

PB-9

감초 유전체의 CpG island 분석

성혜주¹, 신소희¹, 정우석^{1*}
 Hyeju Seong¹, Sohee Shin¹, Woosuk Jung^{1*}

¹건국대학교 식량자원과학과

¹Department of Crop Science, Konkuk University, Seoul 05029, Korea

[서론]

기후 민감 약용작물로 분류되는 감초(*Glycyrrhiza uralensis*)의 유전체 정보로부터 CpG island 를 분석하여 methylation 기반 후성유전체 수준에서 온도조건에 따른 유전자발현 양상의 변화 기작을 구명하기 위하여 수행되었다.

[재료 및 방법]

본 연구의 재료는 충청북도 음성 국립원예특작과학원 인삼특작부 포장의 온도구배 하우스에서 3년 생육한 만주 감초의 상위엽에서 genomic DNA와 total RNA를 추출하여 사용하였다. 온도구배 하우스 내의 생육조건은 외기온도 수준인 입구 쪽과 하우스의 가장 안쪽의 고온조건은 생육기간 중 외기 대비하여 일평균기온으로 약 +4~5°C의 구배를 보였다. 온도구배 하우스 내에서 다른 온도 조건에서 생육하고 있는 감초 엽시료 채취는 2021년 6월 10일부터 8월 17일까지 3회 실시하였으며, 엽시료는 채취 후 즉시 액체질소에 담아 보관하였다. 부분적으로 assembly 된 만주 감초의 genomic DNA sequence는 RIKEN (Japan)에서 다운받아 사용하였다.

[결과 및 고찰]

온도구배 하우스 내 만주 감초의 지상부 생육상은 출엽 단계부터 개화기까지 외기대비 +4~5°C 고온인 조건에서 대략 10~15일 정도 빠른 생물계절을 선행하는 것으로 관찰되었다. 감초 genomic sequence 에서 CG rich region 은 DBSCAN clustering algorithm을 이용하였고, C+G cluster를 계산하였다. 감초의 Pacbio sequence의 크기는 6.7x10⁹bp 였고 CpG cluster region의 염기수는 4.4x10⁸bp 였다. 전체 CpG cluster의 수는 2.2 백만 개 정도였으며, 이중 CpG score 값이 100이상되는 약 10,000개의 CpG cluster를 대상으로 MSR(methylation sensitive restriction enzyme) site를 검색하였다. 현재, 임의의 MSR (예: *NotI*) 을 정하고, PCR primer design program 을 이용하여 해당 MSR site의 좌우 1.5Kb 거리의 primer를 제작하여 PCR 증폭여부에 따라 methylation 여부를 검색하는 실험을 수행하고 있으며, 이 결과에 따라 하위 ORF를 검색하는 분석을 수행하고 있다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(세부과제번호: PJ014833032021)의 지원에 의해 이루어진 결과입니다.

*Corresponding author: E-mail, jungw@konkuk.ac.kr Tel. +82-2-450-3729