

KAERI/CM-1467/2011

감마선에 의한 애기장대 후성학적 유전자 발현조절 연구
Investigation of Epigenetic Gene Regulation in Arabidopsis
Modulated by Gamma Radiation

KAERI
충남대학교

한국원자력연구원

제 출 문

한국원자력연구원장 귀하

본 보고서를 2011년도 “감마선에 의한 애기장대 후성학적 유전자 발현조절 연구” 과제의 결과보고서로 제출합니다.

2011. 12. 23

과 제 명 : 감마선에 의한 애기장대 후성학적 유전자 발현조절 연구

과제책임자 : 우혜련

참 여 자 : 김재성
이명진
이동준
김용민
정준용
강수진
한완근

요 약 문

I. 제 목

감마선에 의한 애기장대 후성학적 유전자 발현조절 연구

II. 연구개발의 목표

- 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이의 특성 조사
- 감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향 조사

III. 연구개발의 내용 및 범위

- 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이의 특성 조사
 - 감마선 처리 후 애기장대 야생형에서 DNA 메틸화 변이의 특성 조사
 - 동일한 조건에서 히스톤 수식 변이의 특성 조사
 - 감마선에 의한 DNA 메틸화와 히스톤 수식의 상관관계 조사
- 감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향 조사
 - 유전자 발현에 대한 감마선의 영향 조사
 - 감마선에 의한 유전자 발현과 후성학적 정보의 관련성 조사

IV. 연구개발결과

- 감마선 처리 후 DNA 메틸화 변이(4종의 DNA 메틸화 증가 유전자와 10종의 DNA 메틸화 감소 유전자)가 나타난 애기장대 유전자 선별
- 감마선 처리 후 히스톤 변환 변이의 분석 (12종의 유전자)
- 감마선에 의한 DNA 메틸화와 히스톤 변환의 상관관계 조사
- 감마선 처리 후 유전자 발현 분석 (13종의 유전자)
- 유전자 발현과 후성적 정보에 대한 감마선 효과의 상관관계 조사

V. 연구개발결과의 활용계획 및 건의사항

- 애기장대 히스톤 변환과 유전자 발현에 대한 감마선의 효과 규명에 활용

- 향후 감마선 처리에 의한 후성적 정보 변환에 관여하는 작용 기전의 구명에 활용 가능



SUMMARY

I. Project Title: Investigation of epigenetic gene regulation in Arabidopsis modulated by gamma radiation

II. Objective and Importance of the Project

- o Examination of the changes in DNA methylation and histone modification in Arabidopsis by gamma radiation
- o Investigation of the effects of gamma radiation on epigenetic information and gene expression

III. Scope and Contents of Project

- o To examine the changes in DNA methylation and histone modification in Arabidopsis by gamma radiation
 - Select the genes with changes in DNA methylation by gamma radiation
 - Analyze the changes of histone modification in the selected genes
 - Examine the relationship between DNA methylation and histone modification by gamma radiation
- o To investigate the effects of gamma radiation on epigenetic information and gene expression
 - Analyze the effects of gamma radiation on gene expression
 - Examine the relationship between epigenetic information and gene expression by gamma radiation

IV. Result of Project

- o Selection of the genes with differential DNA methylation by gamma radiation
- o Analysis of the changes in histone modification by gamma radiation

- o Analysis of the effects of gamma radiation on gene expression and histone modification

V. Proposal for Applications

- o The results will be useful to reveal the effects of gamma radiation on histone modification and gene expression.
- o We anticipate that the information generated in this proposal will help to find out the mechanism underlying the changes in histone modification by gamma radiation.



CONTENTS

I. Introduction -----	8
1. Research objectives	
2. Significance of the proposed project	
II. Current status of related researches -----	10
1. Related researches in other countries	
2. Related researches in Korea	
3. Current status of the results in related research fields	
III. Contexts and results of the research -----	12
1. Examination of the changes in DNA methylation and histone modification in Arabidopsis by gamma radiation	
2. Investigation of the effects of gamma radiation on epigenetic information and gene expression	
IV. Levels of achievement and contribution -----	25
1. The level of achievement of objectives	
2. The level of contribution to the related researches	
V. Proposal for Applications -----	27
1. Additional research plans	
2. Application proposals	
VI. References -----	28

목 차

제 1 장 서론 -----	8
1절. 연구개발의 목적	
2절. 연구개발의 필요성	
제 2 장 국내외 기술개발 현황 -----	10
1절. 국외 연구개발 현황	
2절. 국내 연구개발 현황	
3절. 연구결과의 관련분야에서의 위치	
제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과 -----	12
1절. 감마선 처리에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이의 특성 조사	
2절. 감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향 조사	
제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외 기여도 -----	25
1절. 연구개발목표 달성도	
2절. 대외 기여도	
제 5 장 연구개발결과의 활용계획 -----	27
1절. 추가 연구의 필요성	
2절. 타 연구에의 응용	
제 6 장 참고문헌 -----	28

제 1 장 서론

1절. 연구개발의 목적

1. 본 연구과제에서는 식물의 성장 및 발달 조절에 있어 감마선의 영향을 후성학 측면에서 살펴보고자 한다. 궁극적으로 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화, 히스톤 수식 및 유전자 발현의 특성과 작용 기작을 규명하려고 한다.
2. 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이의 특성을 조사한다.
3. 감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향을 조사한다.

