

H203

IL-2 gene expression in *Agrobacterium* transformed potato (*Solanum tuberosum* cv. Superior)

박윤경*, 표병식¹, 정현숙

조선대학교 자연과학대학 유전공학과, ¹동신대학교 산업대학 식품영양학과

In order to establish the system of potato transformation and regeneration, potato was transformed using *agrobacterium* harboring β -glucuronidase(GUS) gene and an interleukin-2 (IL-2) gene. Briefly culturing the potato explants which were infected with *A. tumefaciens*, calli were observed at the cutedges of tuber discs and stem segments. They were then transferred to MS medium containing 200mg/L kanamycin and transformed shoots formed roots.

Southern analysis indicated the transformation was successful and IL-2 transformants grew more swiftly than GUS transformants and untransformed controls. This phenotypic expression may help to understand the functions of interleukin-2 in plants.

H204

사과의 분자 육종을 위한 유전자원의 개발

성순기, 채수진, 이승아, 안진홍

포항공과대학교 생명과학과

사과에서 유용한 유전자원을 개발하기 위해 후지 사과의 화아, 잎, 암술, 수술, 꽃잎, 꽃받침으로 부터 mRNA를 분리하여 각각의 cDNA library를 제조하였다. 이 library들의 전체 pfu는 약 $1-11 \times 10^6$ pfu 였고, 평균 insert size는 0.8-1.4 kb 이었다. 암술의 cDNA library로 부터 자가 불화합에 관여하는 유전자(SI gene)를 cloning하여 이들의 염기서열을 확인한 바, 후지 사과의 S alleles는 약 1 kb의 S9과 약 1 kb의 S2 또는 S3로 추정되었다. 한편 화아의 cDNA library로 부터 개화 시기의 조절에 관여하는 유전자를 cloning하기 위해 벼의 OsMADS1 유전자를 probe로 한 screening에서 5' untranslated 부위와 poly A tail을 포함하는 3개의 유전자가 cloning 되었다. 이 유전자들은 약 1.1-1.2 kb의 크기로 염기서열 분석을 통한 아미노산의 비교에서 MADS 유전자의 conserved region을 지니고 있음이 확인되었다.