

한국 근해와 염전에서 분리한 색소 생성 호염성 세균의 다양성

용혜영 · 박진숙*
한남대학교 미생물학과

한국 근해와 염전으로부터 40 균주의 색소 생성 호염세균을 분리하여, 16S rDNA PCR-RFLP와 16S rDNA 염기서열 분석을 통하여 다양성을 파악하였다. 분리된 호염성 색소 생성 세균들은 *Pseudoalteromonas*, *Photobacterium*, *Vibrio*, *Halobacillus*, *Bacillus*, *Paracoccus*, *Salinicoccus*, *Tenacibaculum*, *Flavobacterium*의 다양한 속의 세균 종이였다. 해양에서 분리한 색소생성 호염 세균의 80% 이상이 그람음성인 *Pseudolateromonas* 속이었으며, 염전에서 분리한 세균의 대부분은 그람양성의 *Halobacillus* 속 세균이었다. 또한 *Salinicoccus* 속에 속하는 신종 가능성이 있는 균주 KK7을 분리하였다.

Key words □ 16S rDNA PCR-RFLP, 16S rDNA sequencing, halophilic bacteria, pigment

서 론

색소는 주로 화학합성에 의해 만들어져 식품, 화장품, 의약품, 가축사료 첨가제 등으로 다양하게 사용되어 왔으나, 최근 합성색소에 대하여 안전성 등의 문제가 제기되고, 천연색소에 대한 선호도가 증가하면서 천연색소 생산에 관한 관심이 증대되고 있다(1, 2). 천연색소는 대부분 동물이나 식물에서 직접 추출하는 방법에 의해 생산되고 있다. 그러나, 동식물 유래의 천연 색소는 가격이 비싸고, 생육조건이나 자연환경에 따라 품질의 변화가 심한 단점을 지니고 있다(4). 반면 미생물을 이용하여 천연색소를 생산할 경우, 배양에 의해 대량생산이 가능하므로 안정된 품질의 제품을 상시 생산할 수 있어, 미생물을 이용한 색소생산에 대한 관심이 높아지고 있다. 미생물은 생체 내에서 전자전달을 통해 에너지를 얻기 위한 수단이나, 광산화반응으로부터 세균을 보호하기 위해, 혹은 동물세포에서의 cholesterol의 역할에 해당하는 생체막의 구조 강화 작용을 위해 색소를 생산하는 것으로 알려져 있다(6).

지금까지 알려진 미생물 천연색소의 생산에 관한 연구로는 곰팡이를 이용한 *Monascus anka*의 적색 색소, *Streptomyces propurpurantus*와 *Bacillus* sp.의 혼합배양에 의한 적색 색소, *Streptomyces californicus*에 의한 청색 색소의 생산(3) 등이 있으며, 고세균인 *Haloareular* sp.를 이용한 색소의 안정성에 관한 연구 등이 있다(4).

특히 호염세균을 이용하여 미생물 발효에 의해 천연색소를 생산할 경우 다른 미생물에 의한 오염의 위험이 낮고, 미량의 유기용매로 추출이 가능하여 독성 반응을 줄일 수 있다는 장점이 있어 산업적으로 매우 유용할 것으로 기대되고 있다.

미생물을 이용한 색소생산에 관한 연구는 비교적 활발히 이루어지고 있으나, 색소를 생성하는 세균의 종 다양성에 관한 연구

는 거의 보고된 바 없다.

본 연구에서는 우리나라의 해양 환경에서 색소를 생성하는 호염세균을 분리하여, 16S rDNA-RFLP 및 16S rDNA 염기서열 분석을 통하여 색소생성 세균의 계통적 다양성을 검토하였다.

재료 및 방법

세균의 분리

본 연구에서 사용된 균주는 2001년 7월부터 2002년 8월까지 가거도, 거제도, 제주도의 해수와 무녀도의 염전으로부터 분리하였다. 근해에서 채취한 해수는 Marine agar 2216 (MA, Difco, USA)배지에 도달하고, 염전에서 얻은 해수는 7%의 NaCl을 포함하는 MA배지에 도달한 뒤 30°C에서 1~3일간 배양 후 형태적으로 다르게 구분되는 집락 200 균주 중 색소를 생성하는 40 균주를 선별하여 사용하였다.