2절. 연구개발의 필요성

1. 과학기술적 측면: 후성학(epigenetics)은 DNA 염기서열의 변화를 동반하지 않고 유전자의 발현이 조절되는 기작을 연구하는 학문분야이다. 이러한 유전자의 발현의 변화는 체세포 분열 - 혹은 생식세포 분열 - 을 거처도 유전되는 특성을 가지고 있으며, 주로 DNA 메틸화와 히스톤 수식(histone modification)을 통해 유전자 발현을 변화시키는 방식으로 이루어진다.

후성학적 조절(epigenetic regulation)은 유전자와 환경간의 상호작용의 핵심적인 연결고리로서, 도입유전자 침묵현상(trangene silencing), 유전체 각인(genomic imprinting)뿐만 아니라 암, 노화, 면역 관련 질환들과 매우 밀접한 관련이 있는 유전자 발현의 조절 메커니즘이다. 또한 DNA 메틸화 및 히스톤 수식을 통한 유전자 발현 조절에 대한 연구는 식물의 발달 조절이나 스트레스 저항성 등과 같은 주요 생명현상의 원인 규명에 중추적 역할을 할 수 있다.

2. 사회경제적 측면: 방사선 처리에 의한 후성학적 정보(DNA 메틸화 및 히스톤 수식)와 유전자 발현에 대한 연구는 GM 작물 개발과 밀접한 연관성을 가진다. 특히 GM 작물 개발의 주요 단계인 형질전환체 확립 과정에서 발생하는 유전자 침묵 현상의 조절에 기여할 수 있다. 이는 국제 농산물시장 개방시대에 국내 농산물의 가격 경쟁력을 유지하기 위해서 우수한 형질의 작물을 낮은 개발 비용으로 생산하는 기술적 향상이 필수적이므로 본 연구는 높은 경제 산업적 가치창출의 의의를 지닌다.

또한 후성학 연구분야는 타생물학 분야에 비해 전세계적으로 연구의 초기 단계이기 때문에 국가적 지원이 있을 경우 충분히 국제 경쟁력을 갖출 수 있는 첨단 연구 분야이다.



제 2 장 국내외 기술개발 현황

1절. 국외 연구개발 현황

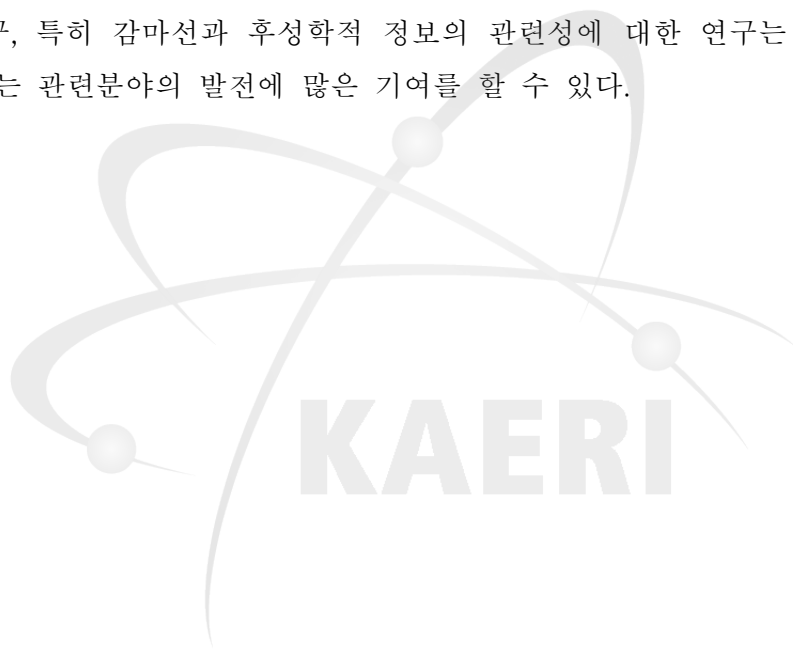
1. DNA 메틸화, 염색질 재형성(chromatin remodeling) 및 RNA 침묵(RNA silencing)의 기전에 대한 연구를 중심으로 후성학적 작용기전에 대한 연구뿐만 아니라 암을 비롯한 여러 질병에 관련된 연구가 국내외에서 활발히 진행되고 있다.
 - (가) 게놈 수준에서의 DNA 메틸화(1, 2) 및 히스톤 수식(3, 4)에 대한 연구
 - (나) 주요생명현상의 조절에 있어 DNA 메틸화 및 히스톤 변화를 포함하는 후성적 코드(epigenetic code)의 역할(5, 6)
 - (나) 후성적 조절에 관련된 효소나 단백질들의 분리 및 기능 연구(7)
2. 후성적 유전자 조절의 오류는 인간에서 암, 노화, 면역질환을 포함한 다양한 질병의 원인으로 작용한다는 사실이 알려져 있고 이에 대해 많은 연구가 진행되고 있다. 유용유전자를 과발현하는 형질전환체를 확립하는 과정에서 다양한 이유에 의해 발생하는 유전자 침묵현상의 기작에 대한 연구도 이루어지고 있다.

