DOE JGI 최신 연구 보고서 요약 (2002-2005)

최 종 순
한국기초과학지원연구원

미국 에너지성 JGI(Joint Genome Institute)는 Lawrence Berkeley National Laboratory(LBNL), Lawrence Livermore National Laboratory(LLNL), 그리고 Los Alamos National Laboratory(LANL)에 있는 DOE 유전체 센터에서 유전체 매핑, DNA 염기서열 기술 개발 그리고 정보과학을 통합하기 위해 1997년 가을에 설립되어 California Walnut Creek에 Production Genomics Facility(PGF)라는 이름으로 본부를 두고 있다. JGI 설립 목적은 DOE의 초기 인간 유전체 프로젝트 수행을 위해 다학제간 거대 과학의 운영에 기초를 두고 있으며 Stanford 대학도 인간 유전체 프로젝트에 동참하였다. Eddy Rubin 박사가 총 책임자로 있으며 DOE의 생물환경 연구분과로부터 연구비를 지원받고 있으며 JGI 염기서열 분석의 60%는 5, 16, 19번 인간 염색체의 염기서열 분석에 집중하여 현재 성공리에 끝마쳤다. 나머지 40%의 연구 사업은 인간 유전체 연구를 넘어서 미생물, 식물 그리고 다른 생물체의 유전체 분석에 관련된 것으로서 바이오 환경복구, 바이오 에너지, 생물학적 탄소 저감 등, DOE의 임무와 연관되어 있다. 최근에는 Oak Ridge National Laboratory (ORNL)와 Pacific Northwest National Laboratory (PNNL)도 참여하여 Post-genomics 분야로 확대되었다. 다음은 지난 3년간 JGI에서 수행한 연구 업적을 중심으로 기술하고자한다.

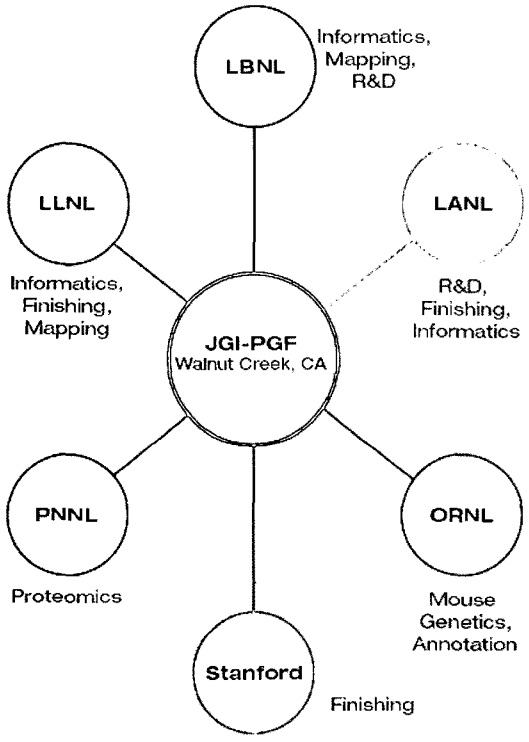
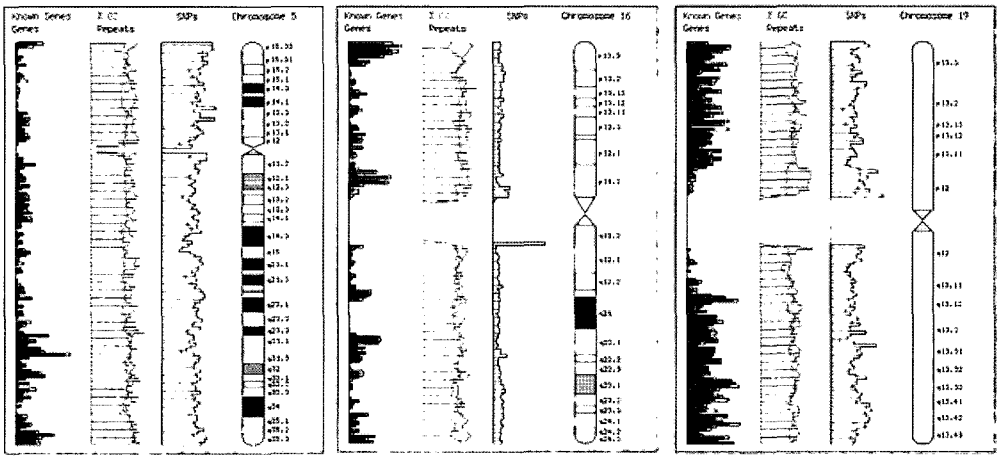


그림 1. JGI의 조직도

• DOE에서 지정한 인간 염색체 5, 16, 19번 해독

Human Genome Project(HGP)는 20세기 생물학의 커다란 업적 중의 하나이다. 그 프로젝트를 처음 수행할 때, Department of Energy(에너지성)은 미국 국립 연구소들의 장점만을 취합하여 HGP를 효율적으로 수행하게 하였으며 그 성과물들을 전 세계 관련 연구자들에게 제공해 왔다. 에너지성은 DNA 복제, 상해, 복구 그리고 방사선에 의한 유전적 돌연변이 연구를 포함하여 수십 년 동안 유전체 연구를 지원해



Chromosome #	5	16	19
Length	180,857,866 bps	88,827,254 bps	63,811,651, bps
Known Protein-coding Genes	867	864	1,365
Novel Protein-coding Genes	86	83	83
Pseudogenes	117	48	45
miRNA Genes	14	5	24
rRNA Genes	22	13	6
snRNA Genes	75	42	16
snoRNA Genes	22	20	17
Misc RNA Genes	70	31	18
SNPs	584,533	323,251	208,635

그림 2. JGI에서 수행한 인간 염색체 5, 16, 19번의 물리적 지도와 특징

왔다. 1987년에 거대과학으로 파격적인 HGP를 DOE에서 구체화하려는 움직임이 있었는데 아직 시도되지 않은 방대한 다학제간 연구수행을 통해 인간 유전체를 매핑하고 염기서열 분석을 하는 작업이었다. 1988년과 1989년 사이 세 군데의 유전체 연구센터인 MBNL과 LLNL 그리고 LANL이 설립되었고 이후에 DOE JGI로 통합되었다. 1990년에는 DOE가 NIH에 가입하여 다학제간 공동연구 수행을 위한 국제 프로젝트의 리더쉽을 갖추게 되었다.

