

시스템생명공학실습 계획서

메타유전체를 통한 사람-가축-환경 마이크로바이옴/ 레지스톰 분석

20193852 문유빈

목차

제목 1

목차 2

연구배경 3

연구목적 4

실험방법 5

예상결과 6

기대효과 7

연구배경

항생제 내성은 WHO에서 세계 공공 보건의 심각한 위협으로 규정할 만큼 의료, 농업, 수산업 등에 여러 분야에 심각한 문제를 야기한다. 사람, 가축뿐만 아니라 토양, 수계 환경 등 가축 관련 환경에서도 항생제 내성 유기체들의 출현으로 사람-가축-환경 분야를 연결하고 함께 연구하는 one health 접근법의 필요성이 대두되고 있다. 또한 내성 유전균들의 모니터링 자체도 중요하지만, 내성균의 전파 양상을 파악하는 것도 항생제 내성을 방지하고 해결하는 방법으로 중요하다.

따라서 one health 개념의 접근법으로 연관된 사람-가축-환경에서 얻어진 샘플을 이용해 사람-가축-환경에 존재하는 내성균 및 내성 유전자 분포양상을 샷건 메타지놈으로 분석해보고자 한다.

연구목적

레지스톰/모빌롬 파악

샷건 메타유전체 분석을 이용
하여 사람-가축-환경에 존재
하는 내성균 조사

레지스톰/모빌롬의 분포 파악

사람-가축-환경에 존재하는
내성균 및 내성 유전자 분포양
상 조사

레지스톰/모빌롬의 one health적 내성 전파 규명

사람-가축-환경에 공통적으
로 존재하는 항생제 내성 유전
자 및 모빌롬 파악으로 항생제
내성 전파 및 상관관계 규명

실험방법

1st > 샘플 준비 및 시퀀싱

돼지(포유자돈/비육돈 각 3마리) 분변, 농장 종사자(2명) 분변, 축사 환경[축산폐수]에서 시료 채취 및 Illumina NovaSeq을 이용해 시퀀싱

3rd > 내성균 및 내성 유전자 분포양상 조사

- 메타유전체 기반으로 사람-가축-환경에 존재하는 박테리아 파악
- 검체 및 환경으로부터 항생제 내성 유전자 및 이동성 유전자를 검출하고 어떤 박테리아로부터 유래되었는지 파악
- 권역별/분리원별 그룹의 차원 축소를 이용한 레지스톰 및 모빌롬의 패턴 및 상관관계 분석, R software를 이용한 시각화

2nd > 레지스톰/모빌롬의 분포 양상 파악을 위한 메타유전체 분석

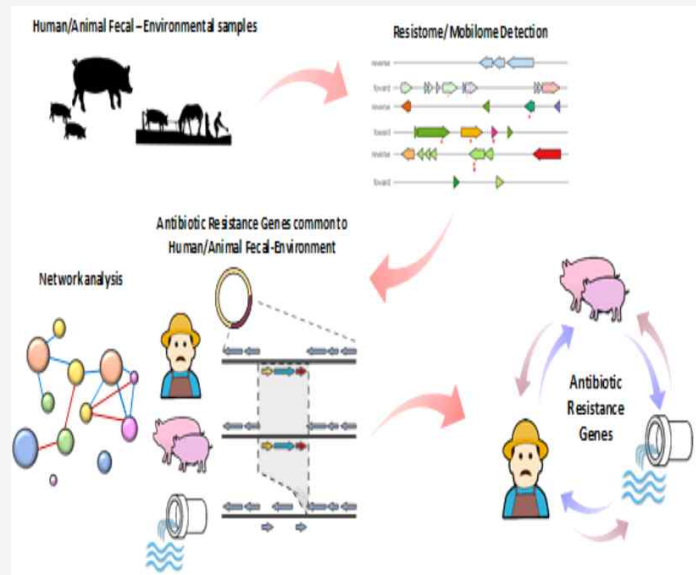
- 획득한 DNA sequence raw data에 FastQC를 이용하여 quality control을 수행하고 Host의 유전정보를 제거 위해 Bowtie2를 이용한 removal을 진행
- Quality control된 sequence는 MEGAHIT을 통하여 assembly 후 항생제 내성 유전자를 조사하기 위해 protein을 prediction 하는 annotation을 수행
- 레지스톰 분석을 위해 The Comprehensive Antibiotic Resistance Database (CARD) 데이터베이스 혹은 AMRFinder 데이터베이스를 이용
- 모빌롬 분석은 크게 integron (Integrase + attC), transposon, plasmid (Integrative and Conjugative Elements (ICEs) 포함) 및 phage 4그룹으로 나뉘며 uniprot 및 NCBI protein 데이터베이스를 활용하여 검색

예상결과

메타유전체 분석에서 발견된 내성균을 대상으로 메타커뮤니티 생태학적 모델을 이용하여 내성 전파 가능성이 있는 후보균 선별

사람-가축-환경에 공통적으로 존재하는 내성균 및 내성 유전자를 파악하여 공통적으로 존재하는 contig 및 gene contents를 확인하여 내성 유전자의 전파가능성 파악

One-health 관점에서 내성 유전자의 전파 규명



기대효과

항생제 내성 연구에 방법 제시

One health 개념의 레지스톰/모빌롬 분석이 항생제 내성 연구에 의미 있는 관점을 제시할 것이다.

바이오인포매틱스 발전에 기여

팬데믹으로 인한 생물공학에 대한 관심 증가와 기기의 발전으로 생물 데이터는 기하급수적으로 늘어나고있다.

이런 형세에 발 맞춰 생물 데이터를 다루고 분석하는 방법을 익혀 바이오인포매틱스 영역을 넓히고

데이터를 체계적으로 정리해 후에 생물 데이터베이스 구축에 기여할 것이다.