2절. 국내 연구개발 현황

1. 다양한 암과 관련된 후성학 및 에피지놈 연구(서울대학교, 국립암센터, 카톨릭의대, 계명대학교): 암과 관련된 DNA 메틸화의 프로파일 작성 및 DNA 메틸화에 의한 암진단 유전자의 변화 연구
2. 초기발생단계의 에피지놈 연구(생명공학연구원)
3. 줄기세포분화와 관련된 후성학 연구(서울대학교, 한양대학교): 줄기세포의 분화와 관련한 히스톤 변화나 DNA 메틸화에 대한 연구
4. 효모에서 유전자 침묵과 관련된 크로마틴 조절에 관한 연구(연세대학교)
5. 염색질 재형성에 대한 연구(카이스트)

3절. 연구결과의 관련분야에서의 위치

1. 후성학적 정보(DNA 메틸화 및 히스톤 수식)는 인간의 암 발생, 세포 노화, 장기의 성장 등에 중추적 역할을 할뿐만 아니라 식물의 발달 조절, 개화시기 조절, 스트레스 저항성에 중요한 영향을 미친다. 하지만 이러한 생물학적 중요성에도 불구하고 후성학적 과정에 대한 명확한 분자적 기작에 구멍은 아직 미흡하다. 특히, 방사선에 의한 후성학적 정보와 유전자 발현에 대한 연구 결과는 미미하다.
2. 현재까지의 많은 국내의 후성학 연구는 암과 관련된 질병연구에 초점이 맞추어져 있어 상대적으로 식물에서의 후성학적 유전자 발현의 조절 기전에 대한 연구, 특히 감마선과 후성학적 정보의 관련성에 대한 연구는 전무하여 본 연구결과는 관련분야의 발전에 많은 기여를 할 수 있다.



제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

1절. 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식의 변이의 특성 조사.

1. 감마선 처리 후 애기장대 야생형에서 DNA 메틸화 변이의 특성 조사.

- 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 변화한 유전자를 Chip-on-chip 방법으로 선별하였음. 감마선에 의해 DNA 메틸화가 증가한 유전자 4종(표 1)과 감소한 유전자 10종(표 2)을 선별함.
- *At4g02850*(PhezC/PhzF family protein)은 감마선 처리 후 약 10배정도의 DNA 메틸화의 증가를 보였음. *FU*(*At1g50240*), *ATK5*(*AT4g05190*)와 *At2g46680*의 경우도 감마선에 의해 DNA 메틸화가 증가함.
- 이와 달리 *GI*(*At1g22770*), *ANAC053*(*At3g10500*), *PAD3*(*At3g26830*)과 *SBT3.5*(*At1g32940*)는 감마선 처리 후 4배이상의 급격한 DNA 메틸화의 감소를 보여줌. *XTR12*(*At1g14720*), *FH4*(*At1g24150*), *WRR4*(*At1g56510*), *ANAC061*(*At3g44350*), *At5g08830*, *ATCPI*(*At5g49480*)에서도 감마선에 의한 DNA 메틸화가 관찰됨.

표 1. 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 증가한 유전자.

유전자번호	유전자이름	감마선 처리 후 DNA 메틸화 수준 ^a
<i>AT1G50240</i>	FU (FUSED)	4.80
<i>AT2G46690</i>	Auxin-responsive family protein	3.99
<i>AT4G02850</i>	PhzC/PhzF family protein	10.70
<i>AT4G05190</i>	ATK5 (ARABIDOPSIS THALIANA KINESIN 5)	2.94

^a감마선을 처리한 시료의 DNA 메틸화 수준을 감마선을 처리하지 않은 시료에서의 DNA 메틸화 수준에 대한 상대값으로 표시함.



표 2. 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 감소한 유전자.

유전자번호	유전자이름	감마선 처리 후 DNA 메틸화 수준 ^a
<i>AT1G14720</i>	XTR2 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE RELATED 2)	0.30
<i>AT1G22770</i>	GI (GIGANTEA)	0.13
<i>AT1G24150</i>	FH4 (FORMIN HOMOLOGUE 4)	0.30
<i>AT1G32940</i>	SBT3.5 (serine-type endopeptidase)	0.16
<i>AT1G56510</i>	WRR4 (WHITE RUST RESISTANCE 4)	0.46
<i>AT3G10500</i>	ANAC053 (Arabidopsis NAC domain containing protein 53)	0.13
<i>AT3G26830</i>	PAD3 (PHYTOALEXIN DEFICIENT 3)	0.24
<i>AT3G44350</i>	ANAC061 (Arabidopsis NAC domain containing protein 61)	0.39
<i>AT5G08330</i>	TCP family transcription factor	0.37
<i>AT5G49480</i>	ATCP1 (Ca ²⁺ -binding protein 1)	0.40

^a감마선을 처리한 시료의 DNA 메틸화 수준을 감마선을 처리하지 않은 시료에서의 DNA 메틸화 수준에 대한 상대값으로 표시함.



KAERI

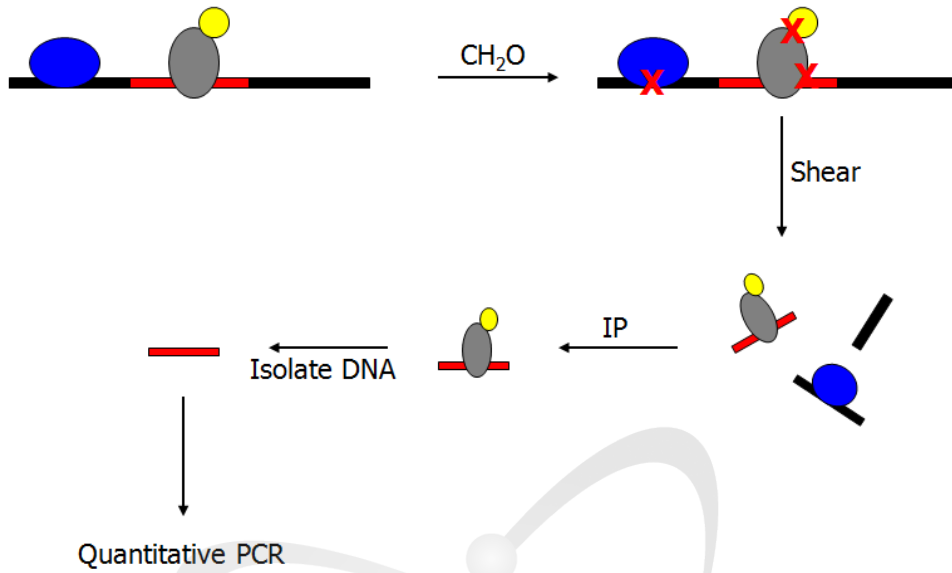
2. 감마선 처리에 의한 히스톤 수식 변이의 특성 조사.

