## 유전체 진화 경로 규명으로 생명 진화연구 신기원 마련

바이오화학/에너지연구센터 김지현 2009.10.

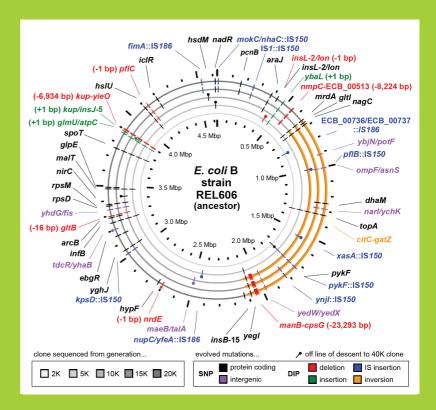
연구개요 · · 미국 미시간주립대학교의 렌스키 (Richard E, Lenski) 교수, 프랑스 조셉푸리에대 학교의 슈나이더(Dominique Schneider) 교수와 공동연구로 4만 세대 동안 실험실에서 진화된 생명체의 유전체 염기서열을 비교분석하여 생명체 진화 과정을 추적하고 환경적응도와의 상관관계를 규명하여 진화 연구의 새로운 전기를 마련함.

개발내용··진화 과정 중에 있는 생명체의 유전체 염기서열을 고정밀도로 해독하여 약 20년에 걸친 장기간의 진화실험에 따른 유전체 변이의 양상을 수만 세대 동안이나 추적함.

- ··여러 세대에 걸쳐 일어나는 진화 과정에 대한 실시간 추적뿐만 아니라 동결 보전한 조상균주와 후손균주의 직접적인 경쟁을 통해 같은 환경에 대한 적응도를 정략적으로 비교할 수도 있음.
- ··환경 조건이 일정하게 유지되더라도 유전체의 변이 속도와 적응도 간의 관계가 일정하지 않다는 사실도 처음으로 확인됨.

### 활용사례 / 효과

- ··네이처(Nature)지에 아티클 논문으로 발표됨.
- ··차세대 DNA 해독 기법을 이용하여 유전체 전체 서열 비교 분석을 통한 진화 연구의 새로운 전기를 마련, 진화 개념을 응용하면 산업적으로 바이오합 성 균주의 시스템 최적화 등을 도모할 수 있음.



#### 2천~2만 세대 사이 진화변이주의 돌연변이 지도

2,000 세대(2K)에서부터 40,000 세대(40K)까지 동일한 환경에서 진화해 오면서 나타 난 단일염기다형(SNP) 및 결실/삽입/기타 다형(DIP) 돌연변이의 발생 위치. Deep dive into Life 41

doi:10.1038/nature08480 nature

ARTICLES

# Genome evolution and adaptation in a long-term experiment with Escherichia coli

Jeffrey E. Barrick<sup>1</sup>\*, Dong Su Yu<sup>2,3</sup>\*, Sung Ho Yoon<sup>2</sup>, Haeyoung Jeong<sup>2</sup>, Tae Kwang Oh<sup>2,4</sup>, Dominique Schneider<sup>5</sup>, Richard E. Lenski<sup>1</sup> & Jihyun F. Kim<sup>2,6</sup>

The relationship between rates of genomic evolution and organismal adaptation remains uncertain, despite considerable interest. The feasibility of obtaining genome sequences from experimentally evolving populations offers the opportunity to investigate this relationship with new precision. Here we sequence genomes sampled through 40,000 generations from a laboratory population of *Escherichia coli*. Although adaptation decelerated sharply, genomic evolution was nearly constant for 20,000 generations. Such clock-like regularity is usually viewed as the signature of neutral evolution, but several lines of evidence indicate that almost all of these mutations were beneficial. This same population later evolved an elevated mutation rate and accumulated hundreds of additional mutations dominated by a neutral signature. Thus, the coupling between genomic and adaptive evolution is complex and can be counterintuitive even in a constant environment. In particular, beneficial substitutions were surprisingly uniform over time, whereas neutral substitutions were highly variable.

#### 네이처 아티클(Article) 논문 제목, 저자 및 초록

- Jeffrey E. Barrick과 Dong-Su Yu 공통 제1저자
- Jihyun F. Kim과 Richard E. Lenski 공동 교신저자