

치마버섯(*Schizophyllum commune*)으로부터 Aα mating locus의 분리 및 특성

박동철* · Charles P. Novotny¹ · Robert C. Ulrich² · 이갑득³ · 이갑랑

영남대학교 식품영양학과

Department of ¹Microbiology and ²Botany, University of Vermont

³동국대학교 화학과

Isolation and Characterization of Aα mating locus from *Schizophyllum commune*

Dong-Chul Park, Charles P. Novotny¹, Robert C. Ulrich²,
Kap-Duk Lee³ and Kap-Rang Lee

Dept. of Food & Nutrition, Yeungnam University, Kyongsan 712-749, Korea

Department of ¹Microbiology and ²Botany, University of Vermont, Burlington, VT05405, U.S.A.

³Dept. of Chemistry, Dongguk University, Kyongju 780-714, Korea

ABSTRACT: This study was carried out to isolate and characterize Aα mating locus controlling fruiting body formation directly in the Basidiomycete *Schizophyllum commune* growing in the North America. Total numbers of genomic library of *S. commune* UVM1-34 was about 2×10^4 cells. About 90% library was appeared to have about 35 kb inserted genome DNA in cosmid pTC20 vector. 6 clones were proved to have positive signal to probes within Z and Y region in colony and southern hybridization. In the mating activity test, all the 6 positive clones were appeared to have Aα3 mating activity although they had two different restriction patterns. pSC13 containing 5.7 Kb *Pst*I-fragment of UVM 1-34 Aα3 allele showed about 50% clamp cell formation indicating mating activity when cotransformation was done together with cosmid pTC20.

KEYWORDS: Basidiomycete, *Schizophyllum commune*, mating locus

담자균류중의 하나인 치마버섯(*Schizophyllum commune*)은 life cycle 동안에 homokaryon과 dikaryon으로 성장형태가 구분되며, 발아시에는 haploid spore가 homokaryon으로 되며 이를 homokaryon으로 유전적으로 다른 포자와 융합하여 dikaryon을 형성한다. 여기에서 mating loci는 2개의 homokaryon 간의 sexual compatibility를 결정한다(Fincham 등, 1979; Raper 등, 1983, 1974). 치마버섯은 실험실에서 쉽게 자실체를 유도할 수 있고, life cycle이 10-14 일로 비교적 짧기 때문에 유전분석이 용이한 model

system으로 선택되어 mating locus에 대한 연구가 집중적으로 이루어졌다(Giasson 등, 1989; Koltin 등, 1967; Rpaer 등, 1988, 1985; Specht 등, 1992; Stanakis 등, 1992, 1990; Ulrich 등, 1978). 그리고 현재는 Specht 등(1988)에 의해 형질전환 체계의 확립으로 분자생물학적인 연구가 쉽게 이루어지고 있으며, 발생중의 주요과정에 대한 세포 조직학적 및 유전적 연구는 Raper 등(1988, 1985)에 의하여 잘 연구 보고되어 있다. 또한 multiallele로 존재하는 4개의 Aα, Aβ, Ba 및 Bβ mating locus는 독특한 경로에 의해 조절되고 있는 것으로 알려져 있다(Ulrich 등, 1985). 이들 4개의 loci가 다른 유전자들을 조절하는 master

*Corresponding author

switch 역할을 어떻게 하는 가는 지금도 주요 관심사가 되고 있으며, 모두 59개로 추측되는 mating alleles에 대한 특성은 계속 연구중에 있다.

따라서 본 연구에서는 자실체 형성에 직접 관여하는 것으로 알려져 있는 Aα mating locus를 북미 지역에서 자생하는 종으로부터 분리하여 대륙간에 나타나는 유전적 특성을 고찰해 보고자 한다.