2004년 JGI는 G5라고 알려진 5가지 주요 HGP의 첫 번째 과학잡지에 발표하게 이르렀다. DOE는 전체 인간 염기서열의 11%에 해당하는 인간 염색체 5, 16, 19번을 JGI에서 염기서열을 결정하게 하였다. 이들 염색체 염기서열을 완성시키려는 노력은 LANL과 LLNL, Stanford Human Genome Center 그리고 Oakland Children's Hospital의 파트너쉽으로 부터 100명이 넘는 연구자들을 포함하게 되었다.

• Chromosome 5 - 방대한 유전자 사막

염색체 5번은 LBNL에서 시작하였는데 핵심 질환 유전자와 인간 진화의 열쇠를 담고 있는 거대한 정보 창고이다. 최종 서열분석은 2004년 9월 16일 JGI에서 완성하여 Nature에 소개되었다. 염색체 5번은 총 1억 8천만 염기배열을 가지고 있으며 923개 유전자를 포

함하며 이 중 66개 유전자는 질환과 관련되어 있다. 또 다른 14개 질환은 염색체 5번 유전자에 기인하는 것처럼 보이나 아직 특정 유전자와 연관되어있지 않다. 다른 염색체 5번 유전자는 면역 신호와 성숙에 관련된 분자인 인터루킨을 코딩하는 유전자 군을 포함하며 천식에 중요하다.

유전자들 간 거리는 유전자 자체만큼이나 중요하다. 질환 유전자와 덧붙여 방대한 비코딩 염기서열로부터 수집된 중요한 유전학적 motif가 5번 염색체에서 발견되었다. 염색체 5번 부위는 비교 연구에서 별로 유용한 유전자가 발견되지 않아 '방대한 유전자 사막지대'라고 부르는데 많은 포유동물에서 잘 보존되어 있어서 조절 영향을 갖는 것으로 생각된다.

이렇게 유전자가 없는 부위를 "junk DNA"라고 부르는데 최근 연구에서 원위의 유전자들의 활성을 조절할 수 있을 것으로 보고 있다. 몇몇 비코딩 유전자 부위를 생쥐나 물고기와 비교했을 때, 진화상에서 돌연변이가 축적되기 보다는 놀랄 정도로 잘 보존되어 있다.

• Chromosome 16 - 상당히 반복된 지대

염색체 16번은 1988년 DOE의 LANL에서 시작한 DNA 복구 유전자에 원래부터 초점이 맞추어져 있었다. 16번 염색체는 이외에도 해독과 중금속 수송에 관련된 유전자를 가지고 있다. 16번 염색체는 7천9백만 염기서열을 가지고 있으며 유방암, 전립선암, Crohn 질환, 성인 polycystic 신장질환에 관련된 유전자를 가지고 있으며 총 880개 유전자로 구성되어 있다.

16번 염색체 안에 많은 다른 위치의 염기서열 복사본이 많이 관찰되는데 심지어 다른 염색체 조각까지 포함되어 있는데 이를 "분할 복사(segmental duplication)"이라고 한다. 분할복사는 사실 전체 염색체에 걸쳐 존재하지만 특히, 16번 염색체에서 두드러지게 나타난다. 인간의 염색체 염기서열을 침팬지, 개, 생쥐, 흰쥐, 닭, 복어와 같은 다른 척추동물에서 오랜 시간동안 보존된 부위와 비교 분석 작업이 끝나면 5백만년에서 4억년 전으로 추정되는 마지막 공통 조상으로부터 염기서열의 변화를 확인할 수 있을 것이다.

• Chromosome 19 - 유전자의 원맥

JGI 연구 결과 염색체 19번의 완전 해독결과 인간 염색체에서 가장 유전자가 많은 부위로 나타나 2004년 4월호에 Nature지에 게재되었다. 이렇게 내재된 서열 정보는 방사선 노출과 환경 오염원에 의해 야기되는 DNA 상해를 복구하는 기능을 조절하는 유전자의 중요한 조절 네트워크를 함유하고 있다. DNA 복구 유전자의 연구는 DOE의 국립 연구랩에서 수행되어 왔는데 어떤 종류의 암화 과정을 발생시키는데 많은 경우가 DNA-복구 기작의 장해에 의해 일어나는 것처럼 보인다. 우리 신체를 방어하는 해독 인자와 외래 화합물을 배출하는 다른 유전자 family들에 대한 정보들이 나타난다.

염색체 19번은 5천6백만 개 염기서열로 구성되어 있으며 전체 인간 유전체의 2%에 해당되며 거의 1,500개의 유전자를 포함하고 있다. 이들 유전자들은 인슐린-의존적 당뇨(insulin-dependent diabetes)와 근긴장성 장애(myotonic dystrophy), 편두통(migraine) 그리고 가족성 고콜레스테롤증(familial hypercholesterolemia, 혈중 콜레스테롤 수치가 높은 유전적 질환) 유전자들을 포함하고 있다.

