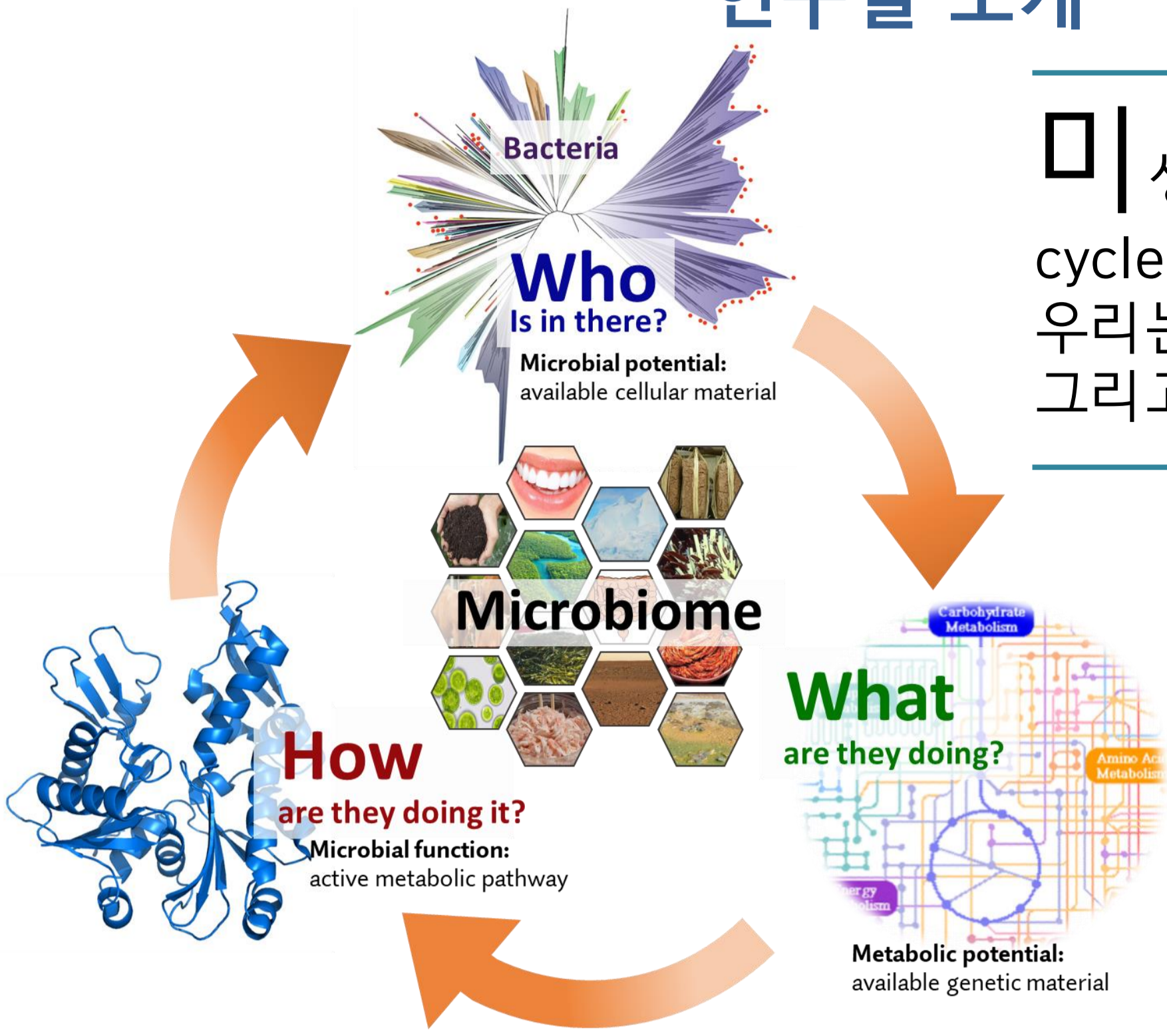


연구실 소개

"The Microbial World: Foundation of the Biosphere"

미생물은 우리를 둘러싼 모든 곳-‘환경’에 존재한다. 환경의 미생물은 지구상 물질의 순환(biogeochemical cycle), 생태계의 근간(foundation of the ecosystem), 생물의 동반자(companions of life)로 역할을 하고 있다. 우리는 다양한 오믹스 접근법을 이용하여 환경 내 어떤 미생물이 존재하는지(Who), 어떠한 일들을 하는지(What), 그리고 어떻게(How) 그들의 일을 하고 있는지에 대한 이해를 목표로 연구를 수행하고 있다.