- 배지(장일조건)에서 12일간 자란 야생형 애기장대 식물에 감마선(총선량 1 kGray) 조사 후 24시간에 시료를 채취.
- 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 변화한 14 유전자 중 12 유전자에 대해 감마선 처리에 의한 히스톤 변환을 조사함.
- 히스톤 변환을 조사하기 위해 chromatin immunoprecipitation(ChIP)을 수행함 (그림 1). ChIP 실험을 통해 in vivo에서 genomic DNA가 어떤 종류의 히스톤 단백질과 결합하는지를 조사할 수 있음. 본 연구에서는 DNA 메틸화가 변화한 유전자들에서 감마선 처리에 의한 히스톤 수식의 변화를 분석하는 데 이용함.
- 히스톤 변환 중 active chromatin의 표지로 H3K4me3(histone H3 trimethylated at lysine 4)과 H3K9K14ac(acetylated histone H3 at lysine 9 and 14)을 이용하였으며 inactive chromatin의 marker로 H4K9me2(histone H3 dimethylated at lysine 9)를 이용하였음.
- 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 증가한 유전자 중 *At2g46690*과 *At4g02850*에 대해 히스톤 수식의 변화를 H3K4me3, H3K9me2, H3K9K14ac 수준에서 조사하였음. *At2g46690*의 경우, 감마선 처리에 의해 inactive chromatin marker인 H3K9me2가 3.08배 증가함. 이러한 결과는 감마선 처리 후 DNA 메틸화의 증가와 inactive chromatin 성격의 강화라는 관련성을 보여줌. *At4g02850*은, 감마선 처리 후 H3K9me2의 변화는 관찰할 수 없었지만 active chromatin marker인 H3K4me3와 H3K9K14ac이 감소하였음. *At4g02850*의 결과 역시 감마선 처리에 의해 DNA 메틸화 증가와 함께 active chromatin의 성격이 감소하는 특징을 보여줌 (그림 2).
- 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 감소한 유전자(10종)에 대해 히스톤 수식의 변화를 H3K4me3, H3K9me2, H3K9K14ac 수준에서 조사하였음. *WRR4(At1g56510)*, *At5g08330*과 *At5g49480*에서는 감마선 처리에 의한 히스톤 수식의 뚜렷한 변화가 관찰되지 않았음(그림 3A). *GI(At1g22770)*, *FH4(At1g24150)*, *ANAC053(At3g10500)*, *PAD3(At3g26830)*, *ANAC061(At3g44350)*의 경우, active chromatin marker(H3K4me3과 H3K9K14ac) 중 적어도 하나가 감소하였음(그림 3B). *SBT3.5(At1g32940)*는 H3K9me2가

증가하였으며 *XTR12(At1g14720)*는 active chromatin은 감소하였고 반대로 inactive chromatin이 증가하였음.



(A)



(B)

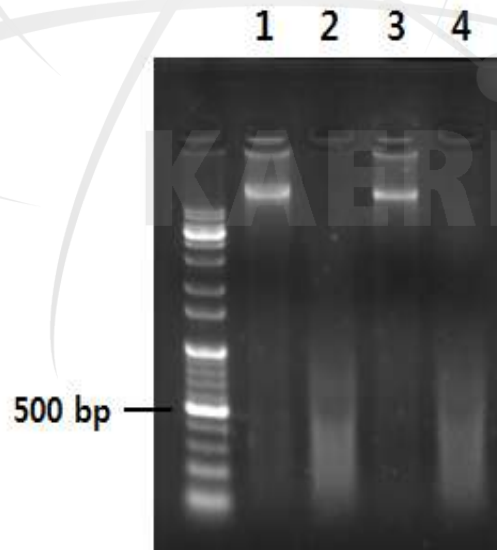


그림 1. ChIP 실험. (A) ChIP 실험의 기본 원리. (B) 감마선을 처리하지 않은 시료(1과 2)와 처리한 시료(3과 4)의 sonication 전(1과 3)과 후(2와 4)의 chromatin 상태. Sonication 후 ChIP 실험에 적당한 크기로 chromatin의 fragmentation이 이루어졌음이 확인됨.

