

Proteomic Changes in Odae Polished White Rice Grown at Different Cultivation Conditions

Ju-Young Lee · Jin-Woo Lee · Young-Ran Kim · Yu-Jin Yeom · Jinkyu Lim

재배 환경에 따라 변화하는 오대벼 백미의 단백질체 분석

이주영 · 이진우 · 김영란 · 염유진 · 임진규

Received: 22 February 2012 / Accepted: 12 April 2012 / Published Online: 30 June 2012
© The Korean Society for Applied Biological Chemistry 2012

Abstract It has been known that the proteome profiles in the period of growth and development of rice are changed by the growth conditions including temperature, soil, and fertilization. In this study, the proteome profiles of Odae polished white rice grown in Chulwon and Chilgog were compared on 2-dimensional(D) gels. The differentially expressed proteins were selected from the 112 identified total proteins and classified into functional groups. The most significantly differentially expressed proteins were stress responsive proteins; Ent-kaur-16-ene synthase, which is responsible for synthesizing a plant hormone gibberellin, was expressed in Chulwon rice and heat shock proteins were in Chilgog rice, respectively. Xylanase inhibitor protein, which inhibits the enzyme xylanase produced by pathogenic fungi and Bacilli, was expressed significantly high in Chilgog rice grown at high temperature. Differential expressions of transporter proteins were observed both in Chulwon and Chilgog rice. Regarding the facts that Chilgog rice contained relatively higher amount of proteins than Chulwon rice and Chulwon rice showed large number of proteins were differentially expressed, it can be concluded that different cultivation conditions could change the protein expression profiles in rice in various ways, including elevation of protein amount or differential expressions of specific proteins, etc. The results suggest that the characteristics of the profiles of the proteome in the polished white rice are definitely changed by the environmental factors including high temperature. The results can be utilized for the development of the proper cultivation conditions for the production of high quality rice with good palatability.

Keywords cultivation conditions · polished white rice · protein content · proteome

서 론

벼의 생장에 영향을 미치는 환경적인 요인들, 즉, 인(Kim 등, 2011b), 중금속(Kim과 Lee, 2009), 물(Mirzaei 등, 2012), 저온 및 고온(Han 등, 2009; Neilson 등, 2011) 등에 노출된 벼는 그 스트레스로 인해 유전자 발현이 변화하여 벼의 각 조직 내의 단백질체의 변화를 가져오게 되는데, 지난 15 년간 이에 대한 분석들이 체계적으로 진행되면서 벼의 발생과 생육 및 결실에 대한 분자수준의 이해를 가능케 하며 품종개발에도 귀중한 자료를 제공하게 되었다(Agrawal 등, 2009). 벼에 대한 단백질체 연구의 발전은 벼의 genome 염기서열 분석이 완성됨에 따라 활발하게 이루어지게 되었으며, 벼를 모델식물로 이용하여 발아, 개화, 종자형성 등에서 변화하는 단백질체 분석을 통해 단자엽식물의 분자생물학적 연구가 진행되고 있다(Yang 등, 2007; Agrawal 등, 2009). 예를 들면, Xu 등은 개화 후 6일부터 20일까지의 쌀 낱알에 발현되는 단백질체의 변화를 분석하였고(Xu 등, 2008), Lee와 Koh(2011)는 개화 10일 후부터 낱알이 성숙될 때까지의 단백질체 변화를 정량적으로 분석하였다.

