

PB-28

E3 유비퀴틴 리가아제 유전자 그룹의 환경 스트레스 발현 연구

유요한^{1*}, 이대우¹, 정기홍²

¹농촌진흥청 국립식량과학원 중부작물부 재배환경과

²경희대학교 국제캠퍼스 생명공학원

[서론]

유비퀴틴화(Ubiquitination)는 특정 단백질을 선택적으로 분해하여 세포 내 축적을 조절하는 단백질 분해 시스템이다. 식물에서는 다양한 호르몬 신호전달 기작, 발달, 환경 스트레스 신호전달 기작이 유비퀴틴화와 밀접한 관련이 있는 것으로 보고되고 있다. 특히, U-박스 도메인을 가지는 E3 리가아제는 다른 진핵생물보다 식물에서 월등하게 많다. 이는 U-box 도메인이 식물 특이적 세포내 과정을 수행하는 데 중요한 역할을 할 수 있음을 시사한다. 따라서 우리는 phylogenomics 도구를 사용하여 transcriptome 데이터를 분석하고 개별 유전자의 환경 반응 특성에 대한 정보를 얻기 위해 본 연구를 수행하였다.

[재료 및 방법]

식물 U-box(PUB) 그룹에 포함된 77개 유전자를 가지고 계통 발생 분석을 수행했다. Affymetric- 및 agilent-microarray 데이터(GSE6901, GSE36040, GSE38023)와 RNA-seq 데이터(GSE92989)를 이용하여 히트맵(<http://www.tm4.org/mev.html>)을 통한 발현 데이터를 시각화했다. 가뭄, 염분, 저온 스트레스를 받은 식물체에서 RNA를 추출하고 cDNA 합성 후 qRT-PCR을 수행하였다.

[결과 및 고찰]

벼에서 77개의 U-box 단백질이 확인되었고 도메인 구성에 따라 8개의 클래스로 구분되었다. 각 클래스 별로 계통 분석을 진행하였고 환경 스트레스(가뭄, 염분, 저온) transcriptome 발현 데이터를 통합하였다. Real-time qRT-PCR 발현 분석을 통해 PUB 유전자 그룹 중 8개, 12개, 8개가 각각 가뭄, 염분 및 저온 스트레스에 반응하는 것으로 나타났다. 이 중 class II의 *OsPUB2*와 class III의 *OsPUB33*, *OsPUB39*, *OsPUB41*의 발현은 세 가지 환경 스트레스 모두에서 증가하였다. 또한, 메타-마이크로어레이 발현 데이터 분석을 통해 환경 스트레스에 반응하는 16개 유전자 중 3개가 24시간 주기로 발현이 변화하는 것을 확인하였다. 특히, *OsPUB4*는 *GIGANTEA(OsGI)* 매개로 한 리듬 조절 기전에 관여할 것으로 예상된다. 우리의 분석은 PUB 그룹에서 개별 유전자 기능을 연구하는데 중요한 기초 자료를 제공할 것이다.

[사사]

본 연구는 2021년도 농촌진흥청 국립식량과학원 전문연구원 과정 지원사업에 의해 이루어진 것임

*Corresponding author: E-mail, yohan04@korea.kr Tel. +82-31-695-0648