균주의 형태 및 생리적 특성조사

분리된 균주들은 MA를 기본배지로 이용하여 30°C에서 24시간 배양한 후 그람 염색을 실시하여 관찰하였으며, 대조 균주로 그람양성인 *B. subtilis* IAM 12188^T와 그람음성인 *E. coli* KCTC1116을 이용하였다. 운동성은 0.8% agar를 첨가한 MB배지에 탐침법을 이용하여 관찰하였다. 각 균주의 성장 가능한 염농도는 NaCl이 각각 2, 3, 5, 7, 8, 10, 15, 20, 25%가 첨가된 배지를 사용하여 조사하였으며, 성장 가능한 온도는 4, 10, 15, 20, 25, 30, 37, 40, 41, 45, 50°C에서 배양하여 결정하였다.

16S rDNA의 PCR 증폭 및 제한효소 처리

세균 세포들의 염색체 DNA의 분리는 Saito와 Miura(8)의 방법을 변형하여 사용하였다. 추출한 genomic DNA를 primer(1F: 5'-AGAGTTTGATCMT GGGTCAG-3', 1492R: 5'-TACGGHTA CCTGTACGACTT-3')를 사용하여 94°C에서 5분간 initial

*To whom correspondence should be addressed.
Tel: (042)629-7498, Fax: (042)629-8355
E-mail: jspark@hannam.ac.kr

denaturation한 후, 94°C에서 30초간 denaturation, 50°C에서 30초간 annealing, 72°C에서 5분의 extension 과정을 30회 반복하여 thermal cycler (Applied Biosystems, USA)로 증폭하였다. PCR 반응액은 PCR prep DNA purification kit (Nucleogene, Korea)를 사용하여 정제한 후 RFLP (restriction fragment length polymorphism) 분석과 염기서열 분석에 사용하였다.

16S rDNA의 RFLP 분석을 위해 사용된 제한 효소는 *CfoI* (Takara, Japan), *RsaI* (Takara, Japan), *MspI* (Takara, Japan)과 *HaeIII* (Takara, Japan)를 사용하였다. PCR 산물 10 µl를 각각의 제한 효소를 사용하여 37°C에서 16시간 반응시킨 다음 2.5% agarose gel (Promega, USA)에 loading하여 0.5× TBE buffer에서 100V로 1시간 전기영동 한 뒤 확인하였다.

MVSP 프로그램을 이용한 16S rDNA의 RFLP 분석

제한 효소 처리에 의해 생성된 band pattern을 fragment의 유무에 따라 통계처리 프로그램인 multi-variate statistical package (MVSP, Version 3.1)를 이용하여 분석하였다. Unweighted pair-groups method using arithmetic averages (UPGMA) linkage와 percent similarity matrix를 이용하여 각 균주들 간의 제한효소 절단양상에 의한 덴드로그램을 작성하였다. 유사도 값이 68% 이상에서 구분되는 monophyletic group을 중심으로 9개의 cluster로 나누었고, 각 cluster에서 1개 이상의 균주를 선별하여, 16S rDNA RFLP 유사도와 16S rDNA 염기서열간의 상관관계를 조사하기 위하여 총 12균주의 염기서열을 분석하였다.

16S rDNA 클로닝 및 플라스미드 DNA의 추출

16S rDNA PCR-RFLP pattern을 근거로 형성된 각 cluster의 대표되는 균주의 16S rDNA의 전 염기서열을 PCR을 이용하여 증폭하였다. 증폭된 단편은 1% agarose gel에 전기영동하여 확인한 뒤 회수하였다. PCR prep DNA purification kit (Nucleogene, Korea)를 사용하여 정제한 후 pGEM-T Easy vector (Promega, USA)에 클로닝하였다. 플라스미드의 추출 및 정제는 Plasmid DNA purification kit (Genotein, Korea)를 사용하였다.

16S rDNA 염기서열 분석 및 계통분석

재조합 플라스미드에 삽입된 단편의 염기서열은 ABI 3100 DNA analyzer system으로 분석하였다. 또한 염기서열의 상동성 검사는 GenBank database에 등록된 정보를 대상으로 Blast 프로그램(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)으로 수행하였다.

염기서열의 분석은 CLUSTAL X multi-alignment program을 이용하였으며 GenBank database에 등록된 정보와 MEGA program을 이용하여 계통수를 얻었다. 또한 bootstrap 값은 100 회의 re-sampled data로부터 추출하였다

결과 및 고찰

분리 균주의 형태 및 생리적 특징

한국 근해와 염전으로부터 색소를 생성하며, 2% 이상의 NaCl이 첨가된 배지에서 자라는 호염성 세균, 총 40 균주를 분리하였다.

