

결정하는 determination time을 조사하기 위하여 auxin계 식물생장조절물질인 NAA와 cytokinin계인 benzyladenine(BA)을 단독 또는 혼용 처리하여 묘조, 부정근, 모용 및 캘러스 형성 양상을 조사한 다음, 적정 농도의 NAA와 BA에서 묘조, 부정근, 모용 및 캘러스 형성이 결정되는 시간을 조사하였다. 0.05 mg/L NAA와 25 mg/L BA 혼용 처리구에서 약 12개로 가장 많은 묘조가 형성되었으며, 이러한 혼용처리구에서 묘조, 부정근, 모용 및 캘러스가 형성되었으나 0~100 mg/L NAA 단독 처리시에는 부정근, 모용, 그리고 캘러스를 단독 또는 중복으로 관찰할 수 있었다. 저농도의 NAA가 부정근 형성을 촉진하다가 농도가 증가하면서 부정근이 짧아지면서 모용을 형성하였으며, 고농도 NAA 처리시 캘러스가 형성되었다. 모용은 부정근이나 캘러스 유도 과정에서 식물생장조절물질의 조합에 따라 다양하게 나타나 20 mg/L NAA에서 가장 많은 유도를 보였으며, 캘러스는 NAA의 농도가 증가함에 따라 유도되기 시작하여 100 mg/L NAA에서 가장 많은 형성을 보였다. 한편, 기관 형성 시간인 determination time은 NAA와 BA 혼용처리에 의한 묘조 형성에는 14일이었으며, 부정근의 경우는 4일, 모용은 6일, 캘러스는 18일로 나타났다.

D202 강원도 자생

패랭이꽃(*Dianthus*)속의 수집, 분류 및 화훼품종화

김준철, 장미영*, 이우철
강원대학교 생명과학부

패랭이꽃(*Dianthus*)속은 석죽과(Caryophyllaceae)에 속하는 다년생 식물로서, 대개 낮은 지대의 산과 들에서 자라는 식생을 갖고 있었다. 본 연구는 패랭이꽃속을 기내배양하여 형질개량에 응용하기 위한 전단계로서, 기내(*in vitro*)에서의 안정된 식물체 육성과 캘러스를 유도하여 패랭이꽃속의 화훼품종화를 위해 패랭이꽃속의 기내배양체의 특성을 밝히고자 하였다. 강원도 분포 패랭이꽃속은 춘천과 고성에서 *D. chinensis*와 *D. superbus*의 집단 서식지가 발견되었으며, 구름패랭이, 갯패랭이, 섬패랭이꽃, *D. alpinus*, *D. anatolicus*, *D. arenarius*, *D. amurensis*, *D. barbatus*, *D. caryophyllus*, *D. deltoides*, *D. gratianopl*, *D. myrtinervius*, *D. monspessulanus*, *D. nardiformis*, *D.*

*plumarius*로 현재까지가 17종이 확보되어 기내배양식물로 육성하였다. *D. alpinus*, *D. arenarius*, *D. deltoides*, *D. myrtinervius*, *D. plumarius*의 옆조직으로 부터 캘러스유도는 2,4-D가 첨가된 MS 배지에서 양호하였고, *D. deltoides*, *D. myrtinervius*에서 유도된 배발생캘러스는 $21.5 \text{ E.m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ 의 광조건, 2,4-D가 2.0 mg/L 첨가된 MS 배지에서 비교적 잘 증식하였다. *D. superbus*, *D. alpinus*, *D. arenarius*, *D. barbatus*, *D. deltoides*, *D. plumarius*, *D. myrtinervius*의 줄기절편체에서 캘러스유도는 BAP와 NAA보다는 2,4-D가 1.0 mg/L가 포함된 MS배지에서 *D. superbus*, *D. alpinus*, *D. arenarius*, *D. deltoides*의 캘러스증식이 가장 양호하였으며 광조건이 암조건보다는 캘러스증식이 다소 나았다.