교수 소개



김경현 교수(Prof. Kim, Kyung Hyun Ph. D.)

- 학력: 중앙대학교 생명과학과 이학사 (2014)
중앙대학교 환경생물시스템학 박사(2020)
- 어학: 토익(본적 없음)
- 작우명: 생각하라! 그렇지 않으면 몸이 고생한다!

•Research Interest

1. Molecular microbial ecology at environments.
2. Meta-omics analysis.
3. Microbial physiology and genetics.
4. Bioinformatic analysis

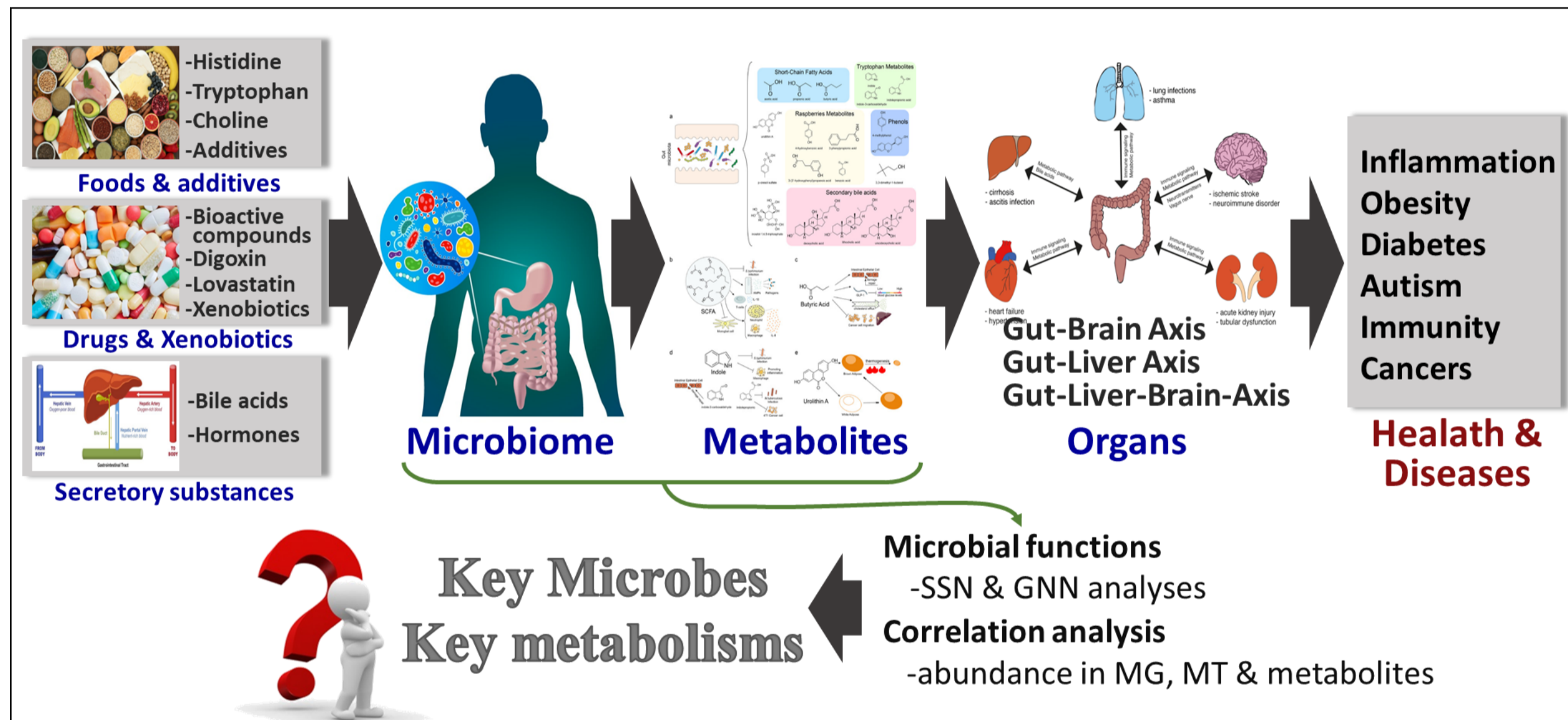
연구실 주요 연구 주제