지구 상의 30억 이상의 인구가 주식으로 먹는 쌀은 지구온난화와 같은 기후 변화로 벼의 재배 조건이 변화하게 되고 적정 수준의 쌀 생산이 위협을 받을 수도 있다. 실제로 우리나라도 예외는 아니어서 연평균 기온이 지속적으로 상승하고 있으며 지역에 따라서는 50년 전에 비해 1.2도 이상 상승한 곳도 있다(Kim 등, 2011a). 또한 우리나라에서는 고품질 쌀을 선호하는 경향이 있는데 우리가 선호하는 쌀의 품질은 주로 품종에 의해 결정되지만 같은 품종이라도 기후변화나 경작방법 등에 의해 영향을 받는다고 알려져 있다. 예를 들면 과량의 질소비료

J.-Y. Lee · J.-W. Lee · Y.-R. Kim · Y.-J. Yeom · J. Lim (✉)
Major in Food Biomaterials, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Republic of Korea
E-mail: jkylim@knu.ac.kr

사용은 쌀에 질소성분의 축적을 초래하여 식미가 감소하는 것이다(Martin과 Fitzgerald, 2002; Lee 등, 2003; Kim 등, 2007). 이와 같이 기후의 변화가 토양이나 재배방법의 변화를 일으켜 쌀의 식미를 변화시킬 수 있기 때문에 식미와 연관관계가 높은 단백질의 변화를 체계적으로 연구하여 환경변화에 따른 적절한 재배방법을 확립하는 것이 필요하다.

단백질의 변화를 연구하기 위해 정량적인 단백질체 비교분석을 하게 되는데 벼의 경우 쌀알의 성장과정에서 얻어진 단백질들을 Multi-dimensional protein identification technique (MudPIT)을 이용하여 mass spectrometry 분석에서 얻어진 peptide 들의 빈도수를 비교한 단백질의 정량적 분석 연구와(Lee와 Koh, 2011), 2-dimensional (D) gel 상에 나타난 단백질들을 디지털화하여 발현된 단백질을 정량적으로 비교하는 방법으로 특이적으로 발현 변화를 보이는 단백질들을 동정한 연구가 보고되었다(Xu 등, 2008). 이 두 가지 방법들은 서로 보완적인 결과를 보였으며 백미 단백질 변화를 연구하는데 풍부한 자료를 제공하고 있다. 본 연구에서는 환경이 다른 두 지역에서 재배된 동일 품종의 백미에서 단백질을 추출하여 단백질체 변화를 2-D gel 상에서 정량적으로 비교함으로써 재배환경에 의존적으로 변화하는 단백질들을 분석하였다.

재료 및 방법

시료. 실험에 사용한 오대벼는 경북 칠곡농업기술센터와 강원도 철원농업기술센터에서 각각 제공 받았으며 시험용 도정기(Yamamoto Ricepal32, Japan)를 이용하여 정백을 90%로 도정하였다. 도정한 백미는 실험 전까지 4°C에 보관하며 사용하였다.

식미치 측정. 식미치(palatability)는 식미계(TOYO, M90, Japan)를 이용하여 측정하였으며, 쌀알의 조직감은 Texture Analyser (Stable MicroSystem, UK)를 이용하여 경도(hardness)를 측정하였다.

쌀 단백질의 추출 및 단백질 함량 측정. 백미를 분쇄기로 갈아주고 200 g을 칭량하여 70°C에서 2일간 건조하여 수분함량을 측정하고 건량으로 1 g의 단백질을 달아서 Kjeldahl 방법으로 조단백질량을 측정하였다. 수용성 단백질 함량은 건조된 백미가루 10 g을 칭량하여 생리식염수 100 mL에서 2시간 이상 교반한 뒤 원심분리하여 상층액을 얻고, 상층액에 들어있는 단백질을 Bradford 방법으로 측정하였다. 백미의 조단백질 함량과 수용성단백질 함량은 수분 12%를 보정하여 계산하였다.