염색체 19번은 유전체 전체 평균의 두 배 이상의 높은 유전자 밀도를 보이고 있는데 이것은 진화학적인 motif들을 탐색하는데 중요한 조망을 제공한다. 설치류의 커다란 블럭의 유전자 보존뿐만 아니라 복어와 같은 유연관계가 먼 종과도 코딩, 비코딩 유전자 부분의 보존이 잘 나타난다. 이러한 비코딩 부위는 최근까지 의미가 없는 것으로 생각되었으나 비코딩 부위를 포함된 유전자에 걸쳐 강력한 조절 영향을 보이는 것으로 나타나고 있다.

DOE에서는 염색체 19번을 방사선 조사에 의한

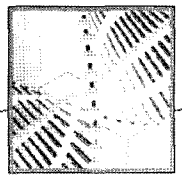


표 1. DOE 미생물 유전체 분석 프로그램

GENUS	SPECIES	COLLABORATOR	INSTITUTION
2002			
Dechioromonas	aromatica	coates	Univ. of Californila. Berkeley
Desulturomonas	acetoxidans	Lovely	Univ. of Massachusetts
Ehrtchta	2 stains	McBride	Univ. of Texas. Medical Branch
Geobacter	metaffreducetrs	Lovety	Univ. of Massachusetts
Methanococcoldes	burtonv	sowers	Univ. of mayland
Pseudomonas	syringae	Lindow	Univ. of California. Berkeley
Psychrobacter	sp.	Tiedje	Michigan State Univ.
Ralstonia	outropha	gonzaooz	Pontrficta Unly. Catobca do Chile
Streptococcus	suis	Gottschalx	Univ. of Montreal Caneda
2003			
Burkholderia	2 strains	Tiedjo	Michigan State Univ.
Metfryloblum	petroleophilum	Kane	Lawrence Livermre National Laboratory
Prochlorococcus	sp.	Chisholm	Massachusetts Institrle of Technology
Synechococcus	elongtus	Colden	Texas A&M Unlv.
2004			
Burkholderia	2 strains	Tiedjo	Michigan State Univ.
Clostridlum	Phytotermentans	Leschine	Univ. of Massachusetls. Amherst
Frankia	sp.	Tisa	Univ. of New Hampshine
Nitrobacter	hamburgermentans	Arp	Oregon State Univ.
Nitrobacter	Wincogradskyf	Arp	Oregon State Univ.
Nitrosococcus	oveari	Arp	Oregon State Univ.
Nitrosomonas	eutritomis	Arp	Oregon State Univ.
Nitrosospira	multiformis	Arp	Oregon State Univ.
Prochlorococcus	sp.	Chisholm	Massa chusetts institule of Technology
shew aneta	2 strains	Fredrickson	Pacific Northwest National Laboratory
synechococcus	2 strains	Palenlk	Scripps Instgution of Oceanography
Syntrophobacter	fumaroxidans	Mclnerney	Univ. of Oktahoma
Themoanaerobactor	ethanolicus	Flelds	Maml Univ.
Thfomicrospira	2 strains	Scotl	Univ. of South Flonda
2005			
Acidlphnium	Cryptum	Magnuson	ktaho state Univ.
Acidobacterium	Ellin 345	Kuske	Los Atamos National Labortory
Acidothemus	celulolyticus	Berry	Univ. of California. Davis
Actinobacmus	Succinogenes	Vielle	Michigan State Univ.
Aspergillus	niger	Baker	Pacinc Northwest National Laboratory
Aureococcus	anophageggerens	Gobler	Southhampton Colsego of Long Lstand Univ.
Bacllus	setenitreducens	Stotz	Duquesne. Univ.
Bradyrtizoblum	sp.	Sadowsky	Univ. of Minnesota
Burkholerla	amblfarla	Tiedfe	Michigan State Univ.
Caidlcellubsruptor	saccharolyticus	Kelly	North Carolina State Univ.
Calyptogena	magnifica	Cavanaugh	Harvard Univ.
Chloroflexus	aggregans	Bryant	Pennsylvania state Univ.
chloronema	sp.	Bryant	Pennsylvania state Univ.
Chlorothrix	halophls.	Bryant	Pennsylvania state Univ.
Clos tridium	sp.	Stotz	Duquesne Univ.
Dehalococcoldes	2 strains	Spormann	Stantord University
Desulfotomaculum	relophla	Tebo	Univ. of Californta. san diogo
Flavobacterium	johnsonlae	McBride	Univ. of Teras. Medieat Branch
Geobacter	sp.	Kostka	Florida State Univ.
Haforhodospirs	halophla	Hoff	Univ. of Chicago
Hefiothrix	oregonnensis	Bryant	Pennsytvania State Univ.
Herpetosiphon	aurantiacus	Bryant	Pennsytvania State Univ.
GENUS	SPECIES	COLLABORATOR	INSTITUTION
2005 Cont			
Iron Mountain AMD	ste 1	Banfield	Univ. of Calfornla. Berkeley
Iron Mountain AMD	ste 2	Banfield	Univ. of Calfornla. Berkeley
Lake Washington	formaklehyde	Lidstrom	Univ. of Washindton
Lake Washington	formate	Lidstrom	Univ. of Washington
Lake Washington	methane	Lidstrom	Univ. of Washington
Lake Washington	methanoll	Lidstrom	Univ. of Washington
Lake Washington	methylamine	Lidstrom	Univ. of Washington
Methanosaeta	*thekophils*	Smith	Clemson Univ.
Micromonas	2 stralns	Worden	Univ. of Mlaml
Mono Lake deltapro-teobacter		Stolz	Duquesne Univ.
Mono Lake gammapro-teobacter		Stolz	Duquesne Univ.
Mycobacterium	5 stralns	Miler	Utah State Univ.
Nectria	halophla	VanEtten	Univ. of Arlzone
Obsidian Hot Spring		Mead	Luckgen
Phycovirus	11 strains	Wommack	Delaware Blotechnology Institute
Polaromonas	napthatenlvorans	Madsen	Cornell Univ.
Postia	placenta	Cullen	U.S. Department of Agriculture
Pseudoalteromonas	atlantica	Karis	Univ. of Georgla
Pseudomonas	putida	Parales	Univ. of Calfornla. Davis
Psychromonas	Ingrehamy	Staley	Univ. of Washington
Rhodopseudomonas	4 stralns	Harwood	Univ. of Iowa
Roselflexus	2 strains	Bryant	Pennsylvanla State Univ.
Shewanela	7 strains	Fredrickson	Pacific Northwest National Laboratory
The Cedars Alkaline Springs		Nearson	Univ. of Southern Californla
Ultra back	C lovel 1	Banfield	Univ. of Caltornla. Berkeley
Xanthobacter	autotrophicus	Ensign	Los Alamos National Laboratory

