

신청서 표지 (과학기술분야_교육연구팀)

『4단계 BK21사업』 미래인재 양성사업(과학기술 분야) 교육연구팀 사업 신청서

접수번호	4299991014422									
사업 분야	응용	신청분야	농수산학	단위	지역	구분	교육연구팀			
학술연구분야 분류코드	구분	관련분야			관련분야		관련분야			
		중분류	소분류	중분류	소분류	중분류	소분류			
	분류명	농학	농생물	농학	작물학					
	비중(%)	60			40					
학과(학부)	응용생물학과			신설(예정)학과		신설(예정)학과 여부				
					학과 개설일					
					직전학과 실적 인정여부					
교육연구 팀명	국문) 기후변화 대응 작물보호 미래 인재양성 교육연구팀									
	영문) Educational Team to Nurture Future Talent Capable of Crop Protection Against Climate Change									
교육연구 팀장	소 속	전남대학교			농업생명과학대학(원)		응용생물학과(부)			
	직 위	교수								
	성명	국문	김익수			전화	062-530-2073			
						팩스				
		영문	Kim, Iksoo			이동전화	010-2549-9104			
					E-mail	ikkim81@jnu.ac.kr				
연차별 총 사업비 (백만원)	구분	1차년도 (20.9~21.2)	2차년도 (21.3~22.2)	3차년도 (22.3~23.2)	4차년도 (23.3~24.2)	5차년도 (24.3~25.2)	6차년도 (25.3~26.2)	7차년도 (26.3~27.2)	8차년도 (27.3~27.8)	
	국고지원금	146.4	332	332	332	332	332	332	146.4	
총 사업기간		2020.9.1. - 2027.8.31.(84개월)								
1차년도 사업기간		2020.9.1. - 2021.2.28. (6개월)								
<p>본인은 『4단계 BK21』 신규사업 지원을 신청서와 같이 신청하며, 지원이 결정될 경우 관련 법령, 귀 재단과의 협약, 귀 재단이 정한 제반 사항 등을 준수하고 성실하게 사업을 추진하여 소정의 사업성과를 거두도록 노력하겠습니다.</p> <p>아울러, 신청서에는 사실과 다른 내용이 포함되지 아니하였으며 만약 허위 사실이나 중대한 오류가 발견될 경우에는 그에 상응하는 불이익을 감수하겠다는 서약합니다.</p>										
2020년 6 월 1 일										
작성자	교육연구팀장									
확인자	전남대학교 산학협력단장									
확인자	전남대학교 총장									
한국연구재단 이사장 귀하										
										

【신청서 요약문】

〈신청서 요약문〉

중심어	작물보호	기후변화	환경스트레스
	병해충	식량확보	환경친화
	유전정보	인력양성	외래종
교육연구팀의 비전과 목표	<p>▶ 교육 비전</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 기후변화 대응 작물보호 미래 전문 인력 양성을 위한 기초·응용·현장 교육의 새로운 밀레다임(millegidgm) 도입과 대학원 교육 및 연구의 국제화 및 내실화 제고. ○ 작물보호 분야 중 병·해충 및 환경스트레스 반응제어에 대한 창의적, 통합적 연구 강화를 통하여 관련 분야 세계 Top 20위 수준의 연구역량 제고. ○ 지역 및 국제적 산학협력과 국제화에 의한 기후변화 대응 작물보호 미래 전문 인력 양성을 통한 취업률 향상. <p>▶ 목표</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 기후변화에 따라 급변하는 병·해충상과 이에 따른 작물의 환경스트레스에 대처할 수 있는 융합적 마인드를 가진 미래 연구인력 양성. ○ 국제적 경쟁력을 겸비하고 글로벌 이슈를 해결할 수 있는 국제적 문제 해결형 전문인력 양성. ○ 병·해충 및 환경스트레스 반응제어 작물보호 분야 세계 Top 20위 수준의 대학원 위상 확립. ○ 기후변화 대응 작물보호를 위한 미래기초기술창조 능력을 습득한 창의적 연구 리더 양성. ○ 지역 현안에 투입 가능한 작물보호 현장밀착형 지식과 기술을 습득한 고급인재 육성. ○ 작물의 생장과 생육 관련 환경스트레스에 대한 바이오·정밀센서 융합 공동연구에 따른 산업적 전문인력 양성. ○ ICT 기법 및 계능정보를 활용한 병·해충의 예찰 및 방제 전문인력 양성. <p>▶ 추진배경 및 필요성</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 기후변화에 따른 식물의 생육양상 변화, 신규 병해충의 유입, 정착, 확산, 기존 병해충의 분포양상 변화 등은 작물 생산성 및 수확량 감소는 물론, 농산업 경제 전반, 심지어 국민의 식생활 패턴을 변화시키는 심각한 혼란을 초래할 것임. ○ 지속적으로 빠르게 진행될 기후변화에 능동적으로 대처하기 위해서는 식물·병·해충에 대한 개별적 이해를 기반으로 한 융합적 전문인력 양성이 필요한 실정임. ○ 기후변화에 따른 작물보호를 위해 국가 차원의 종합적, 사안별 계획이 수립되고 있으며 이들 정책을 뒷받침하기 위한 대학 차원의 교육과 인력 양성이 절실한 실정임. ○ 미래 인재 양성 교육 및 연구를 통한 기후변화 대응은 농산업 발전을 위한 새로운 신성장 동력이 될 수 있음. ○ 국외의 경우 이러한 문제점을 해결하기 위해 대학원 학위과정 내 융합적 		

	<p>교육이 가능할 수 있는 상설 프로그램을 운영하는 경우가 많으므로 국제적 동향에 보다 부합할 수 있도록 인력 양성 프로그램에 대한 수정이 필요한 실정임.</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 기후변화 대응 작물보호 인력 양성을 위하여 현 상황의 인식에 기반한 적극적인 교육 방안의 전환과 문제해결형 인력 양성이 필요하며 이는 곧 학생들의 진로와도 직결된 사안임.
<p>교육역량 영역</p>	<ul style="list-style-type: none"> ▶ 교육 방향 <ul style="list-style-type: none"> ○ 국내 유관기관의 최상위 아젠다 맞춤형 미래 인력 양성 계획 수립. ○ 국제적 교류와 교육을 통한 글로벌 이슈 해결형 전문인력 양성. ○ 식물·병·해충에 대한 종합적 문제 해결이 가능한 통합적 인력 양성. ○ 지역 현안해결에 필요한 인력 양성. ▶ 우수 신진 연구인력 확보 및 지원계획 <ul style="list-style-type: none"> ○ 전임 대비 80% 이상의 인건비 지원 및 성과에 따른 인센티브 제도 시행. ▶ 교육과정 구성 및 운영 <ul style="list-style-type: none"> ○ 기후변화 대응 작물보호에 적합한 교과목의 지속적 추가 개설. ○ 종합적 인재 육성을 위한 대학원내 융합적 프로그램 강화. ○ 창의적 독창적 수업의 독려를 통한 대학원 지향점에 부합하는 대학원 수업 구성. ▶ 교육의 국제화 전략 <ul style="list-style-type: none"> ○ 학위 중 국제 우수기관 장·단기 국외 연수 기회 보장 및 졸업 후 국제 우수 기관 연수 기회 제공. ○ 세계 최상위권 대학의 커리큘럼 및 프로그램의 지속적 반영. ○ 외국인 교수와 공동 심사 독려를 통한 학위의 엄정성 제고.
<p>연구역량 영역</p>	<ul style="list-style-type: none"> ▶ 참여교수의 연구역량 제고 <ul style="list-style-type: none"> ○ 국제 협력을 통한 연구 인프라 구축을 통해 세계 수준의 연구력 향상 도모. ○ 산학 협력을 통한 새로운 방제전략의 수립 및 신소재 개발. ○ 기후변화는 위기이자 기회로, 식물의 새로운 환경스트레스 저항성 혹은 내성 증진 기전 구명을 통한 연구역량 강화. ○ 신규 외래 병·해충 및 매개체의 국내 정착 및 확산 기작에 대해 기원국 연구자와 공동연구를 통한 연구역량 강화. ▶ 대학원생의 연구역량 제고 <ul style="list-style-type: none"> ○ 재학 중 현장 경험 축적을 위한 지자체 및 국가 연구기관과 교류 기회 확대. ○ 재학 중 국제 우수 기관 연수 기회 보장. ○ 산학협력 확대를 통한 현장 역량 강화.
<p>기대 효과</p>	<ul style="list-style-type: none"> ○ 기후변화 대응 작물보호 인력의 체계적 교육 및 취업률 향상 기대. ○ 지역, 국가, 글로벌 대응에 적합한 인력 양성. ○ 식물·병·해충에 대한 종합적 마인드를 갖춘 미래 인력 양성. ○ 미래 글로벌 신 식물보호 지식을 두루 갖춘 미래 농업을 주도할 인력 양성. ○ 신개념 응용 생물자원소재의 원천 기술 개발에 의한 산업화 기대. ○ 식물 보호 연구를 선도하는 글로벌 대학으로 도약 기대.

1. 교육연구단 구성, 비전 및 목표

1. 교육연구단 구성

1.1 교육연구단장의 교육연구행정 역량

성 명	한글	김익수	영문	Ikssoo Kim
소 속 기 관	전남대학교	단과대구분없음	응용생물학과	

<표 1-1> 교육연구팀장 최근 5년간 연구실적

연번	저자	논문제목/저서제목/book chapter/설계작품명	저널명/학술대회명/출판사/행사명	권(호), 페이지/ISSN/ISBN (pp. ** - **)	게재·출판·행사 연도	DOI 번호 (해당 시)
1	이주영, 왕아라, 최용수, Ratna Thapa, 권형욱, 김익수	Mitochondrial DNA variations in Korean <i>Apis cerana</i> (Hymenoptera: Apidae) and development of another potential marker	Apidologie	47(1), 123-134/ 0044-8435	2016	10.1007/s13592-015-0381-y
2	박정선, 김민지, 정수연, 김성수, 김익수	Complete mitochondrial genomes of two gelechioids, <i>Mesophleps albilinella</i> and <i>Dichomeris ustalella</i> (Lepidoptera: Gelechiidae), with a description of gene rearrangement in Lepidoptera	Current Genetics	62(4), 809-826/ 0172-8083	2016	10.1007/s00294-016-0585-3
3	김민지, 김종석, 정준성, 최득수, 박진영, 김익수	Phyto-sanitary cold treatment of spotted-wing <i>Drosophila</i> , <i>Drosophila suzukii</i> (Diptera: Drosophilidae) in 'Campbell Early' grape	Journal of Economic Entomology	11(4), 1638-1643/ 0022-0493	2018	10.1093/jee/toy148
4	김종석, 김민지, 정준성, 김익수	Complete mitochondrial genome of <i>Saturnia jonasii</i> (Lepidoptera: Saturniidae): Genomic comparisons and phylogenetic inference among Bombycoidea	Genomics	110(5), 274-282/ 0888-7543	2018	10.1016/j.ygeno.2017.11.004
5	Ehsan Sanaei, Martin Husemann, Marjan Seiedy, Michael Rethwisch, Midori Tuda, Teodora B. Toshova, 김민지, Daniela	Global genetic diversity, lineage distribution, and <i>Wolbachia</i> infection of the alfalfa weevil <i>Hypera postica</i> (Coleoptera: Curculionidae)	Ecology and Evolution	9(17), 9546-9563/ 2045-7758	2019	10.1002/ece3.5474

<표 1-1> 교육연구팀장 최근 5년간 연구실적

연 번	저자	논문제목/저서제목/book chapter/ 설계작품명	저널명/학술대회명 /출판사/행사명	권(호), 페이지/ISSN/ISBN (pp. ** - **)	게재· 출판· 행사 연도	DOI 번호 (해당 시)
	Atanasova, 김 익수					

I. 교육연구팀 구성, 비전 및 목표

1. 교육연구팀 구성

1.1 교육연구팀장의 교육연구행정 역량

1.1 교육연구팀장의 교육·연구·행정 역량

▶ 김익수 교수는 기후변화 대응 작물보호 미래 인재양성 교육연구단의 운영과 관련하여 그간 학내외적으로 교육, 연구 및 행정 부분 등 다양한 활동을 수행해 온 바 있음.

▶ 연구

- 김익수 교수의 전공분야는 곤충생태학 및 곤충계통분류학으로 해충 종의 진단, 생태, 친환경적 방제, 분자생태, 계통분류 관련 연구를 수행하였고 멸종위기종, 기후변화지표종, 외래종 등에 대한 생태계 내 역동성에 대한 여러 측면의 연구를 수행하였음.
- 최근 3년간 농림식품기술기획평가원, 농촌진흥청, 국립생물자원관, 한국연구재단, 농림축산검역검사본부 등에서 14개 과제에 대해 총 1,006,315,000원의 연구비를 수주하였고 최근 3년간 국제학술지에 총 14편의 논문을 교신저자로 출판함.
- 국가적인 당면 현안 해결을 위해 벚초파리의 생태연구를 통한 국내 포도 및 딸기의 수출, 제주 심비디움의 일본 수출을 위한 수확 후 친환경적 방제방안, 예기뿔소똥구리의 멸종위기종 해체를 위한 분자생태학적 특징 등의 연구를 수행함.



▶ 교육

- 학부는 식물해충학, 곤충다양성학, 곤충생태학 등에 대하여 대학원에서는 해충생물학적 방제론, 곤충분자생태학, 외래해충학 등에 대하여 전통적 내용과 분자생물학적 측면의 내용에 대하여 강의하고 있음.
- 학부수업에서는 곤충 표본의 확인, 친환경농자재 이용 해충살충 실험, 곤충의 실내 생활사 조사 등의 실습을 각 교과목에 포함하여 학생들에게 작물보호에 대한 실무적 이해를 증진하였으며 방학 중에는 공무원시험 준비 학생을 위해 작물보호학내 곤충관련 과목을 강의하며 나무의사 및 수목치료기술사과정에서 산림해충에 대하여 강의함.
- 최근 3년간 박사 1명(학연산 연계과정 외국인)과 석사 3명을 배출하였으며 박사졸업자는 외국인임에도 불구하고 현 국립기관에 취업하였으며 석사졸업자는 현 박사과정 재학, 농업연구사(지도사) 시험 준비, 국립기관 연구원으로 취업함.