분리한 색소생성 호염성 균주들은 MA배지 상에서 빨강, 노랑, 갈색, 분홍, 연두색의 집락을 형성하였다. 해수에서 분리한 균주들은 그람음성의 호기성 간균이 우점종이었으며, 2~3%의 NaCl 농도에서 최적 생장을 하였고, KK7을 제외한 모든 균주가 운동성을 나타내었다(Table 1). 무너도 염전에서 분리된 8 균주 중 6 균주가 그람양성 세균이었으며, 10%의 NaCl 농도에서 최적 생장을 하였다. 또한 염전에서 분리된 균주는 20%의 염 농도와 45°C의 온도에서도 생장이 가능하였다. 염전으로부터는 8 균주만

Table 1. Bacterial strains isolated from seawater and solar saltern ponds

No.	Strain	Colony Color ^a	Gram Stain	Motility	Growth at		Isolation Site
					NaCl(%)	Temp.(°C)	
1	KK5	Y	-	+	2-10	15-45	Gageo-Do
2	KK6	Y	-	+	2-7	15-41	Gageo-Do
3	KK7	P	+	-	2-20	4-45	Gageo-Do
4	KK15	Y	-	+	3-10	10-41	Gageo-Do
5	KK17	O	-	+	3-8	10-40	Gageo-Do
6	KK20	Y	-	+	2-8	10-41	Gageo-Do
7	KK22	Y	-	+	2-8	10-40	Gageo-Do
8	KK23	O	-	+	2-8	10-45	Gageo-Do
9	KK24	O	-	+	2-8	10-45	Gageo-Do
10	MN5	Y	-	+	2-15	10-45	Moonyo-Do ^b
11	MN27	O	+	+	2-25	10-45	Moonyo-Do
12	MN35	Y	-	+	2-8	10-41	Moonyo-Do
13	MN46	O	+	+	2-25	10-45	Moonyo-Do
14	MN52	O	+	+	2-25	10-45	Moonyo-Do
15	MN57	Y	+	+	2-25	10-45	Moonyo-Do
16	MN65-2	O	+	+	2-25	10-45	Moonyo-Do
17	MN65-3	O	+	+	2-25	10-45	Moonyo-Do
18	KJ3	B	-	+	2-7	10-45	Geoje-Do
19	KJ5	B	-	+	2-8	10-45	Geoje-Do
20	KJ11	Y	-	+	2-9	10-41	Geoje-Do
21	KJ16	O	-	+	2-7	10-41	Geoje-Do
22	KJ17	B	-	+	2-5	10-40	Geoje-Do
23	KJ18	Y	-	+	2-10	10-37	Geoje-Do
24	KJ19	O	-	+	2-20	10-41	Geoje-Do
25	KJ31	Y	-	+	2-10	10-41	Geoje-Do
26	KJ33	O	-	+	2-15	10-40	Geoje-Do
27	KJ37	O	-	+	2-7	10-40	Geoje-Do
28	KJ38	Y	-	+	2-10	10-45	Geoje-Do
29	KJ40	B	-	+	2-15	10-41	Geoje-Do
30	JU1	R	-	+	2-7	10-41	Cheju-Do
31	JU2	G	-	+	2-7	10-37	Cheju-Do
32	JU3	Y	-	+	2-9	10-45	Cheju-Do
33	JU4	R	-	+	2-9	10-41	Cheju-Do
34	JU6	Y	-	+	2-9	10-45	Cheju-Do
35	JU7	Y	-	+	2-9	10-45	Cheju-Do
36	JU8	R	-	+	2-7	10-45	Cheju-Do
37	JU9	B	-	+	2-7	10-41	Cheju-Do
38	JU10	G	-	+	2-7	10-37	Cheju-Do
39	JU11	B	-	+	2-9	10-37	Cheju-Do
40	JU14	Y	-	+	2-10	10-41	Cheju-Do

^a: B, brown; G, Light green; O, orange; P, pink; R, red; Y, yellow; +, positive; -, negative, ^b, solar saltern pond

