

**Abstract Submission No. : 9092**

## **Basic Research on PM: EWAS in Lung Disease**

**Woojin Kim**

*Kangwon National University Hospital, Korea*

DNA methylation 은 대표적인 후성유전체 기전으로 환경, 나이, 주변 유전자의 유전형 등의 영향을 받아서 유전자의 발현에 영향을 미치는 것으로 알려져 있고, 미세먼지 또한 주요한 환경 요인으로 이에 의하여 DNA methylation 에 영향을 미친다는 것은 잘 알려져있다. 유전형과 달리 DNA methylation 은 조직이나 세포에 따라서 다른 양상을 보이기 때문에 미세먼지의 영향을 어니 장기 어느 세포에서 확인할 지를 선택하는 것이 중요하다.

코호트 연구에서 혈액을 수집하는 경우가 많아 혈액 세포에서 환경영향을 확인하기 위하여 EWAS 연구를 수행하는 경우가 많다. 환경노출에 대한 정보와 혈액세포의 DNA methylation 정보를 이용하여 연구를 수행해야하는데, 미세먼지 노출의 경우 단기 영향을 보는 경우도 있지만, 주로 코호트 대상자들의 주소를 이용하여 모델링을 통해 PM10 또는 PM2.5의 장기 노출에 대한 정보를 계산하게 된다. DNA methylation 는 최근 NGS 기법이 보편화되고 있는 추세이나, 아직 많은 연구들이 array 를 이용한 정보를 이용하여 분석하고 있다. 국제 코호트들이 Illumina Infinium 450k 또는 EPIC array 를 이용한 methylation 자료를 가지고 있는 경우가 많고, 여러 코호트의 자료를 이용한 메타분석을 통해서 좋은 결과를 발표하기도 한다. 대표적으로 PACE consortium 의 경우 유럽과 미국의 출생코호트 자료들 중에서 임신중의 미세먼지 노출과 신생아의 체대혈의 DNA methylation 정보를 메타분석하여 유의하게 연관성이 있는 유전자 부위를 찾았는데, 흥미롭게도 그 유전자들 중에서 이전의 GWAS 에서 성인의 폐기능과 연관성이 보고된 경우도 있었다. 성인 코호트에서도 미세먼지 노출에 의한 DNA methylation 의 영향을 확인하기 위한 연구들이 진행되었고, 미세먼지 노출과 연관성이 있는 유전자 부위들이 발표되었다. 흡연 노출에 의한 DNA methylation 은 매우 일관성있게 유의한 연관성을 보이는 유전자 부위를 확인할 수 있으나 미세먼지 노출에 의한 변화는 연구팀에 따라 상이한 양상을 보인다. 본 연구팀에서도 국내 COPD 코호트를 이용하여 EWAS 를 수행하여 미세먼지의 영향을 받는 유전자 부위를 보고하였는데, 유럽의 코호트와 일관성있게 유의한 유전자 부위도 일부 있었다.



**KSN**2021  
**FULLY VIRTUAL MEETING**  
**September 02 (Thu) - 05 (Sun)**

미세먼지에 의한 영향을 기관지나 폐조직에서 확인할 수 있으면 미세먼지에 의한 호흡기 질환의 기전을 설명하는데 좀더 도움이 될 수 있을 것이나, 혈액에 비하여 많은 샘플을 확보하기 어렵다는 제한점이 있다.