

【論文】

Identification, characterization and expression of the second glucoamylase gene from *Pholiota microspora*

Gang ZHU<sup>1)</sup>, Jianing WAN<sup>2)</sup>, Mirai HAYASHI<sup>2)</sup>, Norihiro SHIMOMURA<sup>2)</sup>, Takeshi YAMAGUCHI<sup>2)</sup> and Tadanori AIMI<sup>2)\*</sup>

<sup>1)</sup> The United Graduate School of Agricultural Sciences, Tottori University, 4-101 Koyama-cho Minami, Tottori-shi, Tottori 680-8553, Japan

<sup>2)</sup> Faculty of Agriculture, Tottori University, 4-101 Koyama-cho Minami, Tottori-shi, Tottori 680-8553, Japan

(Received 29 January 2016 / Accepted 26 May 2016)

[Abstract]

The glucoamylase 1 gene (*PnGlu1*) from the saprophytic fungus *Pholiota microspora* has been previously cloned and characterized. In this study, a second glucoamylase gene (*PnGlu2*), 1719 bp long and encoding 573 amino acids, was identified in the *P. microspora* genome. *PnGlu1* and *PnGlu2* show 70% amino acid identity. Transcriptional analyses showed that *PnGlu1* and *PnGlu2* expression in minimal media containing different carbon sources are far lower than that in sawdust medium. In sawdust medium, transcription level of *PnGlu1* is high in vegetative dikaryotic mycelia and that of *PnGlu2* is high in primordia and at the fruiting body stage. These data suggested that the two glucoamylase gene *PnGlu1* and *PnGlu2* may be differentially regulated in each developmental stage such as mycelial growth and fruiting body formation.

**Key words:** Fruiting body formation, Glucoamylase, *Pholiota microspora*, qRT-PCR

[摘要]

腐生性きのこであるナメコ *Pholiota microspora* のグルコアミラーゼ 1 遺伝子 (*PnGlu1*) は、以前、同定されその性質が調べられた。本研究では、2 つ目の全長 1719 bp で、573 アミノ酸をコードしたグルコアミラーゼ遺伝子 (*PnGlu2*) をナメコゲノム中から同定した。*PnGlu1* と *PnGlu2* は、70%のアミノ酸の同一性を示した。転写解析を行ったところ、異なる炭素源を加えた最少培地中での *PnGlu1* and *PnGlu2* の発現は、鋸屑培地中での発現量よりとても少なかった。鋸屑培地中では、*PnGlu1* の転写レベルは菌糸体で高く、*PnGlu2* の転写量は子実体原基や子実体で高かった。これらのデータは、2 つのグルコアミラーゼ遺伝子 *PnGlu1* 及び *PnGlu2* は、菌糸体増殖と子実体発生の様にそれぞれの発達段階において発現する様、異なった制御をされているものと推察された。