(NATURAL SCIENCE)

Vol. 62 No. 6 JUCHE105 (2016).

주체105(2016)년 제62권 제6호

초어tlr5a, tlr5b의 상동성과 진화분석

장성훈, 주창성, 남두영

위대한 령도자 김정일동지께서는 다음과 같이 교시하시였다.

《양어과학과 기술에 대한 연구사업을 강화하고 선진적인 물고기기르기기술을 적극 받아들여 우리 나라의 양어사업을 최신과학기술에 기초하여 발전시켜나가도록 하여야 합 니다.》(《김정일선집》 중보판 제20권 178~179폐지)

동물에서 TLR(Toll-like receptor)족유전자는 병원체결합분자형태PAMPs를 인식하고 염증성세포인자들과 I형인터폐론을 발현시켜 병원성세균에 대한 유기체의 면역을 조절한다.

우리는 초어를 연구대상으로 하여 물고기의 선천성면역에서 중요한 역할을 하는 *tlr5* 배렬의 상동성과 진화에 대한 분석을 하였다.

재료와 방법

tlr5의 진화분석은 ClustalW2프로그람으로 진행하였다. 분석에는 초어(Ctenopharyngodon idella)의 tlr5a KF736231과 tlr5b KF736232, 잉어(Cyprinus carpio, AGH15501.1), 줄말고기 (Danio rerio, tlr5b NP 00112), 잉어류의 한종(Cirrhinus mrigala, AEQ92867.1), 장메기(Ictalu rus punctatus)의 tlr5-I(AEI59668)과 tlr5-2(AEI59669), 칠색송어(Oncorhynchus mykiss, NP 001 118216.1), 대서양연어(Salmo salar, AEE38253.1), 덥치(Paralichthys olivaceus, AEN7182), 은어(Plecoglossus altivelis altivel, BAI68383.1), 닐열대붕어(Oreochromis niloticus, AFP44844), 검보가지(Takifugu rubripes, AAW69374.1), 푸른바다거부기(Chelonia mydas, EMP25733.1), 비둘기속의 한종(Columba livia, EMC90359.1), 청색진주닭(Numida meleagris, AEK75350.1), 재기리기(Anser anser, AFO83527.1), 꿩류의 한종(Perdix perdix, AFQ40032.1), 꿩(Phasianus col chicus, AEK75349.1), 닭(Gallus gallus, ACR26269.1), 검은꼬리야생닭(Gallus lafayetii, ACR 26270.1), 되강오리속의 한종(Anas platyrhynchos, AFJ04295.1), 칠면조 (Meleagris gallopavo, ADX33343.1), 꽃진경이(Tadorna tadorna, AGR50898.1), 아프리카발톱개구리(Xenopus laevis, NP 001088449.1), 메돼지(Sus scrofa, AGT79978.1), 흰생쥐(Mus musculus, NP 058624.2), 늑대(Canis lupus familiaris, ACG6071)의 tlr5배렬들이 리용되였다.

단백질배렬의 상동성비교분석은 GenDoc프로그람으로 진행하였다.

진화분석은 MEGA5.0프로그람으로 진행하였다.

결과 및 론의

초어tlr5a, tlr5b의 아미노산배렬상동성을 비교하면(그림 1) N-말단의 상동성이 비교적 낮고 C-말단의 상동성은 높다는것을 알수 있다. TLR족단백질들은 N-말단에 로이신 풍부반복배렬모티프(LRR)들을 가지고있고 C-말단에 진화상 보존된 톨인터로이킨접수체

(TIR)도메인을 가지고있다.[1, 3] 이것은 LRR령역의 배렬이 진화상 가변적이고 외래병원체에 대한 종특이적인 인식에 적응하여 다양하게 진화되여온 반면에 TIR도메인령역은 진화상 보존되였으며 신호전달에서 중요한 기능을 수행함수 있다는것을 보여준다.

