

III. 귀리 (1-3,1-4)-Beta-Glucanase 유전자의 특성 및 발현 양상

윤성중*, David A. Somers

III. Characteristics and Expression Patterns of Oat (1-3,1-4)-Beta-Glucanase Genes

Song Joong Yun*, David A. Somers

University of Minnesota

실험목적

귀리의 생장 발달중 (1-3,1-4)-beta-glucanase의 생리적 역할을 분자유전학적 방법을 이용하여 구명하는데 필요한 정보를 얻기 위하여 (1-3,1-4)-beta-glucanase 유전자의 특성과 발현 양상을 조사 분석함.

재료 및 방법

(1-3,1-4)-beta-glucanase clone 인 pOGL1의 염기서열을 토대로 (1-3,1-4)-beta-glucanase의 특성을 조사하고, Southern blotting 과 Northern blotting 을 이용하여 (1-3,1-4)-beta-glucanase gene/genome 과 유전자의 발현부위 및 시기를 조사하였음.

실험결과 및 고찰

귀리의 (1-3,1-4)-beta-glucanase 유전자는 G/C 함량이 68%로 매우 높은 편이었으며 특히, 각 유전암호의 세번째 염기에대한 G/C 선호도는 97%로 대단히 높았다. (1-3,1-4)-beta-glucanase 유전자는 1 - 2 copy/genome이었으며 동 유전자의 mRNA는 발달중인 엽, 유숙종자의 배유, 발아하는 종자의 호분층에서 높은 수준으로 발현되었다. 유숙종자의 배유와 생장중인 엽에서 (1-3,1-4)-beta-glucanase mRNA가 높은 수준으로 발현되고 (1-3,1-4)-beta-glucanase 활성이 있는 것은 (1-3,1-4)-beta-glucanase 가 종자발아 이외에, 귀리의 생장 발달 과정중 세포벽내 beta-glucan 대사를 필요로 하는 다른 생리작용에도 관여하고 있음을 의미하는 것으로 사료된다.

Table Codon frequency of the mature polypeptide coding sequence of pOGL1

Genetic code	cp ^a (%) ^b	Genetic code	cp ^a (%) ^b	Genetic code	cp ^a (%) ^b	Genetic code	cp ^a (%) ^b
TTT-Phe	0 (.0)	TCT-Ser	0 (.0)	TAT-Tyr	0 (.0)	TGT-Cys	0 (.0)
TTC-Phe	12 (3.9)	TCC-Ser	8 (2.6)	TAC-Tyr	17 (5.6)	TGC-Cys	2 (.7)
TTA-Leu	0 (.0)	TGA-Ser	0 (.0)	TAA-	0 (.0)	TGA-	0 (.0)
TTG-Leu	0 (.0)	TGG-Ser	5 (1.6)	TAG-	0 (.0)	TGG-Trp	4 (1.3)
CTT-Leu	1 (.3)	CCT-Pro	2 (.7)	CAT-His	0 (.0)	CCT-Arg	0 (.0)
CTC-Leu	8 (2.6)	CCC-Pro	5 (1.6)	CAC-His	5 (1.6)	CCG-Arg	2 (.7)
CTA-Leu	0 (.0)	CCA-Pro	0 (.0)	CAA-Gln	0 (.0)	CGA-Arg	0 (.0)
CTG-Leu	9 (2.9)	CCG-Pro	11 (3.6)	CAG-Gln	14 (4.6)	CGG-Arg	3 (1.0)
ATT-Ile	0 (.0)	ACT-Thr	0 (.0)	AAT-Asn	0 (.0)	AGT-Ser	1 (.3)
ATC-Ile	10 (3.3)	ACC-Thr	10 (3.3)	AAC-Asn	21 (6.9)	AGC-Ser	9 (2.9)
ATA-Ile	0 (.0)	ACA-Thr	0 (.0)	AAA-Lys	0 (.0)	AGA-Arg	0 (.0)
ATG-MET	11 (3.6)	ACG-Thr	5 (1.6)	AAG-Lys	6 (2.0)	AGG-Arg	2 (.7)
GTT-Val	2 (.7)	GCT-Ala	3 (1.0)	GAT-Asp	0 (.0)	GGT-Gly	0 (.0)
GTC-Val	8 (2.6)	GCC-Ala	24 (7.8)	GAC-Asp	8 (2.6)	GCC-Gly	24 (7.8)
GTA-Val	0 (.0)	GCA-Ala	0 (.0)	GAA-Glu	0 (.0)	GGA-Gly	1 (.3)
GTG-Val	20 (6.5)	GCG-Ala	16 (5.2)	GAG-Glu	7 (2.3)	GGG-Gly	10 (3.3)