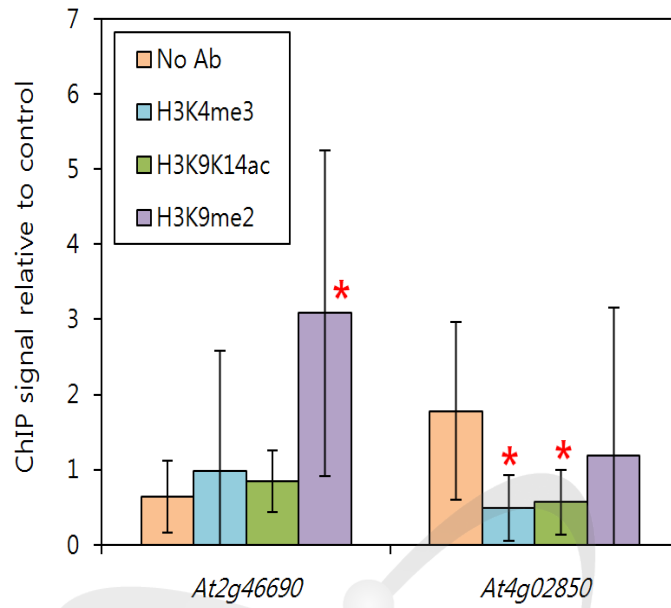


그림 2. 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 증가한 유전자의 히스톤 수식의 변화. 감마선을 처리한 시료의 ChIP 결과를 감마선을 처리하지 않은 시료(control)의 ChIP 결과에 대한 상대값으로 표시하였으며 붉은 별표는 대조군과 실험군에서 통계적으로 의미 있는 차이를 표시함 ($p < 0.05$).

KAERI

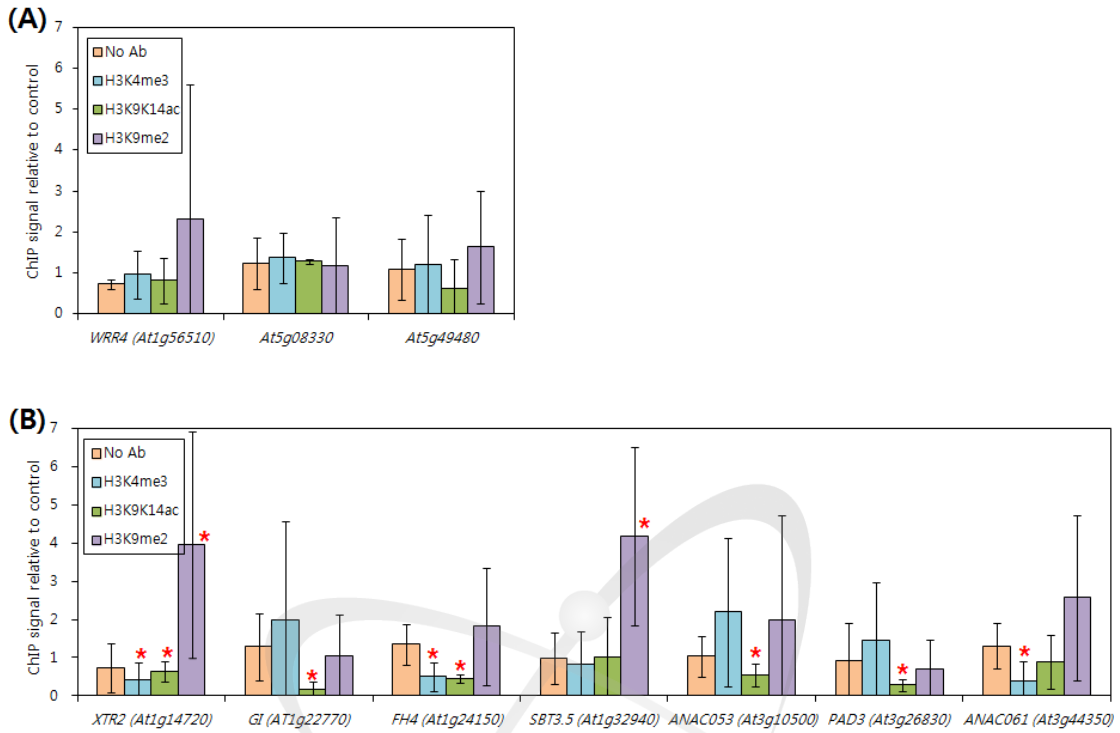


그림 3. 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 감소한 유전자의 히스톤 수식의 변화. 감마선을 처리한 시료의 ChIP 결과를 감마선을 처리하지 않은 시료(control)의 ChIP 결과에 대한 상대값으로 표시하였으며 붉은 별표는 대조군과 실험군에서 통계적으로 의미 있는 차이를 표시함 ($p < 0.05$).

2절. 감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향 조사.

1. 유전자 발현에 대한 감마선의 영향 조사

- 감마선 처리 후 DNA 메틸화가 변화와 14종의 유전자에 대해 감마선에 의한 유전자 발현을 조사함.
- 배지(장일조건)에서 12일간 자란 야생형 애기장대 식물에 감마선(총선량 1 kGray) 조사 후 24시간에 시료를 채취.
- 유전자 발현 정도를 조사하기 위해 reverse transcriptase polymerase chain reaction(RT-PCR)을 수행함.
- 감마선에 의해 DNA 메틸화가 증가한 4종의 유전자 중 3종은 발현의 차이를 관찰할 수 없었으나 *ATK5(At4g05190)* 유전자는 감마선 처리에 의해 발현이 감소하였음 (그림 4).
- 감마선 처리로 인해 DNA 메틸화가 감소한 9종의 유전자 중 4종(*GI(At1g22770)*, *WRR4(At1g56510)*, *ANAC053(At3g10500)*과 *ANAC061(At3g44350)*)의 유전자는 감마선 처리에 의해 발현이 증가하였으나(그림 5A) 나머지 5종의 유전자는 감마선에 의한 뚜렷한 발현의 차이를 보이지 않았음(그림 5B).