단백질체 분석. Kim 등(2011b)의 방법을 변형하여 실험을 진행하였다. 백미에서 추출한 수용성 단백질들을 2-D gel 상에 분리하기 위해 단백질 수용액을 10% trichloroacetic acid로 침전시키고 100% ethanol로 3번, 70% ethanol로 1번 침전물을 닦아준 후에 동결건조기에서 건조시켰다. 건조된 단백질 침전물을 7 M urea, 2 M thiourea, 4% 3-[(3-cholamidopropyl)dimethylammonio]-1-propanesulfonate (CHAPS), 1 M dithiothreitol (DTT)와 protease inhibitor cocktail (Complete-Mini EDTA free, Roche, USA)가 들어있는 rehydration 용액에 녹였다. 완전히 녹은 단백질 450 mg을 17 cm-Immobilized pH Gradient (IPG) strip (pH 4-7, BioRad, USA)에 넣고 40000 Vh 동안 일차원 isoelectric focusing을 하였다. 일차원 전기영동이 끝나면 strip을 100 mM DTT로 환원하고 100 mM iodoacetamide로 alkylation한 후 sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide 전기영동을 하여 이차원

으로 단백질을 분리한다. 분리된 단백질을 염색하기 위해 Coomassie Brilliant Blue R-250 염색법으로 염색하고 염색된 gel로부터 Epson Perfection V-700 scanner (Japan)로 디지털화된 이미지를 얻었다. 2회 이상 반복된 실험으로부터 얻은 이미지를 이용하여 PDQuest (BioRad) 이미지 분석 프로그램으로 단백질 발현양의 차이를 상호 비교하였다.

단백질 동정을 위한 질량분석과 peptide mass fingerprinting (PMF). 2-D gel 상의 염색된 단백질 spot을 잘라내어 Kim 등(2011b)의 방법을 변형하여 trypsin으로 분해된 peptide를 얻었다. 건조된 peptide를 물 : acetonitrile:trifluoroacetic acid (TFA) = 93 : 5 : 2로 들어있는 용액에 녹이고 이 peptide 용액 1 µL와 1 µL의 matrix 용액[10% α-Cyano-4-hydroxycinnamic acid (CHCA), 50% methanol, 0.1% TFA]을 MALDI plate 상에 섞어주어 결정화 시켰다. 이때 matrix 용액에는 내부 표준물질로 bradykinin (m/z, 904.4681)과 angiotensin 1 (m/z, 1296.6853)을 넣어 질량값을 보정할 수 있도록 하였다. 각 spot 에서 얻은 peptide들의 질량값을 얻기 위해 MALDI-TOF 질량분석기 (Voyager-DE STR, PerSeptive Biosystems, USA)로 분자량 850-3000 Da 사이의 peptide들의 질량 값을 얻었다. 얻어진 질량값들을 이용하여 MS-Fit (<http://prospector.ucsf.edu/prospector/mshome.htm>)으로 database를 검색함으로써 단백질들을 동정하였다. 동정된 단백질들의 기능별 분석은 UniProt (<http://www.uniprot.org/uniprot/>)에서 accession 번호를 입력하여 수동으로 진행하였다.

결과 및 고찰

재배환경에 따른 오대쌀 백미의 단백질 함량 변화와 식미값 비교. 오대벼를 수집한 경상북도 칠곡과 강원도 철원의 연평균 기온은 보충자료 1에서 보는 것처럼 칠곡이 철원에 비해 연중 높은 온도를 유지함을 알 수 있다. 출수 후 50일 간의 등숙 적산 온도는 철원이 1118°C 칠곡이 1215°C로 100°C 정도 높았다. 온도 외에도 여러 가지 다른 환경에서 재배된 동일품종인 오대 백미의 식미관련 기계적 측정치들과 단백질 함량을 비교한 결과(Table 1) 칠곡 오대 백미를 Kjeldahl 분석법으로 측정된 조단백질 함량이 7.5%로 철원 오대 백미의 6.4%에 비해 통계적으로 더 높은 단백질 함량을 나타냈으며 Bradford 방법으로 측정된 수용성 단백질의 함량은 칠곡 오대 백미 4%, 철원 오대 백미 3%로 역시 차이가 있게 나타났고 수용성 단백질은 조단백질의 40-50% 정도임을 알게 되었다. TOYO 식미기를 이용한 식미치는 칠곡과 철원 오대 백미에서 각각 69.6과 70.5로 유의적인 차이를 보이지 않았으나 경도는 2.200과 1.775로 유의적인 차이를 보였다. 칠곡오대 백미에 단백질 함량이 더 높다는 것은 질소 시비량이 더 많았을 가능성이 있음 의미한다(Kim 등, 2007). 일반적으로 TOYO 식미치와 단백질 함량은 음의 상관관계를 갖는데 본 연구에서는 단백질 함량이 유의적으로 높은 칠곡 오대 백미의 식미치가 철원 오대백미의 식미치와 차이를 보이지 않았다. 그러나 단백질 함량이 높을수록 경도가 높아지며 이것은 기존의 연구결과와 일치하는 것으로 보아(Martin과 Fitzgerald, 2002) 기계적으로 측정된 미질은 직접 밥을 섭취할 때 느끼는 미질과 다소 다를 수 있을 것으로 사료된다. 결론적으로 칠곡오대 백미와 철원오대 백미는 물리화학적 특성이 유의적으로 다르며 이 차이를 나타내는데 중요한 기여를 하는