材料 및 方法

균주, plasmids 및 배지

본 실험에서 사용된 치마버섯은 University of

Table 1. List of *S. commune* strains

Strain	Genotype	Use
UVM 1-34	Aα3β20 Ba3β3	t
UVM 1-65	Aα3β5 Ba1βx	t
UVM 1-71	Aα3β1 Ba4β7	t
UVM 2-20	Aα4β1 Ba3β22	t
UVM 12-43	Aα3β5 Ba2β2 ural	t
UVM T1	Aα4β1 Ba2β2 trp1 ural	r
UVM T11	Aα4β1 Ba1β6 trp1 ural	r
UVM T22	Aα3β1 Ba2β2 trp1 ural	r

Aα, Aβ, Ba and Bβ mating type gene(numbers indicate specific alleles and x refers to an undetermined mating type); t, tester strain; r, recipient strain.

Vermont(U.S.A.)에 보존된 것을 사용하였으며 genomic library 제조에는 UVM 1-34가 이용되었다. 그리고 recipient와 test 균주에 대한 mating type 및 영양요구성은 Table 1에 나타내었다.

E. coli DH1α는 genomic library 제조시 host 균주로 사용되었으며, *E. coli* JM109는 recombinant phage의 증식과 일반적인 plasmid 조제에 사용되었다. *E. coli* DH5α는 주로 subcloning의 host 균주로, 그리고 pTC20 cosmid는 library 제조에 사용되었고, 그외의 plasmid는 subcloning 등에 사용되었으며, 이들의 genotype은 Table 2에 나타내었다.

균사의 배양과 mating test, 그리고 Trp1⁺ transformants의 선발에는 CYM 배지(0.5 g MgSO₄·7H₂O, 0.46 g KH₂PO₄, 1.0 g K₂HPO₄, 2.0 g Bacto-Pep-tone, 2.0 g Bacto-Yeast Extract, 20 g Dextrose per liter)를 사용했으며, trp1 recipient와 tester 균주를 사용할 때는 tryptophan을 최종농도 0.8 g/l로 첨가한 CYMT 배지를 사용했다. *E. coli*의 배양에는 LB, 2 YT 배지를 사용했으며, 필요에 따라 ampicillin을 50-100 µg/ml로 첨가하여 사용하였다.

균사 배양 및 자실체 유도

치마버섯 균사의 배양은 Raper 등(1974)이 사용한 CYM 배지를 사용하였으며 필요에 따라 agar를 첨가하였다. 자실체 유도는 다른 mating type allele을 가지는 colony를 절단하여 CYM 혹은 CYMT 한천 배지에 약 5 mm 간격으로 배양시켜, 약 2-3일 후에

Table 2. List of *Escherichia coli* strains and plasmids

Strains & plasmids	Genotype	Source
DH1α	supE, hsdR ⁻ , recA1, endA1, gyrA96, thiA1, relA1	Novotony
DH5α	F ⁻ , endA1, hsdR17(r ⁻ k, m ⁺ k), sup44, thi-1, λ ⁻ , recA1, gyrA96, relA1, △(argF-laczya)169, a80 lacZ△M15	GIBCOBRL
JM109	recA1, supE44, endA1, hsdR17, gyrA96, relA1, thi△(lac-proAB)	Promega
pTC20	Amp ^r , TRP1 ⁺ , cos	C. Specht
pBluescriptII KS(+)	Amp ^r	STRATGENE
pGEM7	Amp ^r	Promega
pSC13	Amp ^r	This work
pSCE1	Amp ^r	This work
pSCE2	Amp ^r	This work

fusion으로 일어난 dikaryon을 현미경으로 관찰하여 clamp cell의 형성을 확인하고, 약 10-14일 정도 더 배양시켜 자실체의 형성을 확인한 후 4°C에 보관하였다.

균사로부터 chromosomal DNA 제조

Genomic library 제조에 쓰여진 UVM 1-34의 chromosomal DNA는 Specht 등(1982)의 방법에 따라 추출하였다. DNA 정제를 위해 CsCl-gradient를 수행하였으며, 60,000 rpm에서 6시간 원심분리 후 DNA band를 syringe로 추출하여, EtBr을 제거 후 투석하여 농도를 확인하고, -20°C에 보관하였다.