2. 감마선에 의한 유전자 발현과 후성학적 정보의 관련성 조사

- 감마선 처리에 의해 DNA 메틸화가 증가한 4종의 유전자 중 *ATK5(At4g05190)*은 감마선에 의해 발현이 감소하여 DNA 메틸화의 증가와 발현의 감소 사이의 positive correlation이 관찰됨 (그림 6). DNA 메틸화가 증가한 *At2g46690*과 *At4g4g02850*의 경우, inactive chromatin의 성격이 증가하여 감마선 처리에 의한 DNA 메틸화의 증가와 히스톤 변환 사이의 positive correlation이 관찰됨.
- 감마선에 의해 DNA 메틸화가 감소한 9종의 유전자 중 4 유전자(*GI(At1g22770)*, *WRR4(At1g56510)*, *ANAC053(At3g10500)*, *ANAC061(At3g44350)*)는 감마선 처리에 의해 발현이 증가하였으므로, 이들 유전자에 대해서는 감마선 처리에 의한 DNA 메틸화의 감소와 발현의 증가의 positive correlation을 볼 수 있음. *SBT3.5(At1g32940)*은 inactive chromatin의 성격이 증가하여 감마선 처리에 의한 DNA 메틸화의 증가와 히스톤 변환 사이의

positive correlation이 관찰됨.

- 하지만 DNA 메틸화가 감소한 유전자 중 7 유전자(*XTR2*(*At1g14720*), *GI*(*At1g22770*), *FH4*(*At124150*), *ANAC053*(*At10500*), *PAD3*(*At3g26830*), *ANAC061*(*At44350*))의 경우는 DNA 메틸화는 감소하였으나 오히려 inactive chromatin의 성격이 강해지는 특징을 보였음.



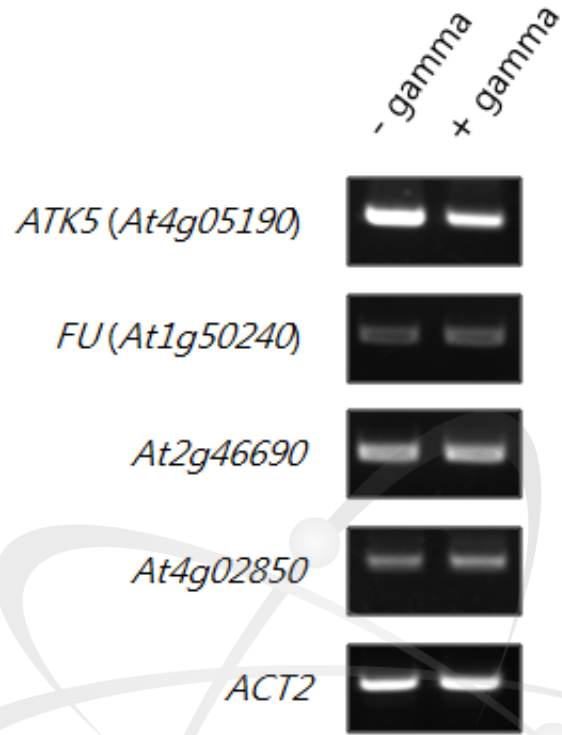


그림 4. 감마선에 의해 DNA 메틸화가 증가한 유전자의 발현 변화. 감마선을 처리하지 않은 시료(- gamma)와 감마선을 처리한 시료(+ gamma)에서 유전자의 발현을 RT-PCR 방법으로 확인함.

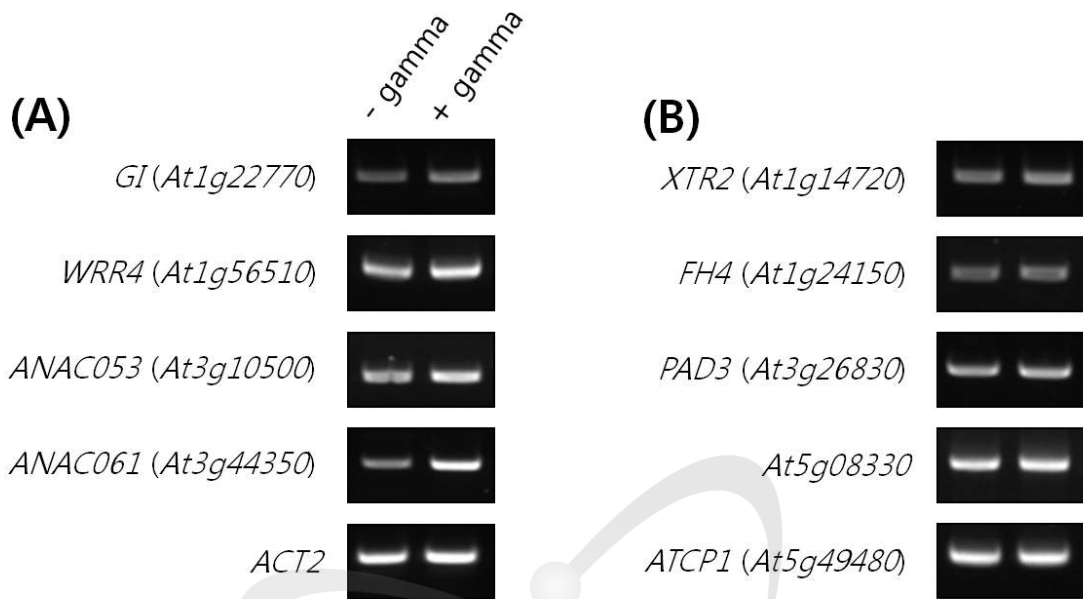


그림 5. 감마선에 의해 DNA 메틸화가 감소한 유전자의 발현 변화. 감마선을 처리하지 않은 시료(- gamma)와 감마선을 처리한 시료(+ gamma)에서 유전자의 발현을 RT-PCR 방법으로 확인함.

