

5.4 미생물 유전체

서울대학교 **이주훈**
단국대학교 **김현범**

본 학회 SCIE 등재학술지인 'Journal of Microbiology and Biotechnology (JMB)'와 Scopus 등재 학술지인 'Microbiology and Biotechnology Letters (MBL)'에 2013년부터 2022년까지 10년간 게재된 논문 중에서 미생물 유전체 관련 논문들의 연도별 투고 편수와 전체 논문 대비 비율 및 세부 연구분야별 게재 현황을 분석하여, 미생물 유전체 연구현황 및 전망을 작성하였다.

가. 미생물 유전체 분야 연구동향

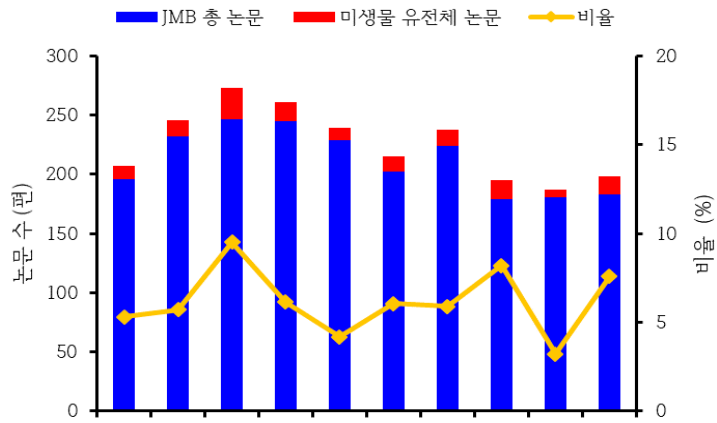
미생물 유전체는 그 크기가 0.5~10Mb로 유전자 밀도가 아주 높다. 따라서 대략 10Mb 이하의 작은 유전체 안에 생존에 필요한 모든 유전정보를 가지고 있다는 점이 미생물 유전체 연구를 쉽게 접근할 수 있게 하는 장점이다. 유전체 서열은 유전자들의 기능적 상관관계 및 네트워크를 분석하기 위한 자료로 많이 사용되며, 유전자 기능 연구를 위한 가이드가 된다. 미생물 유전체 분석 결과를 통해 유전체의 특성을 분석하고 생리학적 특성을 서열정보 수준에서 이해할 수 있으며, 이 과정에서 유전자의 기능이 유추되고 기능성 유전자, 병원성 유전자 등 균주 또는 종 특이적 유전자를 선별하여 서열이 해독된 미생물의 특성을 파악할 수 있게 된다. 초기의 미생물 유전체 해독은 주로 병원성 미생물을 중심으로 진행되었으나 유용미생물 정보의 국가자원화를 통한 국가경쟁력 제고에 기여할 수 있기 때문에 세계 각국에서 생물다양성 협약에 대응하여 최근에는 산업적으로 응용 가치가 있는 유용미생물을 대상으로 한 유전체 연구와 자원화를 위한 노력이 계속되고 있다.

따라서 한국미생물·생명공학회 50주년을 맞이하여 2013년부터 2022년까지 최근 10년간 JMB 및 MBL 이에 각 저널에서 발표된 미생물 유전체 분야 논문들의 연구 동향을 분석하고 향후 해당 분야의 발전을 전망하여 이를 통해 급격히 성장·변화하는 미생물유전체 연구 분야의 이해를 돕고자 한다. JMB와 MBL의 해당 분야 발표 논문의 동향 분석을 위해, 미생물 유전체(서열정보), 유전체 기반 미생물 특성(기능성, 항생제 내성, 독성 등) 분석, 미생물 유전체 기반 대사체 연구, 계통학적 분류(비교서열분석), 유전체 분석 방법(개선 기술 등) 등의 5개 세부 분야로 구분하였다. 해당 분야에서 발표된 논문들이 타 분야와 중복되는 경우가 있으나, 미생물 군집 및 다양성 분석에 관한 연구는 제외하였다.