www.kogo.or.kr

DNA 상해와 암사이의 연관성을 찾으려는 목적으로 시작되었다. 1990년 중반 LLNL에 의해 수행되었던 초기 연구들은 염색체 19번에 있는 다중 DNA-복구 유전자를 매핑하려는 방향으로 진행되었다. 19번 염색체의 형태학은 전사 인자, 후각 수용체 유전자 그리고 zinc-finger 유전자와 같은 생물학적으로 흥미로운 특징들을 가지고 있다. 전사인자는 DNA 분자를 따라 핵산을 전개하기 위하여 RNA polymerase에 의해 인지할 필요가 있는 단백질들이다. Zinc-finger 단백질은 zinc 이온을 포착하여 RNA나 DNA에 결합하며 세포의 생 주기의 중요한 역할을 수행하는 연쇄 아미노산들이다. 바이러스가 제 기능을 못하게 방해하는 이들 zinc-finger 구조를 변형시킬 약물을 찾는데 활용된다.

• DOE의 미생물 게놈 프로그램 지원

JGI의 염기서열 리소스에 대한 수요가 계속 증가 추세에 있으며 미국 내 40개 state 이상, 150개 연구소와 20개 이상의 해외의 90개 국제 연구소에서 JGI의 염기서열 정보에 의존하고 있다. 전통적으로 HGP의 기여를 넘어 JGI는 DOE에서 지원하는 미생물 게놈 프로그램을 지원하고 있다. 이 프로그램은 DOE 임무에 잘 상응하는 이슈들에 대한 DNA 염기서열 인프라를 제공하는 것으로서 주로 바이오에너지 생산, 탄소 제거 그리고 생물질 이용 환경 치료 등에 초점이 맞춰져있다.

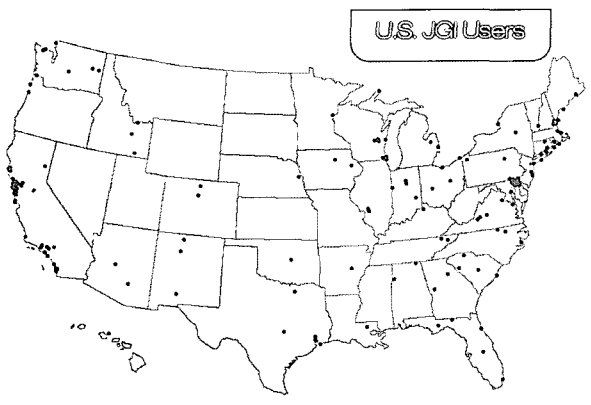


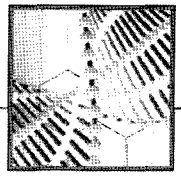
그림 4. 미국 내 JGI 정보 이용기관

미생물은 지구 바이오매스의 약 60%를 차지하고 있다. 38억년의 긴 역사를 가지고 있는 지구의 실질적인 점령자로서 고열, 저온, 방사선, 고압, 고염, 고산성 등, 다른 생물체들은 살 수 없는 극한 환경 속에서도 서식할 수 있는 능력을 가지고 있다. 이와 같은 풍부한 다양성에서 과학자들은 궁극적인 문제에 대한 해답을 찾고자 HGP에서 spin off하여 유용 유전자를 확보하려는 목적으로 2005년 5월 JGI는 175종 이상의 게놈을 해독해오고 있다(표 1 참조).

다양한 미생물군을 연구하고 이해하려는 과정을 통해 환경을 정화하고 의약개발, 농작과 산업 프로세스 그리고 바이오 에너지 생산 등에 대한 DOE의 도전에 대한 실마리를 풀어 나갈 것이다. 예를 들어, *Methanococcus jannaschii*의 메탄 가스 생산 능력은 새로운 형태의 연료를 제조하는데 중요성을 가지며 *Deinococcus radiodurans*는 방사성 핵종을 갖는 혼합된 독성 폐기물을 제거하는 능력을 가지고 있어서 방사선 조사에 의한 DNA 상해를 복구하는 시스템이 고도로 발달되어 있다.

