

(05-1-24)

# Cloning and Functional analysis from Soybean (*Glycine max*)

Kyung-Mee Kim, Jee-Eun Heo, Jung-Haw Kang, Suk-Hee Ji, Dae-Kun Jin

Young-Seob Yang, Jai-Heon Lee<sup>1</sup>

Dept. of Plant Biotechnology, Dong-A University, Busan 604-714, Korea

## Objectives

Cloning of SLTI114 gene.

## Materials and Methods

### 1. Material

Plant – Glycine max. cv Sinpaldal 2

### 2. Methods:

mRNA isolation and cDNA synthesis, Suppression subtractive hybridization (SSH), Differential screening of low-temperature-inducible genes, northern blot analysis

## Results and Discussion

The complete cDNA sequence of SLTI114 consisted of 1,443 bp with a initiation codon at positions 102 and a termination codon at positions 1,259. A polyadenylation signal AATAAA occurred in the 3'-untranslated region at positions 1,418. The SLTI114 sequence had an open reading frame of 1,179 nucleotides which encodes 43.2 kDa polypeptide consisting 393 amino acid residues.

```

AAGACAGGAGGCTGAGTGTCTATGCTATATATATCTGCTGAGTGTATATTTAGAGGGC 90
AGGAGGCTTATAGAGCTGTAGAGATATATGATGAGATTAAGATGAGAGGCTGCTAGGTC 120
CATATTTATTTATTTACTTATTTCTTTCTGAGGATTTCTGAGGAGGCTGATGATTT 150
TTTCTGATTTGATTTGATTTATTTCTTTCTGAGGATTTCTGAGGAGGCTGATGATTT 180
TTTCTGATTTGATTTGATTTATTTCTTTCTGAGGATTTCTGAGGAGGCTGATGATTT 210
AAGATTTGATTTGATTTGATTTATTTCTTTCTGAGGATTTCTGAGGAGGCTGATGATTT 240
LGLLENNPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDPDP 270
AAGCTTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 300
TTAAGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 330
GAGGCTTTAAGCAATTTCTTTGAGGAGGATATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 360
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 390
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 420
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 450
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 480
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 510
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 540
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 570
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 600
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 630
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 660
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 690
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 720
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 750
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 780
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 810
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 840
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 870
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 900
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 930
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 960
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 990
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1020
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1050
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1080
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1110
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1140
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1170
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1200
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1230
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1260
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1290
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1320
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1350
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1380
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1410
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1440
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1470
TTTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1500

```

Fig. 1. Nucleotides and the deduced amino acid sequences of SLTI114 cDNA.

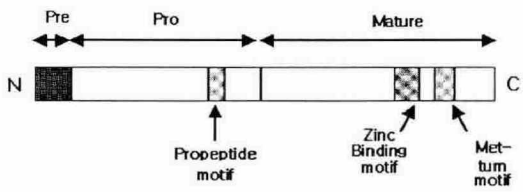


Fig. 2. Schematic presentation of the predicted SLTI114 protein showing the pre-pro-enzyme, which displays all of the hallmark motifs of MMPs, propeptide, zinc binding, and Met-turn motifs.

\*Corresponding author : Jai-Heon Lee, Tel : 051-200-7592, E-mail : jhnlee@dau.ac.kr