인간 장내 미생물의 대사와 인체에 대한 영향 연구

인체 마이크로바이옴은 건강의 유지와 질병의 발생이라는 매우 중요한 영향을 미친다. 우리가 섭취하는 식품, 의약품, 장내 분비체 등이 장내 미생물에 의해 대사 되고 이들이 건강에 미치는 영향을 밝히고자 함.

- 담즙산, 아미노산의 장내 미생물에 의한 대사와 그 영향조사
- 동물 모델(마우스 등)을 통한 장내 미생물 대사 영향 조사
- 유용 장내 미생물의 발굴과 개발을 통한 차세대프로바이오틱스 개발

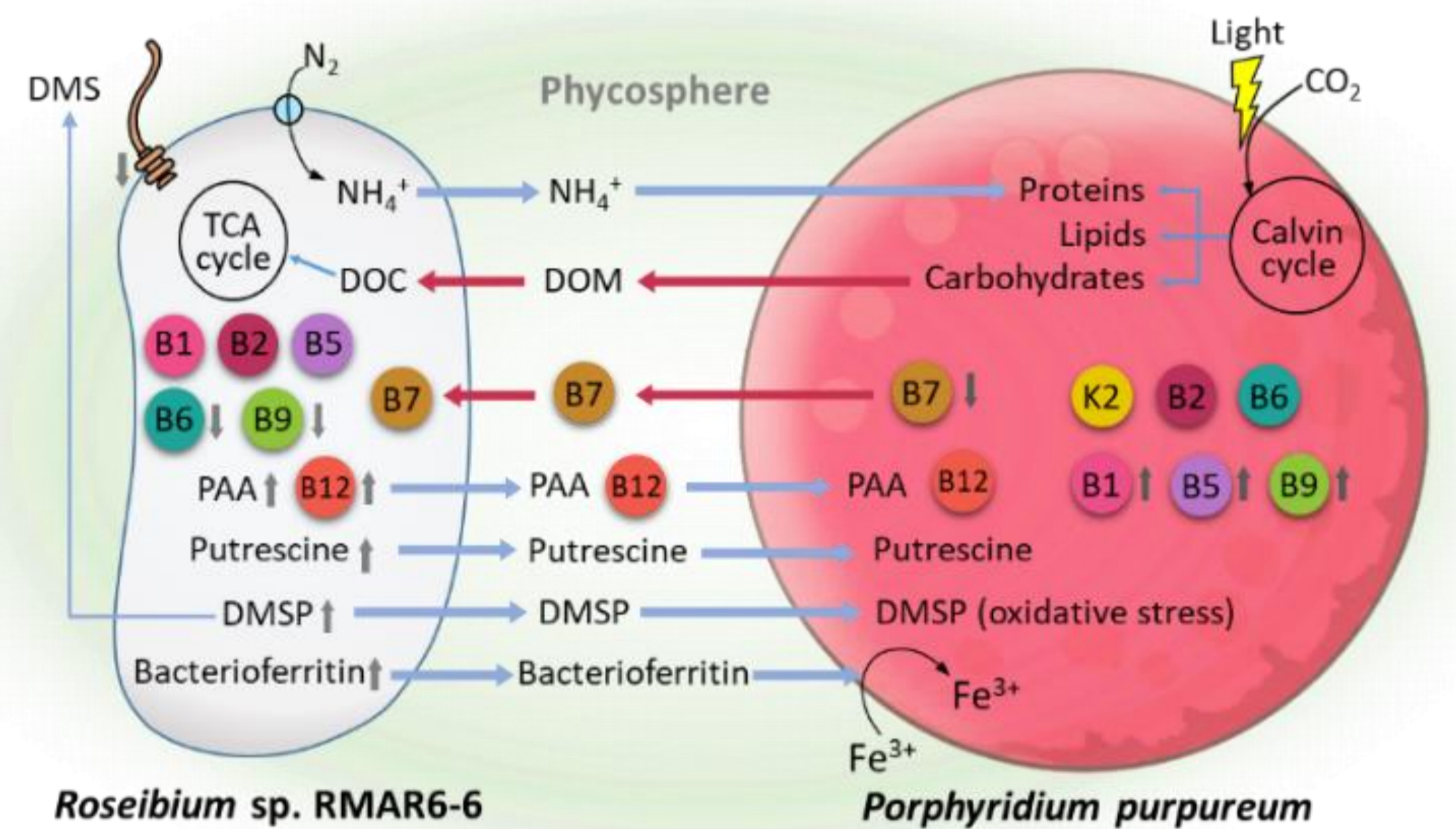
Microbial Metabolisms in the Gut are Associated with Human Health



