

## F203

해너콩 (*Canavalia lineata*)의 Aspartate aminotransferase-2  
유전자의 구조와 발현

김 성 천\*, 안 정 선  
서울대학교 자연과학대학 생물학과

Aspartate aminotransferase (AAT)는 glutamate에서 oxaloacetate로 아미노기를 전이시켜 aspartate와  $\alpha$ -ketoglutarate를 합성하는 효소이고 다양한 동위효소로 존재하고 있다. 해너콩의 색소체에 존재하는 AAT는 다른 조직에 비해 뿌리혹에서 발현이 현저히 높았고, 뿌리혹의 발생단계 및 자엽에 빛을 조사함에 따라 발현이 증가함을 관찰할 수 있었다. 해너콩의 AAT-2 cDNA를 탐침으로 AAT-2 유전자를 분리하여 염기서열과 구조를 결정한 결과는 11 exon으로 구성된 유전자임을 확인할 수 있었다. cDNA 염기서열을 기초한 유전자의 phylogenetic analysis는 AAT 유전자를 5개의 그룹으로 나눌 수 있었고, 해너콩의 AAT-2 유전자는 색소체 동위효소 그룹에 포함되었고 대두의 AAT-2 유전자와 가장 인접하였다.

## F204

### SEQUENCE ANALYSIS OF SOYBEAN CTP:PHOSPHOCHOLINE CYTIDYLYL-TRANSFERASE cDNA

임미정, 한상우, 조성호  
인하대학교 이과대학 생물학과

The sequence of soybean CTP:phosphocholine cytidylyltransferase (CT; EC 2.7.7.15) cDNA was determined using polymerase chain reaction (PCR). Degenerate oligonucleotide primers were synthesized from the conserved region revealed from the rat CT cDNA sequence and the yeast genomic sequence. The overall catalytic domain region, determined with mammalian CT (Kalmar *et al.*, 1994, *Biochim. Biophys. Acta* 1219: 328-334), showed over 75% similarity with the rat and yeast sequence. The hydropathy profile revealed that the C-terminal non-catalytic portion of the protein was very hydrophilic, and in the region between the catalytic domain and the C-terminal region, there was a large amphipathic  $\alpha$ -helical domain, which was believed to bind the membrane surface in the active formation. In its structure the soybean cytidylyltransferase seems to be much like the mammalian cytidylyltransferase, suggesting that the regulation of the enzyme activity is also controlled by reversible translocation between the cytosol and the microsomal membranes.