Genomic library 제조

Genomic library는 STRATGENE의 GIGAPACK II PACKAGING EXTRACT kit를 사용하여 제조되었으며, 약 200 kb의 chromosomal DNA를 *Sau3AI*으로 처리하여 약 30-40 kb 크기만을 이용하였으며, Vector와 Host cell로는 pTC20 cosmid와 *E. coli* DH1 α 를 각각 사용하였다.

Hybridization

Colony hybridization은 사용된 GB003 S & S Nytran membrane 제조사인 Schleicher & Schuell 사의 방법에 준하였으며, Southern hybridization은 ICN의 Biotrans™ Nylone membrane을 사용하여 Maniatis 등(1982)의 방법에 따라 수행하였다. Hybridization에는 32 P-oligolabeled DNA를 probe로 사용하여 약 10⁶ cpm/ml 정도로 첨가하였다. Probe는 Pharmacia LKB의 oligolabeling kit의 방법에 준하여 제조하였다.

Protoplast 제조 및 transformation

치마버섯의 protoplast 제조는 Munoz-Rivas 등(1986)의 방법에 따라 균사를 waring blender로 마쇄시킨 다음, 100 ml CYM 액체배지에 접종하여 30°C, 250 rpm으로 약 48시간 배양시킨 후, 다시 1분 정도 마쇄시켜, 9시간 더 진탕배양시켜 사용하였다. 집균된 protoplast 100 μ l 당 1 ml의 1 M sorbitol과 50 μ l의 1 M CaCl₂를 첨가하여 hemocytometer로 protoplast의 수를 계산하고, 최종 cell의 농도를 1-5 \times 10⁸ protoplasts/ml로 하여 얼음속에 보관하였다.

분리된 mating locus의 activity를 확인하기 위한 transformation은 Specht 등(1988)의 방법에 따라 주로 tryptophan 영양요구주로 만든 protoplast를 반응당 1-3 \times 10⁷ cells 씩 사용하였으며, 30°C에서 2-3일 배양 후에 나타나는 균사 colony들로 mating test를 실시하였다.

결과 및考察

치마버섯 Genome의 Aa locus 검정

UVM1-34 균주의 genomic DNA내에 Aa3 allele의

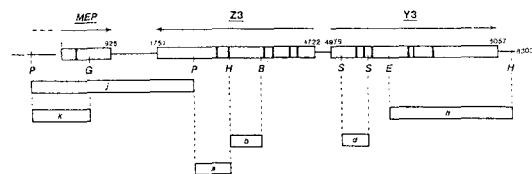


Fig. 1. Restriction map of UVM1-71 Aa3 allele. P, *PstI*; G, *BglII*; H, *HindIII*; B, *BamHI*; S, *Sall*; E, *EcoRI*. Arrows indicate the direction of transcription. MEP partially encodes a putative methalloendopeptidase. Genes Z3 and Y3 are shown with putative exons(open boxes), and introns(shaded boxes). Nucleotide positions specify the beginning and end of DNA sequenced(left-to right). Boxes a-k is fragments used in probe preparation(Mary et al., 1992).

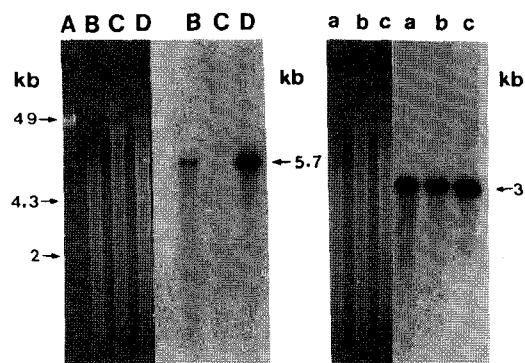


Fig. 2. Southern analysis of *S. commune* chromosomal DNA probed with 'k' and 'a' fragments. The chromosomal DNA was digested with *PstI* completely. Lane A: λ -*HindIII* DNA size marker, lane B, a: UVM 1-71, lane C, b: UVM 1-65, lane D, c: UVM 1-34