KAERI

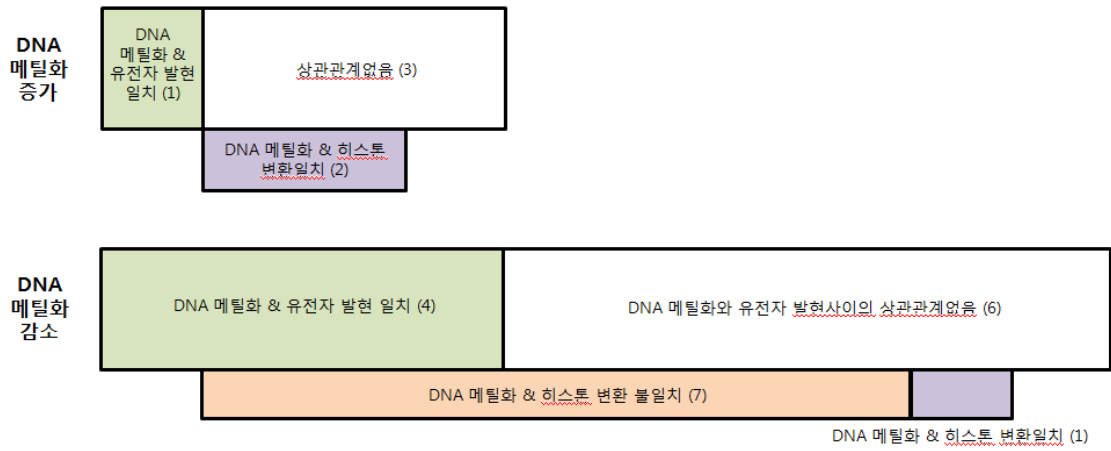


그림 6. 감마선 처리에 따른 DNA 메틸화, 히스톤 변환 및 유전자의 발현의 상관관계. 감마선에 의해 DNA 메틸화가 증가한 유전자(위)와 감소한 유전자(아래)에서 히스톤 변환과 유전자 발현 사이의 상관관계를 분석함.

제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도

1절. 연구개발목표 달성도

연구개발목표	연구개발내용 및 범위	가중치(%)	달성도(%)
감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이의 특성 조사	감마선 처리 후 애기장대 야생형에서 DNA 메틸화 변이의 특성 조사	25	100
	감마선 처리 조건에서 히스톤 수식 변이의 특성 조사	25	100
	감마선에 의한 DNA 메틸화와 히스톤 수식의 상관관계 조사	15	100
감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향 조사	유전자 발현에 대한 감마선의 영향 조사	20	100
	감마선에 의한 유전자 발현과 후성학적 정보의 관련성 조사	15	100

- 본 연구에서 가장 중요한 부분인 감마선에 의해 DNA 메틸화가 변화한 유전자에 대해 히스톤 수식 변이의 특성 조사를 수행하여 각 유전자의 히스톤 변환을 조사하였음.
- 그리고 동일한 유전자들에 대해 감마선에 의한 발현의 변화를 확인함. 최종적으로 결과를 종합하여 감마선에 의한 DNA 메틸화와 히스톤 수식의 상관관계를 분석하였음. 뿐만 아니라 감마선에 의한 유전자 발현의 변화와 후성학적 정보(DNA 메틸화와 히스톤 수식)의 관련성을 조사하였음.

2절. 대외 기여도

1. 감마선이 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 변환에 미치는 효과를 규명하기 위한 초석 마련.
2. 감마선에 의한 유전자 발현과 후성학적 정보의 상관관계를 구명하기 위한 실험적 기반 확보.



제 5 장 연구개발결과의 활용계획

1절. 추가 연구의 필요성

1. 다양한 후성조절인자 돌연변이체에서 감마선이 후성학적 정보(DNA 메틸화, 히스톤 수식) 및 유전자 발현에 미치는 효과를 조사한다면 감마선에 의한 후성학 정보를 조절하는 분자유전학적 기전을 밝힐 수 있을 것임.
2. 감마선에 의해 발현이 변하는 유전자의 small-interfering RNA에 대한 추가적인 분석은 감마선이 후성학적 정보의 조절에 미치는 영향을 좀 더 체계적으로 구명할 수 있음.

2절. 타 연구에의 응용

1. 식물에서의 후성학적 정보(DNA 메틸화 및 히스톤 변화)를 통한 유전자 발현 조절의 기작 구명의 토대를 제공하여 식물(작물)의 성장 및 발달을 조절하는 후성학적 기전의 연구에 활용.
2. 금후 작물의 고품질의 작물(병저항성 증대, 품질향상 등)의 생산을 위한 형질전환체 제작과정에서 효율적인 도입 유전자 발현 제어 기술 개발을 위한 소재로 활용이 가능함.

