

인삼(*Panax ginseng*)의 expansin 유전자 탐색 및 발현검정

충북대학교 : 유제민, 조남수, 권용필, 엄유리, 정찬문, 이이\*

Identification and Expression analysis of Expansin genes in *Panax ginseng*

Department of Industrial Plant Science & Technology, Chungbuk National University

Jemin Yu, Namsu Jo, Yongpil Gwon, Yurry Um, Chan-moon Chung, and Yi Lee\*

실험목적

세포신장관련 유전자인 expansin(EXP)을 인삼에서 탐색하고 그 유전자들의 발현량을 검정해보고자 본 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

○ 실험재료 및 실험방법

인삼(*Panax ginseng*)의 EST분석을 통하여 expansin 유전자 염기서열을 수집하였다. 수집된 염기서열을 이용하여 해당 유전자의 클론을 확보한 뒤 전장염기서열을 분석하였다. 각각의 염기서열을 이용하여 phylogenetic analysis를 수행하였다.

충북 괴산에서 4 년근 인삼을 수집하여 잎, 줄기, 뿌리, 종자(미숙, 완숙)에서 total RNA를 추출하였다. 인삼의 각 부위별 RNA로부터 cDNA를 합성하고 reverse transcript PCR 분석을 수행하였다.

실험결과 (Results)

- Database 에서 *Panax ginseng* 염기서열을 수집하였고, expansin 유전자를 검색하여 4 개의 EXPA, 1 개의 EXPB, 1 개의 EXLA 그리고 1 개의 EXLB를 선발하였다. 또한 이들의 full sequence를 분석하였다.
- 선발된 6 개의 expansin 유전자에 대하여 특이적인 PCR primer를 제작하였다.
- 4 년근 인삼의 잎, 줄기, 뿌리, 종자(미숙, 완숙)에서 total RNA를 추출하고 cDNA를 합성하였다. 그리고 합성된 cDNA를 이용하여 RT- PCR 분석하였다.
- 인삼의 부위별로 expansin 발현량을 검정한 결과 분석되지 않은 EXPB와 EXLA1을 제외한 4 개의 *PgEXPA* 유전자는 잎과 뿌리, 완숙종자에서 발현량이 높았고 *PgEXLB1* 유전자는 미숙종자에서 발현량이 가장 높은 것으로 분석되었다.

.....  
주저자 연락처: 이 이 E-mail : leeyi22@cbnu.ac.kr Tel : 043-261-3373

Table 1. Characteristic of expansin genes of *Panax ginseng*

Candidates	EST Clone Name	Gene Name	Nucleotide length (bp)	Protein length (Amino acids)	Full length
Expansin A	Pg05019E08	<i>PgEXPA1</i>	915	44	-
	Pg03042D07	<i>PgEXPA2</i>	762	122	-
	Pg02004H01	<i>PgEXPA3</i>	1376	258	○
	Pg02062D04	<i>PgEXPA4</i>	863	177	-
Expansin B	Pg06010A12	<i>PgEXPB1</i>	485	257	-
Expansin-like A	Pg03025B10	<i>PgEXLA1</i>	812	237	-
Expansin-like B	Pg07029G05	<i>PgEXLB1</i>	929	161	-

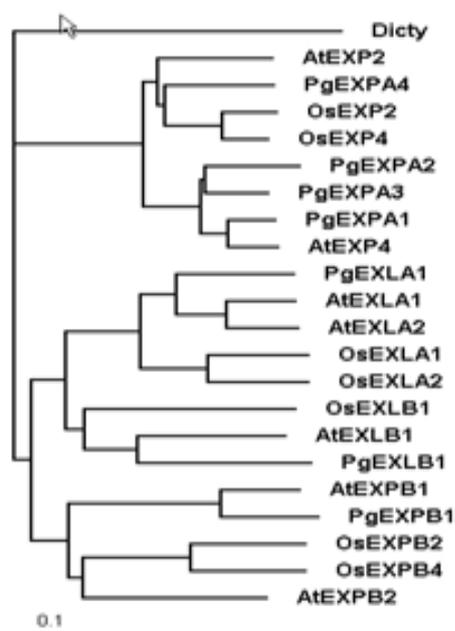


Fig. 1. Phylogenetic tree of *Panax ginseng* expansins.

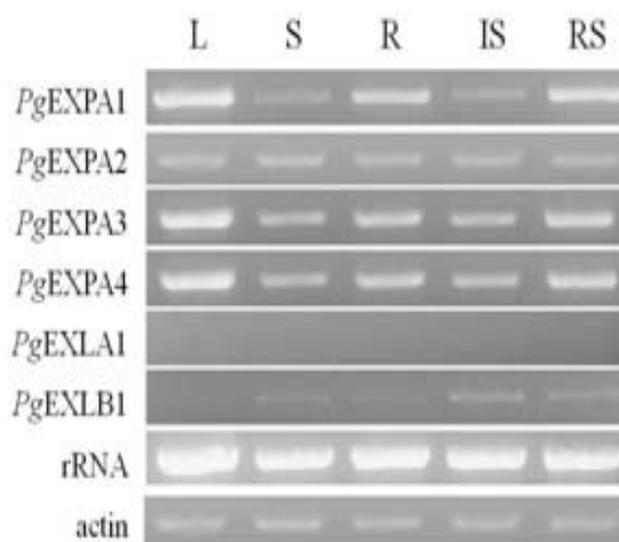


Fig. 2. Reverse transcript-PCR analysis of *Panax ginseng* expansin genes in leaf(L), stem(S), root(R), immature seed(IS) and ripe seed(RS).