

연/구/동/양

DNA array를 이용한 세균 다양성의 구조유전학적 연구

조 유 희

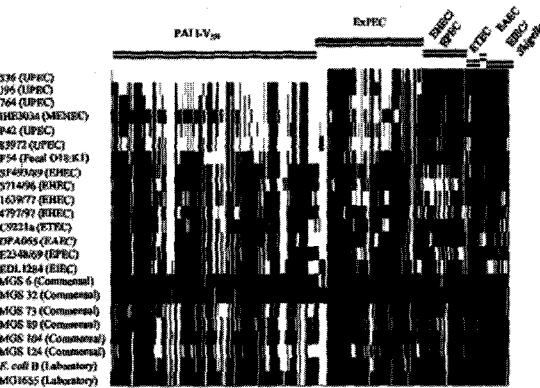
2003년 3월 Journal of Bacteriology (185: 1831–1840)에는 유럽연구자들이 대장균 (*Escherichia coli*)의 유전체 다양성 (genome plasticity, genome diversification)에 관한 연구 결과가 실렸다. 이들은, 알려진 대장균 K-12의 MG1655 균주의 암호화 부위를 모두 포함하는 Panorama E. coli gene array (영국 Sigma-Genosys의 상품명)라는 일종의 "전체 유전자의 spot blot"과 몇몇 병원성 장내 세균에서 이미 알려진 유전자들을 포함하는 *E. coli* pathoarray (<http://www.uni-wuerzburg.de/infektionsbiologie>)를 활용하였다. 대장균은 오래전부터 생리적 유전적인 연구가 많이 이루어져왔고, 몇몇 균주의 유전체 정보가 이미 알려져 있으며, 공생세균에서 병원성세균까지 그 생물학적 특성이 다양하다는 점이 genome plasticity 연구에서 매우 유용하게 활용될 수 있는 세균이다.

Panorama gene array와 같은 방법은 몇 년 전부터 연구에 이용되거나 시판되어 왔는데, 이러한 DNA array는 최근까지 많이 연구가 되어 오는 microarray 기법보다는 전통적인 blot의 형식이다. 그동안 대장균 연구에 매우 중요한 역할을 담당했던 Kohara cosmid blot 보다는 훨씬 많은 수의 spot을 가지고 있고, 4,290개의 암호화 가능성 유전자가 모두 심어져있다는 점에서 각 유전자의 존재 유무를 판단하는 매우 좋은 기반이 된다. 또한, MG1655 유전체에는 없지만, 병원성 대장균이나 연관된 장내세균인 *Shigella* 속의 알려진 병원성 유전자의 존재 유무를 보완적으로 검사하기 위해 연구자들이 동일한 방식으로 자체 개발한 DNA array인 *E. coli* pathoarray도 사용하였다. Pathoarray는 병원성 관련 관심 유전자 400여 개를 포함한다.

두 가지 DNA array는 모두 glass slide 위에 집적하여 DNA를 심는 microarray와는 달리, 실험적으로 다루기 적당한 면적의 filter에 최대한 많은 수의 유전자를 심어서 유전자 하나 하나의 spot에 대해 hybridization 결과를 확인할 수 있는 "genome-wide spot blot"의 개념을 실현한 것이다. 또한 probe로서 23종 분리 대장균의 염색체 2g 정도를 방사성 동위원소로 표지하여 사용하고, 이를 phosphoimager로 측정할 수 있었다.

이러한 방법은 전통적인 Southern blot의 연장선 상에 있다는 점에서 현존하는 RFLP나 finger printing 등의 방법보다는 훨씬 정확하면서, 유전자의 존재 유무라는 구조 유전체학적 정보를 제공해 줄 수 있으며, 비교적 저렴하게 유전체 정보를 활용하여 유사한 분리세균의 유전체 수준에서의 정보를 손쉽게 알아낼 수 있기 때문에, DNA microarray에 비해 매우 경제적이다.

이들은 대장균의 genome plasticity를 빠른 시간 안에 분석하였으며, 유사한 방법을 응용한다면, 환경적으로 또는 임상적으로 다양하게 확보되는 많은 종류의 분리 세균의 비교 유전체학적인 연구가 가능할 것이다.



Pathoarray를 이용하여 *E. coli* 및 *Shigella*의 병원성 연관 유전자를 검출한 결과, 위쪽부터 병원성균부터 공생세균에서 야생형 실험실 균주인 MG1655까지 23개의 probe로 사용된 세균이 표시되어 있다. 수직선은 유전자가 존재하지 않는 것을 나타내는데, MGS6과 같은 공생세균은 병원성 연관 유전자가 거의 없음을 알 수 있다.

실됨에 기초하여 분유에 활성상태의 락토페린을 첨가해주는 것이 유용할 것임을 제안하기도 하였다.

Published by KOGO
Korea Genome
Organization