

## 연/구/동/향

### Microarray를 이용한 동종 미생물의 유전체 비교

조 유 희

*Pseudomonas aeruginosa*는 quorum-sensing과 biofilm 형성 연구의 모델세균이며, 숙주 환경 뿐 아니라 토양을 포함하는 다양한 자연 환경에서 서식할 수 있는 독특한 생존 능력을 가지고 있는 기회주의적 multi-host pathogen이다.

미국 학술원 회보 최근호에는 microarray 기법을 이용해서 *P. aeruginosa*의 다양성을 분석한 연구결과가 실렸다 (PNAS 100: 8484-8489). Harvard 의과대학의 Steve Lory 박사 연구실은, 총 18개의 *P. aeruginosa* 균주에 대해 전체 DNA를 분리하여, 염기서열정보가 알려진 PAO1 균주의 microarray slide에 hybridization함으로써, PAO1이 가지고 있는 5,613개의 유전자 (5,549개의 중복되지 않은 유전자와 64개의 tRNA 유전자; tRNA는 horizontal gene transfer로 도입된 genetic segment의 attachment site가 되는 경우가 많음)가 각 분리균들의 유전체에 존재하는지의 여부와 그 분포를 살펴 보았다. 이를 통해 horizontal gene transfer와 관련되는 것으로 보이는 24개의 variable segment를 밝혔다. 또한 yeast recombinational cloning 방법으로, 분리균들의 variable segment를 yeast 내에서 capture할 수 있게 한 뒤, 그 DNA 정보를 분석하여, 일부 variable segment에 관한 염기서열 수준의 비교를 수행하였다.

모든 분리균이 PAO1에 대해 적게는 96.1%, 크게는 97.7%의 유전체 유사성을 보여주었으며, 5,183개의 유전자 (93.4%)는 19개의 균주에 모두 존재하였다 (core set 유전자). 병원성과 관련된 것으로 알려진 267개의 유전자의 분포를 살펴본 경우에는 ~97% 이상이 18개 균주 모두에 존재하였고, 특히 *exoU*와 *exoS* 유전자 서열을 이용한 phylogeny는 감염경로나 서식환경과의 상관관계가 전혀 없었다. 이는 병원성과 관련하여 감염경로나 환경에서의 생존 능력에 특이적인 유전자를 필요로 하지 않으며, 유전자 make-up이 같더라도 유전자의 발현조절 등의 단계를 통해, 각각의 균주가 각자의 서식지에 맞는 생존방식을 개발했을 것임을 시사한다. 이는, 환경에서 분리된 균주라도, 상황에 따라서는 병원성을 가지는 세균으로 변화될 수 있는 잠재력을 충분히 가지고 있다는 것을 의미한다.

Reference 균주인 PAO1과의 유전체 비교이므로, PAO1에는 없지만, 다른 균주에만 존재하는 유전자를 발견할 수 없는 것이 본연구의 한계이지만, PAO1의 유전자 중 적어도 한 균주에 존재하지 않는 368개의 유전자는 균주특이적 (strain-specific) 유전자로 규정할 수 있다.

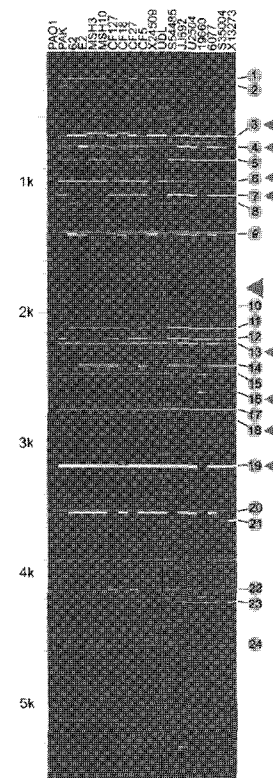


그림. PAO1의 유전체에 대한 분리균 유전체의 보존 정도. Lab 균주 (PAO1, PAK), 환경분리균 (62, E2, MSH3, MSH10), 호흡기분리균 (CF127, CF18, CF27, CF5), 요도감염분리균 (X24509, UDL, S54485, JJ692, U2504), 안막감염분리균 (19660, 6077), 혈관감염분리균 (S35004, X13273). 파랑색, 유전자 있음; 노랑색, 유전자 없음; 회색, 확실하지 않음. 빨강색, tRNA. 녹색 동그라미, variable segment, 기존에 알려진 variable segment. 붉은색 세모.