▶ 행정

- 교내에서는 응용생물학과 주임교수, 식물생명공학부 학부장, 원예생명공학전공 전공주임, 친환경농산물인증센터 센터장, 대학원기획위원회 위원, 산학협력 운영위원, 친환경 농업연구소 운영위원, 동양배 연구소 운영위원 등을 역임 또는 역임중이며 이를 통해 2019년 교내 봉사우수 교수상을 수상함.
- 교외에서는 2013년 교육부 대학발전 기획단 대학원 분과위원, 국립호남생물자원관 건립위원, 전라남도 농업기술원 산업곤충전문위원, 농림축산검역본부 병해충위험평가자문위원, 한국응용곤충학회 부회장, 한국잡사학회 부회장 등을 역임 또는 역임 중임.
- SCIE 저널인 Asia-Pacific Entomology의 Associate Editor와 Entomological Research의 Subject Editor로 전공 분야 투고논문을 총괄함. 국내 학진 등재지인 International Journal of Industrial Entomology의 편집위원장을 수행한 바 있으며 기타 다수 국외 SCI(E)저널의 리뷰어로 활동 중임.

1.2 교육연구팀 참여교수 및 참여연구진

<표 1-2> 교육연구팀 참여교수 및 참여연구진 현황

연번	성명 (한글/영문)	직급	연구자 등록번호	세부전공분야	신임교수 *	외국인
1	김익수	교수	10138617	동물분류/계통	기존	내국인
2	한연수	교수	10088334	세포생리	기존	내국인
3	김철수	교수	10103401	분자유전	기존	내국인
4	강훈승	교수	10103561	식물유전	기존	내국인
5	정래동	조교수	11004729	식물병리	기존	내국인

1.3 교육연구팀 대학원 학과(부) 현황

<표 1-3> 교육연구팀 대학원 학과(부) 현황

(단위: 명)

기준일	대학원 학과(부)		학과(부) 소속 전체 교수 수	참여교수 수
2020.05.14	응용생물학과	임상, 건축학 인문사회계열 포함		5
		임상, 건축학 인문사회계열 제외	8	5

<표 1-4> 교육연구팀 대학원 학과(부) 소속 전임교원 변동 현황

(단위 : 명)

구 분	2017년		2018년		2019년		2020년		비고
	1학기	2학기	1학기	2학기	1학기	2학기	1학기	2학기	
전체 교수 수 (명)	8	8	8	8	8	8	8	8	
전입 교수 수 (명)									
전출 교수 수 (명)									

<표 1-5> 최근 3년간 교육연구팀 대학원 학과(부) 소속 전임 교수 변동 내역

연번	성명	변동 학기	전출/전입	변동 사유	비고
No data have been found.					

<표 1-6> 교육연구팀 참여교수 지도학생 현황

(단위 : 명, %)

기준일	대학원 학과(부)	참여 인력 구성	대학원생 수											
			석사			박사			석·박사 통합			계		
			전체	참여	참여 비율 (%)	전체	참여	참여 비율 (%)	전체	참여	참여 비율 (%)	전체	참여	참여 비율 (%)
2020. 05.14	응용생물 학과	전체	9	8	88.89	12	8	66.67	2	2	100.00	23	18	78.26
		자교 학사	7	7	100.00	3	2	66.67	1	1	100.00	11	10	90.91
		외국인	2	1	50.00	8	5	62.50	0	0	-	10	6	60.00
참여교수 대 참여학생 비율						360.00								

<표 1-7> 교육연구팀 참여교수 지도학생(외국인) 학생 현황

연번	성명	국적	학사출신대학	공인어학성적		비고
				국어	영어	
1	Cai, Jing	중국	Jiangsu Normal University			
2	Hu, Jianzhong	중국	Jiangsu Normal University			
3	Keshavarz, Maryam	이란	University of Guilan		IELTS score 6.5	IELTS (International English Language Testing System)
4	Le, Nguyen-Tieu Ngoc	베트남	Angiang University		IELTS 5.5	IELTS (International English Language Testing System)
5	Manduzio, Stefano	이탈리아	Università Degli Studi di Milano	TOPIC (2급)	TOEFL (99/120)	
6	Ali Mohammadi Kojour, Maryam	이란	University of Guilan		IELTS score 7	IELTS (International English Language Testing System)
7	Shoaib, Yasira	파키스탄	PMAS-Arid-Agriculture University		IELTS 6.5	IELTS (International English Language Testing System)
8	Trinh, Thi Huong	베트남	Taynguyen university		IELTS 6.0	IELTS (International English Language Testing System)
9	Umme, Amera	파키스탄	PMAS-Arid-Agriculture University			

2. 교육연구팀의 비전 및 목표

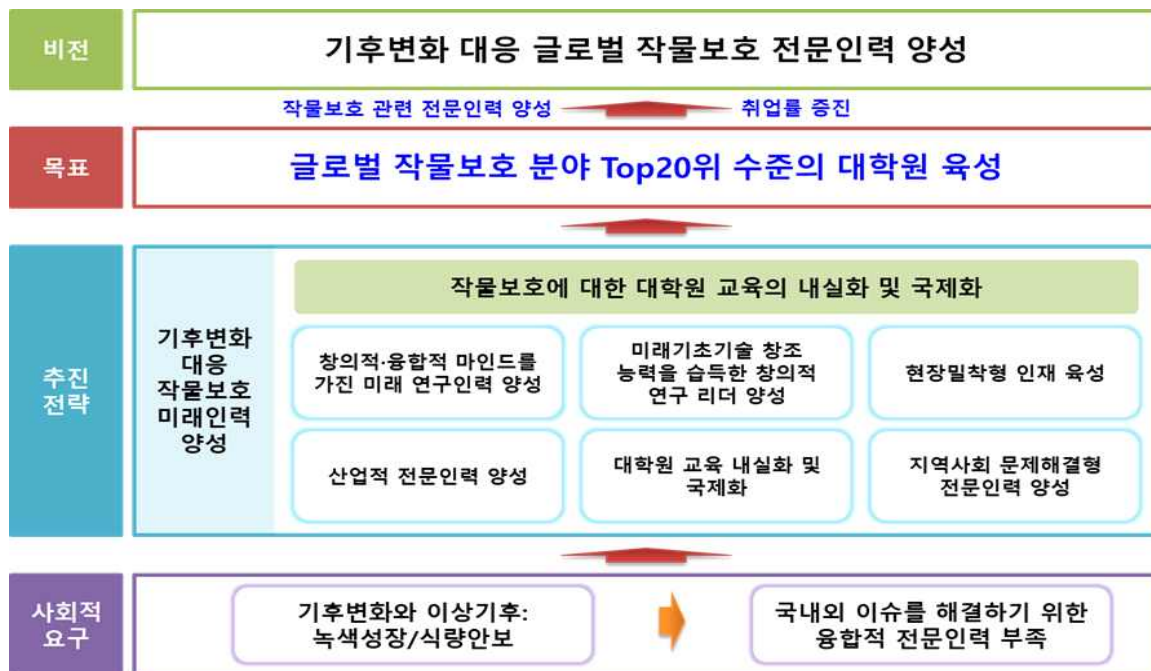
2.1 교육연구팀의 비전 및 목표

2.1 교육연구팀의 비전 및 목표

▶ 본 교육연구팀의 교육 비전 및 목표

- 기후변화 대응 작물보호 미래 전문 인력 양성을 위한 기초·응용·현장 교육의 새로운 밀레다임(millegim) 도입과 대학원 교육 그리고 연구의 국제화 및 내실화.
- 지역 및 국제적 산학협력과 국제화에 의한 기후변화 대응 작물보호 미래 전문 인력 양성을 통한 취업률 향상.
- 작물보호 분야 중 병·해충 및 환경스트레스 반응제어에 대한 창의적, 통합적 연구 강화를 통하여 관련 분야 세계 Top 20위 수준의 연구역량 제고 및 기후변화 대응 글로벌 작물보호 전문인력 양성.

▶ 비전 및 목표 달성을 위한 추진전략 및 달성방안



- 추진목표: 국제적 경쟁력 제고 및 Top 20위 수준의 대학원 위상 확립

○ 달성방안

- 해외 TOP10 수준의 우수 과학자로부터 화상 교육에 의한 글로벌 인재 배출 및 국제적 연구 교류 확대.
- 영어로 유창하게 발표하고 질의/응답 할 수 있는 글로벌 대학원생을 배출하는 대학원 교육의 내실화.
- 탄탄한 기초부터 응용지식까지 두루 겸비한 종합적 사고방식을 함양할 수 있는 교육방안 추구 및 이를 통한 글로벌 인재 배출.
- 장단기 국외 연수기회 제공을 통한 연구의 글로벌 마인드 고취.
- 해외 우수대학에서 운영되고 있는 커리큘럼을 대학원 강좌에 접목함으로써 강의 수준의 질적 향상을 유도하며, 대학원 수업을 모두 외국어로 강의함으로써 국제적 마인드를 갖춘 전문인력 양성.

- 해외 우수연구자의 초청 및 세미나 활성화, 국제 공동연구과제 개발, 공동논문발표 등을 통한 연구의 국제적 경쟁력 제고.

○ 추진목표: **창의적·융합적 마인드를 가진 미래 연구인력 양성**

○ 달성방안

- 창의적인 연구과제 제안을 할 수 있는 연구 분위기 및 환경을 제공하기 위하여 창의적이고 도전적인 연구과제를 제안한 대학원생을 선발하여 공동 연구 협력을 맺은 국내·외 연구기관 및 대학에 단·장기 연수를 보내어 제안 과제의 국제적 연구 동향 및 감각을 익히도록 함.
- 대학원생 주관 창의적 우수 연구과제 탐색 및 발굴을 위한 교류, 연구 모임을 지원하여 적극적이고 자율적인 연구 주제 탐색의 기회를 제공함.
- 융합적인 사고 함양과 학제간, 전공간의 활발한 교류를 위해 개별 주제에 대한 학회는 물론 통합적 학회에 참가하도록 독려함.
- 창의적 독창적 수업의 독려를 통한 대학원 지향점에 부합하는 대학원 수업 구성.
- 융합 과목 개설을 통한 융합적 인재 양성.

○ 추진목표: **대학원 교육 내실화**

○ 달성방안

- 창의적 사고와 자율적인 연구 주제 탐색을 독려할 수 있는 연구모임 지원.
- 융합적인 사고 함양을 위한 학회 활동 독려.
- 세미나 및 공동강의 과목 개설을 통해 작물·병·해충에 대한 종합적 교육 강화.
- 기초·응용·현장 교육 강화를 통한 종합적 마인드를 가진 인력양성.
- 전남대학교 대학원 혁신본부가 제시한 대학원 질관리 프로그램의 충실한 반영(중간 강의평가제도, 교육과정 학생평가단 운영, 대학원 학칙 및 규정 독립운영, 학생 선택형 지도교수 운영, 대학원 교육역량 강화 프로그램 확대 운영 등).

3. 대학원 강의 질 관리 프로그램 개선

가. 중간 강의평가제도 도입 → Benchmarking (성관대·중간강의평가 제도 참조)

1) 목적: 형식적 강의평가 방식 탈피하여 교수·학생 상호작용 확대와 강의 만족도 향상

2) 도입방안

현황	개선
(평가횟수) 1회, 강의 완료 후	· 2회 이내(중간고사 후, 강의 완료 후)
(평가대상) 대학원 모든 강좌	· 동일(대학원 모든 강좌)
(평가공개) 웹 공시	· 상시 공개 + 최근 10년간 평가 결과 포함
(평가과도박) 별도 내용 없음	· 피드백 체계 구축: 교수답변 및 학생 열람 · 강의계획서 개선: 직전 평가결과 반영사항 기술 의무화

나. 교육과정 학생평가단 운영

1) 목적: 수업내용, 수업방법, 학생평가 등 수업의 질 제고 및 교과목 운영 개선을 위한 학생평가단

(모니터링단) 구성·운영

2) 개편방안 (대학원 운영 교과목 모니터링 → 결과 공유 및 수업 질 개선)

구분	내용 및 활동
평가단 구성	계열별 구성; 기초과학, 응용과학, 의·치·약학, 인문사회, 예체능계열
평가단 활동	TA 활동시간 내 수업참관 및 체크리스트 작성 → 대학원혁신본부 제출
활동영역	대학원 교과영역 및 비교과 프로그램 전반
평가결과 공유/개선	평가단 활동결과 보고(대학원위원회) 및 전 기관 안내 → 대학원 수업 개선
평가단 특전	대학원혁신본부 TA 선발: 5명 이내

3) 투입예산(7개년): 2,400천원(5명*2회*7년)=168,000천원(대학원혁신지원비)

○ 추진목표: **미래기초기술창조 능력을 습득한 창의적 연구 리더 인재 양성**

○ 달성방안

- 대학원생에 대해 창의적 연구제안을 할 수 있는 연구분위기 조성.
- 대학원생에 대해 창의적 우수 연구과제 탐색 및 발굴을 위한 교류, 연구 모임 지원.
- 국내 연구기관 파견과 교류를 통한 국가 현안에 대한 이해 함양.
- 국외 우수 연구기관에 장·단기 연수를 제공함으로써 국제적 현안에 대한 이해 함양.
- 융합 과목 개설을 통해 새로운 가치 창출을 위한 기반 조성.

○ 추진목표: 현장밀착형 인재 육성

○ 달성방안

- 식물 헬스케어 분야의 현장 적응형 교육 강화를 통하여 미래 지향적 전문인력 양성에 의한 취업 유도 및 관련 산업 분야를 창의적으로 주도하는 미래 산업의 역군으로 양성
- 차별화된 실습교육을 통해 산업현장에 바로 투입할 수 있는 인재에서부터 지식 창조형 전문인력에 이르기까지 다양한 작물보호 전문인력 양성.

○ 추진목표: 산업적 전문인력 양성

○ 달성방안

- 환경스트레스에 대한 작물의 생장과 생육 관련 환경스트레스에 대한 바이오·정밀센서 융합 공동연구에 따른 작물보호 미래 성장 농산업을 선도하는 융복합, 산업화 및 신기술 취득 교육 인력 양성.
- 공동연구를 통해 병해충의 발생, 확인, 가해 양상 등에 대한 ICT 기법을 이용한 방제방안 취득 전문인력 양성.
- 계능정보를 이용한 병·해충의 유입, 확산, 정착, 창궐 등에 대한 해석 기법 및 방제방안 취득 전문인력 양성.

