

F303

*Saccharomyces cerevisiae*에서 상보성으로  
*Phaffia rhodozyma* TRP1 유전자 클로닝

전 순 배, 박 종 천<sup>1</sup>, 배 석, 서 국 헌  
전남대학교 자연대 미생물학과, <sup>1</sup> 서남대 생물학과

*Phaffia rhodozyma* genomic library를 Yep352 벡터에 제조하여 *S. cerevisiae* SHY3 TRP1 돌연변이체에 상보성인 균체 2개를 얻어 이들로부터 분리한 재조합 플라스미드에 들어있는 삽입체들은 각각 약 3.8 kb와 9 kb이었다. 이들 삽입체에서 1.6kb의 BamH1-DraI 절편은 두 삽입체에 공통적이었으며, *S. cerevisiae* TRP1 유전자에 상보성을 보여주었다. 또 이들 절편은 *Phaffia rhodozyma*에서 유래되었음을 Southern hybridization으로 확인하였다.

F304

Transcriptional regulation of the expression of *SPP2*  
gene from *Saccharomyces cerevisiae*

권 효남\*, 김 동화, 김 경훈  
강원대학교 자연과학대학 생물학과

To unveil the mechanism of transcriptional control of *SPP2* gene involved in pre-mRNA splicing of the budding yeast *Saccharomyces cerevisiae*, a DNA fragment of 1.9 kb which contains a portion of the *SPP2* structural gene and 5' upstream regulating region of the *SPP2* was fused to the *E. coli lacZ* reporter gene to generate an *SPP2-lacZ* fusion plasmid, pKW115 $\alpha$ . Using Bal31 enzyme, we obtained a series of deletion derivatives of pKW115 $\alpha$ , in which 5' upstream regulating region of the *SPP2* is progressively shortened from the 5' end. Then, these deletion derivatives were introduced into a yeast strain, and the  $\beta$ -galactosidase activities expressed from the derivatives were measured to identify positive- or negative-*cis* acting elements. We have also determined the base sequences of the 5' upstream region of the *SPP2* gene.