Table 1 Palatability indexes and protein contents in the polished white Odae rice

Rice grown	Palatability	Hardness (kg)	Total Protein (%)	Soluble protein (%)
Chulwon	70.5±0.15 ^a	1.775±0.113 ^d	6.61±0.26 ^h	2.01±0.06 ^l
Chilgog	69.6±0.13 ^a	2.200±0.117 ^c	7.54±0.17 ^e	3.27±0.04 ^k

a to k, same letter designation for no significant differences between the values in each column, and different letters for significant differences ($p < 0.05$).

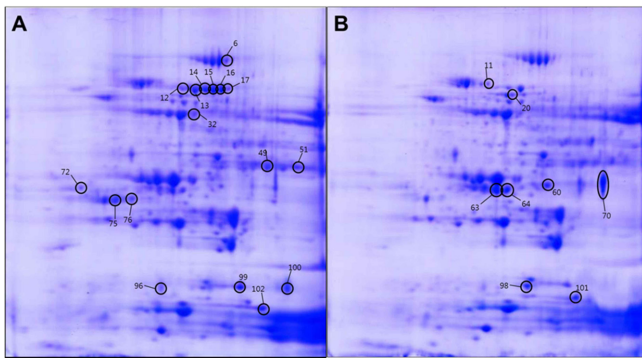


Fig. 1 Differentially expressed proteins from the polished white Odae rice cultivated in Chulwon (A) and Chilgog (B). The proteins separated on 2-D gels were stained with Coomassie Brilliant R-250. The gel images were digitized by a scanner and the spot intensities were normalized and compared using an image analysis program, PDQuest. The differentially expressed rice proteins were selected and marked in circles on the gel images. The functions and the differential expressions of the selected proteins are summarized in Table 2.

알 수 있다(Fig. 1). 분리된 각 단백질들을 PMF 방법으로 동정하여 pI 4-7 사이에 존재하는 112개, 69종류의 단백질을 동정하였다(보충자료 2와 Table 1). 전체 단백질들을 기능 별로 나누어 보면 대사에 관여하는 효소단백질들이 동정된 전체 단백질 수의 23%를 차지했고, 전사(12%), 가수분해효소(10%), 분해효소(7%), 세포주기 및 저장(각 6%), 단백질 합성, 알레르겐과 운송(각 5%), 세포벽합성 효소(3%), 스트레스 대응(4%), 미지정(10%) 등이었다(Fig 2). 단백질 시료로부터 얻은 두 gel images를 이미지 분석 프로그램(PDQuest, ver 7.3, USA)을 이용하여 각 단백질 spot들의 농도를 비교한 결과 현저한 차이를 보이는 24 개의 단백질들을 선발하였다(Table 2). 발현양의 차이를 보이는 24개의 단백질들 중에는 철원오대 백미에는 발현되지만 칠곡오대 백미에는 발현이 감지되지 않은 13개의 단백질과 칠곡오대 백미에 발현이 선별적으로 일어나는 2개의 단백질 및 비교적 단백질 발현의 차이를 보이는 9개의 단백질을 선발하였다. 이들 단백질을 기능별로 구분하여 구성비율을 정리하면, 대사(17%), 스트레스 대응(17%), 세포주기 및 수송(13%), 저장, 세포벽 합성, 전사(각 9%), 가수분해효소, 산화환원 조절 및 알레르겐(각 4%) 등이다(Fig. 2). 그러나 대사관련 단백질은 전체단백질 중 가장 많은 수를 차지하는 단백질임을 고려할 때 대사관련 단백질들의 변화는 상대적으로 적은 편이며 스트레스 대응 단백질은 칠곡오대 백미와 철원오대 백미에서 100%의 변화를 보였고, 철원오대 백미에서만 세포벽 합성관련 효소가 67%, 세포주기 관련 단백질이 43%의 변화를 보였으며, 철원오대 백미와 칠곡오대 백미에서 수송에 관여하는 단백질이 60%의 변화를 보였다.

