

NGS를 이용한 작은빨간집모기(*Culex tritaeniorhynchus*) transcriptome의 생물정보학적 분석

정준양^{1,2}, 박지은^{1,2}, 송대권^{1,2}, 홍찬의^{1,2}, 김용태^{1,2}, 신현준^{1,2}, 류자미¹, Patnaik Hongray Howrelia², Bharat Bhusan Patnaik², 상민규³, 신이현⁴, 박홍석⁵, 한연수⁶, 이용석^{1,2,3}

¹순천향대학교 자연과학대학 생명과학과 ²순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소
³순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설)
⁴한국방역협회 부설기술연구소, ⁵㈜지엔시바이오, ⁶대전광역시 ⁶전남대학교 식물생명공학부

ABSTARCT

모기는 일본뇌염바이러스, 치쿤구니아 바이러스와 같이 인간의 생명과 건강에 위협적인 질병을 전파하는 대표적인 매개체다. 그 중에서도 작은빨간집모기(*Culex tritaeniorhynchus*)는 한국에서 일본뇌염바이러스와 같은 인수공통감염병을 매개하는 대표적인 종이다. 이러한 빨간집모기(*C.tritaeniorhynchus*)의 생태, 대사 그리고 인수공통 감염병 연구에 활용될 수 있는 기초적인 데이터를 확보하기 위하여 국내 빨간집모기(*C.tritaeniorhynchus*) transcriptome의 생물정보학적 분석을 진행하였다. 본 연구에서는 채집된 빨간집모기(*C.tritaeniorhynchus*)에서 mRNA를 추출하여 Illumina HiSeq 4000을 통하여 72,108,118개 (10,888,325,818bp)의 raw data를 확보하고 확보된 raw data를 trimming 하여 70,515,821개(9,744,207,502bp)의 clean reads를 얻었다. clean reads를 Trinity와 TGICL을 이용하여 assembly와 clustering을 진행한 결과 79,288 개 (57,016,936bp) unigenes를 확보하였다. 확보된 unigene 들을 PANM, Unigene, SwissProt 및 KOG 데이터베이스에 상동분석을 진행한 결과 각각 53,234개, 34,955개, 56,645개, 50,939개의 Unigenes들이 annotation되는 것을 확인하였다. 추가적으로 Gene Ontology(GO) 분석결과 biological process 부분 15개의 GO-term에 22,977개, molecular function 부분 10개의 GO-term에 49,127개, cellular component 부분 4개의 GO-term에 25,814개의 sequence가 매칭되는 것을 확인 하였다. 본 연구에서 확보된 작은빨간집모기(*C.titaenirohynchus*)의 transcriptome 분석 데이터는 본 생물의 생태와 대사, 병원성 바이러스의 연구와 관련하여 기초적인 자료로서 활용될 것으로 사료된다.

Materials and Methods