○ 추진목표: 지역사회 문제해결형 전문인력 양성

○ 달성방안

- 전남지역은 다양한 농산업의 중심지로 기후변화에 기인한 작물보호 관련 여러 가지 농업현안이 있는바 관련 기관 및 회사와 긴밀한 협조하에서 핵심 쟁점에 대한 연구과제에 적극 참여하고 노하우를 전수하며 이를 통해 관련 전문인력을 양성함.
- 해외 연구자의 초빙, 방문, 토론회 의견 교환을 통해 지역문제의 국제적 관심을 유도하고 공동연구를 통해 지역문제를 해결할 수 있는 전문인력을 양성함.
- 교내 친환경농업연구소(소장 한연수 교수) 및 기후변화대응농생명연구소(소장 강훈승 교수) 활동을 통해 대학원생의 연구소 활동 참여기회 제공을 통해 지역현안에 즉각적인 대처가 가능한 전문인력을 양성함.

▶ 교육 목표 달성을 위한 모델

- 본 교육연구팀의 목표 달성을 위하여 미국 UC Davis를 하나의 모델로 선정함.
- UC Davis는 미국내 공립대학교 중에서는 Top 15위, 농업분야는 Top 1위인 대학임.
- 본 응용생물학과처럼 식물·병·해충 전공이 하나의 학과로 구성된 것이 아닌 각 독립적인 학과로 구성되어 있으나(Dept. of Plant Sciences, Dept. of Plant Pathology 및 Dept. of Entomology) 상호 유기적으로 융합된 각종 프로그램을 운영하고 있으므로 이들 프로그램과 각 학과의 특성들을 발체 및 모델로 선정하여, 본 교육연구팀의 비전과 목표에 현황과 개선 방향을 나타냈으며, 구체적인 현황과 이를 통한 개선방안은 아래와 같음.

1) 우수인력 확보 방안

가. 모델대학 현황

- UC Davis의 경우 모든 지원자는 대학원 지원 전 실험실 경험을 갖고 있도록 적시함.
- 이는 자연과학 연구 시 필수적으로 수반되는 실험 기법에 대한 기술습득 및 이해, research에 대한 이해, 이와 수반되는 관련 논문의 학습법, 실험실에 대한 이해 등이

수반되어야 보다 의미있는 결과 도출과 창의적 연구가 가능할 것이라는 인식에 근거한 것으로 해석됨.

나. 교육연구팀 현황

- 학부생의 적극적인 대학원 지원을 유도하기 위한 방안으로 의욕있는 미래 작물보호 우수 학생 유치를 위하여 현 학부에 개설된 응용생물학실습과목을 통한 각 교수 연구분야를 가장 잘 이해할 수 있는 내용을 실습에서 교육하고 있음.

다. 개선점

- 하계/동계 방학 중 운영하던 학부생 중심 대학원연계형 프로그램인 “Core Learning” 프로그램을 활발히 운영하는 한편, 연구보조원의 월 일정 연구보조비 제도를 확대 적용하고, 대학원 진학 시 연구 생활에 문제가 없도록 함.

2) 우수 외국인 학생 확보 방안

가. 모델대학 현황

- UC Davis는 국외학생 유치를 위해 제한적으로 토익점수를 요구하는 것 이외 특별한 언급은 없으나 홈페이지의 영어화 자체가 국제적인 관심과 문의로 이어지고 있으며 홈페이지를 자세히 숙독하는 것으로 학과의 입학조건, 각 교수의 연구동향, 수강과목, 졸업요건 등에 대한 많은 궁금점이 자연스럽게 해소될 수 있으며 이를 통해 국내외 예비 대학원생들의 목표의식 고취에 도움이 될 수 있도록 작성되어 있는 실정임.

나. 교육연구팀 현황

- 현 학과 홈페이지는 한글로 작성되어 있으며 대학원을 위한 별도의 안내는 없는 가운데 학교 전체의 대학원 홈페이지에 한글과 영어로 대학원의 입학에 대한 안내가 되어 있음. 국제협력본부가 국외학생에 대한 안내를 하고는 있지만, 대학원 운영 프로그램 및 생활의 구체적인 내용을 보고자 했을 때 실질적인 학과 홈페이지는 한글로 학과에 대한 안내 사항만 제시되어 있는 실정임. 이러한 현실로 인해 전공에 맞지 않은 국외 학생들이 학과교수에게 문의를 하고 타 대학으로 관심을 돌리거나 학과에 대한 부정적인 이미지가 생길 수 있음.

다. 개선점

- 일단은 영어로 학과에 대한 안내가 필요하며 모델 대학 홈페이지처럼 학과에 대한 안내, 입학조건, 입학절차, 대학원생에 대한 지원조건, 수업교과목, 프로그램, 각 교수의 최근 연구활동 업데이트, 졸업조건, 진로방향, 후차적 문의사항 등에 대한 구체적인 사항을 안내함으로써 보다 많은 국외 지원자가 본 학과의 교육내용에 대해 충분히 이해할 수 있도록 함으로써 보다 많은 국외 학생들이 지원할 수 있도록 함.

3) 교과목

가. 모델대학 현황

- UC Davis의 곤충학과, 식물병리학과, 식물학과의 교과목 내용을 살펴보면 식물학과는 47명, 식물병학과는 17명, 곤충학과는 25명의 정교수가 재직하나 개설교과목은 각 학과 당 20개 과목을 넘지 않는 가운데 여러 개의 세미나 강좌가 개설되어 다양한 시대적·사회적 수요를 충족하는 것으로 보여짐.

나. 교육팀 현황

- 본 학과는 이미 BK플러스 사업을 통해 학과 교과목을 보다 국제적 수준으로 높이고 시대변화에 알맞은 교과목으로 교체 또는 추가해왔음. 그 결과, 최근 5년간 대학원개설교과목 8개가 추가되었고 11개가 수정되어 2020년 현재 총 51개의 강의가 개설되어있음. 특히 본 교육

연구단의 준비과정에서 3개의 교과목이 추가되었으며(외래해충학특론 및 기후변화지표곤충학, 기후변화식물병), 11개의 교과목이 수정 (환경식물생화학, 기후변화바이러스매개생물학, 기후변화해충생리학, 식물환경호르몬특론, 기후변화와 작물병관리학, 곤충세포외기질생물학, 곤충기능유전체학, 식물 및 저곡해충관리학, 곤충유전자침묵실험 및 기능연구학, 기후변화와 식물병, 환경변화대응식물병리학)된 바 있음.

다. 개선점

- 향후 본 교육연구팀의 목표 달성을 위해 지속적인 보완작업이 이루어 질 수 있도록 본 교육연구팀 참여교수는 물론 학과 전체 교수의 중지를 모을 예정임.
- 그러나 본 교육팀의 키워드의 하나인 기후변화와 관련하여 UC Davis의 상기학과들은 기후변화에 대한 별도의 교과목을 개설하고 있지는 않고 있음. 개설된 교과목의 면면으로 유추하건대 각 교과목에 자연스럽게 기후변화에 관련된 내용을 포함하여 교육하고 있을 것으로 추측됨. 그럼에도 불구하고 본 교육팀에서는 기후변화에 따른 작물보호에 중점을 두고자 이미 개설되었던 과목은 물론 기후변화로 인해 야기될 수 있는 교육내용을 강조하고자 향후 교과목을 추가적으로 개설할 예정임(예, 돌발해충학, 해충월동학 등).
- 교과목을 통한 교육의 방향의 설정과 함께 보다 내실있는 대학원 교육이 이루어질 수 있도록 융합 세미나 과목 개설을 통해 작물·병·해충에 대한 종합적 이해를 유도하고자 함. 예를 들어 병해충종합방제 세미나 과목(또는 Seminar in Applied Biology, 학기당 3학점)을 개설하여 식물·병·해충 관련 학생들이 종합적으로 수강할 수 있도록 유도하고자 학기마다 작물·병·해충 교수가 과목을 담당하게 함으로 융합적 교육이 이루어질 수 있도록 유도하고자 함.

4) 학과 내 프로그램

가. 모델대학 현황

- UC Davis의 곤충학과에서는 곤충학, 잡초학, 식물병리학, 선충학, 농약독성학 등의 과목에 초점을 두며 “Integrated Pest Management (IPM) Graduate Group” 으로 별도의 프로그램에 대하여 석사학위를 수여하고 있는 실정임.
- UC Davis 식물병리학과에서는 수의대, 의대와 “One health” 라는 목표로 “Global Disease Biology” 전공 프로그램을 개설하여 기후변화 대응 전문 인력을 배출하고 있음.
- UC Davis 식물병리학과에서는 National Plant Diagnostic Network(NPDN)의 일원으로 Western Plant Diagnostic Network(WPDN) 프로그램을 진행함으로써 식물병 진단 전문 인력을 양성하고 있음.

나. 교육팀 현황

- 모델학과와 견주어 본 교육팀은 참여 교수 인원 및 전공의 현실적 한계로 식물·해충·식물병의 학문적 융합으로 기후변화 대응 전문 인력 양성을 하고자 함.
- 본 교육연구팀 한연수 교수와 정래동 교수는 기후이상에 따른 병해충에 대한 최신 현장 및 바이러스 병원균의 정밀 진단 기술을 개발 및 기술 상용화 중에 있음.

다. 개선점

- 앞서 제시한 대로 이를 대신하기 위하여 융합적 교육이 가능할 수 있도록 공통 세미나 과목을 통해 보다 종합적인 인력양성을 하고자 함.
- 기후이상변화에 따른 돌발 병해충의 신속하고 정확한 진단 및 방제를 위한 사안별 교육 프로그램을 개설하여 현장 적용 전문가 인력 양성을 하고자 함.

5) 지역사회 기여

가. 모델대학 현황

- 현 UC Davis 곤충학과의 홈페이지 기록에 따르면 다양한 곤충관련 연구가 수행되고 있으며 “기후온난화에 따른 화분매개 곤충의 감소”에 대한 심포지움, “UC Davis 생물다양성의 날”을 개최하여 주변 어린이들에게 곤충의 중요성에 대한 사회 봉사활동 등을 수행하고 있으나 작물보호와 관련하여 지역 사회를 위한 특별한 프로그램을 소개하고 있지 않으며 이는 식물학과와 식물병리학과도 유사한 상황임. 그러나 본 교육팀이 속한 학과는 물론 세계 모든 곳의 대학이 지역사회 주요 이슈에 대해 현장 문제를 확인하고 이를 해결하기 위한 일정의 연구를 수행하는 것으로 이해하고 있음.

나. 교육팀 현황

- 김익수 교수는 지난 수년간 배 주산지인 나주의 배과원에 발생하는 핵심 병해충인 꼬마배나무이와 흑성병에 대한 발생예측 모델의 나주 적합성 검정을 위해 매주 나주시 내 5개 과원에 대한 현장 조사를 통해 월동기를 시작으로 배 생산시기까지 시기 별 발생현황 확인은 물론, **발생예측 모델의 나주시 적합성을 분석하여 국가 전체적 예측모델과 달리 온난화가 가속화된 전남소재 나주는 더욱 빠른 시기에 발생함을 확인한 연구결과를 발표하였고 이를 위한 무인기상장치의 활용방안에 대해 시책건의 한 바 있음.**
- 제주 주산품인 심비디움의 일본 수출을 촉진하기 위해 수출시 문제가 되는 목화진딧물의 관리를 위해 저선량의 방사선 조사방안에 대해 연구결과를 제시하여 제주도농업기술원에 활용방안을 제시한 바 있음.
- 충청도를 비롯하여 전국 곳곳에서 생산되는 캠벨얼리 포도 품종의 호주 수출을 위해 호주에서 검역해충으로 지정된 벚초파리의 포도알 내 산란가능성이 없음을 입증하고 수출시 해충사멸 저온조건을 구명하여 현 국내 캠벨얼리가 호주에 수출되도록 기여한 바 있음.
- 경상남도 진주일대의 수출딸기 재배 시설에서 벚초파리의 연중 발생현황을 조사하여 겨울철, 즉 딸기재배 및 수출기간에 해당 초파리의 산란으로 인한 국외 침입 가능성이 매우 낮음을 증명하여 이 결과를 토대로 한·호주간 검역회의를 통해 최근 우리나라 시설딸기의 수출 가능성을 검토하고 있음.
- 2003년 부산을 시작으로 최근 전라남도 지역에 큰 피해를 주었던 외래해충인 등검은말벌의 방제를 위해 현재 가장 효과적인 유인액과 포획기 개발을 위해 전남 곡성 소재 회사와 공동연구를 통해 새로운 유인액과 신개념의 대형 포획기 개발에 일조 한 바 있으며 해당 종의 국내 확산 특징에 대해서도 집단유전학적 연구를 수행한 바 있음.
- 정래동 교수는 2017년부터 현재까지 **바이롬 분석을 통해 전남지역 배에서 발생하는 바이러스 목록을 작성하여 농식품부 및 전남도농업기술원에 제공하여 배 바이러스 예찰 및 방제에 도움을 줌.**

다. 개선점

- 지속적으로 지역사회의 문제점에 대한 인식을 갖고 해결방안을 도출하기 위한 연구과제의 수행과 이를 통한 전문인력을 양성하고자 함.
- 해외 연구자와의 초빙, 방문, 토론회 의견을 교환함으로써 지역문제의 국제적 관심을 유발하고 그 해결책을 찾는 노력을 하고자 함.
- 기후변화 대응 작물보호 관련 전문가를 양성하여 지역 작물보호 관련 연구기관 및 회사에 취업하도록 하고 지역사회의 문제점들은 협업을 통해 지역사회에 기여하고자 함.

6) 국제화

가. 모델대학 현황

- 현 UC Davis 곤충학과의 홈페이지 기록에 따르면 UC Davis 곤충학과는 이미 세계적인 대학으로, 국제화를 위한 특별한 프로그램을 소개하고 있지는 않지만 개별 교수 측면에서 다양한 연구를 수행하고 있음. 식물과 초식동물의 관계를 연구하는 Richard Karban 교수는 캐나다와 공동연구 결과를 발표한 바 있으며, 응애류의 분자·형태·생태학적 연구를 수행하는 Jason Boind 교수는 유럽 및 남미 다양한 국가의 연구자들과 공동연구 결과를 발표한 바 있음.
- 초파리의 곤충인구학, 사망률 역학, 곤충침입생물학에 대해 연구하는 James R. Carey 교수는 그리스의 Gerofotis 등의 연구자와 초파리의 생태 및 노화에 대하여 공동연구결과를 발표한 바 있으며, 곤충행동을 연구하는 Joanna Chiu 교수는 중국, 호주 등의 연구자와 초파리 내 Wolbachia의 국제적 확산에 대하여 공동연구를 수행하였으며, Ian Grettenberger 교수는 해충인 노린재의 생태와 관리방안에 대하여 영국, 프랑스 연구자와 공동연구를 수행하였으며, 개미의 계통분류를 연구하는 Phillip S. Ward 교수는 외래 침입종인 개미 종에 대해 브라질과 공동연구를 수행하는 등 총 25명의 교수 중 소수의 교수를 제외한 거의 모든 교수가 국제적 공동연구를 수행하고 있는 실정임.
- UC Davis 식물병리학에서는 대부분 식물병 진단 및 방제에 수준 높은 연구를 진행하고 있으며, Douglas Cook 교수는 기후이상변화에 따른 콩 병방제 연구를 진행함으로써 인도, 네덜란드, 이집트, 러시아 등에 방제 기술 개발은 보급하고 있음. 또한 과수(포도)병 방제 연구를 진행중인 Akif Eskalen 교수와 전남대학교 김길용 교수 연구팀은 공동연구로 미생물제제 기반 병방제 소재를 개발중임.