나. 미생물 유전체 분야 JMB 논문게재 현황 및 분석

2013년부터 2022년까지 지난 10년간 JMB에 게재된 총 논문 편수는 2,259편이며, 2022년도 게재 논문 편수는 아직 심사 중인 논문 수도 포함된 수치이다. 이 중 미생물 유전체와 관련된 논문은 144편으

로, 지난 10년간 게재된 논문에서 6.8% 수준의 점유율을 나타내었다. 이 중에서 미생물 유전체 관련 논문의 연도별 비율을 보면, 2013년 5.8%(12/207편), 2014년 6.1%(15/246편), 2015년 9.9%(27/273편), 2016년 6.1%(16/261편), 2017년 4.2%(10/239편), 2018년 6.0%(13/215편), 2019년 5.9%(14/238편), 2020년 8.2%(16/195편), 2021년 3.2%(6/187편), 2022년 7.6%(15/198편)로, 지난 10년간 총 게재 논문의 6.8%를 차지하고 있다(그림 1).



〈그림 1〉 지난 10년간 JMB의 미생물 유전체 발간 추이

2013년부터 2022년까지 JMB에서 발간된 총 144편의 미생물 유전체 분야 논문 중 core gene로부터 비교서열 분석을 통한 계통학적 분류와 유전체 분석 기술 개선에 관한 연구가 지난 10년 중 전반기에 강세였다면, 미생물 유전체(Whole genome)와 기능성에 관한 연구는 분야 내 평균 40% 이상의 높은 비율을 유지하며 꾸준한 투고 비율을 보였다(표 1). 이는 NGS 기술의 발달에 따라 개별 혹은 일부 유전자 군단이 가진 단편적인 정보를 연구하던 시대에서 한 개체가 지닌 모든 유전정보 전체를 연구하는 시

〈표 1〉 지난 10년간의 JMB 미생물 유전체 분야 논문의 세부 게재 추이

연도	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	분야별 발간편수
미생물 유전체	4	4	7	6	9	7	10	3	1	6	50
유전체 기반 미생물 기능 연구	6	4	10	3	1	3	-	4	2	4	37
유전체 기반 미생물 대사체 연구	1	-	5	1	-	1	3	2	2	1	16
계통학적 분류	1	2	2	3	-	1	-	5	-	2	14
유전체 분석 방법	-	5	3	3	-	1	1	2	1	2	18
연간 발간편수	12	15	27	16	10	13	14	16	6	15	144

대의 변화에 따른 것으로 해석할 수 있다.

2013년부터 2022년까지 JMB에서 발간된 총 144편의 미생물 유전체 분야는 연구 대상 미생물 종류에 따라 분류 시 기능성 미생물 34편(23.6%), 병원성 미생물 28편(19.4%), 환경 미생물 12편 (8.3%) 순으로 연구되었다(표 2).

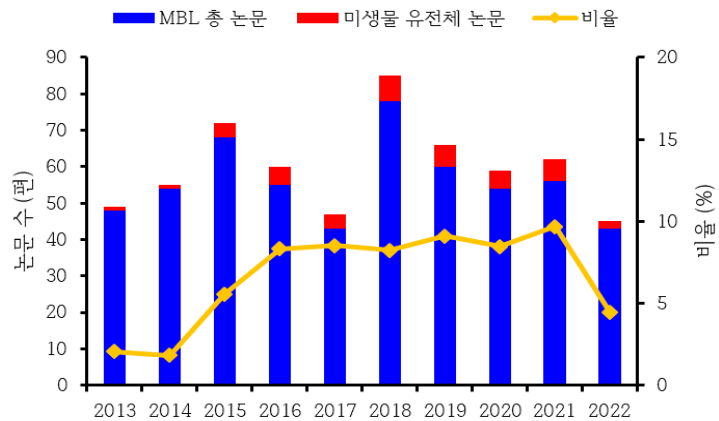
〈표 2〉 10년간 JMB에 게재된 미생물 유전체 분야 논문의 세부 대상 분류 추이

연도	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022
병원성 미생물	3	5	5	3	3	-	3	2	1	3
기능성 미생물	2	1	5	6	4	3	5	1	2	5
환경 미생물	2	2	1	1	-	-	3	-	1	2