확인을 위하여 Southern hybridization을 수행하였다. Probe DNA는 Specht 등(1992)이 남미자생의 UVM 1-71 균주로부터 분리한 Aa3 allele locus 내의 단편들을 사용하였다(Fig. 1). 그 결과 Fig. 2에서처럼 'a' probe에 대해서는 약 5.7 kb 부근에, 그리고 'k' probe에 대해서는 약 3 kb 부근에 signal을 나타내었다. Stankis 등(1992)이 행한 1-71 균주의 Aa3 allele의 sequence에서는 Aa1에서 Aa9까지의 allele에 대해 모두 mating activity를 가지는 5,733 bp 단편과 비교할 때 1-34 균주에서도 거의 같은 genome 크기의 Aa allele를 가지고 있음을 알 수 있었으며, 같은 Aa3 allele를 가지는 1-65(Aa3 β 5 Ba1 β x) strain의 PstI-digested chromosomal DNA에 대해서는 signal이 전혀 나타나지 않았다. 이 같은 결과는 유럽 지역의 England(Knole park)에서 채취된 1-65 균주의 Aa3 allele이 남미 Brazil에서 채취된 1-71 strain의 Aa3 allele locus와 homology가 없는 것으로 추측된다. 그리고 'k' probe에 대해서 모두 같은 크기의 signal을 나타내는 것을 볼 때 공통의 MEP 유전자를 발현하고 있는 것으로 사료된다. 치마버섯에서 나타나는 MEP 유전자내의 TLFHEMGHAM peptide 배열은 전형적인 Zink-dependent metalloendopeptidase의 active site 임이 암시되고 있지만,

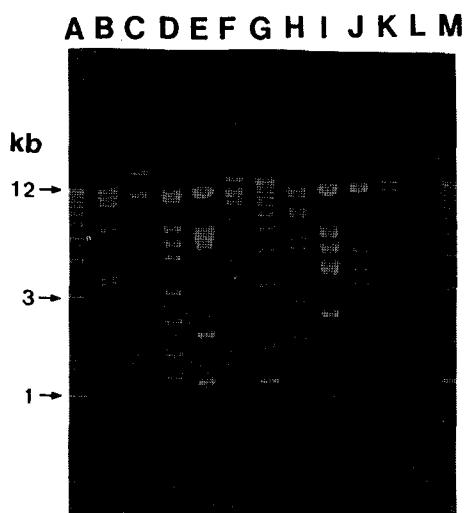


Fig. 3. Electrophoretic analysis of UVM 1-34 genomic library. Cosmid DNAs were digested with EcoRI completely. Lane A, G, M: 1 kb ladder DNA, lane B-F, H-L: Cosmid library DNAs

MEP locus가 Aa locus를 어떻게 조절하는 가는 아직 밝혀지지 않고 있다.

UVM 1-34 균주의 genomic library 동정 및 colony hybridization

제조된 library의 Insert genome 크기를 분석하기 위하여 무작위 10개 colony에 대한 DNA 분석한 결과, Fig. 3에서처럼 평균 약 35 kb의 Inserted DNA를 함유하고 있는 것으로 확인되었다. 'a', 'd' Probe로서 약 1×10^4 개의 colony에 대한 검정 결과 probe 'a'에 대해 signal을 나타내는 1개 clone과 보다 약한 signal을 띠는 2개 clone을 얻었으며, 순수한 clone 분리를 위해 다시 'd' probe를 사용한 결과 약 60%가 두 probe에 대해 positive signal을 나타냄을 확인하였다.

이 중에서 probe 'a', 'd'에 강한 signal을 띠는 6개의 순수한 colony를 임의로 다시 선정하여 cosmid DNA를 추출하여 제한효소형을 확인한 결과, Fig. 4에서처럼 2가지의 제한효소형이 나타남으로서 서로 다른 flanking region을 지니고 있음을 알 수 있었다.

