



심포지엄 | 제2세미나실

영양유전체학 분야의 최근 동향과 개인 맞춤영양

정 자 용

경희대학교 식품영양학과

2000년대 초 Nature지에 발표된 한 연구에 따르면 (Jimenez-Sanchez 등), 이제까지 약 1000여개의 유전자에 대한 돌연 변이가 질병의 유발과 직접적인 관련이 있음이 밝혀졌다고 한다. 그런데, 이들 질병과의 관련성이 밝혀진 유전자 대부분 (97%)이 단일 유전자의 돌연변이에 의해 발생하는 monogenic disorder와 연관성을 가지고 있다. 이와 대조적으로, 대부분의 만성 질환 즉, 비만, 고혈압, 심혈관계 질환, 암, 대사증후군과 같은 질환의 경우 이들 질병의 유발에 관련된 유전자의 규명은 그리 성공적이지 못한 편이다. 한 예로, 질병과의 연관성에 대한 600여 개의 연구 중 단 6 개의 유전자 다형성에 대한 질병과의 관련성이 3개 이상의 독립적인 연구에서 반복 증명될 수 있었다 (Hirschhorn 등). 이는 대부분의 만성 질병이 단일 유전자보다는 다수의 유전자가 발병에 관여하고, 무엇보다도 **유전 요인과 함께 환경 요인이 복합적으로 질병의 발병 및 진행 과정에 주요하게 작용하기 때문이다**. 식이 요인은 질병의 유발에 관여하는 대표적인 환경 요인으로, 질병과 관련된 유전체 정보를 규명하는 데에 있어 유전체·식이요인의 상호 작용에 대한 이해가 필수적으로 요구된다.

영양유전체학이란(nutrigenomics)은 유전체와 영양소간의 상호 작용을 분석하기 위해 유전자 대량 분석 기술 (high-throughput technology)을 영양학 연구에 적용하는 학문이다. 즉, 영양소에 의한 유전자 발현 조절 (nutritional transcriptomics), 단백질 합성 혹은 활성 변화 (proteomics), 세포를 구성하는 대사 물질의 합성과 분해 (metabolomics) 등에 미치는 영향을 포괄적으로 동시에 연구함으로써 질병의 유발 혹은 예방에 관여하는 유전체-영양소 상호 작용에 대한 이해를 증진시킨다. 또한, 개개인의 유전적 구성의 차이, 즉 유전자 다형성이 영양소의 체내 대사 및 식이관련 질병에 대한 위험도에 미치는 영향 (nutrigenetics)과, 영양소가 DNA methylation과 염색체 구조의 변화에 미치는 영향(nutritional epigenomics)에 대한 연구를 포함한다. 따라서, 영양유전체학의 발전은 여러 가지 다양한 만성 질병의 예방에 있어 식이 요인의 역할을 규명하는 데에 중추적 역할을 할 것을 기대된다. 본 발표에서는 영양유전체학이 활발하게 응용되는 분야의 한 예로 대사증후군, 심혈관 질환과 관련된 식이 요인에 대한 연구들을 중심으로 영양 유전체학의 최근 연구 동향과 연구 방법론, 그리고 이를 활용한 개인 맞춤영양에의 적용 가능성에 대해 논하고자 한다.