다. 미생물 유전체 분야 MBL 논문게재 현황 및 분석

지난 10년간 MBL 전체 발간 논문 중에 미생물 유전체 분야 논문이 차지하는 비율은 2013년 부터 2022년 까지 41편 (7.3%)으로, 2013년 1편이 게재된 이후 게재 편수가 꾸준히 증가하여 2021년도에는 MBL의 발간 논문 대비 점유율이 9.7% 까지 상승하였다(그림 2). MBL 게재 논문 중 교신저자가 외 국기관인 논문을 국제 논문으로 집계하였을 때, 2013~2017년까지의 미생물 유전체 분야 논문의 국제화 비율 0%에서 2018~2022년까지의 국제화 비율은 55.5% 까지 상승한 것으로 확인되었다.

2013년부터 2021년까지 MBL에서 미생물 유전체 분야로 발간된 논문들의 세부 분야 점유율은 JMB 와 유사하게 나타났다. 분야 내에서 미생물 유전체의 서열정보에 대한 연구가 36.6%, 그 다음으로 유전



〈그림 2〉 지난 10년간 MBL의 미생물 유전체 발간 추이

〈표 3〉 지난 10년간의 MBL 발효식품미생물 분야 논문의 세부 게재 추이

연도	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	분야별 발간편수
미생물 유전체	-	-	-	-	1	5	2	2	3	2	15
유전체 기반 미생물 기능 연구	-	-	-	1	3	1	1	2	-	-	8
유전체 기반 미생물 대사체 연구	1	1	-	1	-	-	-	-	1	-	4
계통학적 분류	-	-	2	1	-	1	-	-	-	-	4
유전체 분석 방법	-	-	1	-	-	-	1	1	1	-	4
연간 발간편수	1	1	4	5	4	7	6	5	6	2	41

체 기반 미생물 기능 분석 19.5%, 비교서열분석을 통한 계통학적 분류 연구와 미생물 대사체 분석 및 유전체 분석기술 개선에 대한 논문은 각 9.8%씩 발간되었다(표 3).

라. 향후 발전전망

앞서 지난 10년간의 미생물 유전체 분야 논문의 게재 동향에서 확인한 것처럼, 미생물 유전체 연구 패러다임은 단일 생물계 중심의 생물학적 접근법에서 집단·복합계로 종합적이고 통합적인 유전체 정보 분석 연구 방향으로 전환되고 있다. 이러한 서열 분석 결과는 유전자의 세포 내 분자 수준의 기능 연구 및 새로운 기능 유전자 발굴에 이용될 수 있으며, 이는 미생물 유전체 연구를 통해 과거에 개발된 분자생물학적 원리와 기술들을 기반으로 생물자원 발굴 및 확보 등 고부가 산업창출의 기반을 제공하는 핵심 요소로 작용하고 있다. 이러한 미생물 유전체 연구들의 분석대상은 주로 병원성 미생물부터 산업적 응용이 가능한 미생물, 그리고 환경 생태학적으로 중요한 미생물까지 다양해지고 있다. 이처럼 다양하고 광범위한 미생물 유전체 수의 증가는 유전체 서열의 질적 수준 향상과 함께 유전자 주석화의 표준화 작업 등에 대한 요구가 향후 급증할 것으로 전망된다.

또한, 현재까지 대부분 미생물 유전체 분석은 배양이 가능한 미생물 위주로 이뤄져 왔고, 최근 단일 세포 유전체(single cell genomics) 연구가 새로운 유전체 분석 대상으로 주목 받고 있다. 그러나 99%의 미생물 이외에 분류되지 않은 난배양 및 진핵 미생물은 환경 생태 내 역할 및 숙주와의 상호작용에서의 기능, 그리고 산업적 유용 유전자의 함유 잠재력이 무궁무진하기 때문에 유전체 분석 분야에서 해결되어야 할 향후 연구분야라 여겨지고 있다. 빠르게 발전하는 미생물 유전체 분야를 이해하고 관련된 다양하고 양질의 연구가 JMB 그리고 MBL에 게재되길 바라며, 이를 적극적으로 수용함으로써 학술지 발전에 도움이 될 것으로 기대한다.