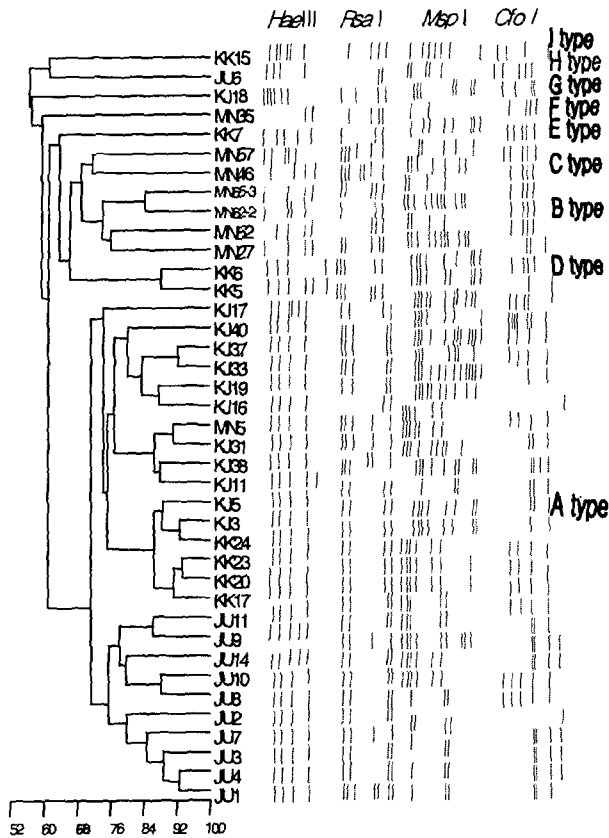


Fig. 1. UPGMA dendrogram obtained after treatment of the amplified 16S rDNA with restriction enzymes, *HaeIII*, *RsaI*, *MspI*, and *CfoI*.

이 분리되어 해수에 비해 세균의 분포가 적음을 알 수 있었으며, 염전에서 분리된 대부분의 균주가 그람양성 세균으로, 해양세균

의 우점종이 그람음성 세균인 것과 대조적인 결과였다.

16S rDNA PCR-RFLP pattern 분석

4종의 제한 효소 *HaeIII*, *CfoI*, *MspI*, *RsaI*을 이용하여 band pattern을 관찰하고 band의 유무에 따라 MVSP 프로그램을 사용하여 덴드로그램을 작성한 결과(Fig. 1) 유사도 68%에서 9개(A-I)의 type을 형성하였다.

16S rDNA 증폭 산물의 *HaeIII*를 이용한 제한 효소 절단 양상의 분석 결과, *Pseudoalteromonas*에 속하는 균주(A type)들은 주로 4개의 band(500, 410, 350, 300 bp)를 형성하여 *HaeIII*는 이 group에 속한 균주들을 구분하기에 유용하였다.

16S rDNA의 염기 서열 분석 및 계통적 유연관계

16S rDNA PCR-RFLP 방법에 의해 얻은 덴드로그램을 바탕으로 9(A-I)개의 RFLP type에서 대표되는 균주를 선별한 뒤 이들의 계통학적 유연관계를 알아보기 위해 16S rDNA의 전 염기서열을 분석하였다. 그 결과 *Pseudoalteromonas* sp., *Photobacterium* sp., *Vibrio* sp., *Halobacillus* sp., *Bacillus* sp., *Salinicoccus roseus*, *Tenacibaculum* sp., *Flavobacterium* sp., *Paracoccus* sp.의 염기서열과 96-99%의 유사도를 보여 분리된 세균들이 계통적으로 다양하게 분포함을 알 수 있었다(Fig. 2, Table 2). 또한 16S rDNA 염기서열을 이용하여 계통수를 작성한 결과, *alpha* Proteobacteria, *gamma* Proteobacteria, Gram positive bacteria, *Flexibacter-Bacteroides-Cytophaga* phylum (FBC phylum)의 4개의 주요 lineage로 나뉘어졌다(Fig. 2).

분리된 40 균주 중 28 균주가 *gamma* Proteobacteria에 속하는 세균이며, 그 중 26 균주(PCR-RFLP A type)가 *Pseudoalteromonas*속과 99%의 유사도를 나타내어, *Pseudoalteromonas* 종은 색소생성 호염세균의 우점종임을 알 수 있었다.

