

## 신증후군 환자의 소변 대사체 분석

경희대학교 의과대학 신장내과학교실<sup>1</sup>, 국민대학교 자연과학대학 바이오발효융합학과<sup>2</sup>

이정은<sup>1</sup>, 이도엽<sup>2</sup>, 최영욱<sup>1</sup>, 김세연<sup>1</sup>, 김양균<sup>1</sup>, 문주영<sup>1</sup>, 정경한<sup>1</sup>, 이태원<sup>1</sup>, 임천규<sup>1</sup>, 이상호<sup>1</sup>

### Distinct Urine Metabolic Profile in Primary Nephrotic Syndrome

Jung-Eun Lee<sup>1</sup>, Do Yup Lee<sup>2</sup>, Young Wook Choi<sup>1</sup>, Se-Yun Kim<sup>1</sup>, Yang-Gyun Kim<sup>1</sup>  
Ju-Young Moon<sup>1</sup>, Kyung-Hwan Jeong<sup>1</sup>, Tae-Won Lee<sup>1</sup>, Chun-Gyoo Ihm<sup>1</sup>, Sang-Ho Lee<sup>1</sup>

Department of Nephrology<sup>1</sup>, Kyung Hee University, School of Medicine, Seoul, Korea  
Department of Bio and Fermentation Convergence Technology<sup>2</sup>, Kookmin University, Seoul, Korea

**배경:** 신증후군 환자에서 특징적인 저알부민혈증 및 고지혈증은 다양한 대사 변화를 초래하여 이차적으로 체액의 대사체 조성의 변화를 유발한다. 본 연구에서는 신증후군의 대표질환인 MCD, MGN, FSGS 등 원인에 따른 소변 대사체 조성의 변화를 조사하여 신증후군의 병태생리를 이해하고 각 신증후군 질병특이적 소변 대사체 바이오마커를 발굴하고자 하였다.

**방법:** 12명의 신증후군(MCD, FSGS, MGN 각각 4명, 나이: 48.7±18.2, 성별: 남-7, 여-5) 환자와 4명의 정상 대조군(나이: 30.0±2.0, 성별: 남-4)의 진단 당시의 소변을 이용하였으며 소변 대사체 분석은 GC-TOF MS를 이용한 non-targeted metabolite profiling을 수행하였다.

**결과:** 각 질병군별 혈청 albumin (g/dL), 혈청 creatinine (mg/dL), 소변 protein/creatinine ratio (g/gCr)는 MCD (2.1±0.4, 1.1±0.3, 19.3±8.9), FSGS (3.5±0.7, 1.4±0.4, 6.0±5.9), MGN (2.6±0.3, 1.0±0.2, 6.1±2.7)로 신증후군 원인질환에 따른 차이는 없었다. 소변에서 검출된 대사체 총 80여종 중에 11개 물질에 대해 신증후군 환자에서 의미있는 변화를 보였으며 (p<0.05) pathway analysis 결과, tyrosine과 phenylalanine metabolism에서 유의수준 높은 유통성을 보이는 것으로 확인되었다. MCD 환자에게서는 특징적으로 lysine, homoserine, ornithine, FSGS환자의 경우 lysine, MGN환자의 경우 lysine, oxoproline, aspartate, asparagine 등이 정상군과 가장 큰 차이를 보였다. 특히 oxoproline, asparagine, lysin은 신증후군 원인 질환에 따라 통계적으로 의미있는 차이를 보였다.

**결론:** 신증후군 환자에서 소변대사체 분석은 신증후군의 병태생리 이해에 도움을 줄 것이며 특히 각 그룹간에서 의미 있는 차이를 보이는 대사체인 oxoproline, lysine, asparagine은 신증후군의 원인질환 감별에서 활용가능한 후보물질로 예상할 수 있다.

**Key Words:** 대사체학, 신증후군, 사구체질환  
Metabolomics, Nephrotic syndrome