나. 교육팀 현황

- 본 교육연구팀 참여교수는 **최근 5년간 5개 국가, 8명의 국외 연구진과 국제공동연구를 통하여 10편의 논문을 출판한 바 있음.**
- 최근 5년간 5개 국가, 10명의 국외 연구자를 초빙하여 세미나를 개최한 바 있으며 이들과 공동연구를 진행하였거나 진행 중에 있음.

다. 개선점

- 지난 5년간 공동연구에 더하여 현 모든 참여교수가 국제공동연구를 통한 국제화에 참여하고 이를 통해 국제적으로 보다 우수한 논문을 출판하고자 함.
- 모델 대학인 UC Davis에 대한 지속적 연구동향 파악은 물론 UC Davis와도 공동연구를 할 수 있도록 함.
- 그 외 미국 Purdue University 등 국외 우수 대학과 지속적인 교류를 통하여 침입외래 병해충분야 등에 관해 공동연구를 수행할 계획임.
- 현재 진행중인 BK21 프로그램을 통하여 배출된 본 학과의 외국 박사 출신 교수들(중국, 베트남 등)과 국제 공동연구를 통해 기후변화 대응 신연구 및 신기술 개발을 추진하고자 하며 지속적으로 이러한 우수 외국 학생을 배출하고자 함.

II. 교육역량 영역

1. 교육과정 구성 및 운영

1.1 교육과정 구성 및 운영 현황과 계획

1.1 교육과정 구성 및 운영 현황과 계획

▶ 교육연구팀의 현 교육과정과 학사관리 현황

○ 입학조건 및 자격

- 현 본 교육연구팀이 속한 응용생물학과의 대학원 학위과정은 우수인력 확보를 위하여 크게 3가지로 나누어 구분하여 입학 자격을 부여하고 있음.
- 1) 석사학위과정 및 석·박사학위 통합과정은 학사학위를 소지하거나 예정하는 경우 또는 법령에 의하여 이와 동등 이상의 학력이 있다고 인정된 자에 한함[전남대학교 2020학년도 전기(추가) 일반대학원 입학전형 모집요강].
- 2) 박사학위과정의 경우 석사학위를 소지하거나 예정하는 경우 법령으로 이와 동등 이상의 학력이 인정된 경우에 한함[전남대학교 2020학년도 전기(추가) 일반대학원 입학전형 모집요강].
- 3) 학·석사연계과정은 일반대학원 모집과는 별도로 4학기(2학년 2학기)이상 이수자로 총 72학점 이상 취득자를 대상으로 총 평균평점 4.5만점 기준 3.0 이상을 획득하고 응용생물학과 지도예정교수의 추천을 받은 자를 대상으로 엄격한 지원 자격을 부여하고 있음[전남대학교 학·석사학위연계과정 운영지침(이하 “학·석사 운영지침”) 제5조].
 - 특히, 박사학위과정 지원은 학위의 전문성을 유지하기 위하여 응용생물학과에서 석사학위과정을 졸업한 경우를 기본으로 하며, 이외의 학과에서 지원하고자 하는 경우에는 응용생물학과 주임교수의 추천이 있는 경우에 한하여 지원 자격을 부여함 [전남대학교 2020학년도 전기(추가) 일반대학원 입학전형 모집요강].
 - 대학원생 입학전형은 매 학기 개시 전에 실시하며, 입학전형에 관한 사항은 입학전형 기본계획, 모집요강, 세부시행계획 등을 정한 후 전남대학교 홈페이지를 통해 공지함. 1차 서류 전형, 2차 구술(면접) 고사 수행 후 합·불합격을 심의·사정하고 총장은 이를 확정하여 합격자를 발표함[전남대학교 대학원 교학규정(이하 “교학규정”) 제9조, 제12조, 제13조].
 - 면접은 전공지식, 입학 동기, 향후 진로 방향 등에 대하여 질의와 응답을 하며 영어의 중요성을 강조하고 영어구사 능력을 확인하기 위하여 영어로 자기소개, 입학동기, 진로 방향 등에 대해서 소개하도록 함.

○ 학위 요건

1) 학점 이수 요건

- 총 졸업 이수 학점은 석사과정 24학점, 박사과정 36학점, 석·박사학위통합과정 60학점 이상 취득해야함. 그 중 석사과정 15학점, 박사과정 24학점 이상은 응용생물학과 교육과정을 통해 취득하도록 규정하여 학위 전공생들의 전공학과에 대한 전문성을 확보하고자 하며, 그 외 학점은 타 학과를 통한 학점 취득이 가능함[교학규정 제18조; 응용생물학과 학과내규(이하 “학과내규”) ④].
- 또한, 학위과정생이 교수 1인으로부터 수강할 수 있는 최대학점을 석사 12학점, 박사 15학점 이내로 규정하여 응용생물학과 내 다양한 분야에서 전문성을 갖추도록 함(교학규정 제18조; 학과내규 ⑩).
- 학·석사 연계과정자는 학부 졸업 시까지 응용생물학과 전공과목 6학점을 반드시 이수하여야 하며, 해당 학점은 학부 졸업학점으로 인정하지 않고 대학원 입학 후 석사과정의 이수 학점으로 인정함. 이 외의 모든 적용기준은 석사학위과정자와 동일하게 적용됨(학·석사 운영지침 제 8조).

- 이수 학점은 해당 교과목에서 석사과정 C이상, 박사과정 B이상, 석·박사학위통합과정 C이상 취득 시 인정함[응용생물학과 대학원 졸업관련 학칙 및 규정(이하 “응용생물학과 학칙”) 참고].
- 현 대학원에 입학하기 이전에 국내 또는 외국의 대학원(연구과정 포함)에서 취득한 학점은 석사과정은 9학점, 박사과정은 12학점까지 인정할 수 있음. 다만, 재학 최종학기말로부터 5년 이내에 입학한 자라야 하며, 학점인정과목은 학과 교수회의를 통해 결정함(교학규정 제 26조; 학과내규 ⑤).
- 편입학생의 경우 학과 심사를 통해 다음 각 호의 범위 이내에서 전적 대학교에서 이수한 학기 및 학점을 인정받을 수 있음(교학규정 제21조).
 - 석사 및 박사과정: 2학기 편입생은 최대 1학기(석사 6학점, 박사 9학점), 3학기 편입생은 최대 2학기(석사 12학점, 박사 18학점).
 - 석·박사통합과정: 2학기 편입생은 최대 1학기(6학점), 3학기 편입생은 최대 2학기(12학점), 4학기 편입생은 최대 3학기(18학점).
- 1학기 9학점 취득을 기본으로 하나 직전 학기 수강과목 성적이 모두 A 이상인 자에 한하여 9학점 이외에 3학점을 초과하여 수강 신청할 수 있음(교학규정 제 18조).
- 응용생물학과 석사학위를 취득하고 박사과정에 입학한 자 중 이수 학점을 초과 취득한 학점(B이상)은 총장의 승인을 얻어 12학점까지 박사과정 학점으로 인정할 수 있음(교학규정 제 18조).
- 석사학위과정 및 석·박사학위통합과정 학생이 학사과정 재학 중에 취득한 대학원 과목에 대해서는 총장의 승인을 얻어 9학점까지 인정할 수 있으나 총 취득학점이 학사과정의 졸업소요학점을 초과한 범위 내에서만 인정함(교학규정 제 18조).
- 수료 조건은 모든 학위과정에서 평균평점 3.0 이상 달성해야 하며, 평균평점 4.3 이상 달성 시 조기 수료가 가능함(전남대학교 학칙 73조; 응용생물학과 내규).

2) 학위논문제출자격시험

- 학위논문제출자격시험은 외국어 시험과 응용생물학과에 대한 전공 지식수준 확인을 위한 종합시험으로 구성됨(교학규정 제30조).
- 외국어시험의 경우 석·박사과정 및 석·박사통합과정 1학기 이상 이수한 후 응시가 가능하며, TOEFL(CBT) 173점 이상, TOEFL(IBT) 61점 이상, TOEIC 590점 이상, TEPS 468점 이상, NEWTEPS 251점 이상, IELTS 5.0점 이상 및 전남대학교 언어교육원 회화과정 3단계 이상 이수의 경우 대학원위원회에서 정한 바에 따라 외국어시험 면제가 가능함. 과목은 1과목, 영어로 하며, 총장이 위촉하는 위원이 문제 출제·채점하고 100점 만점으로 60점 이상을 합격으로 함(대학원 학위논문제출자격시험 면제 지침; 교학규정 제31조; 학과내규 ⑥).
- 종합시험의 경우 석사과정 18학점 이상, 박사과정 27학점 이상 그리고 석·박사통합과정 51학점 이상 취득하고, 지도교수의 추천을 받은 자에 한하여 응시가 가능하며, 취득학점의 총 평균 평점이 4.5만점 기준 4.2이상인 석·박사 과정생의 경우 대학원위원회에서 정한 바에 따라 종합시험 면제가 가능함(교학규정 제 32조; 학과내규 ⑩).
- 석사과정 2개 분야 이상, 박사과정 3개 분야 이상 출제를 원칙으로, 시험의 분야별 내용, 평가항목 기준 설정 및 출제 사항 등은 학과·전공주임교수가 당해 학과 교수와 협의하여 결정하고 합격 기준은 각 분야 당 100점 만점으로 각 분야 점수 50점 이상, 평균 성적 70점 이상으로 한다. 평균 성적이 70점 이상이나 과락으로 불합격 시 1년 이내 과락 분야만 재응시 할 수 있도록 함(교학규정 제 32조).

3) 학위청구논문 제출

- 석·박사학위 청구논문 제출 예정자는 각각 15학점, 18학점 이수 후에 논문작성계획서를 제출하여야 하며, 제출자는 논문작성계획서를 지도교수 지도하에서 공개 발표하여야 함. 만일, 계획서를 발표하지 않을 경우 논문심사를 위한 논문심사본을 제출할 수 없음(교학규정 제36조; 학과내규 ②).
- 학위논문제출자격시험에 합격하고, 졸업에 필요한 학점을 취득 또는 당해 학기까지 취득 예정인자에 한해 청구논문 제출이 가능함(교학규정 제36조).
- 학위청구논문 제출 시기는 매년 1월과 7월로 하며, 총장은 학위청구논문 제출기간·심사료·제출서류·심사일정 등을 2월과 8월에 확정 공고함(교학규정 제36조).

4) 석사학위과정 졸업요건

- 석사과정 졸업예정 학생은 전국규모 학술대회에서 학위논문 관련 논문을 1편 이상 발표해야함(학과내규 ⑪).
- 석사 학위 심사를 위해 지도교수는 논문지도위원회를 구성할 수 있으며, 그 위원회는 지도교수를 포함하여 논문과 관련된 분야의 교수 또는 학계의 권위자 3인 이상으로 하여 논문 제출 6개월 이전 구성을 완료해야함(교학규정 제37조, 제38조; 학과내규 ⑧).
- 학위청구논문 심사는 석사과정은 2회 이상 실시해야하며, 심사기간 내 학과·전공주임교수 주관 하에 반드시 1회 이상 공개 발표함을 원칙으로 함(교학규정 제40조).
- 석사과정의 심사 통과는 심사위원 3분의 2이상 동의로 결정함(교학규정 제40조).

5) 박사학위과정 졸업요건

- 박사과정 졸업예정 학생은 학위논문 내용의 일부를 전국규모 관련 학회(한국연구재단등재지 이상)에 제1저자로 1편 이상 투고하여 채택되어야 함(학과내규 ⑪).
- 박사 학위 심사를 위해 지도교수는 논문지도위원회를 구성할 수 있으며, 그 위원회는 지도교수를 포함하여 논문과 관련된 분야의 교수 또는 학계의 권위자 4인으로 이상으로 하여 논문 제출 1년 이전에 구성 완료하여 지도하여야함. 특히, 논문지도위원회에는 외부지도위원 2인이 포함되어야하며, 외부지도위원에는 전남대학교 타 단과대학 소속의 교수도 포함됨(교학규정 제37조, 제38조; 학과내규 ⑧).
- 박사과정의 학위청구논문 심사는 3회 이상 실시해야하며, 심사기간 내 학과·전공주임교수 주관 하에 반드시 1회 이상 공개 발표함을 원칙으로 함(교학규정 제40조).
- 박사과정의 심사 통과는 심사위원 5분의 4이상 동의로 결정함(교학규정 제40조).

▶ **교육과정의 충실성과 지속성**

- 본 연구교육팀의 학부 학과인 **응용생물학과**는 2019년 전남대학교 학과/부 평가결과 (2020년 5월 발표) 교육과정의 충실한 운영과 교육, 교수연구, 학생취업율, 국제화 등 대부분 지표에서 우수한 평가를 받아 56개 자연과학/공학계열에서 1위를 차지하였음.