제6호

```
--MATIHTLSLILLGLCVSTOIVKCTSVCSVGASVALCIDKGLODVPE-LPPYVNKVDLSKNNIAELNETSFSHLEGLOV
CiTLR5a
CiTLR5b
          --MG--FTFILILFGLCINTEVVKCTSVCSVNGYAAFCISRGLHQVPE-LPTYINYVDLNFNSIAELNETSFSRLEGLQV
                                                                                           75
CcTLR5
          --MAT:HTLSLILLGLYISSHIVKCTSVCSVDGSVVLCTDRGLQEVPE-LPTHVTYVDLSNNSINDLQETSFSHVEGLRV
                                                                                           77
          --MG--YTFILILFGLCLNTEVVKSTSVCSVIGYNAICINRGLHQVPE-LPAHVNYVDLSLNSIAELNETSFSRLQDLQF
DrTLR5
                                                                                           75
MmTLR5
          rimac---QLDLLIGVIFMASPVLVISPCSSDGRIAFFRGCNLTQIPWiLNTTTERLLLSFNYISMVVATSFPLLERLQL
                                   CS
                                                  L P L
                                                                 L N I
CiTLR5a
          LILMHQTTRLVIRNNTFRRLSNLTSLQLDYNNFLRMDTGAFNGLSNLKNLTLTQCSLEDTILSGDFLKPLVSLEMLVLRE
                                                                                           157
          LKLEQQTTGLVIRNTTFRRLSNLILLKLDYNHFLRIETGAFNGLFNLEILTLTQCSLDDTILSGDFLKPLVSLEMLVLRE
                                                                                           155
CiTLR5b
          LIMMHQTSRLVIRNNTFRSLSNLTSLQLDYNHLLQMDTGAFNGLSNLKNLTLTQCSLDGSVLTGDVLKPLVSLEMLDLRD
DrTLR5
          LKVEQQTPGLV1RNNTFRGLSSLI1LKLDYNQFLQLETGAFNGLANLELLTLTQCNLDGAVLSGNFFKPLTSLEMLVLRD
                                                                                           155
          MmTLR5
                                                                                           157
CiTLR5a
          NNIKRIQPALLFLNMRRFHVLDLSRNKVKSICEEDLLSFQGKHFTLLKLSSVTLQDMNEYWLGWEKCGNPFKNMSVSVLD
          NNIKRIQPASFFLNMRRFHVLDLSRNKVKSICEEDLLSFQGKHFTLLKLSSVTLQDMNEYWLGWEKCGNPFKNMSVSVLD
CiTLR5b
                                                                                           235
          NNLHRIQPASFFLNMRRFHVLDLSHNKVKSICEEDLVSFQGKHFTLLKLASVTLQDMNELWLGWDKCGNPFKNMSINVLD
CCTLR5
                                                                                           237
DrTLR5
          NNIQKIQPASFFLNMRRFHVLDLTFNKVKSICEEDLLNFQGKHFTLLRLSSITLQDMNEYWLGWEKCGNPFRNSSITTLD
          NQIHSLRLHSSFRELNSLSDVNFAFNQIFTICEDELEPLQGKTLSFFGLKLTKL--FSRVSVGWETCRNPFRGVRLETLD
MmTLR5
                                                                                           235
                                       CE L QGK
                                                        L
          LSGNGFNDNNAKLFFDAITGTKIQSLILSNSHSMGSSSG-NNSKDPNKFTFKGLEASGIKIFDLSNSSIFALSYSVFSCL
CiTLR5a
                                                                                           316
CiTLR5b
          LSGNGFNVKMAKLFFDAITGTKIQSLILSNSYSMGSSFGHNNFKDPDKFTLKGLGDSGIKIFDLSKSQIFALSNSVFSHF
                                                                                           315
CcTLR5
          LSGDGFNVNTAKRFFNAISATKIQSLIFSNICSLGRSSG-NNSKDPDKFTFSGLEASGIKTFDLSSSNIFSLPYSVFSYL
                                                                                           316
DrTLR5
          LSGNGFKESMAKRFFDAIAGTKIQSLILSNSYNMGSSFGHTNFKDPDNFTFKGLEASGVKTCDLSKSKIFALLKSVFSHF
                                                                                           315
MmTLR5
          {\tt LSENGWTVDITRNFSNIIQGSQISSLILKH-HIMGPGFGFQNIRDPDQSTFASLARSSVLQLDLSHGFIFSLNPRLFGTL}
          S G
                      F
                          1