• 컴뮤니티 염기서열 분석 프로그램 발족

2004년 2월 JGI의 막강한 염기서열 능력을 바탕으로 컴뮤니티 염기서열 분석 프로그램(Community Sequencing Program, CSP)에 대한 제안이 있었다. CSP의 일차적인 목적은 세계 수준의 염기서열 분석 리소스를 다양한 학제 분야로 확대하는 것으로 지질학, 해양학, 생태학 등 유전체의 활용으로부터 직접적으로 혜택을 받을 수 있는 분야까지 총 망라하는 것으로서 각 분야의 제안서를 전문가의 패널 심사를 통해 최종 결정된 사항에 대해서 지원하는 형식을 갖게 되었다. CSP는 크게 2.5억 개 염기이하의 작은 유전체와 10억 염기 수 이상의 큰 유전체로 나누어 지원되는데 작은 유전체 프로그램은 원핵생물과 다세



포생물 그리고 랩에서 배양하기 어려운 환경 서식지의 미생물의 복합적인 상호작용을 이해하려는 메타게놈까지를 포함한다. CSP 유전체 프로그램은 DOE 임무와 잘 부합되는 환경 치유, 탄소 제거 그리고 차세대 바이오 에너지 생산에 부합되는 것들이다.

2004년 제출된 CSP 프로젝트는 2005년에 염기서열 분석 작업이 진행되었다. 총 23건의 제안이 채택되었는데 그 한 예로서 이끼 *Physcomitrella patens*가 있는데 총 5억 염기로 구성되어 있으며 이 종은 작고, 성장이 매우 빠르며 비교 유전체학 연구 모델로 제시되었다. 인간 유전체를 다른 동물의 유전체와 비교하려는 비교 유전체학적 접근방법은 인간 유전체의 특징을 푸는데 중요한 해법을 제공할 수 있다. 그러므로 인간 유전체에 대한 해석은 일련의 생명의 계통수로부터 종합된 즉, 생쥐, 복어, 초파리, 꼬마선충의 유전체 정보로부터 활용될 수 있다. 따라서 애기장대나 몇 종의 곡물용 식물의 유전체가 고려된 상황에서 *Physcomitrella* 염기서열 분석은 국제적인 식물과학에서 큰 수확으로 여겨지고 있다.

이끼는 4억 5천만년 전에 육상에 출현한 군집형 최초의 식물중의 하나이다. 화훼식물은 2억 년의 진화적인 시간을 거쳐 그 조상으로부터 유래되어왔다. 예를 들어 몇몇 원시형 형질은 극한적인 탈수 환경에서 살아남은 능력처럼 미개발도상국에서 특히, 현대작물로 발전시키는데 유용하게 활용될 수 있다. 이끼에서 이러한 형질을 조절할 수 있는 유전자들을 연구함으로서 연구자들은 이러한 특징들이 화훼식물로 어떻게 발전되어 왔는지를 확인할 수 있을 것이다.

또 다른 JGI에서 기획한 식물 게놈은 DOE의 탄소 제거 목적으로 무성아로 번식하는 비화훼 작물인 *Selaginella moellendorffii*가 선정되었다. *Selaginella* 염기서열은 식물이 어떻게 건조한 땅에서 생존할 수 있는지에 대한 해답을 이 식물이 만들어내는 단백질, 대사체, 작은 분자들로부터 얻을 수 있길 기대하고 있다.

2005년 CSP 포트폴리오로 선정된 모델 생명체로 거머리 *Helobdella*를 선정하였는데 이것은 생물학자들에게 신경계의 발생학적 발달과 기능을 연구하기 위해 그리고 생명의 계통수의 간극을 매우기 위해 선

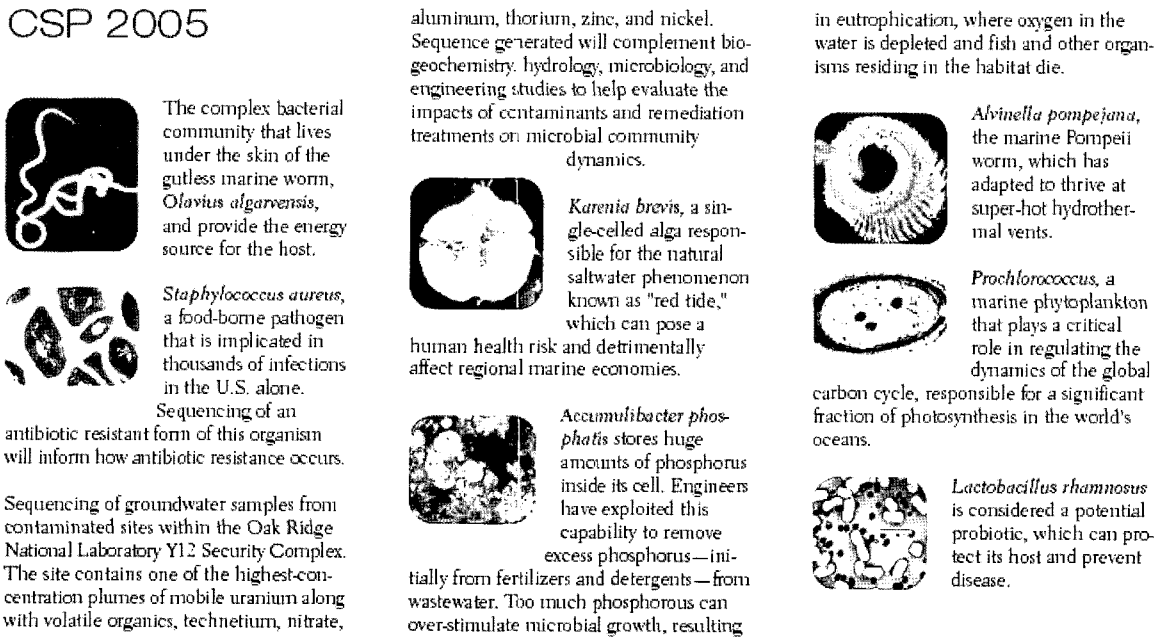


그림 4. CSP 2005년 프로그램 요약

www.kogo.or.kr

정하였다. 또한, *Lophotrochozoa*라고 불리는 대형동물의 대표 족으로 다모류인 *Captiella*와 연체동물인 *Lottia*등이 선정되었다. 이 동물 족은 전체 3분의 1을 구성하는데 유전체 진화의 패턴에 대한 중간적 특징을 대표하는 많은 생물의 프로세스를 표현하는데 기여할 것으로 믿고 있다. 초기 생명의 한 분과로서 해면동물인 *Reniera*와 *Trichoplax adhaerens*라고 하는 특이적인 생명체가 있다. 표면상으로 거대 아메바와 닮은 *Trichoplax*는 약 5천 염기로 구성된 가장 작은 게놈을 가지고 있다.