요소 중 하나가 단백질임을 알 수 있다.

재배환경에 따른 오대 백미의 단백질체 비교. 칠곡 오대 백미와 철원 오대 백미의 단백질 조성을 비교하기 위해 단백질체 연구방법으로 2-D gel 상에서 정량분석을 하여 발현의 차이를 보이는 단백질들을 질량분석과 database 검색을 통해 동정하였다. 동일양의 단백질을 이용하여 얻은 pI 4-7, 2-D gel에서 두 시료는 전체적으로 매우 유사한 2-D gel profile을 보임을

동일양의 단백질을 가지고 분석한 2-D gel 상에서 철원오대

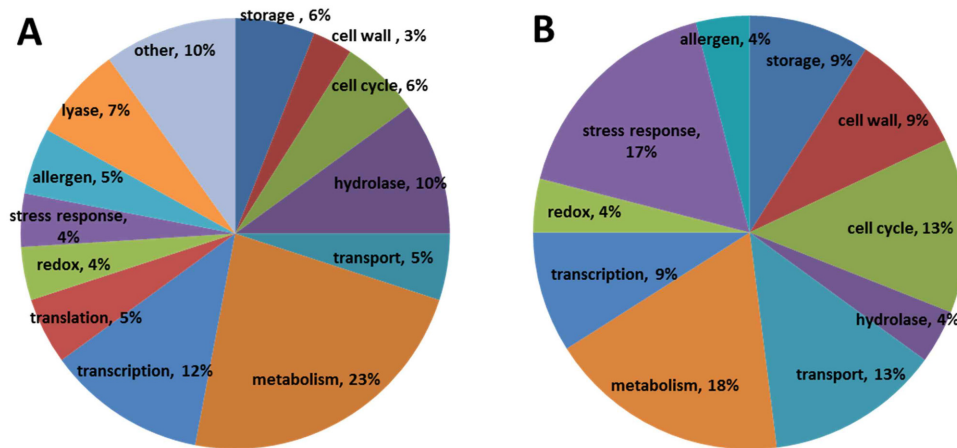


Fig. 2 Functional classification of the polished white Odae rice proteins separated on 2-D gels. The Odae rice proteins prepared according to the experimental procedure were separated on 2-D gels, and identified by mass spectrometry and PMF. The identified 112 proteins in Chulwon- and Chilgog-Odae polished rice were classified by their functions according to the information from UnitProt Knowledge database. The identified proteins from Chulwon- and Chilgog-Odae rice samples were combined for the calculation of the percentages in the total proteins (A) and in the differentially expressed proteins (B).

