## 연/구/동/향

에서는 적은 비중을 차지하고 있지만, 학문적으로는 매우 도전적인 분야로 인식되고 있다.

Bioinformatics 2003년 2월호에, WiGID(wireless genome information database)라는, 무선 인터넷 기술을 이용한 유전체 데이터베이스 기술에 대한 논문이 실려 있는데, 이처럼 매우 다양한 연구 방법이나, 응용이 시도되고 있는 것도 한 특징이라고 할 수 있다.

국내의 생물정보학 분야의 동향도 매우 고무적이다. 2002년과 2003년을 통해, 인력 수에서 급격하게 팽창했고, 생물정보학회의 활동이 2002년을 기점으로 가시화되면서, 생물학 분야의 어느 학회 못지 않은 규모의 회원 수를 확보하고, 증경학회의 모습을 갖추어 가고 있다. 이러한, 국내 생물정보학의 발전은 2002년부터 본격적으로 시작되고 있는 생물정보학 분야 연구비 지원이 큰 역할을 한 것으로 보인다.

분야별로는, 최근에 가장 큰 발전을 보이고 있는 곳이 대학이라고 할 수 있다. 현재, 약 10개에 가까운 대학(부산대, 서울대, 과학기술원, 송실대, 이화여대, 고려대, 정보통신대학원대학교, 전남대, 배재대 등)에서 협동과정이나 학부과정으로 프로그램이나 강의, 혹은 전공학과를 운영하고 있다. 이러한 경향은 최근에도 계속되고 있어, 당분간

은 대학교에서의 양적인 증가가 계속될 것으로 보인다.

연구소의 경우는, 비교적 지속적으로 발전을 하고 있다고 할 수 있다. 생명공학연구소나 국립보건원과 같은 생물학 및 보건 관련 연구를 중심으로 생물정보학을 주도해 오다가, 전자통신연구원이나 한국과학기술정보연구원 등과 같은 IT 분야의 연구소들도 최근에는 후발주자로 이 분야에 나서고 있으며, 자체적으로 비교적 큰 규모의 연구개발비를 투자하고 있다.

기업의 경우는, 최근 가장 어려움을 겪고 있는 축에 속한다. 수년 전인 초기에는 기업체의 활동이 매우 두드러졌지만, 최근에는 기업체의 특성상, 수익과 이윤 창출이 어려운 이 분야에서 대단히 고전을 하고 있다고 볼 수 있다. 가장 큰 이유로 시장 형성이 매우 더디게 진전되고 있다는 점을 들 수 있는데, 향후 수 년 간의 생물정보 분야의 시장 창출과 확대의 추이에 이들 생물정보학 기업 환경이 절대적으로 의존할 것으로 보인다.

국내의 연구 현황에서, 선진국에 비해 구조적으로 특히 취약한 부분은, 이들 산·학·연의 역할 분담이 대단히 모호하다는 점이다. 공생과 공동발전을 위해 이러한 역할 분담에 대한 논의와 협력이 추후 진행될 것이고, IT와 BT 분야도 이러한 관계를 발전시켜야 할 것이다.

Published by KOGO  
Korea Genome Organization