

적조 잡는 물질 생합성 조절 기작 발견

바이오합성연구센터
김지현 2010.3.

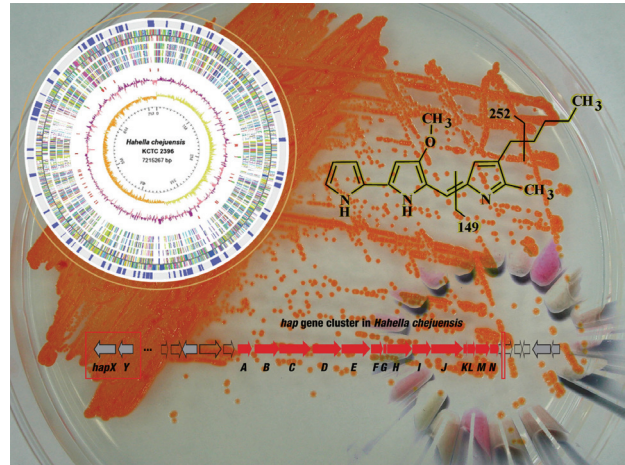
연구개요 · 토종 해양 미생물에서 발견한 살조 물질 프로디지오신의 생합성 조절 기작을 기능유전체 연구를 통해 규명함으로써 대량생산에 응용할 수 있음.

개발내용 · 우리나라 남쪽 끝 섬인 마라도에서 분리된 해양 미생물 하헬라 제주엔시스(*Hahella chejuensis*)가 만드는 적조생물을 죽이는 물질인 프로디지오신(prodigiosin)의 생합성을 조절하는 유전인자를 기능유전체 분석을 통해 찾아내어 분자유전학적 기법을 이용하여 조절기작을 규명하는데 성공함.

· 50여 개의 프로디지오신 생합성에 관여하는 조절 인자를 가진 클론들 중에서 외부 환경조건을 인식하는 센서 단백질과 이 신호를 유전자 발현 시스템에 전달하는 단백질로 이루어진 신호전달 시스템이 프로디지오신의 생합성 조절에 중요하다는 것을 발견하였고, 기존에 알려지지 않았던 비번역 RNA 분자(non-coding RNA)에 의한 조절이 색소의 생합성에 결정적인 역할을 한다는 사실을 증명함.

활용사례 · 산업적으로 프로디지오신의 대량 합성에도 응용됨.

· 미국의 저명 학술저널인 「응용 및 환경 미생물학」誌에 커버스토리 논문으로 채택됨.



하헬라 제주엔시스의 유전체 연구 자료사진

좌측 상단, 하헬라 제주엔시스의 유전체 지도
우측 상단, 살조물질 프로디지오신의 분자 구조
중앙 하단, 프로디지오신 생합성 관련 유전자 세트 및 조절 유전자
우측 하단, 빨간색 하헬라 제주엔시스 배양액이 담겨있는 튜브
배경 사진, 하헬라 제주엔시스 세포의 빨간색 콜로니(근집)

APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY, Mar. 2010, p. 1661-1668
0099-241X/10/\$12.00 doi:10.1128/AEM.01468-09

Vol. 76, No. 5

Copyright © 2010, American Society for Microbiology. All Rights Reserved.

Genome-Wide Screening and Identification of Factors Affecting the Biosynthesis of Prodigiosin by *Hahella chejuensis*, Using *Escherichia coli* as a Surrogate Host[†]

Soon-Kyeong Kwon,^{1,2} Yon-Kyoung Park,¹ and Jihyun F. Kim^{1,2*}

¹Industrial Biotechnology and Bioenergy Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), 111 Gwahangno, Yuseong-gu, Daejeon 305-806, South Korea,² and Functional Genomics Program, School of Science, University of Science and Technology (UST), 113 Gwahangno, Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea²

Received 23 June 2009/Accepted 15 December 2009

A marine bacterium, *Hahella chejuensis*, recently has attracted attention due to its lytic activity against a red-tide diatom. The algicidal function originates from its red pigment, prodigiosin, which also exhibits immunosuppressive or anticancer activity. Genome sequencing and functional analysis revealed a gene set contained in the *hap* gene cluster that is responsible for the biosynthesis of prodigiosin. To screen for the factors affecting the prodigiosin biosynthesis, we constructed a plasmid library of the *H. chejuensis* genomic DNA, introduced it into *Escherichia coli* strains harboring the *hap* cluster, and observed changes in production of the red pigment. Among the screened clones, *hapX* genes whose products constitute a two-component signal transduction system were elucidated as positive regulators of the pigment production. In addition, an Hfq-dependent, noncoding region located at one end of the *hap* cluster was confirmed to play roles in regulation. Identification of factors involved in the regulation of prodigiosin biosynthesis should help in understanding how the prodigiosin-biosynthetic pathway is organized and controlled and also aid in modulating the overexpression of prodigiosin in a heterologous host, such as *E. coli*, or in the natural producer, *H. chejuensis*.

AEM 표지논문 제목, 저자 및 초록