2005년 CSP에서 선정한 저온에서 서식하는 미생물로서 *Crenarchaeota*는 또 다른 중요한 침략자로서 환경 게놈의 대표 종으로서 난배양으로 아직 생물학적 특징을 잘 모르고 있다. 해양학자들은 이 미생물들이 어떻게 심해에서 탄소와 에너지 순환에 관련되어 있는지 관심을 가지고 있다. *Crenarchaeota*는 고세균의 한 분류로서 극한 온도와 고염 또는 강산성에서도 생존할 수 있는 극한미생물체 (Extremophiles)의 한 부류이다. 표 2에 2005년 CSP DNA 염기서열분석에 대하여 요약해 놓았다.

• CSP 2006 유전체 분석 포트폴리오

2006년 CSP는 총 2백억 염기에 대한 정보를 획득할 수 있을 것으로 보고있는데 이 규모는 7명의 인간 유전체 정보와 맞먹는 것이다. 올해에는 총 135개의 제안서가 접수되었는데 2004년 CSP 출범 때의 2.5배에 해당하는 방대한 정보량에 해당한다. 2005년에 선정된 가장 큰 단일 게놈은 적도지역의 곡물인 *Sorghum bicolor*로서 Georgia 대학교와 Rutgers 대학 연구자들에 의한 국제 콘소시움에서 제안된 것이다. *Sorghum* 염기서열은 이미 서열이 완결된 유일한 단자엽 식물이기도 한 벼 게놈 연구를 상보적으로 보완할 것으로 보고 있다. *Sorghum*은 국제적으로 경제적 중요성 (연간 690억 달러가 거래됨) 때문에 콩, 기장, 사탕수수같은 다른 중요한 곡물을 연구하는데 중요한 청사진을 제공할 것으로 보고있다. *Sorghum*은 7.4억 염기수로 비교적 간단한 유전체를 가지고 있어서 4배나 더 큰 콩의 유전체를 연구하는데 좋은 참고가 될 것으로 보고 있다. *Sorghum*은 또한 사탕수수와 가까운 연관관계를 가지고 있는데 사탕수수는 현재 가장 중요한 생물연료 작물로 여기고 있으며 매년 1.4

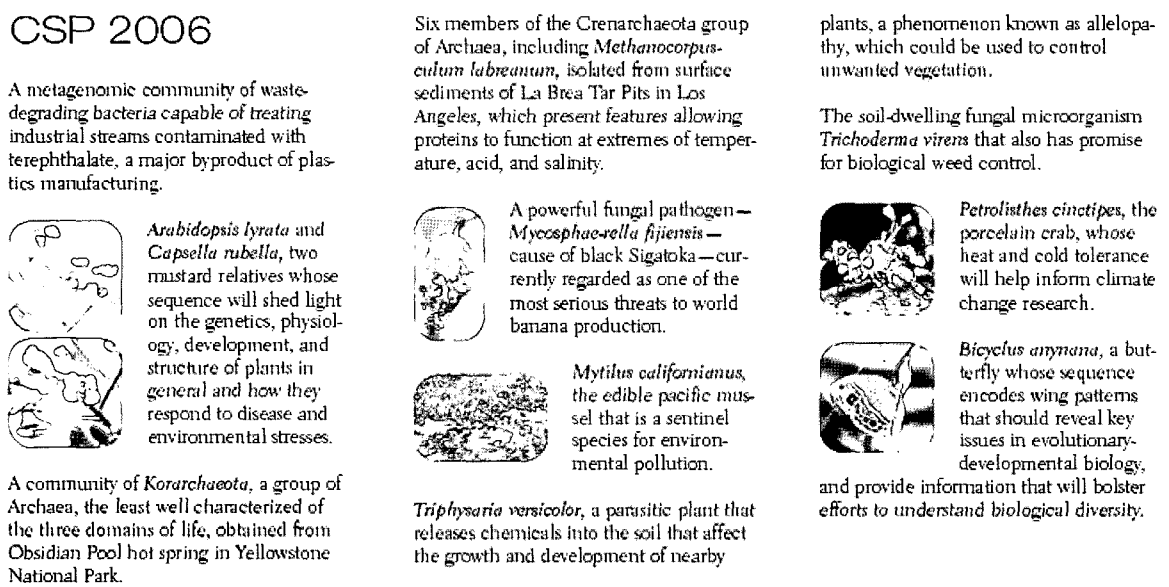


그림 5. CSP 2006년 신규 프로그램

억 평방 ton을 생산하며 300억 달러에 달한다.

*Sorghum*속은 세계에서 가장 유해한 잡초중의 하나를 포함하고 있다. "Johnson 풀"이라고 알려진 *S. halepense*는 생명력이 질긴 동일한 잡초의 특징을 가지고 있어서 많은 馬草나 잔디 그리고 바이오매스 작물의 모델 종으로 연구하기 바람직하다. 그러므로 Sorghum은 잡초 생물학 뿐만아니라 작물 개선에도 적합한 독특한 기회를 제공하고 있다.

