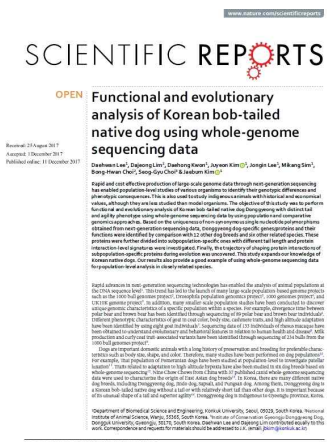
 농촌진흥청	보 도 자 료	작성과	동물유전체과
	2018년 2월 21일(수)부터 보도될 수 있도록 협조 부탁드립니다.	담당자	과장 박응우 농업연구사 임다정
		연락처	063-238-7306
		제공일	2018. 2. 20.(총 3장)

유전자 연결망으로 들여다본 ‘경주개 동경이’ - 특징 결정짓는 유전자 연결망, 5천만 년 전 형성 -

□ 천연기념물 제540호인 ‘경주개 동경이’는 우리나라 토종개로 다른 개와 달리 꼬리가 없거나 무척 짧은 것이 특징이다.



- 농촌진흥청(청장 라승용)은 건국대 김재범 교수 연구팀과 공동으로 동경이의 유전적 특성을 유전자 연결망(네트워크) 분석법으로 밝혔다.
- 이번 연구는 ‘네이처(Nature)’ 자매지인 국제학술지 ‘사이언티픽 리포트(Scientific Reports)’에 실렸다.

<국제학술지에 실린 동경이 관련 연구>

□ 생물학 연구에서 사용되는 유전자 연결망 분석법은 유전자 하나하나를 분석하는 것이 아닌, 유전자 사이의 상호 관계와 진화 과정을 추적해 유전적 특징을 찾아내는 방법이다.

- 예를 들어, 인간도 성향이 비슷한 사람끼리 서로 친구 관계로 연결돼 사회관계망(소셜 네트워크)을 구성하고 그 구성이 변화하듯, 유전자 역시 비슷한 기능을 하는 것끼리 관계를 맺고 진화를 거듭한다.

- 연구진은 동경이의 전체 염기서열¹⁾을 유럽, 베트남, 아프리카, 중국 등에 서식하는 해외 개 12품종²⁾, 6개 척추동물³⁾과 동시에 비교해 동경이만이 지닌 유전자 연결망을 찾았다.



<경주개 동경이>

- 이 유전자 연결망은 다른 척추동물과 비교할 때 현재로부터 약 5천만 년 전부터 발생한 것으로 나타났다.

- 또한, 동경이 유전자와 연결된 많은 유전자가 감각 기능, 신경 발달과 관련된 것을 확인했다. 이 안에는 성장호르몬(Growth Hormone 1), 뉴로텐신(Neurotensin) 유전자 등이 포함돼 있다.
- 특히, 유전자 연결망 분석으로 꼬리가 짧은 집단에서 204개 유전자, 꼬리가 없는 집단에서 324개 유전자, 공통으로 54개의 유전자가 동경이 집단에서 상호 작용해 동경이의 특성을 결정짓는 것으로 추정했다.

- 이번 연구는 동경이의 염기서열을 활용해 동경이가 지닌 유전적 특성의 형성 시기와 관련 유전자, 연결 방식 등을 생물 정보학에 기반을 둔 빅데이터 분석법으로 확인했다는 데 의의가 있다.

- 농촌진흥청 동물유전체과 임다정 농업연구사는 “유전자 연결망 분석법을 활용해 동경이만이 지닌 유전적 특징의 형성 유래를 밝혀낸 연구로 국내 토종개의 역사를 이해하는 데 도움이 될 것이다.”라고 말했다.

