

(05-1-03)

## ***Agrobacterium* 공동배양을 통한 무 형질전환**

조미애<sup>1</sup>, 송운미<sup>1</sup>, 박운옥<sup>1</sup>, 조성웅<sup>1</sup>, 민성란<sup>2</sup>, 유장렬<sup>2</sup>, 최필선<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>유진텍부설연구소, <sup>2</sup>한국생명공학연구원, <sup>3</sup>남부대학교 생약자원학과

### 목적

국내 주요 근채류 채소작물인 무에서 *Agrobacterium* 공동배양법으로 안정적 형질전환 시스템을 확립 하였기에 보고하고자 한다

### 재료 및 방법

재료 : 진주 대평무의 배축 절편, 방법 : *Agrobacterium*- mediated transformation, GUS assay, southern blot 분석 (*Agrobacterium* strain : GV3101, LBA4404, EHA101, vector : pCAMBIA1301, pPTN290)

### 결과 및 고찰

현재까지 무의 형질전환방법은 floral-dip 방법에 의해 보고 되어 있을 뿐 (Nam et al., 2001), *Agrobacterium* 공동배양방법으로 보고된 바 없다. 무 배축을 GV3101 (pCAMBIA1301), LBA4404 (pCAMBIA1301) 및 EHA101(pPTN290)균주와 공동배양 한 후 Hygromycin 또는 paromomycin 이 첨가된 배지에서 2 주 간격으로 계대 배양하면서 선발하였다. 배양 8 주 후 절편으로부터 형성된 putative shoot 를 신장배지에 옮겨 형질전환체를 얻을 수 있었다. 균주별로는 GV3101(0.04%), LBA4404(0.00%) 및 EHA101(0.18%)로 균주 간 형질전환율에 차이가 있었으며, hygromycin 첨가배지보다는 paromomycin 첨가배지에서 높은 형질전환율을 보였다. 따라서 *Agrobacterium* 공동배양법에 의한 무 형질전환에서는 EHA101 균주와 선발마커로서는 NPT II 유전자를 이용하는 것이 더욱 효과적임을 알 수 있었다.

