

초어CD36접수체유전자(*cd36*)의 배열특성

장성훈, 김령봉

위대한 령도자 김정일동지께서는 다음과 같이 교시하시였다.

《나라의 과학기술을 세계적수준에 올려세우자면 발전된 과학기술을 받아들이는것과 함께 새로운 과학기술분야를 개척하고 그 성과를 인민경제에 적극 받아들여야 합니다.》

(《김정일선집》 증보판 제11권 138~139페이지)

포유동물에서 CD36접수체는 혈소판응집과 기름질대사, 각종 염증반응에 참가한다는 자료는 밝혀졌지만 비루스침입에 관여한다는 자료는 밝혀진것이 적다.

우리는 초어를 대상으로 하여 비루스침입에서 중요한 역할을 하는 *cd36*의 배열특성을 밝혔다.

재료와 방법

1) 실험에 리용한 프라이머

Vector NTI프로그램으로 다중배열상동성검색을 진행하고 보존된 배열영역에서 초어*cd36* cDNA보존된 배열을 증폭하기 위한 프라이머를 설계하였다.

초어*cd36* cDNA의 증폭에 리용한 프라이머는 다음과 같다.

정방향프라이머(*cd36*-1F): 5'-AGATAACTCCGTCTTTCGGGTCT-3'

역방향프라이머(*cd36*-1R): 5'-GCATGTTGAGCTGAAGCCTTTT-3'

2) cDNA배열의 분리

cd36-1F, *cd36*-1R프라이머를 리용하여 초어cDNA배열자료기로부터 *cd36* cDNA배열을 분리하였다.

3) 생명정보학적분석

핵산배열의 분석은 Vector NTI프로그램으로 진행하였다. 다음 분리된 배열이 초어*cd36* mRNA배열이 맞는가를 확정하기 위하여 BLAST분석을 진행하였다. 단백질의 기능영역에 대한 분석은 SMART와 TMHMM프로그램으로 하였다.

결과 및 론의

cd36-1F, *cd36*-1R프라이머를 리용하여 초어cDNA자료기로부터 분리한 초어*cd36*의 cDNA배열은 그림 1과 같다.

그 결과에 의하면 이 배열은 초어*cd36*의 열린읽기틀로서 그 크기는 1 395bp이며 이 배열에 의하여 암호화되는 단백질의 아미노산수는 464개이다.

그림 1에서 보면 이 유전자에는 번역시작코돈(ATG)과 중지코돈(TAA)이 있다.

