

Metabolism of brassinolide(BL) was investigated in cultured cells of *P. vulgaris*. Interpretation of GC-MS data of the metabolite obtained by feeding BL suggested that either 26- or 28-methyl of BL was eliminated. Direct GC-MS comparison of the metabolite to synthetic 28- and 26-norBL provided the position of demethylation was at C26. Therefore the metabolite was identified as 26-norBL. Recently, in tomato cells, 26-hydroxyBL was identified as a BL metabolite, suggesting that 26-norBL is expected to be formed by decarboxylation via a 26-hydroxyl \rightarrow aldehydic \rightarrow carboxylic BL.

E218 S-adenosylmethionine decarboxylase 유전자 발현의 translational 조절에 관한 연구

최유진*, 박기영

순천대학교 자연과학대학 생물학과

S-adenosylmethionine decarboxylase (SAMDC ; EC4.1.4.50)는 폴리아민 생합성을 조절하는 key enzyme 중 하나이다. 카네이션 SAMDC 유전자는 5'-untranslated region (UTR)에 각각 52개와 54개의 아미노산으로 이루어진 upstream open reading frame (uORF)이 존재하며 실제 이 단백질이 형성되어 해독억제작용을 나타내는 것으로 알려져 있다. 본 실험에서는 uORF protein이 SDS-PAGE에서 5.8 kDa의 peptide를 합성하며, native PAGE에서는 어떠한 components가 uORF protein과 결합한다는 사실을 확인하였다. Reporter gene GUS를 이용한 실험에서는 0.001mM, 0.01mM, 0.1mM, 1mM, 10mM 의 농도로 폴리아민을 처리했을 때 보편적으로 GUS 활성이 감소하였고, Put보다는 Spd 과 Spm에서 억제 효과가 두드러졌다. 이것은 *in vitro* transcription/translation 반응을 통해서도 마찬가지였다. 또한 SAMDC 유전자의 uORF를 point mutation시킨 transgenic plant 에서 GUS가 강하게 발현되었다. Northern blot analysis 결과에서는 mRNA의 stability가 달라졌으며, uORF에 의해서 mRNA의 양이 급격하게 억제되었다. 따라서 이러한 결과들은 uORF가 *in trans* 에서 translational inhibitor로 작용하는 것을 보여준다.

E219 빛과 호르몬에 의한

S-adenosylmethionine decarboxylase의 조절에 관한 연구

박나리*, 박기영

순천대학교 자연과학대학 생물학과

폴리아민은 식물뿐 아니라 동물, 미생물에도 존재하는 양이온성의 작은 물질로서 식물에서는 식물의 생장, 발달과정과 과일의 성숙, 노화에 까지 관여하는 식물 생장 조절물질로서 S-adenosylmethionine decarboxylase (SAMDC ; EC 4.1.1.50)는 폴리아민을 생합성하는 과정에 관여하는 key enzyme이다. SAMDC는 빛에 의해서 발현이 증가되는데 나팔꽃 유식물 (*Pharitis nil*)과 애기장대(*Arabidopsis thaliana*), 카네이션(*Dianthus caryophyllus* L.)에서 이를 확인하였다. 300 mole m⁻² S⁻¹의 백색광을 처리하면 식물중에 따라 약간의 차이를 보이지만 3시간에서 4시간까지 증가하다가 감소하는 경향을 볼 수 있었다. 빛을 20 mole m⁻² S⁻¹에서 1000mole m⁻² S⁻¹ 까지 세기로 처리한 결과 약한 빛에서 보다는 강한 빛에서 SAMDC의 효소활성이 증가하였다. 이러한 빛에 의한 발현에 광수용체가 관여하는지 알아보기 위하여 백색광, 청색광, 적색광, 원적외선을 처리한 결과 백색광에서 가장 큰 활성을 보였고 청색광과 적색광도 효과가 있었다. 하지만 원적외선의 경우에는 큰 영향은 보이지 않았다. 또 나팔꽃 유식물(*Pharitis nil*)을 일정한 광주기로 키운 후 각 시간마다 SAMDC 활성을 조사하여 본 결과 일주기성을 관찰할 수 있었다. 그리고 카네이션(*Dianthus caryophyllus* L.)에 100M IAA, Kinetin, ABA, GA등의 호르몬을 처리하고 0, 3, 6, 12, 24시간 간격으로 SAMDC 효소 활성 및 유전자 발현을 측정 한 결과 12시간에서 24시간까지 점차적으로 증가한 것을 볼 수 있었다. 따라서 폴리아민이 생리적 작용을 나타내는 과정에서 다른 식물호르몬들과의 상호작용이 존재하는 것으로 생각된다.