또 다른 주요 CSP 유전체 표적으로서 *Mimulus guttatus*라는 공통된 또는 "seep spring"이라는 원숭이꽃이 있는데 비록은 곡물은 아니지만 토마토, 감자 그리고 다른 쌍자엽 또는 잎이 넓은 담배와 유사관계가 먼 작물이 있다. 듀크 대학의 연구자들은 이 식물의 유전체 연구를 제안하였는데 유전체 수준에서 원숭이 꽃을 해석나면 작물로 쉽게 전환될 수 있는 진화와 적응의 단계를 이해할 수 있을 것으로 보고 있다.

원숭이꽃 염기서열 분석에 의해 JGI는 유전체학자들이 새로운 영역으로 확대되고가장 어렵고 근본적인 진화생물학의 질문, 즉, 어떻게 종이 진화되어왔는가에 대한 해답을 찾을 수 있을 것이다. *Mimulus* 속은 이러한 문제에 대한 이상적인 모델시스템으로 여겨지는데 그 이유는 꽃가루받이 특이성의 진화와 수분 시스템의 다른 진화과정 등 두가지 다른 유형의 종형성 과정을 보여주기 때문이다.

*M. guttatus*는 다른 식물들에게 독성을 나타내는 토양 환경에 대해서 상당한 저항성을 나타낸다. 예를 들어 캘리포니아 주의 바위, 즉, 마그네슘, 니켈, 망간 등으로 구성된 사문석으로 구성된 토양에서도 그 종들은 생존할 수 있다. 원숭이꽃의 염기서열분석은 어떻게 식물들이 독성 금속으로 오염된 환경을 치유하는가에 대한 해답을 구할 수 있을 것으로 전망하고 있다.

• 미래의 바이오 에너지 - 흰개미 창자 내 서식 미생물 유전체 연구

DOE의 가장 지속적인 목표중의 하나가 화석연료를 식물 바이오매스의 발효로부터 생성된 수소와 같은 재생 가능한 청정에너지 즉, 바이오수소로 대치하는 것이다. 몰리 흰개미는 한 장의 종이를 발효시켜 2 리터의 수소를 만들어내는 지구상에서 사장 효율적인 바이오

그림 6. 놀라운 수소생성 능력을 보여주는 lowly termite

리액터 중의 하나이다. 흰개미는 이런 엄청난 작업을 후장에 서식하는 미생물의 대사 능력에 의한 것으로서 JGI는 이 미생물 종을 분리 유전체를 분석하여 흰개미 후장에서 사용된 생화학적 대사경로들을 좀 더 이해하고 보다 효과적인 바이오매스를 연료와 화학제로 전환시키는 효율적인 전략을 얻고자 한다. 유사하게 흰개미 창자에서 수소생산에 직접적으로 연관된 경로 이용의 능력을 언젠가 대체가능한 에너지 획득을 가능한 현실로 바꿀 수 있길 기대하고 있다.

• 식량원 물고기 유전체 연구와 진화상 연결고리 찾기

2006년 CSP에서 JGI는 해산 유전자 풀을 깊은 곳까지 뒤져 두 종류의 메기, 수로 메기 (Ictalurus punctatus)와 청색 메기 (I. furcatus)로부터 유전자 염기서열을 조사하고자 하고 있다. 메기 사육은 미국에서만 20억 달러 규모의 연간 산업 규모를 가지고 있으며 전체 양식 산업의 68%에 해당된다.

또한, CSP는 5종의 물고기 종의 염기분석도 할 계

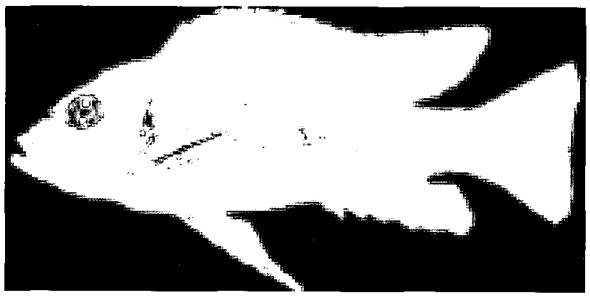
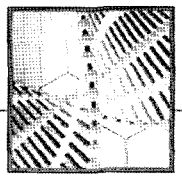