○ **학칙과 학과 규정에 충실한 운영**

- 본 교육연구팀은 대학원의 운영 역시 학칙, 학사규정 충실히 준수해 왔음(대학원생의 입학,

Pride & Hope 진리로 행복관 세상을 밝힌다				
전남대학교				
수신자	수신자 참조			
(경유)				
제목	2019학년도 학과(부)평가 결과 안내			
1. 관련: 기획조정과-3939(2020.5.1.) /담당자: 조은비 주무관(Tel. 5126)				
2. 교육 및 연구 경쟁력 제고를 위해 실시한 2019학년도 학과(부)평가 결과를 붙임과 같이 안내드리오니, 학과(부) 운영에 참고하시기 바랍니다.				
가. 우수학과(부) 및 우수 개선학과(부) 선정 규모				
1) 우수학과(부): 인문사회/예체능 3개, 자연과학/공학 5개				
2) 우수 개선 학과(부): 인문사회/예체능 1개, 자연과학/공학 2개				
나. 평가 결과 및 연설팀의 지급 내역				
1) 우수학과(부)				
- 예산 범위 내에서 전일교원 수 규모별로 차등 지급				
계열	순위	학과(부)	지원액	비고
인문사회/예체능	1	불어불문학과	8,000천원	
	2	정치외교학과	8,000천원	
	3	지리학과	5,000천원	
자연과학/공학	1	응용생물학과	*	* 혁신으로 혁신에 기여 사업 예산 대안으로 지급 예정
	2	의학과	10,000천원	
	3	신원지원학과	5,000천원	
	4	기계공학부	*	* 혁신으로 혁신에 기여 사업 예산 대안으로 지급 예정
	5	생물교육과	5,000천원	
	6	통계학과	*	* 혁신으로 혁신에 기여 사업 예산 대안으로 지급 예정
	7	신소재공학부	*	* 혁신으로 혁신에 기여 사업 예산 대안으로 지급 예정
	8	전기공학과	5,000천원	* 휴가신청
	9	농식품생명공학부	5,000천원	* 휴가신청
계		*	51,000천원	

* 「혁신으로 혁신」 지원사업, 예산 지원 학과(부)는 학과(부)평가 연설팀의 지급 대상에서 제외

학점 이수, 학위논문 제출, 졸업요건 등).

- 향후 본 BK FOUR 교육연구팀의 운영과 이를 통한 대학원 학사운영 역시 학칙 및 학사규정의 준수는 물론 전남대학교 대학원 혁신본부가 제시하는 다양한 프로그램과 운영계획을 충실히 준수하고자 함.
- 향후 본 BK FOUR를 통해 양질의 교육과 연구력 향상, 이를 통한 융합적 사고를 가진 국제적인 인력양성에 대해 추가적으로 보완할 예정임.

〈교육과정의 수월성과 지속성 및 교과목 운영방안의 개선점〉



▶ 교과과정의 개선방안

〈강훈승 교수〉

○ 개설교과목 현황

- 강훈승 교수는 대학원교과목으로 식물생화학, 식물분자생물학, 단백질생화학, 핵산생화학 과목을 담당하고 있으며, 식물 생육 및 스트레스 반응에 관여하는 생화학적, 생리적, 분자생물학적 현상 및 이 과정의 조절에 필수적인 단백질 및 핵산의 기능을 이해하기 위한 강의를 담당하고 있음.

○ 교과목 개선 방안

- 기후변화에 따른 식물의 환경 스트레스 반응 및 적응과정을 깊이 이해하기 위하여 대학원 교과목 환경식물생화학을 2019년 개설하여 2020년부터 강의할 계획임. 최근 이상기후 및

기후변화로 인해 작물의 피해가 크게 증가하고 생산성이 감소하는 현실을 고려할 때, 기후변화가 어떻게 식물의 생육과 작물의 수확량에 영향을 미치는지를 이해하는 것은 대단히 중요하다. 본 교과목은 환경변화에 따른 식물의 광합성 효율, 스트레스 적응과정, 수분 이용 및 영양소 동화 등 생화학적, 생리학적 측면을 깊이 고찰함으로써 기후변화 대응 작물보호 내용을 강화할 계획임.

- 기후변화에 따른 식물의 환경 스트레스 반응 및 적응과정을 분자적 측면에서 깊이 이해하기 위하여, 대학원교과목 식물분자생물학의 내용을 개선하여 스트레스 반응 작물 생육 및 수확량에 영향을 미치는 유전자들의 발현 및 조절 과정을 깊이 고찰함으로써 기후변화 대응 작물보호 내용을 강화할 계획임.

○ 교과운영방안

- 강의는 해당 교과목 관련 기본 내용을 교재 및 영상 파일을 활용하여 강의하고, 최근 발표된 논문을 중심으로 주요 연구 동향에 대해 대학원생들의 발표와 토론을 유도하는 방식으로 구성하고자 함.
- 해당 교과목의 평가는 중간고사 및 기말고사, 일정 주제에 대한 리포트 작성, 구두발표 및 토론 참가 정도를 종합적으로 평가하여 학부 평가와 비슷하게 객관적으로 부여할 것임.
- 특히 환경식물생화학 교과목은 환경스트레스가 식물의 생육 및 발달에 미치는 영향을 깊이 이해하기 위하여, 환경변화에 따른 식물의 광합성 효율, 스트레스 반응 및 적응과정, 수분 이용 및 영양소 동화 등을 생화학적, 생리학적 관점에서 깊이 고찰할 것임.
- 향후 기후변화대응 식물의 반응 및 적응을 분자생물학적 관점에서 고찰할 수 있는 방향으로 위의 과목들과 유사한 형태로 개편, 운영하고자 함.

<한연수 교수>

○ 개설교과목 현황

- 한연수 교수는 2019년 가을학기까지 대학원 교과목으로 분자해충생리학, 병원균매개곤충학, 곤충면역학, 곤충단백질정제학을 담당하고 있으며 해충방제학의 원리와 RNAi-based pest control 강의를 통하여 최근 국내외 연구 동향을 고려하여 학생들에게 소개함.

○ 교과목 개선 방안

- 2020년부터 기후변화바이러스매개생물학, 기후변화해충생리학을 신설하여 현재 강의 중에 있음. 최근 기후변화가 해충생리학에 어떤 영향을 주는지, 어떻게 해충방제를 해야 하는지 새로운 변화에 대하여 집중적으로 훈련 할 예정이며, 특히 식물바이러스 매개충(진딧물, 총채벌레 등)의 방제전략에 대한 강의를 집중적으로 강화하고자 함. 특히 세계적인 농업생명과학대학을 갖고 있는 UC-Davis 농대에서 사용하고 있는 교재를 이용하여 최신의 학문을 소개하여 국내외적으로 경쟁력있는 대학원생을 배출하고자 함.

○ 교과운영방안

- 대학원생들과 매학기 최근 3년간의 논문 동향을 분석하고, 함께 공부하면서 농해충방제법에 대한 Review paper를 작성하여 함께 투고하고, 논문 교정, rebuttal letter 작성법 등 논문 투고에서 최종단계를 훈련시키고자 함.
- 대학원생들에게 주제를 제공하고 관련 분야의 논문을 읽은 후 Research Grant 작성하여 제출하여 실질적으로 졸업 후에 스스로 연구비 수주를 위한 연구계획서를 작성하여 제출할 수 있는 능력을 겸비하도록 하고자 함. 이러한 과정을 통하여 대학원 프로그램의 교육을 혁신하고 내실화하고자 함.

<김철수 교수>

- 개설교과목 현황
 - 김철수 교수는 현재 대학원교과목으로 식물기능유전체학, 식물환경스트레스특론, 식물분자유종학특론, 식물환경호르몬특론을 담당하고 있으며, 이 중 식물환경호르몬특론 교과목은 2019년까지 강의해 왔던 식물생장조절물질 교과목을 변경한 것으로, 2020년부터 식물환경호르몬이 식물 발생, 분화, 성장 및 환경 응답에 미치는 중요한 역할에 대해 강의하고자 함.
- 교과목 개선 방안
 - 식물기능유전체학 강의는 주로 식물체 계층을 구성하고 있는 핵산 구조 및 특성을 바탕으로 중요한 생명현상에 대해 강의하였으나, 앞으로는 이와 더불어 식물 생육 스트레스 관련 유전자들의 기능과 상호작용에 대한 측면을 강화하고자 함.
 - 식물환경호르몬특론과 식물분자유종학특론 교과목을 통해 식물환경스트레스 호르몬 관련 조절유전자 편집 및 형질전환 기술을 이용한 작물 분자유종에 대해 학습을 보충하고, 작물 개량을 위한 분자유종의 전반적인 연구 분야를 다루고자 함.
- 교과운영방안
 - 강의는 해당 교과목 관련 기본 지식에 대한 영상 강의 및 주요 연구 동향에 대한 구두 강의에 이어 최근 발표된 논문을 중심으로 한 학생 발표로 구성하고자 함.
 - 해당 교과목의 평가는 일정 주제에 대한 리포트, 구두발표 및 팀 프로젝트 결과를 제출하는 형식을 비롯해 학부와 동일한 방식의 중간/기말시험으로 구성하고자 함.
 - 특히 식물환경스트레스특론 교과목은 식물 환경스트레스의 다양성에 대한 식물체 내의 신호 전달과정 및 조절과정, 반응 과정 등을 중심으로 토의할 수 있는 생동적인 강의내용을 포함하여 운영하고자 하며, 필요시 해당 교과목 관련 연구자들을 초청하여 최근 연구 동향 및 연구내용을 소개하고자 함.
 - 기타 향후 신규로 개설하고자 하는 교과목은 이상의 과목들과 유사한 형태로 전환하고자 함.

<김익수 교수>

- 개설교과목 현황
 - 김익수 교수는 대학원교과목으로 해충생물방제론, 곤충분자계통분류학, 천적학, 식물선충학, 곤충분자생태학, 산업곤충학특론, 곤충분자진단학특론, 검역해충학특론, 외래해충학특론, 기후변화지표곤충학을 담당하고 있으며 이 중 2015년 산업곤충학특론, 2017년 곤충분자진단학특론, 2019년 검역해충학특론, 2020년 외래해충학특론 및 기후변화지표곤충학을 학생들의 수요와 진로방향을 고려하여 꾸준히 신설한 바 있으며 특히 외래해충학특론과 기후변화지표곤충학은 현 교육연구팀의 지원과 함께 기후변화에 따른 농업생태계의 변화를 반영하고자 전년도 신청해 2020년부터 강의 중임.
- 교과목 개선 방안
 - 해충방제와 핵심적인 관련이 있는 해충생물방제론과 천적학은 각 무농약기반 해충생물방제를 핵심으로 친환경해충방제학으로 개편하고 천적학은 천적곤충학으로 변경하여 천적으로 활용되는 곤충을 다루는 유용곤충 측면을 강화하고자 함.
 - 곤충분자생태학은 기후온난화에 대응하는 집단의 유전적 적응관련 연구가 활성화되고 있는 실정으로 분자생물학적 기술을 기반으로 구성된 곤충집단유전학으로 개편하고자 함.
- 교과운영방안
 - 강의는 교과목관련 기본 지식에 대한 강의, 주요 연구동향에 대한 강의에 이어 최근 발표된 논문을 중심으로 한 학생 발표와 이를 중심으로 한 토의로 구성됨.

- 보다 다양한 방식의 교육을 위하여 해충방제와 관련된 교과목(해충생물방제론, 천적학)은 강의에서 다루어지는 해충에 대해 현장 방문을 통해 직접 면밀한 관찰을 할 수 있도록 하고 현장에서 관찰결과를 토대로 방제전략까지 토의할 수 있는 생동적인 강의내용을 포함하여 개편하고자 함. 강의내용은 보다 구체적인 방제방안을 다루는 학술논문과 국가기관 발생 공식 매뉴얼 등을 참고로 하여 보다 현장감 있는 강의를 구성하고자 함.
- 기후변화에 따라 그 중요성이 더해지는 외래해충학특론의 경우 세계 각국의 기존 연구결과에 대해 강의하고 현 관련 국가기관이 취하고 있는 해당 종의 관리방안에 대해서는 현장 담당연구자를 초청하여 보다 현장감 있는 교육을 수행하고자 함.
- 검역해충학특론의 경우 검역을 위해 지정된 관리급 해충에 대한 분류, 생태, 방제 등 다양한 내용에 대한 강의를 비롯하여 해당 해충이 기주로 삼는 작목의 친환경적 방제 방안까지 다양한 강의를 필요함으로 기존 및 최신 연구결과를 비롯하여 최근의 검역동향에 대하여 폭넓게 강의하며 필요시 지역 검역검사본부 등 관련기관의 협조를 통해 현장방문 또는 관련 연구자를 초청하고자 함.

<정래동 교수>

○ 개설교과목 현황

- 정래동 교수는 대학원 수업으로는 식물바이러스학특론, 식물-미생물상호작용특론, 기후변화와 식물병, 식물병리학방법론, 환경변화대응식물병리학을 담당하고 있으며, 이 중 기후변화와 식물병과 환경변화대응식물병리학 과목들은 최근 기후변화로 인한 식물병 대응을 위한 작물보호 맞춤형 과목으로 새롭게 과목을 개설하였음. 또한 최근 작물보호를 위해 사용되고 있는 최신 연구 방법들을 소개하여 학생들이 적용 가능할 수 있도록 소개함.

○ 교과목 개선 방안

- 식물바이러스학특론의 경우 일반적인 식물바이러스학에 대한 수업을 진행하였으나 최근 기후이상변화로 인한 식물바이러스병의 피해가 나날이 증가되는 현실에서 최신 식물바이러스 진단 및 방제 관련 최신 연구동향에 대한 내용을 강화하고자 함.
- 식물병리학방법론의 경우 일반적인 실험방법에 대해 다루었으나 최근 식물병리학에서 사용되고 있는 다양한 분자생물학·생화학·세포생물학적·유전학적 측면에서의 다양한 실험방법 관련 내용을 강화하고자 함.
- 기후변화와식물병과 환경변화대응식물병리학 과목은 단순히 식물병과 환경측면에서의 수업을 다루었으나 기후이상변화에 따른 식물병의 변화 및 대응에 대해 구체적으로 수업을 진행하려고 함.

○ 교과운영방안

- 강의는 일반적인 식물병에 대해 소개하고 최신 연구동향에 기반한 논문 위주로 교수와 학생들의 발표 내용을 토대로 토론수업을 진행하고자 함.
- 논문발표 시 영어로 논문을 발표하고 참여한 교수 및 학생들과도 최대한 영어로 토론하는 수업을 유도하고자 함.
- 수업시간에 토론을 진행하면서 학생들이 수행하고 있는 연구과제에서 문제점들을 공개하여 교수와 학생들이 해결책을 찾아가는 수업을 진행하고자 함.
- 기후변화와식물병 수업에서는 기후변화에 따른 다양한 측면에서의 식물병 피해를 분석하고 그 해결방안을 찾아 제시함으로써 현실적인 작물보호 대응방안을 모색하고자 함.