^a Codon frequency/mature polypeptide coding sequence
^b (a/total number of codons (=306)) x 100

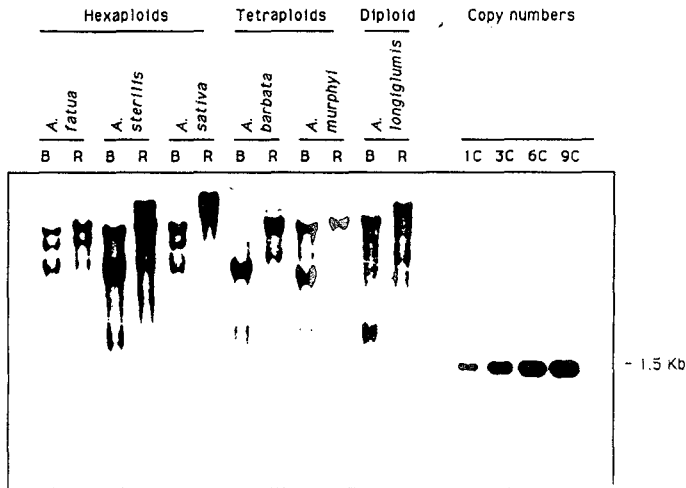


Fig. Southern blot reconstructions of oat genomic DNA (21 µg) digested with restriction enzyme BglIII (B) or EcoRV (R). The blot was washed, following hybridization, to a final stringency of 0.2X SSC and 0.1% SDS at 65°C for 1 hr. Lane 1C, 3C, 6C, and 9C are reconstructions containing 1C, 3C, 6C, and 9C equivalent of pOGL1 insert DNA, respectively.

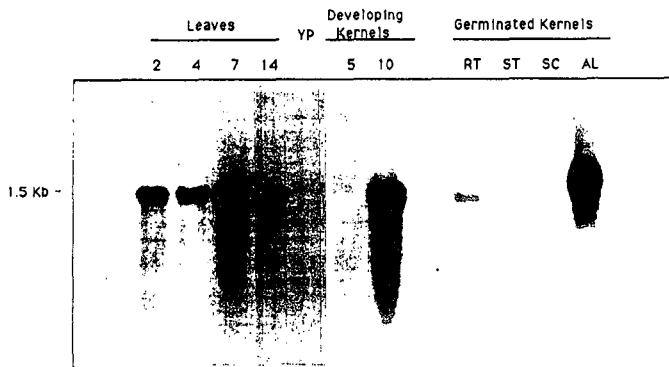


Fig. Northern blots of poly(A)⁺ RNA preparations from developing primary leaves 2, 4, 7, and 14 days after emergence from coleoptiles (DAE), young panicles (YP), developing kernels 5 and 10 days after anthesis, and roots (RT), shoots (ST), scutellum (SC), and aleurone layers (AL) of kernels germinated for 5 days, respectively. 1 µg of poly(A)⁺ RNA was loaded in each lane except lanes for 5 and 10 day-old developing kernels where 3 µg of poly(A)⁺ RNA was loaded. Blots were hybridized with the random-primed pOGL1 insert DNA probe and washed to a final stringency of 0.2X SSC and 0.1% SDS at 65°C for 30 min.