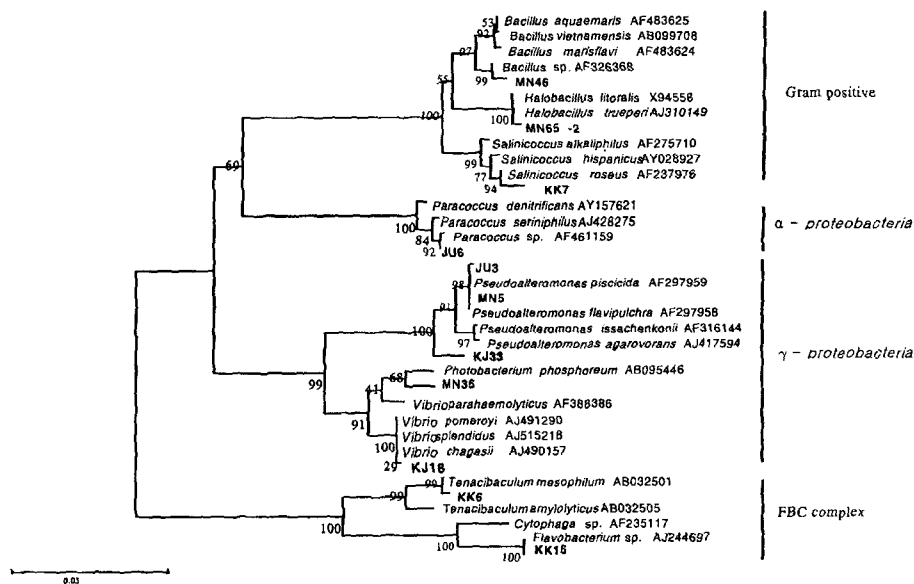


Fig. 2. Phylogenetic tree as determined from comparative 16S ribosomal DNA sequencing. Rooted tree was constructed by neighbor-joining method, which is showing the phylogenetic relationship between pigment-producing halophilic bacteria and some reference bacteria.

Table 2. Phylogeny and RFLP profiles of the bacterial isolates

Strain	RFLP Type	16S rDNA Identification	Sequence Similarity (%)
Gamma subdivision of <i>Proteobacteria</i>			
MN5	A	<i>Pseudoalteromonas piscicida</i>	99
JU3	A	<i>Pseudoalteromonas piscicida</i>	99
KJ33	A	<i>Pseudoalteromonas sp.</i>	99
MN35	F	<i>Photobacterium sp.</i>	99
KJ18	G	<i>Vibrio sp.</i>	99
Gram positive branch			
MN65-2	B	<i>Halobacillus sp.</i>	99
MN46	C	<i>Bacillus sp.</i>	99
KK7	E	<i>Salinicoccus roseus</i>	96
<i>Flexibacter-Bacteroides-Cytophaga</i> phylum			
KK6	D	<i>Tenacibaculum mesophilus</i>	97
KK15	I	<i>Flavobacterium sp.</i>	99
Alpha subdivision of <i>Proteobacteria</i>			
JU6	H	<i>Paracoccus sp.</i>	99

염전에서 분리한 8 균주 중 6 균주가 Gram positive bacteria에 포함되었고, *Halobacillus*(B type)와 *Bacillus*(C type)에 대하여 각각 99%의 유사도를 나타내었다. *Halobacillus* 속은 *Sporosarcina* 속에서 재 분류된 속으로, 이 속의 세균들은 0.5~30%의 NaCl이 포함된 곳에서 성장하는 호염성 세균으로, 오렌지색 색소를 생성하며, 염전에서 많이 발견되는 세균으로 알려져 있다(9).

PCR-RFLP의 D와 I type에 속하는 3균주는 *Flexibacter-Bacteroides-Cytophaga* phylum (FBC phylum)에 속하였는데 D type에 속하는 KK6균주는 *Tenacibaculum mesophilus*과 97%의 유사도를 보였다. 최근 밝혀진 *Tenacibaculum* 속은 일본의 해안에서 수집한 해면과 녹조류로부터 최초로 분리되었다. 이 세균은 cellulose, agar, chitin과 같은 고분자 물질을 분해하는 것으로 알려져 있으며, 옅은 오렌지색을 띠는 균주로 carotenoid 계열의 zeaxanthin을 함유한다(10, 14). KK5와 KK6 역시 오렌지색을 띠