▶ 세계적 수준의 대학원 교육과정과 학사관리 운영계획(교육 부분)

글로벌 작물보호 분야 Top20위 수준의 대학원 육성

BKFOUR
기후변화 대응 작물보호 미래 인재양성 교육연구팀



○ 수업 내실화 방안

- 강의 수업에 대한 학생의 이해도를 파악하기 위하여, 교수와 학생들 간 토의 문답법 혹은 학생과 학생들 간 질의응답법을 반영하고자 함.
- 수강학생들의 기초실력의 배양을 위해 우리말 강의를 원칙으로 함. 외국인 학생이 수강 시 영어강의로 전환.
- 기후변화 대응 작물보호 관련 전공과목 cross-listing을 통해 전공과목의 선택 폭을 확대함.
- 응용생물학과에서 수행되고 있는 다양한 실험 관련 연구윤리 및 실험실 안전교육을 강화하여 안전하고 의식있는 연구 수행을 강화함.
- 전남대학교 대학원 혁신본부가 제시한 수업내실화 방안 역시 충실히 반영하고자 함.

○ 융합적인 인력양성

- 융합적 인재 양성을 위해 작물보호 세미나 과목(예, 학기당 3학점)을 개설하여 식물·병·해충 관련 학생들이 종합적으로 수강할 수 있도록 유도하고 각 학기마다 작물·병·해충 교수가 순차적으로 과목을 담당하도록 함.

○ 종합시험 엄격화

- 현 1인 교수에 의해 채점이 되는 종합시험을 해당 분야 관련 2인 이상의 교수가 평가하여 보다 엄격하게 운영하고자 함.
- 출제문제도 전공과목의 기초부터 응용부분까지 다양화함으로써 실질적인 종합시험의 의미를 갖도록 함.

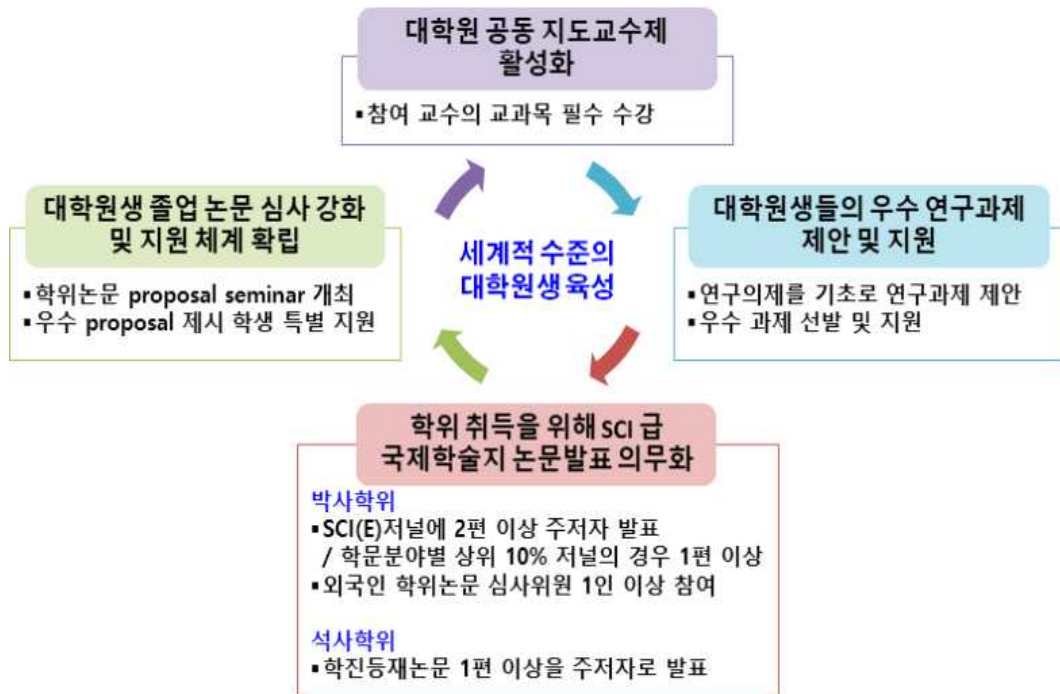
○ 영어세미나 지도 제도(English-seminar mentoring program: EMP)

- 이전 사업에서 수행해왔던 대학원생의 매학기 영어 세미나 발표에 더하여 이를 녹화한 후 지도 및 참여 교수에게 개인 지도를 받는 프로그램을 적극 시행하고자 함.

○ 유수대학 교과과정 및 학사관리 현황 반영

- 모델 대학 및 해외 우수대학의 커리큘럼을 벤치마킹하여 수시로 전공과목을 세분화 및 다양화하여 학생들에게 선진적인 학문의 습득 기회를 제공함.

▶ 세계적 수준의 대학원 교육과정과 학사관리 운영계획(연구 부분)



- 대학원 공동 지도교수제 활성화
 - 참여 대학원생에 대한 공동지도교수제를 활성화하기 위한 방안으로 참여 교수의 교과목을 최소 1과목이상 필수적으로 수강하도록 지도.
 - 대학원생들에게 2명이상의 지도교수를 두어 연구의 효율성과 다양성 확보.
- 대학원생 졸업 논문 심사 강화 및 지원 체계 확립
 - 대학원생의 학위논문 proposal을 1학기가 지난 후에 작성하여 proposal seminar를 개최하며, 우수 proposal을 제시한 학생을 선발하여 특별 지원.
- 대학원생들의 우수 연구과제 제안 및 지원
 - 대학원생들의 창의성과 연구 의욕을 고취하기 위해 자신들의 연구의제를 기초로 새로운 연구과제를 제안하게 하며 우수 과제를 선발하여 지원함.
- 학위 취득을 위해 국제학술지 (SCI) 논문 발표 의무화
 - 박사학위는 SCI(E) 저널에 2편 이상을 주저자로 발표토록 함(단 학문분야별 상위 10% 저널의 경우 1편도 가능함).
 - 박사학위 논문 심사위원에 외국인을 한 명이상 참여하도록 하여 영어 학위논문의 질적 향상을 도모하고 학위의 엄정성을 제고함.
 - 석사학위는 최소 국내 학진 등재 논문 1편 이상을 주저자로 발표하도록 하고, 이러한 조건을 충족한 학생들에게 특별 지원.

▶ **교육과 연구의 선순환 구조 구축 방안, 연구역량의 교육적 활용 방안**



- 최근 5년간 수행한 연구의 면면을 보면 세계적 연구 동향, 국가적 연구 방향과 부합하는 부분이 많으며 이러한 결과는 해당 논문에 인용된 주요 결과 논문들과 함께 수업시간에 소개함으로써 보다 연구의 사회적 필요성에 대해 강조하고자 함.
- 국제적으로 저명한 논문에 출판하기 위하여 사용되고 있는 개념과 실험적 방법 등이 잘 반영되어 있는 타 연구자의 논문이나 본인의 논문을 관련 강의 내용에 반영함으로써 실험실 결과와 수업과의 연계성을 강화하고자 함.
- 본 교육연구팀에 참여하는 모든 교수는 관련 연구 분야에 전문가로 경쟁력이 확인되고 있으며, 따라서 국내외의 저널에서 Review 논문 작성을 요청받고 있음. 리뷰 논문 작성은 연구의 방향 및 최근 연구 동향을 파악하는 중요한 과정으로, 본 교육연구팀에 참여하는 교수의 연구결과뿐만 아니라 타 연구자의 연구결과도 면밀하게 고찰할 수 있는 좋은 기회임. 본 교육연구팀 참여교수는 리뷰 논문 작성 시 사용한 최근 연구내용 및 방향 등 주요 내용을 대학원 교육에 효율적으로 활용할 계획임.
- 대학원 강의 시간에 학생들에게 해당 주제와 직접 연관성이 있는 연구의 최신 연구 동향 및 방향에 관해 논문 검색, 발표 및 토론을 유도하고, 수업시간에 획득한 새로운 아이디어를 수행하고 있는 연구에 접목함으로써 교육내용을 연구에 활용하는 선순환 구조를 강화시킬 계획임.
- 우수한 연구를 진행하면서 창출되는 이론·방법·원리 등을 학생들에게 전달함으로써 논문 및 교재에서 배우지 못하는 새로운 과학적 사고를 학생들이 습득함.
- 세미나, 워크숍, 프로젝트 중심 교육을 통해 연구역량을 강화하고 연구결과를 교육에 활용하는 교육 및 연구의 선순환 확대
- 교육과 연구 간의 연계는 대학원 교육에서 이루어지고 있고 교수의 연구 활동이 곧 대학원생들에 대한 교육 활동으로 연결되기에 참여교수들의 다양하고 참신한 아이디어 연구과제를 수주하고 우수한 결과를 창출하면서 교육과 연구의 선순환을 극대화 함.

1. 교육과정 구성 및 운영

1.2 과학기술산업사회 문제 해결과 관련된 교육 프로그램 현황과 구성 및 운영 계획

1.2 과학기술·산업·사회 문제 해결과 관련된 교육 프로그램 현황과 구성 및 운영 계획

▶ 현황

- 현재 전남대학교 응용생물학과는 전남지역에 위치하는 대학으로 지역의 주력 산업인 농업발전에 많은 기여를 해 온 바 있으며 그간은 실적은 다음과 같음.

<강훈승 교수>

- 전남대학교 기후변화대응농생명연구소 소장으로 활동
 - 전남대학교 기후변화대응농생명연구소를 설립하여 현재 소장을 맡고 있으며, 기후변화가 농산업에 미치는 영향을 분석하고 대응 방안을 모색하는 세미나를 다수 개최함.
 - APEC 기후센터의 김대하 박사와 전종안 박사, 농협경제지주 축산연구원의 송재용 박사를 초청하여, 전 세계적인 가뭄 극복을 위한 방안, 동아시아지역 농업적 가뭄 감시 기법, 기후변화 대응 작물 및 축산분야 연구 방향 등 기후변화 대응 작물보호를 위한 다양한 관점을 논의하고 대학원생들에게 향후 연구 방향을 제시하였음.
- 전남대학교 생물공학연구소 소장 역임
 - 전남대학교 생물공학연구소 소장을 역임하면서 기후변화와 식물 생육 및 스트레스 반응에 대한 대내외 활동 및 세미나 개최 등을 주도하였음.
- 금요일에 과학터치 강연을 통한 과학기술의 사회 문제 해결방안 제시
 - 2009년과 2012년 2회에 걸쳐 금요일에 과학터치 강연에서 “식물도 스트레스를 느껴요”, “식물은 어떻게 외부 자극에 반응할까” 라는 내용으로 초·중·고 학생 및 일반 시민을 대상으로 강연을 통하여 기후변화대응 연구의 중요성을 설명하고 과학기술과 사회 문제 해결의 연관성을 제시하였음.

<한연수 교수>

- 전남대학교 친환경농업연구소 교수로 활동
 - 친환경농업연구소 초대소장으로 봉사하면서, 친환경농업연구소에서 개발한 미생물농법이 전남지역(나주, 곡성, 순창, 함평, 광주시 등)과 제주도의 감귤 및 감자농가의 농업현장에 사용될 수 있도록 현장중심 교육에 봉사함.
 - 2020년 현재 전남대학교 친환경농업연구소장(6대)으로 봉사하며 연구소에서 개발한 친환경농자재를 미국 등 해외에 수출하는 업무에 활발하게 기여하고 있음.
- 미국 UC-Davis 대학교와 국제적인 활동
 - 친환경농업연구소에서 개발한 미생물농법이 미국 하와이 농업 현장에 사용 될 수 있도록 홍보하였고, 미국 캘리포니아 UC-Davis의 식물병리학과 Akif Eskalen 교수 실험실과 연계하여 전남대 기술이 캘리포니아의 포도 농업현장에 활용될 수 있도록 국제공동연구를 추진하고 있음. 특히 포도나무에 식물바이러스를 전파하는 깍지벌레(Mealy bug)를 방제해야 하는 일이 매우 시급한 현황임. 따라서 향후 깍지벌레 방제법 개발을 위한 국제공동연구가 진행될 예정임.

전남대 지금

미국 농가, 전남대 미생물농법 배우러 온다.

전남대학교 2019. 10. 10. 15:55

URL 복사 -이웃추가

전남대 미생물농법 미국농가 전파

미국농민 24명 10월11~16일 광주 방문
나주, 여수, 담양 등 농가방문 현지투어
화학비료, 농약 의존하게 극복 위해
국내 1만2천농가 사용...北 보급 추진
GCM농법 산림분야에도 효과 입증돼



- 범부처 감염병 대응연구개발 추진위원
 - 감염병연구포럼 기후변화감염병 분과위원.
 - 국가 감염병 관련 미팅에 활발하게 참석하며 국가 R/D 및 미래연구방향을 제시하는 등 적극적으로 기여하고 있음.
- 기후변화매개체감시거점센터장(전남1권; 2010년부터 현재까지)
 - 16개 기후변화매개체감시거점센터 협의체 의장으로 활동(2017 ~ 현재).
 - 정은경 질병관리본부장으로부터 “우수거점센터” 로 선정됨.
 - Viral RNA 추출 및 바이러스 진단 전문회사인 (주)인바이러스테크의 Scientific Advisor로 활동.
 - 꿀벌로부터 viral RNA 추출법과 진단법을 개발하였고, 또한 최근에는 식물바이러스 매개충(진딧물 등)으로부터 viral RNA 추출법 개발 및 진단 개선을 위한 노력을 수행하고 있음.
 - Woody plant인 배와 기타 농작물로부터 viral RNA 추출법을 연구개발 중에 있음.
 - Flavivirus(Zika, Dengue, JEV, West Nile, Yellow Fever) 진단키트 표준화 및 보급에 기여.
 - 저가고효율 Viral RNA Kit 개발을 통하여 전국 16개 기후변화매개체감시거점센터에 보급 및 국산화에 기여.

<김철수 교수>

- 전남대학교 생물공학연구소 소장 역임
 - 전남대학교 생물공학연구소 소장을 역임하며 생물공학과 기후변화에 대한 다양한 활동을 수행한 바 있음. 특히 2016년 “식물도 스트레스를 받는다” 라는 내용으로 초등학생을 위한 동계 과학체험학습 프로그램을 운영하였음.
- 전남대학교 기후변화대응농생명연구소 교수로 활동
 - 현재 전남대학교 기후변화대응농생명연구소 구성위원으로 활동하며 불량 환경에 대한 작물 생육 및 발달 최적화를 위하여 작물분자육종 기술들을 연구하고 있으며, 최근에 작물로부터 가뭄 진단용 전기화학적 바이오 종이 센서를 개발하였음.

