벼 유전자 대량분석 DNA풀 구축

포항공대 안진흥 교수팀, 돌연변이체 신속선발 가능 … 유용성 검증

과학기술부(장관 채영복) [21세기프론티어사업]의 지원을 받은 작물유전체기능연구사업단의 포항공대 안진흥 교수팀이 벼 유전자의 기능을 대량으로 분석할 수 있는 DNA 풀 방법을 세계 최초로 구축했다.

국내에서는 작물유전체기능연구사업단을 중심으로 여러 연구실에서 벼 유전자 기능연구를 활발하게 진행하고 있는데, 특히 포항공대 안진흥 교수 연구실에서는 벼 유전자 기능을 대량으로 분석할 수 있는 자원을 개발하여 매년 1만개 유전자의 기능을 연구할 수 있는 DNA 풀 방법을 벼에서는 세계 최초로 개발했다.

DNA 풀 방법은 유전자의 기능을 밝히는데 중요하게 이용할 돌연변이체를 신속히 선발하는데 사용하는 기술로 다른 식물이나 동물에서 유전자 기능을 분석하는데 이용되고 있으나 벼에서는 아직까지 개발되지 않아 벼 유전자 연구를 하는데 어려움이 많았다.

안진흥 교수팀은 유전자 이식방법을 사용해 벼의 유전체에 무작위로 인위적인 표지를 삽입함으로써 대단위로 돌연변이체를 생산했다. 이를 50개 단위로 묶어 DNA를 추출해 400개의 풀을 얻었고, 이어 평균 10개의 풀을 섞어 40개의 DNA 슈퍼 풀을 만들었다.

따라서 각 슈퍼 풀은 평균 500라인의 샘플로 구성되는데, DNA 풀을 대상으로 특정 유전자에 표지가 삽입된 돌연변이체가 존재하는 풀을 PCR 기법으로 탐색할 수 있다. 다음 50개 돌연변이체를 대상으로 해당 돌연변이체를 추적하면 특정 유전자의 기능이 상실된 돌연변이체를 확인할 수 있고 특성을 분석하면 특정 유전자의 기능을 알 수 있다.

이미 국내 6개 실험실과 외국 2개 실험실에 DNA 풀을 배포해 유용성을 검정 받은 바 있다.

벼는 옥수수, 밀 등 타 주곡과 유전자 구성이 비슷해 벼에서 연구된 주요 유전자들은 타 작물에도 활용될 수 있을 것으로 추정된다.

중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction) 기법은 유전자증폭기법을 말하며, 미국의 캐리 B 멀리스 박사는 PCR기법 발명으로 1993년 노벨 화학상을 수상했다.

한편, 병충해나 가뭄, 추위 등에 잘 견디게 하는 신품종을 만들거나 맛 좋고 영양가가 높은 쌀을 생산하기 위해서는 이를 조절하는 유전자를 우선 확보하고 연구해야 하는데 최근 중국, 미국, 일본 등 연구팀에서 벼의 유전체 염기서열을 거의 대부분 밝혔다.

벼에는 3만2000 내지 5만5000 정도의 유전자가 있는 것으로 추정되는데, 기능이 밝혀진 것은 수백개 정도밖에 되지 않고 있다. 이에 따라 벼 유전자 기능 연구에 대한 경쟁이 치열해지고 있다.

<Chemical Daily News 2002/05/23>