

F315

Identification and Mapping of *parD* Locus Essential for Polyamine-Dependent Transcriptional Expression of *paiA28::λplacMu53* in *Escherichia coli*.

김정호, 이종호

성균관대학교 이과대학 생물학과

Polyamine (PA) putrescine에 의해 전사유도되는 *paiA* 유전자는 대장균염색체 상의 29.5분에 존재하며 본 연구실에서 λ placMu53 operon fusion으로 발견하였다. 본 연구에서는 이 유전자의 PA에 의한 전사조절기작을 연구하기 위하여, *paiA28::λplacMu53* 균주 (SN29)를 EMS로 돌연변이시켜 putrescine을 첨가한 배지에서의 *lacZ* fusion발현이 차단되는 돌연변이 균주 *parD*를 개발하였다. Hfr mating과 P1 transduction에 의하여 *parD*는 대장균염색체 71.4분의 *zgi-203::Tn10*과는 7%, 72분의 *zha-6::Tn10*과는 52% 그리고 72.9분의 *zhh-7082::Tn10*과는 5%의 빈도로 co-transduction 되어, *parD*의 genetic map 위치는 약 72분 위치에 존재함을 알 수 있었다. 이러한 genetic map 위치로 미루어 보아, *parD*는 polyamine에 의한 *paiA28::λplacMu53*의 전사발현에 필수적인 locus로 먼저 알려진 *parB*와 구분된다. 또한 *parB* plasmid clone(pJL201)에 의해 *parD*⁻ 돌연변이형이 complementation되지 않았다. *parD*의 genetic map위치에 근거하여 대장균염색체 71.5분에서 72.9분 위치를 포함하는 Kohara clone #520 [18H7], #521 [14F11], #522 [7E3], #523 [3G10], #524 [8D6], #525 [7C8]와 #526 [1E3]를 이용하여 spot recombination-complementation test를 실시하였다. 이들 중 Kohara clone #522 (7E3; 3340~3359 kb)과 #523 (3G10; 3349.5~3367 kb)만이 *parD*를 complementation하였다. 이러한 결과로 *parD* locus는 이 두 Kohara clone의 overlapping 부위인 대장균염색체 3349.5 kb와 3359 kb 사이의 약 10 kb 내에 존재함이 확인되었다. *parD* locus의 생물학적 특성이 연구 중에 있다.