

## 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