D203 Expression Profiling of Differentially Regulated Genes during the Development of Grape Berry Skin

Mina Lee* and Jaeho Pyee

Department of Molecular Biology, Dankook University

To isolate and characterize differentially regulated genes during the development of grape berry skin, a subtractive suppression hybridization (SSH) was carried out with mRNA obtained from berry skins and fleshes and about one hundred putative cDNA clones were obtained. We confirmed the skin-specificity of their expression by reverse northern and northern blot analysis and finally selected three clones. The nucleotide sequence of these three clones revealed that they encode leucoanthocyanidine dioxygenase (LDOX), class IV endochitinase and SRC I, respectively. To further investigate the expression pattern of these genes during the berry skin development, we prepared total RNA from grape berry skin and fleshes at the different stages and performed northern blot analysis. LDOX-encoding gene was expressed almost evenly at the different stages in berry skin. The expression of SRC I-encoding gene was first detected 2 weeks post flowering

and gradually increased as berries ripened. However, endochitinase-encoding gene was not expressed until 11 weeks post flowering and the most highly expressed at the fully ripen stage. These three genes were exclusively expressed in grape berries and their expression was not detected in other organs such as leaves, roots and flowers. The results of this work showed that these three genes might play an important role during the grape berry skin development.

D204 Differential Regulation of the Expressed Genes during the Cell Division to Enlargement Transition at the Early Stage of Grape Berry Development

Joon-Yeong Kihl, Mina Lee and Jaeho Pyee

Department of Molecular Biology, Dankook University

In most of the fruit plants including grapevine, the fruit size is determined by the number of cell divisions at the very early stage of fruit development. After cell division, cells expand exponentially and finally fruit reaches the full size, showing a typical size and shape. In order to identify the genes involved in the determination of the fruit size, we isolated and characterized the genes which are differentially regulated during the cell division to cell enlargement transition. Total RNA was isolated from grape berries at the different stages, 1, 3 and 15 weeks after fruit set. Suppression subtractive hybridization (SSH) provided 237 putative cDNA clones and their expression profiling was analyzed during the fruit development. A cDNA clone(designated vlgbcd 37) was specifically expressed at the early stage of fruit development and DNA sequence analysis showed that it encodes a metallothionein-like protein.

D205 Effect of Picloram on Organogenesis from Tissue Culture of Arabidopsis Stem and Orgin of the Callus Development

박정안*, 박종범

신라대학교 자연과학부 생명과학과

애기장대(*Arabidopsis thaliana*)의 줄기절편 조직배양시 기관분화에 미치는 여러 가지 auxin(NAA, IAA, 2,4-D, Picloram)의 영향과 callus 발생기원을 조사하였다. Cytokinin을 첨가하지 않은 auxin 단독배지 중에서 2 mg/L NAA 단독배지에서는 배양 11일 후 모용(trichome)이 형성되었고, 2 mg/L IAA 단독배지에서는 배양 11일 후 부정근이 발생하였다. 2 mg/L 2,4-D 단독배지에서는 배양 7일 후 callus 형성이 왕성하게 나타났으며, 2mg/L picloram 단독배지에서는 배양 5일 후부터 callus가 왕성하게 형성되어 배양 10일 후에는 callus로부터 모용과 부정근이 발생되어 picloram은 callus형성 및 기관분화에 매우 효과적인 auxin임을 알 수 있었다. Auxin을 첨가하지 않은 0.05 mg/L kinetin 단독배지에서는 callus 형성이 매우 미약하게 나타났으며 각 auxin과 kinetin을 혼합한 배지에서는 대부분 callus가 형성되었으나 2,4-D와 picloram 단독배지에서의 callus 형성보다 효과적이지 못하였다. Picloram 단독배지에서 형성된 callus조직의 기원을 내부형태학적으로 관찰한 결과, 배양 2일 후 사부 유조직세포의 세포분열이 일어나기 시작하였으며 4일 후에는 피층 유조직의 세포분열과 meristemoid 형성이 나타나 배양 7일 후에는 세포분열이 피층과 표피바깥부위로 매우 빠르게 확산되어 callus를 형성하였다.

D206 Revisiting phase transition in Arabidopsis thaliana

Sung-Suk Suh and Ilha Lee*

School of Biological Sciences, Seoul National University, Seoul 151-742, Korea

In recent papers, it has been repeatedly claimed that vegetative (leaf) primordia can be converted into reproductive (paraclyde) primordia and that paraclydes are differentiated by the basipetal activation of buds from the axils of the leaf primordia,