제 6 장 참고문헌

1. Su J, Shao X, Liu H, Liu S, Qiong W, Zhang Y. Genome-wide dynamic changes of DNA methylation of repetitive elements in human embryonic stem cells and fetal fibroblasts (2011). *Genomics*.
2. Shukla S, Kavak E, Gregory M, Imashimizu M, Shutinoski B, Kashlev M, Oberdoerffer P, Sandberg R, Oberdoerffer S. CTCF-promoted RNA polymerase II pausing links DNA methylation to splicing (2011). *Nature* 479(7371):74-79.
3. Cheng C, Shou C, Yip KY, Gerstein MB. Genome-wide analysis of chromatin features identifies histone modification sensitive and insensitive yeast transcription factors (2011). *Genome Biol.* 12(11):R111.
4. Batta K, Zhang Z, Yen K, Goffman DB, Pugh BF. Genome-wide function of H2B ubiquitylation in promoter and genic regions (2011). *Genes Dev.* 25(21):2254-2265.
5. Shelton BP, Misso NL, Shaw OM, Arthaningtyas E, Bhoola KD. Epigenetic regulation of human epithelial cell cancers (2008). *Curr Opin Mol Ther.* 10(6):568-578.
6. Chinnusamy V, Zhu JK. Epigenetic regulation of stress responses in plants (2009). *Curr Opin Plant Biol.* 12(2):133-139.
7. Kim JK, Samaranyake M, Pradhan S. Epigenetic mechanisms in mammals (2009). *Cell Mol Life Sci.* 66(4):596-612.

서 지 정 보 양 식					
수행기관보고서번호	위탁기관보고서번호		표준보고서번호	INIS 주제코드	
	KAERI/CM-1467/2011				
제목 / 부제	감마선에 의한 애기장대 후성학적 유전자 발현조절 연구				
연구책임자 및 부서명	우혜련 (충남대학교 생물학과)				
연구자 및 부서명	김재성, 이명진, 이동준, 김용민, 정준용, 한완근, 강수진 (충남대학교 생물학과)				
출판지	대전	발행기관	한국원자력연구원	발행년	2011
페이지	30 p.	도표	있음(O), 없음()	크기	21 x 29.7 Cm.
참고사항					
공개여부	공개(O), 비공개()		보고서종류	연구보고서	
비밀여부	대외비(), _ 급비밀				
연구수행기관	충남대학교		계약번호		
초록 (15-20줄내외)	<p>본 연구과제에서는 식물의 성장 및 발달 조절에 있어 감마선의 영향을 후성학 측면에서 살펴보고자 하였다. 궁극적으로 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화, 히스톤 수식 및 유전자 발현의 특성과 작용 기작을 구명하려고 하였다. 연구목표 달성을 위하여 감마선에 의한 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이의 특성을 조사하고 감마선이 후성학적 정보와 유전자 발현에 미치는 영향을 조사하였다.</p> <p>감마선이 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 수식 변이에 미치는 영향을 조사하기 위하여 감마선 처리 후 애기장대 야생형에서 DNA 메틸화가 증가하거나 감소한 14종의 유전자들을 선발하였다. 해당 유전자들에 대해 동일한 조건에서 히스톤 수식 변이의 특성을 분석하였으며 유전자 발현에 대한 감마선의 영향을 조사하였다. 결과를 종합하여 감마선이 후성학적 정보(DNA 메틸화와 히스톤 수식)와 유전자 발현에 미치는 영향의 상관관계를 살펴보았다.</p> <p>연구개발결과는 애기장대 DNA 메틸화 및 히스톤 변환과 유전자 발현에 대한 감마선의 효과 규명에 활용할 수 있으며 감마선에 의한 후성학적 정보의 변환에 관여하는 작용 기전의 구명에 활용이 가능할 것이다.</p>				
주제명키워드 (10단어내외)	감마선, 후성학적 정보, 히스톤 수식, DNA 메틸화, 유전자 발현				

BIBLIOGRAPHIC INFORMATION SHEET					
Performing Org. Report No.		Sponsoring Org. Report No.		Standard Report No.	INIS Subject Code
		KAERI/CM-1467/2011			
Title / Subtitle		Investigation of epigenetic gene regulation in Arabidopsis modulated by gamma radiation			
Project Manager and Department		Hye Ryun Woo (Chungnam National Univ., Dept. of Biology)			
Researcher and Department		Jae-Sung Kim, Myung-Jin Lee, Dong-Joon Lee, Young-Min Kim, Joon-Yong Jung, Wan-Keun Han, Soo-Jin Kang (Chungnam National Univ., Dept. of Biology)			
Publication Place	Daejeon	Publisher	KAERI	Publication Date	2011
Page	30 p.	Ill. & Tab.	Yes(O), No ()	Size	21 x 29.7 Cm.
Note					
Open	Open(O), Closed ()		Report Type	Research report	
Classified	Restricted(), ___Class Document				
Performing Org.	Chungnam National Univ.		Contract No.		
Abstract (15-20 Lines)		<p>To investigate epigenetic gene regulation in Arabidopsis modulated by gamma radiation, we examined the changes in DNA methylation and histone modification after gamma radiation and investigated the effects of gamma radiation on epigenetic information and gene expression.</p> <p>We have selected 14 genes with changes in DNA methylation by gamma radiation, analyzed the changes of histone modification in the selected genes to reveal the relationship between DNA methylation and histone modification by gamma radiation. We have also analyzed the effects of gamma radiation on gene expression to investigate the relationship between epigenetic information and gene expression by gamma radiation.</p> <p>The results will be useful to reveal the effects of gamma radiation on DNA methylation, histone modification and gene expression. We anticipate that the information generated in this proposal will help to find out the mechanism underlying the changes in epigenetic information by gamma radiation.</p>			
Subject Keywords (About 10 words)		Gamma radiation, epigenetic information, histone modification, DNA methylation, gene expression			