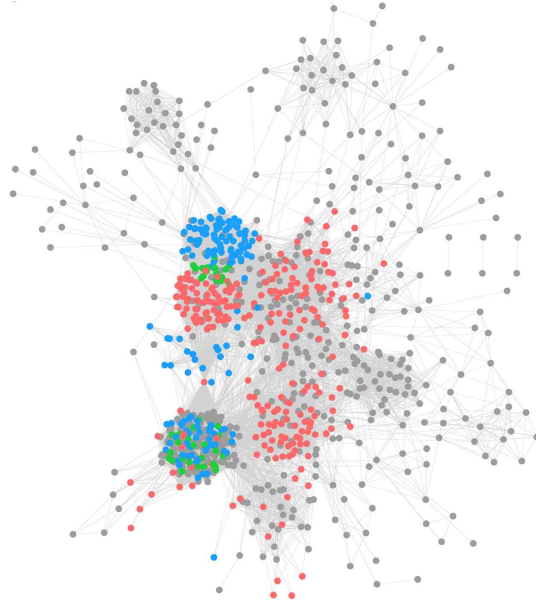


이 보도 자료와 관련하여 보다 자세한 내용이나 취재를 원하시면 농촌진흥청 동물유전체과 임다정 농업연구사(☎ 063-238-7306)에게 연락주시기 바랍니다.

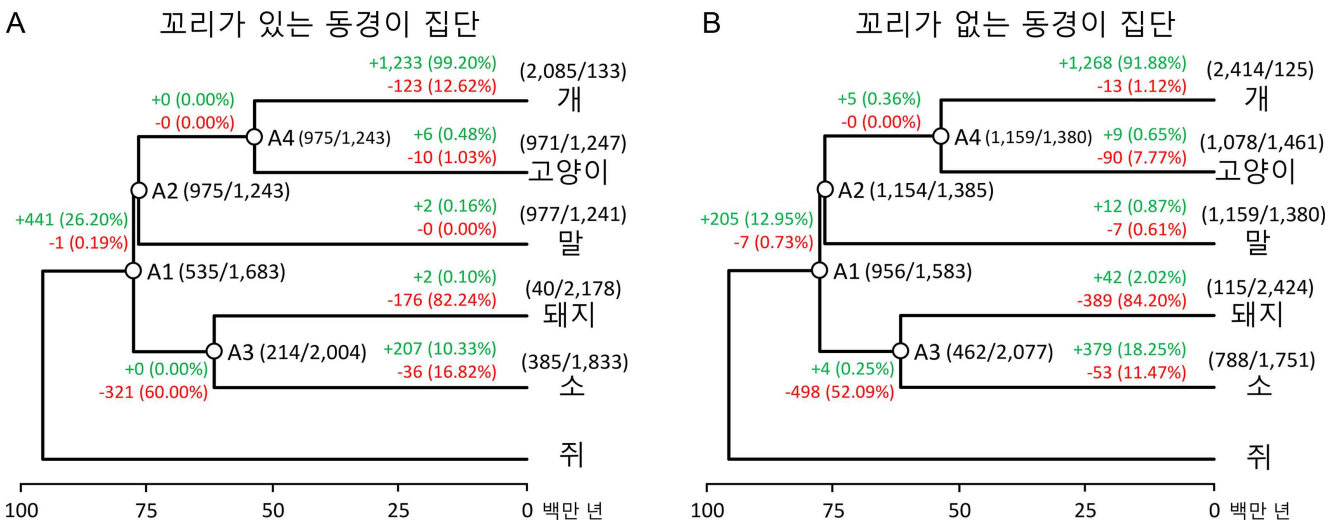
1) 유전 정보 860만여 개와 유전자 2만 5천여 개.
 2) 12개 해외 개 품종: 독일 셰퍼드, 중국(디칭, 쿤밍, 리장, 잉장) 서식 품종, 티베티안 마스티프, 유럽, 인도, 레바논, 베트남, 나미비아, 포르투갈 서식 품종
 3) 소, 돼지, 말, 고양이, 사람, 쥐

<참고자료>

유전자 연결망으로 들여다본 ‘경주개 동경이’



[그림 1] 동경이 집단의 유전자 네트워크 모식도. 회색: 동경이 집단의 전체적인 유전자 네트워크, 빨간색: 꼬리가 없는 집단의 유전자 네트워크, 파란색: 꼬리가 짧은 집단의 유전자 네트워크, 초록색: 동경이 집단(꼬리가 있거나 없는 집단)에 공통적으로 가지고 있는 유전자 네트워크



[그림 2] 동경이 집단의 유전자 연결망의 발생 유래 추정 결과. (A) 꼬리가 있는 동경이 집단의 유전자 연결망 발생 유래 (B) 꼬리가 없는 동경이 집단의 유전자 연결망 발생 유래로 고양이와 분화가 이루어진 약 5천만 년 전부터 동경이 집단에서만 유전자 사이의 연결망의 수가 급격히 증가하고 있음(초록색 수치 참고)