UVM 1-34 Aa3 allele clones에 대한 southern hybridization

제한효소형이 같은 clone 중에서 2개를 선정하여 MEP region의 'k' 와 Z 부위의 probe 'a'를 사용한 결과 2가지형의 clone 모두 강한 signal을 나타내

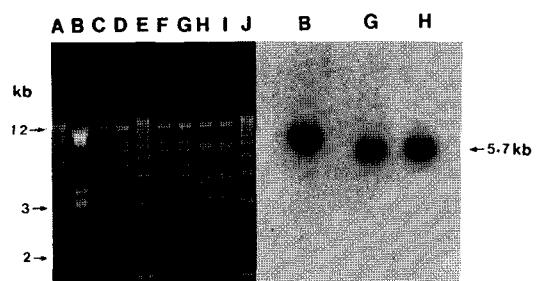


Fig. 4. Southern analysis of UVM 1-34 Aa3 alleles probed with 'b' fragment. Cosmid DNAs were digested with PstI completely. Lane A, E, J: 1 kb ladder DNA, lane B: UVM 1-71 Aa3 cosmid, lane C: No.2, lane D: No.6, lane F: No.13, lane G: No.16, lane H: No.18, lane I: No.20

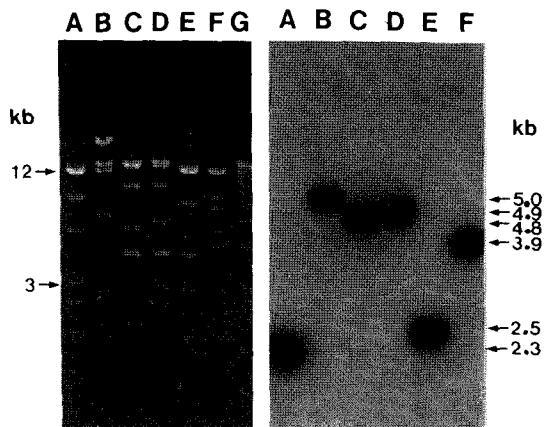


Fig. 5. Southern analysis of cloned 1-34 A α 3 allele (No.13) probed with 'h' fragment. Cosmid DNA was digested with 3 restriction enzymes completely.
Lane A: *Hind*III/*Eco*RI, lane B: *Hind*III, lane C: *Bam*HI/*Hind*III, lane D: *Bam*HI, lane E: *Eco*RI/*Bam*HI, lane F: *Eco*RI, lane G: 1 kb ladder DNA
Lane A, b: No.13-*Eco*RI, lane c: No.13-*Eco*RI/*Bam*HI, lane d: No.13-*Bam*HI, lane e: No.13-*Bam*HI/*Hind*III, lane f: No.13-*Hind*III, lane g: No.13-*Hind*III/*Eco*RI

Table 3. Fraction of A α ^a transformants/TRP⁺ transformants obtained with three recipients each carrying 6 A α 3 allele clones.

Putative alleles carried by cosmid	A α ^a allele of recipient cells		
	UVM T1	UVM T11	UVM T22
pTC 20 cosmid	0/10 ^b	0/10	0/10
17C cosmid	6/10	4/10	0/10
No. 2	6/10	8/10	0/10
No. 6	6/10	6/10	0/10
No. 13	6/10	10/10	0/10
No. 16	4/10	4/10	0/10
No. 18	0/10	8/10	0/10
No. 20	4/10	7/10	0/10

A α ^a transformants produced hook cells and mated with strains carrying the same A α and A β alleles as the recipient. ^bRatio of A α to trp⁺ transformants

었다. 이들 중 한개 clone에 대해서 probe 'h'를 사용하여 확인한 결과, Fig. 5에서처럼 모두 강한 signal을 볼 수 있었으며, 이로서 거의 완전한 mating locus를 함유하고 있음을 추측할 수 있었다.