그림 7. 진화상의 종의 다양성 비밀을 간직한 말라위 호수에서 식하는 Cichlid 속

www.kogo.or.kr

표 2. 2005년, 2006년 CSP 유전체 연구 대상

ORGANISM		COLLABORATOR	INSTITUTION	
2005				
MOROBES	*Olavius*	algarvensis	Dubilier	Max Planck inst of Marine Microbiology
	Crenarchaeota		Delong	Massachusetts inst. of Technology
	Mrinobacter	*aquaeolei*	Edwards	Woods Hole Oceanographic inst.
	Staphylococcous	*aureus VISA*	Tomasz	Rockefeller Univ.
	Prochlorococcus		Chisholm	Massachusetts inst. of Technology
	Rhodocyclus-ke	Polyphosphate	Hugenholtz	Joint Genome Inst.
	Rhodobacter		Kaplan	Univ. of Texas. Houston
	Contaminated	groundwater	Zhou	Oak Ridge Nationl Laboratory
	Lactobacillus	*reuteri*(w strains)	Tannock	Univ. of Oklahoma
	Bacillus	*cereus*	Sorokin	INRA. France
	Synechococcus	2 strains	Palenk	Scripps inst. of Oeanography
	syntrophobacter	*fumaroxidans*	Mclnerney	Univ. of oklahoma
	Thermoanaerobacter	*ethanllicus*	Fields	Miaml Univ.
	Thiomicrospira	2 strains	Scott	Univ. of South Florlda
BASAL ORGANSMS	*Selaginella*	*moellendorflil*	Banks	Purdue Univ.
	Trichoplax	*adhaerens*	DellaPorta	Yale Univ.
	Sporbolomyces	*roseus*	Wolfe	Trinty College. Dublin
	Renlera		Degnan	Univ. of Queenstand. Australa
	Mycosphaerella	2 sp.	Goodwin	Purdue Univ.
	Spronucleus	*vortens*	Cande	Univ. of California. Berkeley
	Naegleria	*gruberi*	Cande	Univ. of California. Berkeley
HIGHER ANIMALS & PLANTS	*Phy scomitrella*	*Patens*	Mishler	Univ. of California. Berkeley
	Lottia	*gigantea(limpet)*	Edsinger-Gonzalez	Univ. of California. Berkeley
	Helobdella	*robusta (leech)*	Welsblat	Univ. of California. Berkeley
	Capltella	*capltata*	Cande	Univ. of California. Berkeley
ESTs & TARGETED SEQUENCING	*Awinella*	*Pompejana*	Tainer	Scripps Research inst.
	Motochondria	*seed plant*	Palmer	Indlana Univ. Bloomington
	Karenia	*brevis*	Bhattacharya	Univ. of lowa
	Dpteran	*fosmids*	Eisen	Lawrence Berkeley National Laboratory
			2005	
FUKARYOTES	*Sorghum*	*sp.*	Paterson	Univ. of Georgia
	Arabldopsis	*lyrata*	Weigel	Max Ptanck Inst. of Devclopmental Biology
	Mimulus	sp. E2	Wilis	Duke Univ.
	Ptromyces	Symblolongicarpus	Baker	Paclfic Northwest National Laboratory
	Hydractirla	blakesleeanus	Buss	Yale Univ.
	Mytius	Parfetina	Corrochano	Univ. of Seville
	Phytophthora	virens	Crttendon	Univ. of Nottingham
	Campanulales	flilensis	Ebbole	Texas A&M univ.
	Cichlid	*calfornianus*	Goodwin	US Dept. of Agriculture-ARS. Purdue Univ.
	Cions	capsid	Gracey	Stanford Univ.
	Ictalurus		Kingsmore	National Center for Genome Resources
	Ictalurus	Lake Malawl	Knox	Indiana Univ.
	Bicyclus	intestinales	Kocher	Univ. of New Hampshire
	Melampsora	punctatus	Lemaire	CNRS. France
	Ostreococcus	furcatus	Liu-J	Aubum Univ.
	parhyale	anynana	Liu-j	Aubum Univ.
	Jassa	*larici-populina*	*Long*	inst. national de la Recherche Agronomlque
	Pathyale	low-light strain	Martin	Univ. of Califomia. San Diego
	Jassa	hawalensis	Palenk	Univ. of Califomia. Berkeley
	Petrolisthes	stattery	Patel	Univ. of Califomia. Berkeley
	Batrachochytrium	*cinctics*	*Stillman*	Univ. of Hawail
	Triohysaria	denrobatidis	Taylor	Univ. of Califomia. Berkeley
			Yoder	Univ. of Califomia. Davis
BACTERIA AND ARCHAEA	*Euryarchaeota*	community	Baker	Univ. of Califomia. Berkeley
	Polynuclebacter		Hahn	Inst for Limnology. Austria
	Microblal soil	community Alaska	Handelsman	Univ. of Wisconsin. Madison
	Sallnospora	*tropicals*	Jensen	Sripps inst of Oceanography
	Sallnospora	*arenicola*	Jensen	Scripps Inst. of Oceanography
	Termitegut microblal	community	Leadbetter	Califormla inst. of Technology
	Terephthalate(TA)	community	Liu	National Univ. of Singapore
	Archaeal	sp. hyperthermo.	Lowe	Univ. of Califormla. Santa Cruz
	Bacterioptankton	Antarctic marine	Murray	Desert Research Inst.
	Thermotogeles	7 hyperthermo.	Noll	Univ of connecticut
	Nitrosomonas		Norton	UtahState Univ.
	Microblal mats	hypersallne	Pace	Univ. of Coloradco
	Sinothizoblum	*medicae*	Reeve	Murdoch Unly
	Verrucomicrobla		Schmldt	Michigan State Univ.
	Baclllkis	coagulans	shanmugam	Univ. of Florida
	Crenarchaeote	community	simon	Oregon Health & Sclence Univ.
	Verrucomlcrobla	5 strains	smkttt	Wageningen Univ.
	Acidovorax	sp.	stahl	Univ. of Washington
	Caulobacter	2 strains	stephens	Santa Ctara Univ.
	Korarchaeots	community	stetter	Univ. Regensberg. Diversa Corp.
	Archaea	a strains	woee	Univ. of Illinois. Urbana-Champaign



획인데 그 중 하나가 동 아프리카 말라위 호수에 있는 Cichlid 속의 어종 분석을 할 계획이다. 보편적인 식량 어종이면서 아쿠아리움의 종인 Cichlid 종은 풍부한 진화원으로부터 놀랍도록 빠른 종의 증식을 보여 왔다. 과거 200만년 전에 약 700 종이 말라위 호수의 심해로부터 출현해 왔다. 2006년 CSP 프로젝트는 표 2에 요약되어 있다.

참고 문헌

1. http://www.jgi.doe.gov/CSP/index.html
2. http://www.jgi.doe.gov/science/index.html

www.kogo.or.kr