

세계 최초 효모 라이브러리 구축 및 약물작용 연구 시스템 개발

오믹스융합연구센터
허광래 2010. 5. 17

연구개요 ·· 효모에서 유전자가 하나씩만 제거된 돌연변이 5000종을 확보하여 라이브러리를 구축하고, 이를 마이크로어레이로 탐색할 수 있는 시스템을 개발 함.

개발내용 ·· 이번에 개발된 시스템과 효모 라이브러리를 활용한 연구를 통해 세계최초로 암 관련 신규 유전자 500종을 발굴하여 항암제가 작용할 수 있는 신규 작용기전을 규명하고 있음.

·· 특정 유전자가 제거된 균주는 특정 약물에 민감하게 되는 원리를 응용하여, 마이크로어레이를 이용한 초고속 대용량 약물작용점 탐색시스템을 구축하였다.

·· 유전자 결손 균주 라이브러리를 이용하면 유전체 기능연구, 필수유전자 기능연구, 유전자 및 단백질상호작용 네트워크 연구와 국제공동연구가 가능하다.

활용사례 / 효과 ·· 네이처 바이오테크놀로지 (Nature Biotechnology) 2010년 5월 16일자 온라인판에 논문이 발표 됨.

·· 산-연 협동의 대표적 성공사례로서, 유전자 결손 효모 해외판매 등으로 약물작용점 탐색시스템을 포함한 본격적인 매출 증대가 이루어질 예정으로 한국 생명공학 제품의 국제적 위상 제고

nature
biotechnology

RESOURCE

Analysis of a genome-wide set of gene deletions in the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe*

Dong-Uk Kim^{1,14}, Jacqueline Hayles^{2,14}, Dongsup Kim^{3,14}, Valerie Wood^{2,4,14}, Han-Oh Park^{5,14}, Misun Won^{1,14}, Hyang-Sook Yoo^{1,14}, Trevor Duhig², Miyoung Nam¹, Georgia Palmer², Sangjo Han³, Linda Jeffery², Seung-Tae Baek¹, Hyemi Lee¹, Young Sam Shim¹, Minh Lee³, Lila Kim⁴, Kyung-Sun Heo¹, Eun Joo Noh¹, Ah-Reum Lee¹, Young-Joo Jang¹, Kyung-Sook Chung¹, Shin-Jung Choi¹, Jo-Young Park¹, Youngwoo Park¹, Hwan Mook Kim⁶, Song-Kyu Park⁶, Hae-Joon Park⁵, Eun-Jung Kang⁵, Hyong Bai Kim⁷, Hyun-Sam Kang⁸, Hee-Moon Park⁹, Kyunghoon Kim¹⁰, Kiwon Song¹¹, Kyung Bin Song¹², Paul Nurse^{2,13} & Kwang-Lae Hoe^{1,6*}

We report the construction and analysis of 4,836 heterozygous diploid deletion mutants covering 98.4% of the fission yeast genome providing a tool for studying eukaryotic biology. Comprehensive gene dispensability comparisons with budding yeast—the only other eukaryote for which a comprehensive knockout library exists—revealed that 83% of single-copy orthologs in the two yeasts had conserved dispensability. Gene dispensability differed for certain pathways between the two yeasts, including mitochondrial translation and cell cycle checkpoint control. We show that fission yeast has more essential genes than budding yeast and that essential genes are more likely than nonessential genes to be present in a single copy, to be broadly conserved and to contain introns. Growth fitness analyses determined sets of haploinsufficient and haploproficient genes for fission yeast, and comparisons with budding yeast identified specific ribosomal proteins and RNA polymerase subunits, which may act more generally to regulate eukaryotic cell growth.

