

F823 Identification and Characterization of the Bidirectional Promoter of the Human DDX13 and RD Genes

Seong-Gene Lee* and Kyuyoung Song
Asan Institute for Life Sciences, Department of Biochemistry,
University of Ulsan College of Medicine, Seoul 138-040, Korea.

The human DDX13 and RD genes were found to be arranged in a head-to-head configuration in the class III MHC complex and their ATG start codons were separated by 745 base pairs. Northern blot analysis revealed that DDX13 and RD exhibit distinct patterns of steady-state expression among multiple human tissues. The common 740 bp intergenic region showed its promoter activity in the DDX13 direction only in transient transfection assays after fusion to the *cat* gene in either direction. However, constructs containing different segments of both genes revealed a region of 262 bp proximal to the DDX13 gene, which showed bidirectional promoter activity in HeLa and HepG2 cells. Because the common 740 bp intergenic region failed to show its promoter activity in the RD direction, it appeared that a negatively acting region for the RD gene was present within the region -267 to -744. Indeed, the 319 bp region (-423 to -744) showed inhibitory effect on reporter gene expression only when it was placed downstream from the promoter in the same polarity as the RD transcription.

F824 Isolation of novel genes expressed position-specifically in mouse embryo

유혜명*, 박태신, 설은영, 박형우, 김명희
연세대학교 의과대학 해부학교실

배자기에는 기관형성을 비롯한 극심한 형태학적 변화뿐 아니라 genetic level에 있어서도 발생에 관여하는 gene의 expression이 광범위하게 일어나는 시기이다. 실험동물로써 유용한 mouse에 있어서는 E8.5(day 8.5 post coitum) 시기에 기관형성을 시작하여 E14.5 정도가 되면 대부분의 기관이 완성되므로 기관형성이 일어나는 동안 발생에 관여하는 유전자를 분리하기 위해 E11.5 mouse embryo를 선택하여 실험을 수행하였다. 먼저 embryo를 전후축(anterior-posterior axis)에 따라 8등분한 다음 각 부위의 조직으로부터 RNA를 분리하여 differential display를 실시하였다. 그결과 발현양상이 embryo의 전후축을 따라 농도구배를 나타내거나 조직 혹은 A-P axis 상에서 위치특이적인 발현양상을 보이는 20여개의 band를 분리할 수 있었으며, 분리된 band는 cloning한 다음 sequencing하였다. 흥미롭게도 clone의 약 45%가 이미 발표된 발생 관련 유전자(*forkhead-1 gene*, *α -tropomyosin*, *Hoxd-11*, *sfrp-1* 등)와 동일하거나 매우 유사하였으며, 이들의 발현양상은 보고된 바와 일치하였다. 약 55%는 아직 밝혀지지 않은 novel gene임이 확인되었으며, 이들 clone 역시 각 부위별로 발현 양상의 차이를 보였다. 이상의 실험에서 분리된 novel gene은 앞으로 *in situ* hybridization을 통해 보다 정확한 발현 양상을 확인하고 library screening을 통해 full gene을 확보하고자 한다.