Table 2 Relative expression of the differentially expressed proteins in the polished white Odae rice

Spot #	Relative expression		Ratio	Function
	CW	CG		
12	0.72	0.32	2.25	lipid metabolism
13	0.51	0.18	2.86	cell wall biosynthesis
60	0.21	0.69	3.30	cell cycle
63	0.64	1.42	2.22	ion transport
64	0.5	0.92	1.85	hydrolase
70	0.63	2.94	4.66	carbohydrate metabolism
98	0.33	0.86	2.61	stress response
99	1.59	0.82	1.95	not known
101	0.52	0.74	1.43	stress response
6	0.41	0		cell wall biosynthesis
14	0.85	0		DNA binding
15	3.08	0		metabolism
16	0.95	0		metabolism
17	0.33	0		transport
32	0.48	0		glycolysis
49	0.88	0		cell cycle
72	0.3	0		not known
75	1.3	0		cell cycle
76	0.58	0		transcription
96	0.24	0		storage
100	1.54	0		storage
102	1.65	0		allergen
11	0	0.16		transport
20	0	0.38		metabolism

1, CW: Chulwon

2, CG: Chilgog

3, the spot intensities were normalized by the intensity of spot 46

*, the differentially expressed proteins in Chilgog rice are designated in italicized and bold letters

백미에서 추출한 단백질에는 현저하게 발현량의 차이를 보이는 주종 단백질들이 다수 존재하였고 칠곡오대 백미에서는 spot 70 단백질인 Xylanase inhibitor protein 2만이 주종 단백질로써 발현량의 현저한 차이를 보였다. Table 1에서 칠곡오대 백미에 단백질이 함량이 더 많다는 점을 고려할 때 칠곡오대 백미에서는 전체적으로 단백질 발현이 증가했음을 알 수 있다. 즉, 이 결과는 칠곡 벼에서는 house-keeping 기능들이 더 활성화 되었을 것이라고 추론한다.

그동안 벼의 생장, 분화, 스트레스 내성 등에 관련되어 뿌리, 잎, 발아하는 종자 등에서 발현되는 단백질체를 분석한 보고들이 있어왔고, Xu 등(2008)이 벼 쌀알 전체에서 성숙과정에서 변화하는 1000여 개의 단백질을 2-D gel 상에서 분리하고 345 개의 단백질을 동정하였으며, Lee와 Koh(2011)가 벼 쌀알 숙성과정 중에 발현량의 변화를 보이는 484종의 단백질을 MudPIT 방법으로 분석하여 보고한 연구가 유일하다. 그러나 이들의 연구는 동일 재배 조건에서 벼 쌀알의 숙성과정 중에 발현되는 단백질을 분석한 것이며, 우리가 주식으로 먹고 있는 백미 자체의 단백질체를 분석하여 재배 조건에 따라 변화하는 단백질을 보고한 것은 본 연구가 처음이다.

재배환경에 의해 변화를 나타내는 단백질들의 기능. 이미지 분석을 통해 발현양 순으로 상위 25 개의 단백질들을 분석한 결

과(보충자료 Table 1, 노랑색으로 분류) 대부분 house-keeping 단백질이었으며 발현양이 가장 많은 33 kDa 크기의 lactoylglutathionelyase (spot 53-57)는 methylglyoxal과 glutathione으로부터 S-lactoylglutathione을 합성하는 효소로써 백미의 주요 알레르겐이기도 하다. 이들 단백질은 재배조건의 변화에 영향을 받지 않고 발현되고 있으나, 알레르겐 단백질로써 재배조건에 의해 발현량의 변화를 보이는 spot 102은 분자량 15 kDa 이하의 소형 단백질이며 철원오대 백미에서 현저한발현의 변화를 보이는 주종 단백질이다.

스트레스 대응 단백질들은 철원 및 칠곡오대 백미에서 모두 발현의 변화를 현저하게 보였는데(Table 2), 철원오대 백미에서 나타나는 스트레스 대응 단백질은 (spot 15, 16) ent-kaur-16-ene synthase로써 지베렐린의 전구체인 ent-kaur-16-ene을 합성한다. 저온에 노출된 식물에서는 지베렐린의 축적이 일어나고 지베렐린은 α -아밀라제의 발현을 유도하는 등의 다양한 기작을 나타낸다(Yamauchi 등, 2004). 그러나, 칠곡오대 백미에서 변화를 보인 스트레스 대응 단백질들(spot 98, 101)은 각각 17.9과 16.9 kDa heat shock 단백질들로서 등숙온도가 높은 칠곡에서 재배된 벼에서 고온에 대응하기 위해 철원오대 백미에 비해 선별적으로 발현된 것으로 추론한다.