                                SLI
                                           G G N DP
                                                         T L S
                                                                      DLS
                                                                             FL
CiTLR5a
          SDLEQITLAESRINKIEKSAFLGMANLLKLNLSKNFLGNIDSNTFQNLEKLEVLDLSYNHIWMLGYESFRGLPNLLNLNL
                                                                                           396
CiTLR5b
          QDLEQITLAENQINIIEIDAFWGMTNLLKLNLSKNFLGNIDSNTFQNLKKLEVLDLSYNHIRVLGDKSFQGLPSLLNLNL
CCTLR5
          PNLEOISLAOSOINKIEKSAFLGMTNLLOLNLSKNFLGVINSETFONLEKLEVLDLSYNHIWMLGHOSFRGLPNLLNLNL
                                                                                           396
DrTLR5
          TOLEQLTLAQNEINKIDDDAFWGLTHLLKLNLSQNFLGSIDSRMFENLDKLEVLDLSYNHIRALGDQSFLGLPNLRNLNL
MmTLR5
          KDLKMLNLAFNKINKIGENAFYGLDSLQVLNLSYNLLGELYNSNFYGLPRVAYVDLQRNHIGIIQDQTFRLLKTLQTLDL
                                 L LNLS N LG
                LA INI AFG
CiTLR5a
          TGNALKHLHAFATLPRLEKLYLGDNKILSVFYLIKISKYLTTLYLEHNILSSLSDLFTILEEFPQIEEIVFRGNELLYCP
                                                                                           476
          TGNALESVHEFATLPNLKIIYLGENRISSLSSLPNIAKNLTTLDLEMNKLQALSDLYTILREFPQIEKIFLQGNSFSSCY
CiTLR5b
                                                                                           475
          TGNSLKYAHTFATLPSLEKLYLGDNKITHASHLLNLAANLKTLYLOFNKISSMSEFYTILEKFPOIEEIVFRGNELVYCP
DrTLR5
          TGNAVESVHTFAALPNLNKLYLGKNRISSVSSLPNIAHNLSTLDLEFNKLHALSDLYTILREFPQIENIFLQGNTFSSCY
          RDNALKAIG---FIPSIQMVLLGGNKLVH---LPHIHFTANFLELSENRLENLSDLYFLLR-VPQLQFLILNQNRLSSCK
MmTLR5
                                                                                           467
                              L N
                                         L
                                                     L N
CiTLR5a
          NERHKVLSQKIQILDLAFAGLEVIWSEGKCLNVFNNLHQLKQLSLSHNLLQSLPKDIFKDLTSLYFLDLSFNSLKYLPNG
                                                                                           556
CiTLR5b
          NQRQIVASDQLQLLHLGRSSMQLIWSEGKCLNVFNNLHQLEQLSLTANGLQSLPKDIFKDLTSLFFLDLSFNSLKYLPNG
                                                                                           555
          DDEHKVLSRKIKILDLANAGLEVIWSEGTCLNLFEDLHQLEVLFLSSNRLQSLPKDIFKDLTSLIFLDLSSNSLKYLPNG
CCTLR5
                                                                                           556
DrTLR5
          NQKQIVLSDKLQLLHLGLSSMQLIWSEEKCLNVFADLHQLQQLSLTANGLQSLPKDIFKDLTSLFFLDLSFNSLKYLPTD
MmTLR5
          AAHTPSENPSLEQLFLTENMLQLAWETGLCWDVFQGLSRLQILYLSNNYLNFLPPGIFNDLVALRMLSLSANKLTVLSPG
                                    C F L L L L N L LP F L L L L N L L
CiTLR5a
          IFPESLQILNLEYNSIYSVDPNLFSTLSYLSLIKNDFRCDCKLRDFQTWLNQTNVIISHSIEDVICASPEDQYMVPVVRS
                                                                                           636
CiTLR5b
          IFPESLOILNLEYNSIYSVDPNLFSTLSYLSLIKNDFRCDCNLRDFKTWLNOTNVIISHSIEDVICASPEDOYMVPVVRS
CcTLR5
          IFPKSLQYLNLEFNSVYSVDPNLFSTLSFLSLLGNDFNCDCNLRDFQTWLNQTNVTLFHPIEDVTCASPEDQYMVPVVRS
                                                                                           636
DrTLR5
          VFPKSLQILNLDYNSIYSVDPNLFSTLGYLSLMNNDFRCDCDLKDFQTWLNQTNVTFVHSIEDVTCASPEDQYMVPVVRS
                                                                                           635
          SLPANLEILDISRNQLFSPDPALFSSLRVLDITHNEFVCNCELSTFISWLNQTNVTLFGSPADVYCMYPNS--LLGGSLY