는 균주들로 carotenoid 계열의 색소를 함유하고 있는 것으로 나타났다(미 발표 자료). E type의 KK7 균주는 염기서열 분석 결과 신종 가능성이 있는 균주로, *Salinicoccus roseus*와 96%의 유사도를 나타내었으며, 같은 속인 *S. alkaliphilus*, *S. hispanicus*과 93%의 낮은 유사도를 보였다. *Salinicoccus*는 주로 염이 존재하는 환경에서 서식하는 세균으로 *Ventosa*(13)에 의해 최초로 분리되었으며, 현재까지 *S. alkaliphilus*, *S. costicola*, *S. hispanicus*, *S. roseus*가 알려져 있다(7). F type에 속한 균주는 *Photobacterium* 속, G type에 속한 균주는 *Vibrio* 속과 99%의 유사도를 보였다. H type에 속한 JU6균주는 *alpha Proteobacteria*에 속한 *Paracoccus* 세균 종이였다. *Paracoccus carotinifacien*의 경우 astaxanthin을 생산하는 세균으로 해양에서 많이 발견되는 세균 종의 하나로 알려져 있다(11). I type에 속하는 균주는 *Flavobacteria*와 99%의 유사도를 보였으며, 역시 FBC complex에 속하였다.

제주도의 해수로부터 분리한 세균의 다양성 연구의 결과(5)에 의하면, 분리된 균주 중 high G+C Gram positive가 59%로 가장 많이 존재하며, *alpha Proteobacteria* (33%), *gamma Proteobacteria* (5%), low G+C Gram positive (3%) 세균의 순으로 분포하는 것으로 나타났으나, 본 논문의 국내 해양으로부터 분리한 색소생성 호염성 세균의 경우, 분리된 균주의 80%가 *gamma Proteobacteria* 중 *Pseudoalteromonas* 속 세균 종인 것으로 나타나, Lee 등(5)의 연구에서 보고된 해양세균의 우점종 및 다양성과는 다른 분포를 나타내었다. 또한 *Ventosa*(12) 등은 중호염성 세균의 우점종은 그람음성 세균이며, 그람음성 세균의 경우 *Vibrio*속과 *Pseudomonas*속이, 그람양성 세균인 경우, *Halobacillus*속과 *Bacillus* 속의 세균이 우점하는 것으로 보고하였다. 본 연구에서 염전에서 분리한 색소를 생성하는 그람양성 세균의 경우, *Halobacillus*와 *Bacillus* 두 속이 발견되었는데, 이는 *Ventosa*(12) 등의 중호염성 그람양성 세균의 우점종에 대한 보고와 일치하는 결과이다. 또한 색소생성 세균의 대부분이 이미 알려진 세균종과 높은 16S rDNA 염기서열 유사성을 나타내었는데, 이는 흔히 일반적으로 알려진 해양세균 종이 색소 생성능을 갖기 때문인 것으로 판단되며, 색소생성 40 균주에 대한 본 연구의 결과, 세균의 색소 생성능은 계통에 상응하는 분류 지표는 아닌 것으로 판단된다.

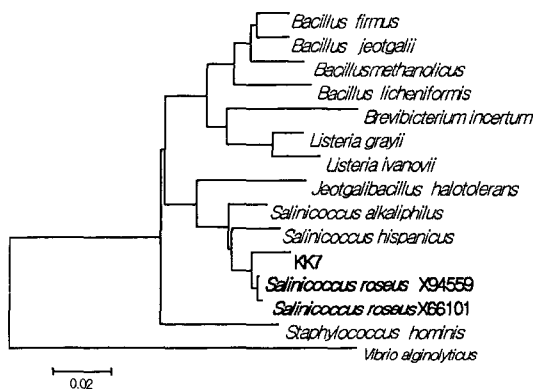


Fig. 3. Phylogenetic relationship between KK7 and genus *Salinicoccus*, and other closely related bacteria, which was constructed by using the neighbour-joining method.

감사의 말

이 논문은 2003학년도 한남대학교 학술연구조성비 지원에 의하여 연구되었으며, 이에 감사드립니다.

참고문헌

1. 김태수, 정명주, 류병호, 주우홍, 박정욱, 정영기. 1999. 해양미생물로부터 카로테노이드 색소의 생산을 위한 최적조건. *J. Korean Soc. Food Sci. Nutr.* 28, 1239-1243.
2. 김학주, 박효진, 배승권, 김종덕, 공인수, 공재열. 1996. 해양에서 분리한 *Vibrio sp.*가 생산하는 적색색소의 특성. *J. Korean Soc. Food Sci. Nutr.* 25, 294-300.