- 전국농학계대학장협의회 자문위원으로 활동
 - 2016년 “지역 농산업 육성 및 농학계 대학의 역할”에 대하여 전국농학계대학장협의회 자문위원으로 활동하였음.

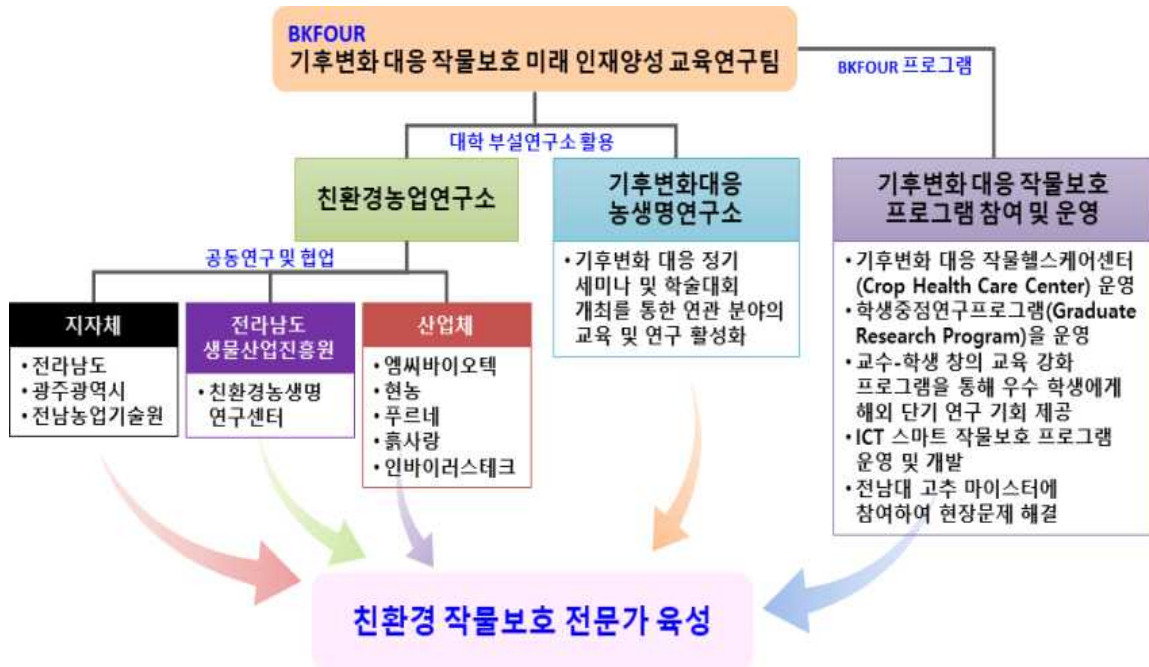
<김익수 교수>

- 전남대학교 친환경농업연구소 교수로 활동
 - 전남대학교 친환경농업연구소 운영위원으로 활동하며 농업인재개발원 주관 친환경농업 과정의 농민에 대하여 비농약 해충방제 전략에 대하여, 전남고추마이스터 대학 소속 농민에 대해 고추발생 해충에 대한 친환경적 방제방안에 대해 강의함.
- 친환경인증센터 센터장 역임
 - 전남대학교 친환경 농산물인증센터장으로 역임하며 개인 기업이 아닌 거점국립대에 속해 있는 친환경농산물인증센터라는 점을 강조하며 소비자가 가장 신뢰할 수 있는 지역 농산물의 친환경 생산에 주력하도록 직원에 대해 교육하였으며 소속 직원은 이러한 기초를 기반으로 다수의 대농민 친환경 인증 강의를 수행함.
- 배수출 농가 교육
 - 지난 수년간 배 주산지인 나주의 배과원에 발생하는 핵심 병해충인 꼬마배나무이와 흑성병에 대한 전국 모델의 나주 적합성 검정을 위해 매주 나주시내 5개 과원에 대한 현장 조사를 통해 월동기를 시작으로 배 생산시기까지 시기별 발생현황 확인은 물론, 발생예측 모델의 나주시 적합성을 분석하여 국가 전체적 예측모델과 달리 온난화가 가속화된 전남소재 나주는 더욱 빠른 시기에 발생함을 확인한 연구결과를 발표하였고 이를 위한 무인기상장치의 활용방안에 대해 시책건의 한 바 있음. 이 과정에서 배발생 주요 병해충에 대한 생태적 특징, 관리방안 등에 대해 수시로 현장 자문함.
- 양봉 농가 교육
 - 등검은말벌은 아열대 서식 말벌로 기후변화로 인해 말벌로써는 처음으로 본래의 발생 지역을 넘어 우리나라에 발생한 해충임. 2003년 부산을 시작으로 최근 전라남도 지역에 큰 피해를 주었던 등검은말벌의 방제를 위해 가장 효과적인 유인액과 포획기 개발을 위해 전남 곡성 소재 회사(주, 다목)와 공동연구를 통해 새로운 유인액과 신개념의 대형 포획기 개발에 일조 한 바 있으며 해당 종의 국내 확산 특징에 대해서도 집단유전학적 연구를 수행한 바 있음. 이러한 연구과정에서 전라남도 양봉인들에 대하여 개발 유인액과 포획기의 특징, 방제전력 등에 대하여 강의함. 아울러 우리나라 토종벌의 특성에 대하여 양봉농가를 대상으로 강의를 수행하였음.

<정래동 교수>

- 전남대학교 친환경농업연구소 운영위원으로 활동
 - 전남대학교 친환경농업연구소 운영위원으로 활동하며 농업인재개발원 주관 친환경농업 과정의 농민에 대하여 2017년, 2018년 기후이상변화에 따른 식물바이러스병 피해 및 방제에 대해 전남고추마이스터 대학 소속 농민에 대해 친환경적 방제방안에 대해 강의함.

▶ 계획



○ 학내 연구소 활용

- 지역사회와 관련된 프로그램의 운영은 현 교육연구팀에 소속된 교수만으로 운영하기 어려운 측면이 있음. 이를 극복하기 위하여 학교 내 연구소를 활용할 필요가 있음.
- **강훈승 교수**는 전남대학교 기후변화대응농생명연구소를 활용하여 기후변화가 농업, 임업, 축산업 등 다양한 산업에 미치는 영향을 분석하고 대응 방안을 모색하는 정기 세미나 및 학술대회를 개최하여 관련 분야의 교육 및 연구 활성화를 위해 지속적으로 노력할 계획임. 기후변화 대응 관련 국내외 전문가를 초청하여 대학원생을 대상으로 특강 및 세미나를 개최하고, 국내 학술대회에 기후변화대응농생명연구소가 후원 또는 공동 개최함으로써 연관 분야의 교육 및 연구 활성화를 도모할 계획임.
- **한연수 교수**는 2020년 3월 1일부터 친환경농업연구소의 6대 소장으로, 전라남도기술원의 친환경농업과와 긴밀하게 공동연구를 추진함으로써 지역사회에 농작물 생산성의 증진에 기여하고자 함. 이를 통한 농가의 실질적 소득이 증가할 수 있도록 현장 중심의 교육을 하고자 하며, 또한 전남대학교 친환경농업연구소와 협력 연구기관인 곡성 친환경농생명연구소, 전라남도 친환경농업연구소, (주)현농과 협업하여 친환경 작물보호 전문가를 육성하고자 함.
- **정래동 교수**는 기후변화 식물병 대응 작물보호전문가를 육성하기 위해 전남대학교 친환경농업연구소, 전남도농업기술원 등 국가기관 및 관련 회사 협업을 통해 식물병진단 프로그램을 개발하여 신속, 정확, 현장 적용 진단 기법 개발 및 개발된 기술을 특허 및 기술이전 함으로서 과학 및 사회문제 해결 및 대학원생 취업에도 기여하고자 함.
- **김철수, 김익수, 정래동 교수** 역시 기후변화대응농생명연구소 또는 친환경농업연구소 소속 교수로 각 연구소의 활동 계획에 따라 적극적으로 참여하고자 함.

○ 기후변화 대응 작물보호 프로그램 참여 및 운영

- 심화전공 학습을 위하여 기후변화 대응 작물헬스케어센터(Crop Health Care Center)를 운영하여 학생들의 적극적인 참여 및 사회 기여 유도.
- 전남대학교에서 지원하는 학생중점연구프로그램(Graduate Research Program)을 운영하여 작물보호에 필요한 학생들의 창의적 도전 지원.
- 전남대학교에서 지원하는 창의마일리지 프로그램을 통한 교수-학생 창의 교육 강화(Award program for faculty and students)를 통해 우수 학생에게 해외 단기 연구 기회 제공.
- 4차 산업혁명 기반 ICT 스마트 작물보호 프로그램 운영 및 개발을 통해 작물보호 전문가 육성.
- 농민 교육 프로그램인 전남대 고추 마이스터에 참여하여 현장문제 해결에 참여하여 작물보호에 대한 자발적인 대응안 모색.

2. 인력양성 계획 및 지원 방안

2.1 최근 3년간 대학원생 인력 확보 및 배출 실적

<표 2-1> 교육연구팀 참여교수의 지도학생 확보 및 배출 실적

(단위: 명)

대학원생 확보 및 배출 실적					
실적		석사	박사	석·박사 통합	계
확보 (재학생)	2017년	8.00	10.50	1.50	20.00
	2018년	8.50	14.50	2.00	25.00
	2019년	10.50	16.00	2.00	28.50
	계	27.00	41.00	5.50	73.50
배출 (졸업생)	2017년	4	2		6
	2018년	3	1		4
	2019년	6	1		7
	계	13	4		17

2. 인력양성 계획 및 지원 방안

2.2 교육연구팀의 우수 대학원생 확보 및 지원 계획

2.2 교육연구팀의 우수 대학원생 확보 및 지원 계획

▶ 교육연구팀의 특성화 프로그램 운영을 통한 우수 대학원생 유치 계획

- 학부생을 대상으로 여름방학과 겨울방학 각 6주 동안 실험실 체험을 하는 “Core Learning Program“을 수행하고자 함. 참여교수 실험실에서 대학원생과 함께 독자적인 실험계획, 실습 및 연구보고서 작성 등에 참여하도록 유도하고, 이 프로그램에 참여하는 모든 학생들에게 소정의 장학금을 지급하고 우수 연구 보고서를 선발하여 우수이수자 인증서를 수여함으로써 연구에 대한 의욕을 고취시킴. 이를 통해 학부생들이 응용생물학과 및 작물보호에 관심을 갖게 되는 계기를 마련함.
- 저학년 및 고학년 학부생들의 연구 분야 관심도에 대한 상담을 꾸준히 함으로써, 연구의 호기심과 흥미를 이끌 수 있는 대학원 진학 상담 제도를 시행할 예정임.
- 학석사 통합과정을 이용하여 우수 학부생의 대학원 입학에 유도하고 석박사 통합과정과 연계하여 우수대학원생을 유치하는데 활용할 계획임.
- 국내외 학회참석, 박람회 혹은 우수대학 방문시 사업팀의 프로그램을 구체적으로 온라인/오프라인 홍보하여 국내외 우수 대학원생들의 유치하고자 함.

▶ 학부 졸업논문제 활성화를 통한 우수 대학원생 유치 계획

- 학부 졸업 논문이 우수한 학생이 대학원을 진학할 때 입학금 지원 및 인센티브를 제공하는 장학 제도를 운영함.
- 3-4학년 학생을 대상으로 대학에서 시행하고 있는 1연구조교/1교수 제도를 활용하여 대학원생들의 실험을 배움과 동시에 직접 실험을 수행하도록 유도하고, 그 결과 많은 학생들이 대학원 진학을 선택하는 계기를 제공함.
- 매년 “환경스트레스와 작물보호” 라는 연구주제로 학부생의 창의적 아이디어 공모를 통한 연구 지도교수 1인 포함 학부생 연구팀 구성 후, 연구 수행과 연구결과를 발표토록 함.
- 학부생들에게 조기실험실습 기회를 부여하여 실험실습교육을 내실화하고, 교과서 외 각종 논문을 통한 지식 습득을 배양시키고, 최근 연구동향을 파악할 수 있는 기회를 제공함으로써 대학원 진학 동기를 고양시키고자 함.

▶ 우수 외국인 학생 유치 계획

- 현재 전남대학교는 우수 외국인 학생을 유치하기 위해 국제협력본부 주관으로 One-Stop Service를 제공하고 있으므로 이러한 제도를 최대한 활용하고 사업팀에서 추가로 제공하는 다양한 혜택을 바탕으로 우수한 외국인 학생을 유치할 것임. 현재 중국, 베트남, 캄보디아 등 다수의 국가로부터 대학원생들이 본 학과에서 수학하고 있으며, 학업 능력과 연구 능력이 뛰어나 학생들 간에 선의의 경쟁을 유발하는 촉진제 역할을 하고 있음.
- 전남대학교에서 추진 중인 미얀마, 캄보디아 on-line 농업대학 건립 추진에 적극적으로 참여하여 개발도상국의 우수 인재를 최대한 유치할 것임.
- 우리 학과 졸업 외국학생들 중 교수 및 연구원으로 재직 중인 외국 연구 및 교육 기관에서 우수 학생 추천을 통한 능동적 리크루팅(In-bound 국제화) 및 국제공동연구, 대학간 국제교류, 외국인 교수 및 학생들과 유기적인 연결을 통한 능동적 리크루팅(Out-bound 국제화) 전략을 수립함.
- 연구사업팀의 홍보를 위해 전남대학교 대학원 혁신분부가 제시한 대학원 입학홍보대사의 활용은 물론 국가별 특성에 맞는 SNS를 활용한 홍보와 함께 YouTube를 통해 매년 사업팀의 연구 성과, 교육 프로그램 등을 전 세계 연구자들에게 공유하고 외국연구자들의 정보 습득의 효과를 동시에

이를 수 있는 영문 홈페이지 구축하고자 함.

- 최근 널리 사용되고 있는 zoom 국제화상 회의 방식을 통하여 외국인 학생들과 면접을 통하여 가장 탁월한 대학원생을 유치하고자 함.