MmTLR5
                                                                                           625
                                           N F C C L F WLN TNV
           PLL
                      N
                             PFLL
                                                                       D C
CiTLR5a
          SIOCEDEEDERNAEKLRLVLFIFCTALITLLTASAIIYVRRRGYIFKLYKKLIGKLVDGKRE--EPDPDOFLYDVFLCFS
                                                                                           714
          SIOCEDEEDERNVEKLRLVLFIFCTALITLLTASAIIYVRRRGYIFKLYKKLIGTLVDGKRE--EPDPDOFLYDVYLCFS
                                                                                           713
CiTLR5b
CCTLR5
          SIQYGDEEDERS IEKLRLVLFIFCSTLIIIFTASAIIYVCRRGYIFKLYKKLITKLVDGKQEKpEPDPDRFLYDVYLCFS
                                                                                           716
DrTLR5
          SIQCEDEEEERTEKLRLVLFISCTVLIILFTASTIVYISRRGVIFKMYKKLIGELVDEKRE--EPDPDRFLYDVYLCFS
                                                                                           713
          NISTEDCDEEEAMRSLKFSLFILCTVTLTLFLVITLVVIKFRGICFLCYKT-IQKLVFKDKVW-SLEPGAYRYDAYFCFS
MmTLR5
                                                                                           703
                  E
                        L
                           LFI C
                                                  RG F YK
                                                               LV
                                                                                 YD
          SNDIKWVERALLNRLDSQFSEQNTLRCCFEERDFIPGEDNLTNMRNAIQNSHKTLCVVSEHFLKDGWCLETFTLAQCRML
CiTLR5a
                                                                                           794
CITLR5b
          SNDIKWVERALLNRLDSQFSEQNTLRCCFEERDFIPGEDHLTNMRNAIQNSHKTLCVVSEHFLKDGWLLEAFILAQRRMQ
                                                                                           793
          SSDIKWVERALLKRFDSQFSEQNTLRCCFEERDF1PGEDHLTNMRNA1QNSQKTLCVVSEHFLKDGWCLETFNLAQCRML
CCTLR5
                                                                                           796
DrTLR5
          SKDMKWVERALLKRLDSQFSEHNTLRCCFEERDFIPGEDHLTNMRSAIQNSRKTICVVSEHFLKDGWCLETFTLAQKRMQ
MmTLR5
          SKDFEWAQNALLKHLDAHYSSRNRLRLCFEERDFIPGENHISNIQAAVWGSRKTVCLVSRHFLKDGWCLEAFRYAQSRSL
                                   CFEERDF PGE N A S K C VS HFL DGW LE F AQ R
          VELKDILVVLVVGNIPQYRLLKYEQLRSYIENRRYLLWPDDSQDLEWFYDQLLHKIRKNTKVKQTNTK--VNEGEKn1DA
CiTLR5a
CiTLR5b
          VELEDILVVLVVGNIPQYRLLKFKQVRSYIENRRYLLWPDDSQDLDWFYDQLLHKIRKDTKVKQTNQP--TKQTKP--EA
                                                                                           869
          VELKDILVVLVAGNIPQYRLLKYEQMRSYIETRRYLMWPDDSQDLEWFYDQLLDKIRKNTKIKQTNAKekAKEVKNnpEA
                                                                                           876
CCTLR5
DrTLR5
          AELEDILVVLVVGNIPOYRLLKYKOVRSFIENRSYLVWPDDGODLEWFYDOLLHKIRKDIKI---NOT--TKETKR--EE
                                                                                           866
MmTLR5
          SDLKSILIVVVVGSLSQYQLMRHETIRGFLQKQQYLRWPEDLQDVGWFLDKLSGCILKEEKGKKRSS-----
                                                                                           850
                   V G
                                           YL WP D QD WF
               L
                         OYL
                                   R
                                                           L
```

