

## 멧누에 난각단백질 유전자(Hc)의 클로닝 및 구조해석

김종길<sup>1</sup>, 성승현<sup>2</sup>, 남해영<sup>2</sup>, 최지영<sup>1</sup>, 김삼은<sup>1</sup>, T. amura<sup>3</sup>, 박영민<sup>2</sup>, 서동상<sup>2</sup>

<sup>1</sup>농업과학기술원 잠사곤충부, <sup>2</sup>성균관대학교,

<sup>3</sup>일본 잠사곤충농업기술연구소

누에의 난각은 150종 이상의 단백질로 이루어져 있으며, 이를 coding하는 유전자는 집누에의 경우 2번 염색체에 superfamily로 이루어져 있으며, 난각형성 시 발현시기나 염기서열의 유사성으로 A, B, C, Hc-A, Hc-B로 구분된다. 멧누에의 경우 난각 구성단백질이 집누에와 뚜렷한 차이를 보이지만 분자 수준에서의 chorion 유전자의 구조해석은 되어 있지 않다. 따라서 본 연구에서는 한국산 멧누에에서 난각형성 시 최종적으로 발현되며, 구조나 강도에 중요한 역할을 담당하는 것으로 알려진 High cystein 단백질의 유전자(Hc gene)를 클로닝하고 그 구조를 해석하고자 하였다.

멧누에 Hc 유전자는 5' flanking 부위와 leader peptide, intron, N-arm, central domain, C-arm으로 구성되어 있으며, 그 크기와 구조는 집누에와 거의 동일하였다. 집누에 Hc 유전자의 consensus 서열과 비교해본 결과, Hc-A는 94.1%, Hc-B는 96.5%로 높은 상동성을 보였으며, Hc-A 유전자의 경우 intron을 제외한 부위들의 염기서열 divergence가 4% 미만으로 높은 상동성을 보였다. 한편 C-arm의 변이 부위에서 집누에는 (Cys-Gly-Gly)<sub>2</sub>-(Cys-Gly)<sub>2</sub>의 동일한 반복으로 구성되어 있는 반면 멧누에는 (Cys-Gly-Gly)-(Gly-Gly-Cys)-(Gly-Cys)-(Cys-Gly)으로 그 구조가 상이하였다. 또한 Hc-B의 경우 5' flanking 부위와 minor exon 부위의 divergence가 0.7~1.3%로 매우 낮았으며, 다른 부위는 Hc-A와 유사하였다.