

## PB-27

## 벼에서 새로운 프로모터를 식별하는 방법 연구

유요한<sup>1\*</sup>, 이대우<sup>1</sup>, 정기홍<sup>2</sup><sup>1</sup>농촌진흥청 국립식량과학원 중부작물부 재배환경과<sup>2</sup>경희대학교 국제캠퍼스 생명공학원

## [서론]

프로모터는 전사의 시작에 관여하는 유전자의 상류 영역을 가리킨다. 프로모터 트랩 시스템은 프로모터가 없는 리포터 시스템을 보유한 형질전환 식물을 이용해 내인성 프로모터의 활성을 식별하는 방법을 말한다. 리포터 유전자는  $\beta$ -glucuronidase(GUS)가 주로 사용되며, 벼에는 T-DNA/Ds/Tos17 삽입 라인이 여기에 해당된다. 본 연구에서는 메타 발현 데이터와 글로벌 프로모터 트랩 라인을 이용하여 벼에서 흥미로운 프로모터를 식별하기 위한 방법을 소개한다.

## [재료 및 방법]

RGAP 웹 데이터베이스에서 주식 데이터를 다운로드하여 벼 염색체에 주석이 달린 55,801개의 유전자를 식별했다. Affymetrix 기관별 메타 표현 데이터로 정규화된 데이터를 다중 실험 뷰어(MeV) 소프트웨어(버전 4.9.0)에 내장된 유클리드 거리 측정법을 사용하여 5가지 기관에서 각각 100개의 유전자를 선별했다(잎, 뿌리, 종자, 꽃밥/꽃가루, 유비쿼터스). 각 조직별로 GUS 분석을 실시하여 발현 패턴을 관찰하였고, funRiceGenes 데이터베이스를 이용하여 프로모터 트랩 라인(<https://funricegenes.github.io/>)을 통한 유전자 발현 연구를 탐색하였다.

## [결과 및 고찰]

55,801개의 벼 유전자 중에서 기관 선호 유전자를 찾기 위해 983개의 벼 Affymetrix 어레이 해부학적 샘플 데이터로 구성된 메타 해부학적 발현 프로파일을 사용했다. 유클리드 거리 알고리즘을 이용하여 클러스터링 분석을 수행하였고, 기관 선호 발현 패턴을 가진 5개의 클러스터를 발견했다(잎, 뿌리, 종자, 꽃밥/꽃가루, 유비쿼터스). 5개 클러스터에서 100개의 유전자를 선별하고 T-DNA 삽입 라인을 탐색하였다. GUS 염색을 통해 각 기관별로 특이적으로 발현되는 패턴을 관찰하였다. 유전자형 분석은 염색된 식물이 이형접합체이고 염색되지 않은 식물은 야생형인 것을 검증하였다. 문헌 검색을 통해 15개의 유전자가 기관 특이적 또는 환경 스트레스 특이적 발현 패턴을 보여주었다는 사실을 발견했다. 이 중 11개의 유전자가 다양한 기관에서 GUS 염색을 나타냈다. 이러한 연구 결과는 프로모터 트랩 시스템이 프로모터의 활성을 식별하는 데 매우 효과적인 방법임을 보여준다.

## [사사]

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

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