3. 류병호, 김민정. 2000. Colloidal Chitin을 자화하는 해양 세균으로부터 적색색소의 생산. *Kor. J. Appl. Microbiol. Biotechnol.* 28, 264-269.
4. 최병대, 정영기. 1999. 호염세균으로부터 추출한 카로테노이드 색소의 안정성. *J. Korean Soc. Food Sci. Nutr.* 28, 1405-1407.
5. Lee, J.H., H.H. Shin, D.S. Lee, K.K. Kwon, S.J. Kim, and H.K. Lee. 1999. Bacterial diversity of culturable isolates from seawater and a marine coral, *Plexauridae* sp., near Mun-Sum, Cheju-island. *J. Microbiol.* 37, 193-199.
6. Madigan, M.T., J.M. Martinko, and J. Parker. 2003. Brock Biology of Microorganisms. 10th Ed., p. 553-535, Prentice Hill, USA.
7. Mellado, E., E.R.B. Moore, J.J. Nieto, and A. Ventosa. 1996. Analysis of 16S rRNA gene sequences of *Vibrio costicola* strains : Description of *Salinicoccus costicola* gen. nov., comb. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 46, 817-821.
8. Saito, H. and K. Miura. 1963. Preparation of transforming deoxyribonucleic acid by phenol treatment. *Biochem. Biophys. Acta* 72, 619-629.
9. Spring, S., W. Ludwig, M.C. Marquez, A. Ventosa, and K.H. Schleifer. 1996. *Halobacillus* gen. nov., with descriptions of *Halobacillus litoralis* sp. nov. and *Halobacillus trueperi* sp. nov., and transfer of *Sporosarcina halophila* to *Halobacillus halophilus* comb. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 46, 492-496.
10. Suzuki, M., Y. Nakagawa, S. Harayama, and S. Yamamoto. 2001. Phylogenetic analysis and taxonomic study of marine Cytophaga-like bacteria: Proposal for *Tenacibaculum* gen. nov. with *Tenacibaculum maritimum* comb. nov. and *Tenacibaculum ovolyticus* comb. nov. and description of *Tenacibaculum mesophilum* sp. nov. and *Tenacibaculum amyolyticum* sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 51, 1639-1652
11. Tsubokura, A., H. Yoneda, and H. Mizuta. 1999. *Paracoccus carotinifaciens* sp. nov., a new aerobic Gram-negative astaxanthin-producing bacterium. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 49, 277-282.
12. Ventosa, A., J.J. Nieto, and A. Oren. 1998. Biology of moderately halophilic aerobic bacteria. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 62, 504-544.
13. Ventosa, A., M.C. Marquez, M. Kocur, and B. Tindall. 1993. Comparative study of *Micrococcus* sp. strains CCM 158 and CCM 1405 and members of the genus *Salinicoccus*. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 43, 245-248.
14. Yoon, J.H., K.H. Kang, and Y.H. Park. 2003. *Halobacillus salinus* sp. nov., isolated from a salt lake on the coast of the East Sea in Korea. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 53, 687-693.

(Received October 27, 2004/Accepted November 22, 2004)

ABSTRACT : Diversity of Pigment-Producing Halophilic Bacteria Isolated from Coastal Seawater and Solar Saltern in Korea

Hae-Young Yong and Jin-Sook Park* (Department of Microbiology, Hannam University, Daejeon 306-791, Korea)

A total of forty strains of pigment-producing halophilic bacteria were isolated from the solar saltern and coastal seawater in Korea. The diversity of those bacteria were determined on the basis of PCR-RFLP and 16S rDNA sequences. The isolated strains were classified into nine genera: *Pseudoalteromonas*, *Photobacterium*, *Vibrio*, *Halobacillus*, *Bacillus*, *Paracoccus*, *Salinicoccus*, *Tenacibaculum*, and *Flavobacterium*. While more than 80% of the pigment-producing halophilic bacteria isolated from the coastal seawater were classified as gram-negative *Pseudolateromonas*, most of the strains isolated from the solar saltern were classified into gram-positive *Halobacillus*. The other strain was KK7, which may be identified as novel species belonging to the genus, *Salinicoccus*.