칠곡오대 백미에서는 단백질 함량이 철원오대 백미보다 높음에도 불구하고 주종(major) 단백질 중에는 현저하게 발현량의 증가를 보이는 단백질이 spot 70이 유일하게 2-D gel 상에 나타났는데 이 단백질은 xylanase inhibitor protein으로써 식물이 자기방어 수단으로 병원균인 곰팡이나 Bacillus가 만드는 xylanase를 저해하여 자신을 보호하는 기능을 갖고 있다(Tokunaga와 Esaka, 2007). 칠곡의 고온환경에서 Bacillus 등의 병원균으로부터 자신을 보호하기 위해 이 단백질의 발현이 증가되었을 가능성이 높다.

다른 재배환경에서 배양된 동일 품종 벼의 낱알에 축적되는 단백질들은 시비 조건 보다는 특히 온도에 의해 가장 현저하게 단백질의 발현양상이 바뀌는 것이 본 연구진에 의해 유기농법으로 재배된 벼에서 분석되었다(논문 준비 중). 철원오대 백미와 칠곡오대 백미도 등숙온도를 포함하여 시비조건, 토양조건 등 배양환경이 달랐는데 이에 따라 발현 양상이 현저하게 다르게 나타나는 여러 단백질들을 2-D gel 상에서 분리하고 동정할 수 있었다. 그러나 같은 품종의 벼를 다른 배양 조건에서 생산할 때 단백질 변화에 영향을 주는 변수를 줄이기 위해 시험구에서 조절이 가능한 시비량을 일정하게 조절하며 단백질의 변화를 분석할 필요가 있으며, 본 연구에서 선발된 단백질들이 재배조건에 따라 어떻게 변화하는지를 추적하여 식미치가 높은 고급미 생산을 위해 적절한 단백질 함량 및 단백질 profile을 갖는 벼 재배 조건을 확립하는 연구를 진행할 필요가 있다.

초 록

벼의 발아에서부터 생장 결실기까지 토양, 온도, 시비조건 등의 재배환경은 벼에 발현되는 단백질체의 profile을 변화시키는 것이 잘 알려져 있다. 온도를 포함한 재배환경이 다른 경상북도 칠곡과 강원도 철원에서 재배된 오대 백미의 단백질체 profile을 2-dimensional (D) gel 상에서 분리하여 비교함으로써 재배환경에 의해 현저하게 발현량의 차이를 보이는 단백질들의 기능을 분석하였다. 오대 백미에 발현되는 112개의 단백질들의

기능을 고려할 때 재배환경에 의해 가장 유의적인 차이를 보이는 단백질 군들은 철원 오대백미의 스트레스 대응 단백질로 지베렐린 합성에 관여하는 *ent-kaur-16-ene synthase*이며 칠곡 오대백미의 스트레스 대응 단백질은 *heat shock protein*으로 재배 환경에 따라 발현되는 스트레스 대응 단백질의 종류도 다르게 나타났다. 등숙온도가 높은 칠곡에서 재배된 오대 백미에는 곰팡이나 *Bacillus* 병원균에 대응하는 *xylanase inhibitor protein*이 유의적으로 발현되었으며, 철원 백미에서는 세포벽 합성관련 효소, 세포주기 관련 단백질 등이 선별적으로 발현의 증가를 보였고 수송관련 단백질들은 철원 및 칠곡 백미에서 모두 변화를 보였다. 단백질 함량과 단백질 profile을 종합적으로 분석할 때 철원 백미에는 칠곡 백미에 비해 새로운 주종 단백질들의 발현이 많았으며 칠곡 백미는 전체적인 단백질의 발현이 높게 나타났음을 보여, 재배환경에 따라 단백질 profile이 변화되는 특성이 다름을 보였는데, 이 결과는 지구온난화와 같은 기후 변화에 따른 작물의 단백질체 변화와 고급미 생산을 위해 적절한 단백질체 profile을 갖게 하는 재배조건 확립 등의 연구에 활용될 수 있다.