표에서 보면 초어의 *tlr5a*, *tlr5b*는 물고기의 *tlr5*들과 상동성이 매우 높으며(63.7~90.0%) 다음은 파충류, 조류, 량서류, 포유류의 순서로 *tlr5*들과 상동성이 높다.

표. 여러종들에서 tlr5의 상동성비교

No.	종명	학명	유전자명	상동성/%	믿음성확률/%
1	초어	Ctenopharyngodon idella	tlr5a	100.0	100.0
2	초어	Ctenopharyngodon idella	tlr5b	90.0	81.7
3	잉어	Cyprinus carpio	tlr5	89.8	80.0
4	줄말고기	Danio rerio	tlr5b	85.1	72.4
5	잉어류의 한종	Cirrhinus mrigala	tlr5	84.5	72.5
6	강메기	Ictalurus punctatus	tlr5-1	73.4	54.5
7	강메기	Ictalurus punctatus	tlr5-2	72.4	54.2
8	칠색송어	Oncorhynchus mykiss	tlr5	70.2	49.0
9	대서양연어	Salmo salar	tlr5	67.8	48.0
10	넙치	Paralichthys olivaceus	tlr5	64.5	42.1
11	은어	Plecoglossus altivelis altivel	tlr5	64.1	43.0
12	닐열대붕어	Oreochromis niloticus	tlr5	63.7	41.6
13	검보가지	Takifugu rubripes	tlr5	63.3	41.8
14	푸른바다거부기	Chelonia mydas	tlr5	61.1	40.4
15	비둘기속의 한종	Columba livia	tlr5	61.0	38.1
16	청색진주닭	Numida meleagris	tlr5	60.6	38.0
17	재기리기	Anser anser	tlr5	60.5	38.4
18	꿩류의 한종	Perdix perdix	tlr5	60.5	38.6
19	꿩	Phasianus colchicus	tlr5	60.5	38.2
20	닭	Gallus gallus	tlr5	60.4	38.1
21	검은꼬리야생닭	Gallus lafayetii	tlr5	60.3	38.2
22	되강오리속의 한종	Anas platyrhynchos	tlr5	60.2	37.7
23	칠면조	Meleagris gallopavo	tlr5	60.2	37.6
24	꽃진경이	Tadorna tadorna	tlr5	59.8	37.7
25	아프리카발톱개구리	Xenopus laevis	tlr5	59.2	37.1
26	메돼지	Sus scrofa	tlr5	58.1	36.8
27	흰생쥐	Mus musculus	tlr5	56.5	36.6
28	늑대	Canis lupus	tlr5	56.0	35.8

진화분석에 의하면 초어*tlr5a*, *tlr5b*의 배렬은 물고기류의 *tlr5*배렬들과 하나의 무리를 이루며 잉어류와 줄말고기, 장메기의 순서로 가깝다.(그림 2) 이러한 관계는 물고기의 계통진화와도 완전히 부합되는데 이것은 이 유전자의 아미노산배렬이 종의 진화를 과학적으로 반영하고있다는 증거[2-4]로 된다.

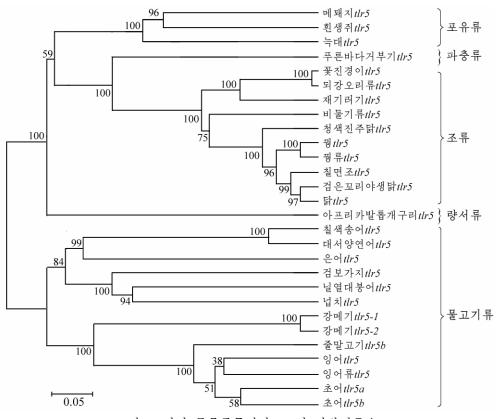


그림 2. 여러 동물종들에서 tlr5의 진화계통수

맺 는 말

- 1) 초어의 *tlr5a*, *tlr5b*는 물고기의 *tlr5*들과 상동성이 매우 높으며(63.7~90.0%) 다음은 파충류, 조류, 량서류, 포유류의 순서로 *tlr5*들과 상동성이 높다.
- 2) 진화분석에 의하면 초어*tlr5a*, *tlr5b*의 배렬은 물고기류의 *tlr5*배렬들과 하나의 무리를 이루며 잉어류와 줄말고기, 강메기의 순서로 가깝다.

참 고 문 헌

- [1] S. Akira et al.; Cell, 124, 783, 2006.
- [2] H. Bilak et al.; Biochem. Soc. Trans., 31, 648, 2003.
- [3] M. Basu et al.; Fish Shellfish Immunol., 32, 1, 121, 2012.
- [4] Y. Palti; Dev. Comp. Immunol., 35, 12, 1263, 2011.

주체105(2016)년 2월 5일 원고접수

Similarity and Phylogenetic Analysis of *tlr5a* and *tlr5b* Genes from Grass Carp, *Ctenopharyngodon idella*

Jang Song Hun, Ju Chang Song and Nam Tu Yong

The grass carp tlr5a and tlr5b genes were very similar to tlr5 genes of fishes (63.7 \sim 90.0%) and then similar to reptilia, aves, amphibian, mammals according to priority.

The phylogenetic analysis indicates that the sequences of grass carp *tlr5a* and *tlr5b* genes were crowded with fish *tlr5* genes, and similar to common carps, zebrafish and channel fish in order.

Key words: grass carp, tlr5a, tlr5b, tlr5, similarity, phylogenetic analysis