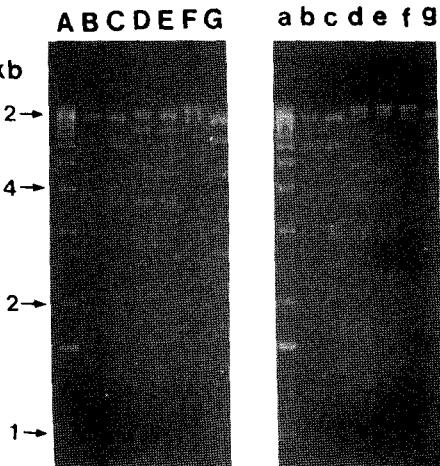


Fig. 6. Electrophoretic patterns of UVM 1-34 A α 3 cosmid clone No.13, 18 digested with restriction enzymes.
Lane A, a: 1 kb ladder DNA, lane B: No.13-*Eco*RI, lane c: No.13-*Eco*RI/*Bam*HI, lane d: No.13-*Bam*HI, lane e: No.13-*Bam*HI/*Hind*III, lane f: No.13-*Hind*III, lane g: No.13-*Hind*III/*Eco*RI

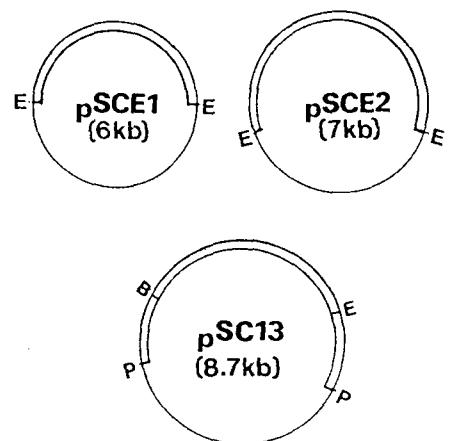


Fig. 7. Physical map of subclones from UVM 1-34 A α 3 cosmid clone (No.13). The thick line indicates for the *S. commune* genomic DNA and the thin line for pBluescriptII KS(+). E, *Eco*RI; P, *Pst*I; B, *Bam*HI

UVF 1-34 A α 3 allele clone의 Mating test

Colony hybridization에서 얻은 모든 6개 clone의

cosmid DNA로 transformation 시켜 CYM 배지에서 성장하는 trp^+ transformants로서 mating test를 실시한 결과, Table 3에서처럼 clone 모두가 mating activity를 가지고 있음을 알 수 있었다. 이러한 결과는 Fig. 4에서처럼 두 가지의 다른 제한효소형을 가지면서 Z3 내의 probe에 대하여 같은 signal을 공통으로 가지는 결과와 비교해 볼 때, 같은 mating activity를 나타내는 locus들이 존재할 것으로 사료된다.

UVM 1-34 Aa3 allele clones의 제한효소형 및 mating activity region 확인

Mating test에서 선정된 두 개의 clone(No.13, 18)에 대한 제한효소형은 Fig. 6에 나타난 바와 같으며, Fig. 7에서는 No.13으로부터 Aa mating locus를 포함할 것으로 추측되는 3 kb(pSCE1), 4 kb(pSCE2), 5.7 kb(pSC13) 단편을 pBluescript II KS(+)에 subcloning 시켜 모식도로 나타내었다. 이들 3 개의 clone들 중 Z, Y region이 함유하는 pSC13 DNA로서 pTC20 cosmid와 함께 cotransformation을 시켜 mating test를 한 결과, 약 50%의 mating activity를 가지는 것으로 나타났다.