Keywords 단백질체 profile · 단백질 함량 · 백미 · 재배조건

감사의 글 본 연구는 한국과학재단 일반연구지원사업의 지원에 의하여 이루어졌습니다 (과제번호 201103110000).

참고문헌

- Agrawal GK, Jwa NS, and Rakwal R (2009) Rice proteomics: Ending phase I and the beginning of phase II. *Proteomics* **9**, 935–63.
- Han F, Chen H, Li XJ, Yang MF, Liu GS, and Shen SH (2009) A comparative proteomic analysis of rice seedlings under various high-temperature stresses. *Biochim Biophys Acta* **1794**, 1625–34.
- Kim HC, Choi SK, and Yun BR (2011a) A statistical analysis on temperature change and climate variability in Korea. *J Korean Statistical Soc* **18**, 1–12.
- Kim MH, Lee KJ, and Lee BW (2007) Response of grain protein content to nitrogen topdress rate at panicle initiation stage under different growth and plant nitrogen status of rice. *J Crop Sci* **52**, 104–11.
- Kim SG, Wang Y, Lee CH, Mun BG, Kim PJ, Lee SY et al. (2011b) A comparative proteomics survey of proteins responsive to phosphorus starvation in roots of hydroponically-grown rice seedlings. *J Korean Soc Appl Biol Chem* **54**, 667–77.
- Kim YK and Lee MY (2009) Proteomic analysis of differentially expressed proteins of rice in response to cadmium. *J Korean Soc Appl Biol Chem* **52**, 428–36.
- Lee J and Koh HJ (2011) A label-free quantitative shotgun proteomics analysis of rice grain development. *Proteome Sci* **9**, 61.
- Lee KB, Jun DK, and Chae JC (2003) Effect of nitrogen fertilization on quality characteristics of rice grain and aroma-active compounds of cooked rice. *Korean J Crop Sci* **48**, 527–33.
- Martin M and Fitzgerald MA (2002) Proteins in rice grains influence cooking properties. *J Cereal Sci* **36**, 285–94.
- Mirzaei M, Soltani N, Sarhadi E, Pascovici D, Keighley T, Salekdeh GH et al. (2012) Shotgun proteomic analysis of long-distance drought signaling in rice roots. *J Proteome Res* **11**, 348–58.
- Neilson KA, Mariani M, and Haynes PA (2011) Quantitative proteomic analysis of cold-responsive proteins in rice. *Proteomics* **11**, 1696–706.
- Tokunaga T and Esaka M (2007) Induction of a novel XIP-type xylanaseinhibitor by external ascorbic acid treatment and differential expression of XIP-family genes in rice. *Plant Cell Physiol* **48**, 700–14.
- Xu SB, Li T, Deng ZY, Chong K, Xue Y, and Wang T (2008) Dynamic proteomic analysis reveals a switch between central carbon metabolism and alcoholic fermentation in rice filling grains. *Plant Physiol* **148**, 908–25.
- Yamauchi Y, Ogawa M, Kuwahara A, Hanada A, Kamiya Y, and Yamaguchi S (2004) Activation of gibberellin biosynthesis and response pathways by low temperature during imbibition of *Arabidopsis thaliana*. *Seeds Plant Cell* **16**, 367–78.
- Yang P, Li X, Wang X, Chen H, Chen F, and Shen S (2007) Proteomic analysis of rice (*Oryza sativa*) seeds during germination. *Proteomics* **7**, 3358–68.