해양 생물(조류, 해면) 공생 미생물 상호작용 연구

마이크로바이옴은 해양 생물(조류, 해면 등)의 발달과 성장에 영향을 미치는 것으로 알려졌다. 오믹스 접근법을 활용하여 해양 생물과 마이크로바이옴과의 상호작용을 밝히고자 한다.

- 해양 홍조류, 해면의 메타지놈 분석을 통한 미생물 군집 구조 분석 및 기능 분석
- 공생 미생물의 분리체를 이용한 대사적 특성의 실험적 증명

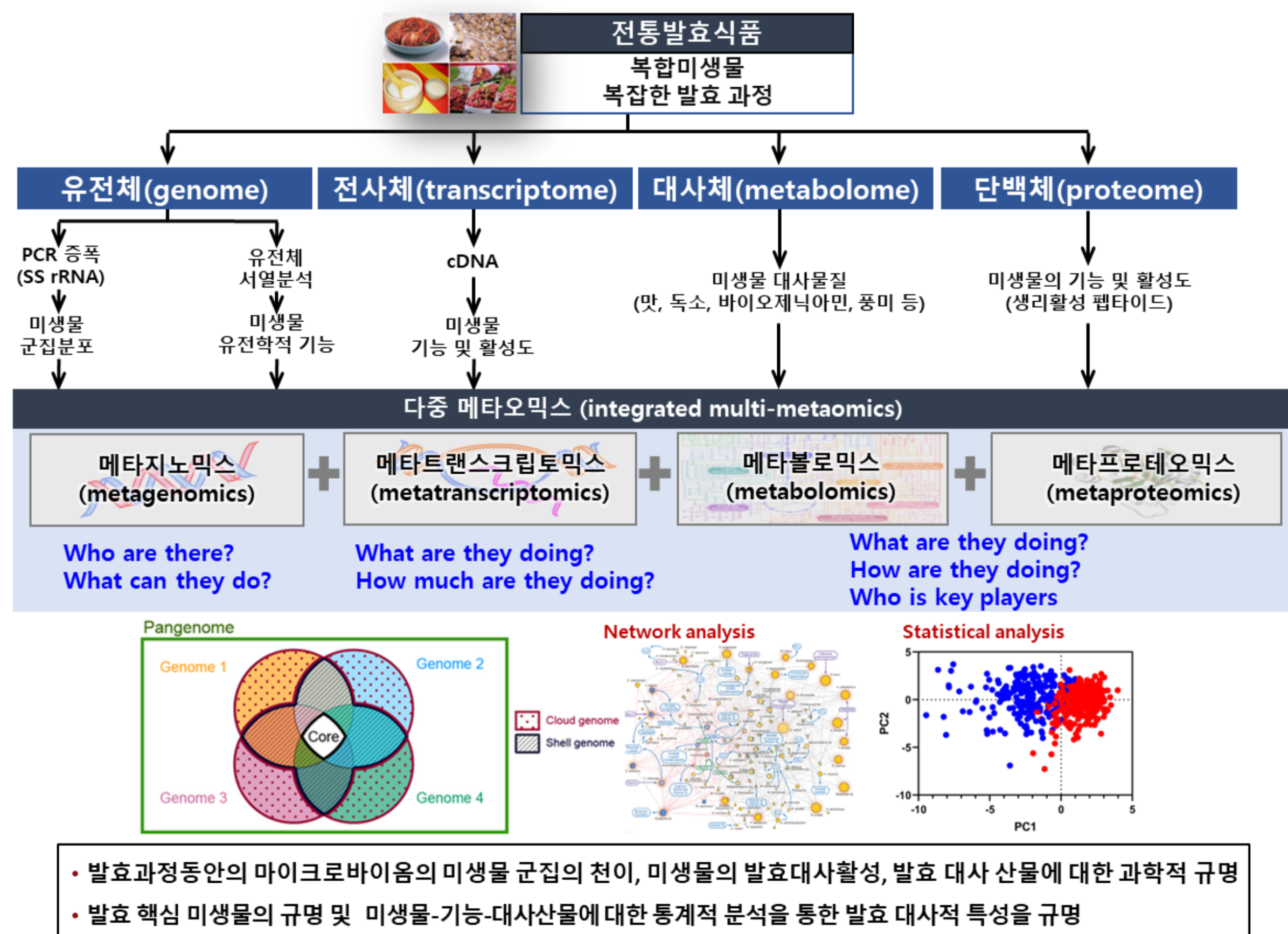


홍조류-공생미생물 상호작용 모델

식품 마이크로바이옴의 대사적 특성 연구

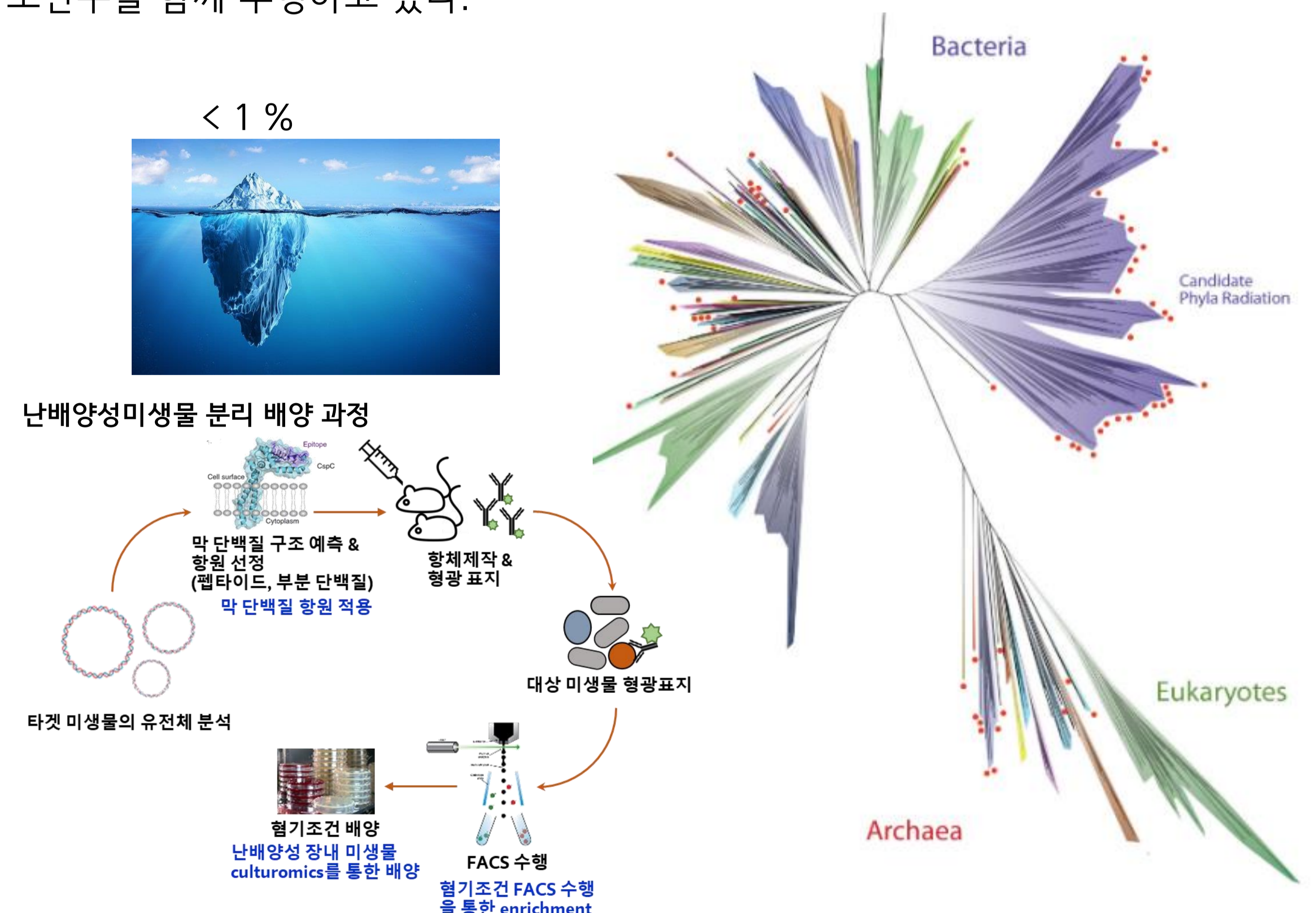
식품, 특히 발효식품은 마생물에 대사에 의한 결과물로서 인간이 접하는 주요 마이크로바이옴 중 하나이다. 식품의 마이크로바이옴이 갖는 발효 기능의 특성을 밝히고자 한다.