ATG	GACA	ACTT	GAGAG	CAAC	GAAC	ACTAG	AGG	CAC	AGTAT	G	CAGT	G	CGTT	TAT	C	G	C	G	T	G	A	G	60
M	D	N	L	R	A	T	N	T	R	G	Q	Y	A	V	R	Y	R	A	E				20
ATA	ACT	CCG	TCT	TTT	CGG	TCT	CCG	GTG	TG	ATA	AA	C	GG	CAAT	C	CAG	T	CCT	CAAT	C	T	C	120
I	T	P	S	F	G	S	P	G	V	I	N	G	N	P	V	L	N	L	L				40
CT	CTA	CA	AC	CTT	CG	AT	CC	TG	GA	ACTT	AG	GA	ACTT	AC	ATA	AAT	TCC	CAG	GA	A	G	A	180
L	Y	N	L	R	S	L	E	L	R	N	L	H	N	S	Q	E	D	L	M				60
CT	CG	C	AC	CT	G	AC	G	CG	CG	CG	CAA	AT	G	C	G	C	G	T	C	A	T	C	240
L	A	P	D	A	P	P	K	C	A	L	I	T	G	A	V	L	G	A	L				80
AT	AG	CC	G	T	G	T	G	G	G	G	A	T	T	C	T	C	A	T	C	C	T	G	300
I	A	V	L	G	G	I	L	I	P	V	G	N	M	F	I	E	N	T	V				100
C	A	C	A	G	G	A	A	C	A	G	T	G	T	T	G	G	A	A	G	C	G	A	360
H	K	E	T	V	L	E	S	G	T	L	A	F	D	T	W	T	S	V	D				120
AT	AG	CA	AT	A	T	A	C	AG	G	C	AG	T	T	C	T	G	G	C	T	G	T	T	420
I	A	I	Y	R	Q	F	W	L	F	D	V	Q	N	P	D	E	I	V	S				140
CA	AG	G	G	G	C	CA	A	C	T	G	T	G	T	G	C	A	G	A	A	G	G	A	480
Q	G	A	K	P	V	L	V	Q	K	G	P	Y	T	Y	R	T	R	F	I				160
CC	CA	AA	AC	AA	AT	A	T	C	A	C	T	T	CA	A	T	G	A	A	C	T	T	C	540
P	K	T	N	I	T	F	N	D	N	F	T	V	S	F	V	L	P	A	G				180
G	C	C	A	T	C	T	T	T	G	A	C	T	G	G	C	A	T	G	T	C	A	G	600
A	I	F	E	P	G	M	S	V	G	T	E	E	D	I	F	T	S	L	N				200
TT	G	G	C	T	G	T	A	G	C	A	G	T	A	C	T	T	A	C	T	T	G	A	660
L	A	V	A	G	I	Y	G	L	L	D	H	K	L	A	N	L	I	F	Q				220
CG	C	T	A	T	G	A	T	G	C	C	A	C	A	C	T	T	C	C	A	G	A	C	720
R	Y	D	A	T	L	F	Q	N	R	T	V	K	E	L	L	W	G	Y	R				240
G	A	C	C	A	A	T	G	C	T	G	A	C	A	G	C	A	T	G	G	T	T	G	780
D	P	M	L	N	S	M	V	G	V	F	Y	P	Y	N	N	T	I	D	G				260
CC	A	T	A	C	A	C	T	G	T	G	T	T	C	A	G	G	C	A	A	A	A	G	840
P	Y	T	V	F	T	G	K	D	D	I	K	K	V	A	T	I	E	R	W				280
C	A	G	G	G	T	G	A	A	C	A	T	C	A	C	T	G	A	G	A	T	A	A	900
Q	G	E	T	S	L	S	Y	W	N	D	T	Y	C	N	K	I	N	G	T				300
G	A	T	G	G	T	T	C	T	T	T	C	A	C	C	G	T	T	C	T	A	C	T	960
D	G	S	S	F	H	P	F	L	D	K	K	K	P	L	Y	F	F	S	S				320
G	A	T	A	C	T	G	C	A	G	G	T	C	A	A	T	A	T	G	A	G	A	A	1020
D	I	C	R	S	I	S	A	K	Y	E	R	T	V	N	L	K	G	I	D				340
GT	G	T	A	T	C	G	T	A	C	A	T	G	T	T	G	C	T	G	T	G	A	C	1080
V	Y	R	Y	M	L	P	A	E	A	L	A	S	P	A	V	N	P	D	N				360
C	A	G	T	G	T	A	C	A	A	A	C	A	C	T	G	C	A	T	G	G	C	A	1140
Q	C	Y	C	T	N	T	V	I	T	K	N	C	T	M	A	G	L	L	D				380
AT	G	A	C	T	C	C	T	G	T	A	G	G	A	A	C	C	C	A	G	T	A	T	1200
M	T	P	C	R	G	T	P	V	F	I	S	L	P	H	F	L	Y	G	T				400
AG	T	G	A	T	C	T	C	G	T	C	C	A	G	G	C	A	A	T	G	A	A	T	1260
S	D	L	V	Q	A	M	T	G	L	N	P	N	F	D	E	H	S	I	F				420
GT	G	G	A	T	G	T	G	A	A	C	C	G	A	T	T	A	C	A	G	G	T	T	1320
V	D	V	E	P	I	T	G	F	T	L	R	F	A	K	R	L	Q	L	N				440
AT	G	C	T	G	T	A	C	G	G	C	C	A	T	C	G	T	G	T	A	A	A	C	1380
M	L	Y	G	P	S	A	D	I	V	Y	V	N	R	H	R	V	K	N	A				460
TGT	G	C	A	A	TTG	C	TAA															1395	
C	A	N	C	-																		464	

그림 1. 초어cd36의 핵산과 아미노산배열

네모칸으로 표시한것은 번역시작코돈인 ATG와 번역종지코돈인 TAA이다.

단백질배열은 강조체로 표시하였다.

SMART와 TMHMM프로그램으로 분석하면 초어CD36접수체유전자는 1개의 신호펩티드 배열(1-23aa)과 1개의 CD36도메인으로 이루어져있다.(그림 2)

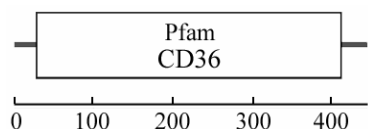


그림 2. 초어CD36접수체유전자의 도메인영역

포유류에서 CD36접수체는 여러가지 리간드를 인식하며 기능이 다양하다. CD36은 트롬보스폰딘의 접수체로서 이 분자와 결합하여 혈소판의 응집을 일으키며[1] 혈소판과 단핵세포, 종양세포와의 호상작용을 조절하는 작용을 한다.[2] 또한 산화저밀도기름질단백질의 접수체로서 기름질대사의 변화과정에서 중요한 작용을 한다.[3]

초어CD36접수체유전자가 포유동물의 Scarb1접수체와 같이 CD36도메인으로 이루어진 것은 이 유전자가 포유동물에서처럼 물고기에서 염증과 관련된 기능을 수행한다는것을 보여준다.

맺 는 말

1) 초어*cd36* cDNA배열에서 열린읽기틀의 크기는 1 395bp이며 464개의 아미노산을 암호화한다.

2) 초어CD36접수체유전자는 1개의 CD36도메인으로 이루어졌다.

참 고 문 헌

- [1] M. Febbraio et al.; Int. J. Biochem. Cell Biol., 39, 2012, 2007.
- [2] W. Roberts et al.; Blood, 116, 4297, 2010.
- [3] T. Morii et al.; Biomarkers, 14, 207, 2015.

주체107(2018)년 10월 5일 원고접수

Characterization of the Sequence of *cd36* Gene from Grass Carp, *Ctenopharyngodon idella*

Jang Song Hun, Kim Ryong Bong

Grass carp *cd36* gene's ORF consists of 1 395 nucleotides(nt), and encodes a protein composed 494 amino acids(aa). It has one *cd36* domain.

Key words: grass carp, *cd36*, pathogen challenge