E220 폴리아민 함량이 증가된

형질전환 담배 식물체에서의 스트레스 관련 신호전달 및 항산화효소 유전자의 발현에 관한 연구

위수진*, 박기영

순천대학교 자연과학대학 생물학과

폴리아민 생합성 효소인 S-

adenosylmethionine decarboxylase (SAMDC) 유전자와 에틸렌 생합성에 관여하는 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase (ACC synthase) 및 ACC oxidase의 유전자를 sense 혹은 antisense 방향으로 담배에 도입시켜 폴리아민 생합성량이 증가된 형질전환 식물체에서 스트레스 관련 신호전달 및 항산화효소의 유전자 발현을 mRNA 수준에서 조사하였다. 이들 식물체는 저온, H₂O₂, ABA, NaCl, 산성용액, 박테리아 및 곰팡이에 대해 저항성이 높았다. 우선 스트레스 신호전달 과정에 관여하는 유전자의 단백질의 유전자 발현조사를 위하여 RT-PCR을 통하여 MAP kinase, MAP kinase kinase, GST, GR, CAT, MnSOD, Cu/Zn SOD, AP의 유전자를 담배 식물체로부터 분리하였다. 식물체 잎 절편을 250 mole m⁻² S⁻¹의 빛에 노출시키면서 0, 2, 5, 10, 20, 30, 40, 50, 60분동안 100mM H₂O₂를 처리하였을 때 SAMDC 과다발현 식물체에서는 야생형식물체보다 다소 일찍 10분후부터 신호전달 과정에 관여하는 MAP kinase 유전자의 발현이 촉진됨을 확인할 수 있었다. 또한 같은 빛조건 아래 0, 1, 2, 3, 6, 9, 12, 18, 24시간동안 100mM H₂O₂를 처리하였을 때 적응과정으로 산화적 스트레스에 대해 방어적인 역할을 하는 GST, catalase, MnSOD등의 효소들의 발현이 증가하였다. 생물적 스트레스로서 *Phytophthora parasitica* pv. *Nicotianae*를 식물체에 감염시켰을 때 pathogen-related(PR) protein인 PR-1의 유전자 발현이 이들 형질전환 식물체에서 증가하였다. 따라서 폴리아민의 세포내 함량의 증가가 스트레스 저항성 관련 유전자의 발현을 통하여 저항성을 유도하여 식물체의 노화 지연과 스트레스의 저항 기작에 관여할 수 있을 것으로 예상된다.

E221 Characterization of Single Strand Telomere DNA Binding Proteins from Soybean (*Glycine max*) Suspension Culture

Kisang Kwon¹, Chian Kwon² and Soon Young Kim¹

Department of Biology, Andong National University¹; Department of Biology, Yonsei University²

We identify and characterize the proteins that specifically bind to the plant single-strand telomeric repeats ((TTTAGGG)_n) in the nuclear extracts from the soybean suspension cell. Two types of specific complexes are detected by gel retardation assays. Complex I gradually decreases when the stationary stages begins. And complex II appears in the earlier and later stationary stages. Complex I binds to the single-strand G-rich telomere DNA containing at least two or more repeats. It has lower affinity to human telomere sequence, and even it does not bind to Tetrahymena or mutated telomere sequence. Unlike the other telomere-binding proteins, complex I is not resistant to both high salt concentration and heat treatment. These data suggest that each complex is regulated in different growth stages of soybean suspension culture. Furthermore, complex I specifically binds to the plant single-strand telomere DNA and it plays a role in the protection of the chromosomal end.

E222 Germicidal and Insecticidal Activity of Volatile Components of Medicinal Plants(*Illicium verum* Hooker filius and *Eugenia caryophyllata* THUNBERG)

Yong Jae Chung^{1,2*}, Kyu Shik Lee¹, Myeong Hui Lee¹ and Chul Yong Song²

Department of Conservation Science, National Research Institute of Cultural Properties¹; Laboratory of Microbiology, Department of biology, Chung-Ang University²

The germicidal and insecticidal properties of volatile components extracted from *Illicium verum* Hooker filius(IVO) and *Eugenia caryophyllata* THUNBERG(ECO) were evaluated against seven microorganisms and three insects for the purpose of developing biocidal active substances from medicinal plants. The IVO and ECO showed strong antimicrobial effect against *Aspergillus niger*, *Penicillium funiculosum*, *Mucor hiemalis*, *Trichoderma viride*,