- 메타오믹스를 통한 발효과정동안의 미생물 대사적 특성 구명
- 유용 발효 미생물의 발굴 및 이를 이용한 종균 개발



환경 미생물의 분리 및 동정 연구 (2016 ~)

아직까지 지구상의 1% 미만의 미생물 만이 분리, 배양되어 동정(identification)된 것으로 보고되었다. 아직까지 동정 되지 않은 미생물을 밝히고자 한다. 난배양성의 미생물을 분리하기 위한 방법을 개발하고 이를 적용한 미생물 배양체 확보 연구를 함께 수행하고 있다.



주요연구실적

1. Kim, K.H., Park, D., Jia, B., Baek, J.H., Hahn, Y., & Jeon, C.O. (2022). Identification and characterization of major bile acid 7 α -dehydroxylating bacteria in the human gut. *mSystems*, 7(4):e00455-22.
2. Baek, J.H., Kim, K.H., Lee, Y., Jeong, S. E., Jin, H.M., Jia, B., & Jeon, C.O. (2022). Elucidating the biodegradation pathway and catabolic genes of benzophenone-3 in *Rhodococcus* sp. S2-17. *Environmental Pollution*, 299:118890.
3. Jia, B., Kim, K.H., Ruan, W., Kim, H.M., & Jeon, C.O. (2022). Lantibiotic-encoding *Streptococcus* in the human microbiome are underlying risk factors for liver diseases. *Journal of Infection*, 84(5):e70-e72.
4. Kim, K.H., Chun, B.H., Kim, J., & Jeon, C.O. (2021). Identification of biogenic amine-producing microbes during fermentation of ganjang, a Korean traditional soy sauce, through metagenomic and metatranscriptomic analyses. *Food Control*, 121:107681.
5. Kim, K.H., Chun, B.H., Baek, J.H., Roh, S.W., Lee, S.H., & Jeon, C.O. (2020). Genomic and metabolic features of *Lactobacillus sakei* as revealed by its pan-genome and the metatranscriptome of kimchi fermentation. *Food Microbiology*, 86:103341.
6. Kim, K.H., Jia, X., Jia, B., & Jeon, C.O. (2018). Identification and characterization of l-malate dehydrogenases and the l-lactate-biosynthetic pathway in *Leuconostoc mesenteroides* ATCC 8293. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 66(30):8086-8093.
7. Kim, K.H., Cho, G.Y., Chun, B.H., Weckx, S., Moon, J.Y., Yeo, S. H., & Jeon, C.O. (2018). *Acetobacter oryzafermentans* sp. nov., isolated from Korean traditional vinegar and reclassification of the type strains of *Acetobacter pasteurianus* subsp. *ascendens* (Henneberg 1898) and *Acetobacter pasteurianus* subsp. *paradoxus* (Frateur 1950) as *Acetobacter ascendens* sp. nov., comb. nov. *Systematic and Applied Microbiology*, 41(4):324-332.
8. Kim, K.H., Jia, B., & Jeon, C.O. (2017). Identification of trans-4-hydroxy-L-proline as a compatible solute and its biosynthesis and molecular characterization in *Halobacillus halophilus*. *Frontiers in Microbiology*, 8:2054.