

데이터베이스

◆ENU Mutagenesis Programme

<http://www.mgu.har.mrc.ac.uk/mutabase/>

◆The ENU-Mouse Mutagenesis Screen Project

<http://www.gsf.de/isg/groups/enu-mouse.html>

인간게놈의 염기서열 해독완료에 따라 유전자의 기능해석 연구로 초점이 옮겨지고 있다. ENU(EthylNitrosourea)를 이용한 대규모 mutagenesis가 포스트 게놈(post-genome) 프로젝트의 하나로 주목받고 있다. ENU를 사용해 염기 치환을 도입하여, 전체적인 표현형질의 스크리닝으로 돌연변이 mouse나 rat을 제작할 수 있다. 희생이 되는 동물의 수를 가능한 한 줄이기 위하여 외부에 공개하여 연구자간의 정보교환이 중요하다.

단백질의 기능 도메인

◆InterPro(Integrated resource of Protein Families, Domains and Sites)

<http://www.ebi.ac.uk/interpro/>

증가하는 유전자의 염기 서열이나 단백질의 아미노산 서열 데이터를 기초로 구조나 기능 해석이 급속히 진행되고 있다. InterPro는 지금까지 별도로 운영되고 있던 단백질 관련 데이터베이스(PROSITE, PRINTS, ProDom, Pfam등)를 통합한 것이다.

분산 computing

「컴퓨터나 인터넷이 없는 연구는.....」이라고 할 정도로 컴퓨터가 중요한 역할을 하고 있다. 이는 방대한 계산이 필요한 작업을 컴퓨터로 처리함을 의미하는 것이다. 단백질의 아미노산 서열로부터 그 삼차원 구조를 예측하는 「Folding@home」이나, 단백질의 아미노산 서열을 가늠한 염기 서열(virtual genomes)로 변환해 게놈 데이터베이스와 비교함으로써, 유전자가 어떻게 진화해 왔는지, 유전자나 단백질이 어떻

게 작용하는지를 찾는 「Genome@home」이 미 스탠포드 대학을 중심으로 이루어지고 있다.

◆Genome@home

<http://genomeathome.stanford.edu/>

◆Folding@home

<http://www.stanford.edu/group/pandegroup/Cosm/>

Intel도 「PC philanthropy」의 일환으로서 미 암연구 기금(NFCR)이나 옥스퍼드 대학과 협력하여 「The United Devices Cancer Research Program」이란 유사 프로젝트를 진행시키고 있다.

◆Intel Philanthropic Peer-to-Peer Program

<http://www.intel.com/cure/>

Joke(유머)

연구에 지치면, 가끔씩 농담도...

◆The Human Genome!

<http://cagle.slate.msn.com/news/gene/>

인간게놈 관련 만화

◆Cloning Around

<http://www.cloningaround.com/>

제목, 점수순으로 만화를 선택할 수 있다.

◆Profession Jokes : Biologists

<http://www.workjoke.com/projoke37.htm>

예를 들면, 아래와 같은 생물학 관련 유머집이다.

“How do you tell the difference between boys and girls?
Take their genes down.”

문헌

◆ AGRICOLA

<http://schoolmeals.nalusda.gov/>

NAL(National Agricultural Library)의 검색 사이트. 농림 수축산 관련 논문, 서적을 검색할 수 있다. 같은 검색어로 PubMed와는 다른 논문을 인용할 수 있다.

◆ Journal LinkOut Providers

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/journals/loftext_noprov.html

PubMed의 수록잡지 가운데, 전문(full text)이 제공되고 있는 잡지 리스트. 발행년도, 출판사별로 직접 검색 할 수 있다.

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/80/entrez/journals/loftext_prov.html

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/journals/loftext_prov.html

게놈

◆ Ensembl

<http://www.ensembl.org/>

EMBL-European Bioinformatics Institute와 Sanger Centre가 공동으로 운영하는 게놈 데이터 해석 사이트. Draft 서열로부터 자동적으로 유전자를 예측한다. 마커의 위치·반복 서열의 위치 등의 주석(annotation)을 더해 공개하고 있다. 현재는 사람 염색체뿐이지만, 가까운 시일내에 마우스 정보도 제공할 예정이다.

◆ Genome MOT(genome monitoring table)

<http://www2.ebi.ac.uk/genomes/mot/>

인간·마우스 등 진핵생물 게놈의 염기 서열 결정 상황을 모니터 하고 있다. 매일 update되며 각 염색체에 대한 통계도 있다.

유전자 해석

◆ Human-Mouse Homology Map

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Homology/>

NCBI(National Center for Biotechnology Information)가 제공하는 사이트. 인간과 마우스에 대응하는 유전자(orthologous gene)에 대하여 일반적인 염색체를 기본으로 다른 염색체 상의 위치를 표시하므로 다른 것이 모자이크 상태로 있거나 orthologous 유전자 염색체 상의 서열은 매우 유사하다. 유전자의 진화·발현 과정 연구시 유용하다.

유전자 발현 데이터베이스

◆ GEO:Gene Expression Omnibus

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>

NCBI의 새로운 사이트. Human genome project가 완료됨에 따라 유전자의 기능·발현제어 등의 해석이 새로운 연구과제의 하나로 대두되고 있다. GEO는 filter hybridization·microarray·DNA chip 등에서 모은 발현데이터를 공개하고 있다.