概要

본 연구는 고등균류 중 담자균류에 속하는 치마버섯에 있어 자실체 형성을 직접적으로 조절하는 mating locus의 분리 및 특성을 규명하고자 하였다. 북미 자생의 치마버섯 UVM 1-34 균주로부터 Aa3 allele 분리를 위하여 만든 genomic library의 전체 숫자는 약 2×10^4 cells로서 이중 약 90%가 약 35 kb의 inserted DNA를 가진 것으로 나타났으며, colony 및 southern hybridization을 통해 얻은 6 개의 clone 모두가 mating activity를 나타내었다. 이 중에서 1 개 clone을 선정하여 남미 자생의 UVM 1-71 Aa3 allele의 Z, Y region을 포함하는 5.7 kb의 단편을 pBluescript II KS(+)에 subcloning 시켜 trp^+ gene 함유의 pTC20 cosmid와 함께 cotransformation 시킨 결과 약 50%의 clamp cell 형성을 보임으로서 이 clone의 mating activity를 가지는 것으로 나타났다.

参考文献

- Fincham J. R. S., P. R. Day, A. Radford, 1979, "Fungal Genetics" 4th Ed. University of California Press. Berkeley.
- Giasson L., C. A. Specht, C. Milgrim, C. P. Novotny, and R. C. Ullrich, 1989, Cloning and comparison of Aa mating-type alleles of the Basidiomycete *Schizophyllum commune*. *Mol. Gen. Genet.* **218**: 72-77.
- Koltin Y., J. R. Raper and G. Simchen, 1967, Genetic structure of the compatibility factors of *Schizophyllum commune*: The B factor. *Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.*, **57**: 55-62.
- Maniatis T., E. F. Fritsch, J. Sambrook, 1982, Molecular cloning, A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, New York.
- Munoz-Rivas A. M., C. A. Specht, B. J. Drummond, E. Froeliger, C. P. Novotny, and R. C. Ullrich, 1986, Transformation of the basidiomycete, *Schizophyllum commune*. *Mol. Gen. Genet.* **205**: 103-106.
- Raper, C. A., 1988, *Schizophyllum commune*, A model for genetic studies of the basidiomycotina, In Advances in Plant Pathology, **6**: 511-522.
- Raper C. A., 1985, B-mating-type genes influence survival of nuclei separated from heterokaryons of *Schizophyllum*, Experimental Mycology, **9**: 149-160.
- Raper C. A., 1983, Controls for development and differentiation of the dikaryon in basidiomycetes. In: "Secondary Metabolism and Differentiation in Fungi". pp. 195-238 Marcel Dekker, Inc., New York.
- Raper, J. R., and R. M. Hoffman, 1974, *Schizophyllum commune*. In: King RC(ed) Handbook of genetics. Plenum, Press New York, pp. 597-626.
- Specht C. A., M. M. Stankis, L. Giasson, Charles P. Novotny and Robert C. Ullrich, 1992, Functional analysis of the homeodomain-related proteins of the Aa locus of *Schizophyllum commune*, Proc. Natl. Acad. Sci., USA, **89**: 7174-7178.
- Specht C. A., A. Munoz-Rivas, C. P. Novotny, and R. C. Ullrich, 1988, Transformation of *Schizophyllum commune*: an analysis of parameters for improving transformation frequencies. *Exp. Mycol.* **12**: 357-366.
- Specht C. A., C. C. Diruso, C. P. Novotny, and R. C. Ullrich, 1982, A method for extracting high-molecular weight deoxyribonucleic acid from fungi.

Anal. Biochem. **119**: 158-163.

Stankis M. M., C. A. Specht, Huiling Yang, Luc Giasson, R. C. Ullrich, C. P. Novotny, 1992, The A α mating locus of *Schizophyllum commune* encodes two dissimilar multiallelic homeodomain protein, *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, **89**: 7169-7173.

Stankis M. M., C. A. Specht, and L. Giasson, 1990, Sexual incompatibility in *Schizophyllum commune* from classical genetics to a molecular view. *Sem.*

Dev. Biol. **1**: 195-206.

Ullrich R. C., C. P. Novotny, C. A. Specht, E. H. Froeliger and A. M. Munoz-Rivas, 1985, Transforming basidiomycetes. In 'Molecular Genetics of Filamentous Fungi', Alan R. Liss Inc. pp. 39-54.

Ullrich, R. C., 1978, On the regulation of gene expression: incompatibility in *Schizophyllum*, *Genetics* **88**: 709-722.