▶ **지원 강화를 통한 우수 학생 유치 계획**

- 전남대학교 대학원 혁신본부가 제시하는 다양한 장학제도를 활용함(도전미래장학, 학문후속세대 장학, 성적/사회취약자 장학, 연구기획력 향상 장학, 국외연수 장학, 연구논문장려 장학, 외국어 능력향상지원, 우수외국인 대학원 장학, 글로벌희망장학, TOPIK 장학 등).
- 참여 교수들의 연구과제를 활용하여 대학원생들의 인건비를 최대한 보장하여 (최소 석사 1,300,000원/월, 박사 1,800,000원/월), 대학원 진학에 뜻이 있으나 가정 형편이 어려워 진학을 포기하는 학생들에게 기회를 제공함.
- 참여 대학원생들의 학업 및 연구 실적을 공정하게 평가하여 우수 학생에 대하여 해외 연수 및 학술대회 참가 기회를 제공함으로써 학업과 연구 의욕을 고취하고자 함.
- 본 사업팀과 Ohio State University, Kansas State University, Michigan State University 간 summer 및 winter workshop 프로그램에 참가기회 제공함.
- 국제학술대회에서 구두 및 포스터 발표를 할 수 있는 기회 제공. 실질적으로 다수의 대학원생들이 체코, 미국, 중국, 일본, 태국, 스페인 등에서 개최된 국제학술대회에 참가함.

▶ **국제적 리더가 되기 위한 역량 강화를 위한 지원 계획**

- 전남대 개설 어학 강좌 수강 지원으로 어학 능력 배양을 통한 해외의 우수 대학이나 연구기관으로의 진출 유도.
- 대학원 교과목의 영어강좌 수를 대폭 증가하여 학생들의 영어 사용 능력을 강화함.
- 사업단 참여 대학원생들의 졸업기준에 TOEIC 700점을 획득하여야 졸업자격이 주어지는 것을 의무화하고 이를 달성할 수 있도록 지원. TOEFL, TOEIC 등 공인 영어 고득점자에게 장학혜택 우선 부여.
- 다양한 과학적 연구 지식 향상, 새로운 연구 기법 활용 및 현 연구 동향을 파악하기 위하여, 분야별 TOP 5 저널을 실험실별 구독 및 배치할 예정임.
- 참여 대학원생이 해당 전공 분야의 국제적 동향을 파악하고 자신의 글로벌 역량을 강화할 수 있도록 단기 해외 연수를 적극적으로 지원함으로써 각종 학술대회에 연구결과를 발표하고 학회 참석을 통해 관련 분야의 저명한 학자와 연구 파트너들과 활발한 교류를 가지며 우수한 수상 실적도 거둘 것으로 기대됨.
- 응용생물학과 국내외 대학원생으로 구성된 Association of Graduate Students를 설립하고 운영하는 데 필요한 지원금을 지원하고자 함. 국내외 학생들이 영어로 발표하고 대화 할 수 있는 상시 공간을 제공하며 대학원 전 과정을 통하여 영어로 대화하고 소통하는 능력을 키우고자 함. 이는 자연스럽게 토플 및 토익 성적 향상에 결정적으로 기여할 것으로 판단됨.

▶ **지역 유관 연구소 방문 및 공동 연구 등 취업률 향상 프로그램 운영을 통한 우수 대학원생 유치 계획**

- 졸업 후 취업은 학생들이 대학원 진학여부를 결정하는 중요한 요소 중 하나임. 본 사업팀은 농촌진흥청, 농림축산검역본부, 원예특작과학원 배연구소, 원예작물부 파속채소연구실 등 국립연구소와 (주)다목, (주)메봉, (주)에코, (주)인바이러스테크 등 유관 산업체와의 인적, 물적 교류 및 산학협동을 통하여 참여 대학원생들이 졸업 후 취업을 용이하게 할 수 있도록 기회를 제공함.

- 이미 구축되어 있는 전라남도농업기술원, 전라남도 생물산업진흥원, 농촌진흥청 산하 국가연구기관, 한국생명공학연구원, 한국원자력연구원, (주)현농, (주)푸르네, (주)인바이러스테크 등 유관 연구 기관 및 산업체와 유기적인 네트워크를 극대화 통해 산업화 기반 취업률 향상과 우수한 대학원생 유치할 예정임.
- 전남도에서 추진하고 있는 다양한 친환경작물보호 사업에 주도적으로 참여하여 참여업체와 공동연구를 수행하여 대학원생 전문 인력 취업뿐만 아니라 원천기술 개발 기술 보급화 및 산업화를 통해 취업률 향상에 기여하고자 함.

▶ **대학원생들의 우수 연구과제 제안 및 지원 계획**

- 대학원생들의 도전적이고 창의적인 연구과제 제안을 할 수 있는 연구 분위기 및 환경이 제공되어야 함. 창의적이고 도전적인 연구과제를 제안한 대학원생을 선발하여 공동 연구 협력을 맺은 국내·외 연구기관 및 대학에 단·장기 연수를 보내어 제안 과제의 국제적 연구 동향 및 감각을 익히도록 함.
- 대학원생 주관 창의적 우수 연구과제 탐색 및 발굴을 위한 교류, 연구 모임을 지원하여 적극적이고 자율적인 연구 주제 탐색의 기회를 제공함.
- 학제간, 전공간의 활발한 교류를 통한 통합적 우수 연구과제 발굴을 위해 관심 있는 다양한 분야의 학회에 참가 지원하여 융합적인 우수 연구과제를 발굴함.

▶ **산학 연계를 통한 연구 중심의 실무 교육 프로그램 지원 계획**

- 산업체 및 연구소와의 공동 연구를 통한 공동 연구지도제 운영.
- 산학맞춤형교육 및 현장 맞춤형 교육을 통해 기업체에서 필요한 교육과 연구를 수행하여 졸업 후 취업이 용이하도록 함.
- 연관기관(농협, (주)한국화훼생산유통, 식물보호기술(주), (주)과루, (주)인포벨리소프트 등) 과의 교육 및 연구 공동 운영, 현장 실습 강화, 인턴쉽 기회 제공 등을 통한 취업 지원.
- 유관 연구소, 산업체, 공공기관 등의 취업설명회 개최와 졸업생들과의 교류확대 및 네트워크 형성을 통한 취업 지원.
- 자격증(종자기사, 원예기사, 화훼기사, 유기농기사, 식물보호기사 등) 취득 독려를 통한 취업 지원.
- 교수들이 보유한 산업재산권들을 이용, 산학 연계 연구 교육프로그램을 운영하고, 관련 산업체에 적극적 산업재산권의 활용 도모.
- 원천기술 개발을 통한 지적재산권 확보, 활발한 산학공동연구 수행, 기술 이전 및 사업화 추진 등에 대한 실무교육을 위해 지적재산권 및 기술 이전 등 관련 전문가를 활용하여 대학원생들이 쉽게 산학 협업을 통한 연구결과물을 현장에 도입하도록 지원.
- CEO급 산업체 전문가를 활용하여 산업체실무 관련 과목을 개설하여 참여 학생들에게 기업체에서의 연구, 기술 동향에 대한 정보를 제공할 뿐만 아니라 기술사업화/창업지원 교육 프로그램을 강화함.

2.3 대학원생의 취(창)업 현황

① 취(창)업을 및 취(창)업의 질적 우수성

<표 2-2> 2019.2/2019.8 졸업한 교육연구팀 참여교수의 지도학생 취(창)업률 실적

(단위: 명, %)

구분		졸업 및 취(창)업현황						취(창)업률 (%) (D/C) × 100
		졸업자 (G)	비취업자(B)			취(창)업대상자 (C=G-B)	취(창)업자 (D)	
			진학자		입대자			
			국내	국외				
2019년 2월 졸업자	석사	2	0	0	0	2.0000	2	100.0000%
	박사	1	X		0	1.0000	1	
2019년 8월 졸업자	석사	4	0	0	0	4.0000	3	75.0000%
	박사	0	X		0	0.0000	0	
계	석사	6	0	0	0	6.0000	5	83.3333%
	박사	1	X		0	1.0000	1	100.0000%

2.3 대학원생의 취(창)업 현황

① 취(창)업률 및 취(창)업의 질적 우수성

<표 2-2> 정성자료 (2019.2/2019.8 졸업한 교육연구팀 참여교수의 지도학생 취(창)업률 실적)

▶ **취업률 및 취업의 우수성 향상을 위한 지원 노력**

- 취업 및 진로 네트워크 개발 및 활용: 응용생물학과 석사와 박사 과정 학생들이 취업이 가능한 분야와 해당업체의 리스트를 만들어 학생들의 요구에 따라 진로 지도를 위한 자료로 사용하고, 응용생물학과 BK21 프로그램과 대학원을 소개하는 책자를 발간하여 학과 및 사업팀을 지속적으로 홍보하였음.
- 취업 컨퍼런스 및 세미나 개최: 작물보호 분야 산업체 연구소의 리스트에 있는 담당자와 학생들이 참여하는 취업 컨퍼런스를 개최하여 산업체에서 요구하는 인재를 육성하고 사업팀을 홍보하여 학생들의 관심과 취업 지도에 활용하였음.
- 본 사업팀과 연관이 있는 국립농업과학원, 국립생물자원관, 농림축산검역검사본부 등 국공립연구소에 참여 대학원생의 취업 기회를 확대하기 위하여, 국공립 연구소의 연구사 및 연구관 초청 간담회 개최와 함께 학생 동반 유관기관 방문을 통해 국공립기관 업무에 대한 이해, 현 근무 중인 타 대학 및 동 대학 학생 연구원의 연구동향 분석, 향후 기관의 채용계획 등에 대해 탐문하고 정보를 제공하였음.

▶ **졸업생 취업 내용 및 취업 현황**

- 2019년 2월에 박사학위를 취득한 민지희 학생은 식물 가뭄 스트레스 및 앱시스산 호르몬 신호전달에 대한 수박 작물의 유전자와 애기장대 유전자의 기능 분석 연구내용으로 SCI 논문 11편을 출판하였음. 특히 비생물학적 스트레스를 받은 식물체들은 스트레스를 극복하기 위해서 일련의 단백질 번역 후 유비퀴틴화 재편과정이 필요하다는 연구주제로 박사학위 논문을 발표하였으며, 본 연구를 통해 E3 ubiquitin ligase 하나인 AtRZF1 단백질과 상호결합하는 단백질을 최초로 분리하였고, 가뭄 스트레스에 대한 이 단백질의 세포 내 기능은 유비퀴틴 체인을 인지하여 AtRZF1 단백질의 활성을 조절함을 밝혀내었음. 이러한 단백질의 유비퀴틴 체인을 인지하는 생화학적 기능 연구는 현재까지 밝혀지지 않은 연구결과로써, 가뭄 스트레스에 대한 단백질 번역 후 유비퀴틴화 재편과정이 식물 내건성 기작에 매우 중요하다는 사실을 뒷받침하는 혁신적인 기초 연구임. 이러한 연구 경력을 통해 졸업 후 현재, 미국 Texas A&M 대학교 Dorothy E. Shippen 박사의 실험실에서 박사후연구원으로 재직 중임.
- 2019년 2월에 석사학위를 취득한 김창은 학생은 (주)경농에 취업하여 전남북부지점의 영업주임을 하고 있음. 특히 작물과 병해충에 대한 이해를 바탕으로 작물보호제를 추천 및 판매하는 SM(Sales Manager) 업무를 수행하고 있음. 전남지역의 수도작 농가, 고추 농가 그리고 양파농가에 맞춤형 병해충방제제를 선정하여 농작물의 생산성 증대에 결정적으로 기여하고 있어 농가의 만족도가 매우 높음.
- 2019년 2월에 석사학위를 취득한 정준성 학생은 외래종 등검은말벌의 신규 개발 유인제의 포획 효능 검정 및 미토콘드리아 DNA를 이용한 외래종 등검은말벌 개체군의 국내 확산 특징을 주제로

석사학위를 취득하였음. 연구결과, 기존의 시판 유인제보다 지역기업 (주)다목과 전남대가 공동개발한 유인제가 유의하게 높은 등검은말벌 포획력이 있음을 확인하여 수많은 양봉농가에 보다 공신력있는 제품이 시장에 진입할 수 있도록 기여한 바 있음. 또한, 병목현상으로 인해 국내 유입 후 확산경로와 패턴에 대해 전혀 연구가 이루어지지 않았던 등검은말벌에 대하여 신규 분자 마커를 개발하여 등검은말벌 개체군의 지역별 유전변이 조사를 수행했음. 이를 통해 국내외적으로 최초 침입지로 알려진 부산이 최초 유입지역이 아닐 가능성을 제시한 바 있음. 정준성 학생은 학위기간 동안 국제학술지에 주저자 1편, 공저자 8편을 출판하였으며 학술발표 21건 (주저자 7건, 공저자 14건)을 발표하였으며 이 과정에서 2018년 한국응용곤충학회에서 우수포스트 상을 수상하는 등 많은 연구결과가 있음. 특히 졸업 후인 2020년 2월 주저자로 International Journal of Biological Macromolecules (IF 4.784, ES 0.04017, 관련 Biochemistry & Molecular Biology 분야 JCR 상위 18%) 저널에 논문을 출판하였음. 이러한 연구 성과로 환경부 산하기관인 국립생태원에 취업하여 기후변화에 따른 DMZ 지역 내 곤충상 변동에 대한 조사 연구 및 눈으로 확인되지 않은 생태계 내 다양한 환경에 잠재하는 곤충 분비물, 피부 등으로부터 새로운 개념의 환경 DNA (environment DNA, eDNA) 분석을 통하여 생태계의 복잡성과 환경 위해 요인에 대해 평가하는 분자생태학 연구를 수행 중임.

- 2019년 8월에 석사학위를 취득한 김태복 학생은 학부 졸업 후 오랜 기간 농업연구직 공무원으로 수박작물 육종에 몰두하였으나, 원활한 농업직 연구원의 직무수행을 위해 알아야 할 다양한 작물 생육 환경에 대한 특성 연구를 위해 석사과정에 진학하였음. 저온 환경에서의 씨 없는 수박 생산 효율성 향상 연구내용으로 석사학위를 취득하였으며, 특히 3배체와 2배체 씨 없는 수박 생산을 위하여 착과율 향상에 대한 방법을 제시하였음. 석사 졸업 후 현재, 전북 완주 농촌진흥청 원예특작과학원에서 농업직 연구원으로 재직 중 임.

- 2019년 8월에 석사학위를 취득한 Zhu Panpan 학생은, 학위과정 중에 식물의 생육 및 스트레스 반응에 관여하는 생리적, 생화학적 현상을 이해하는 연구를 수행하였으며, 이러한 전문지식 및 경험을 바탕으로 중국으로 귀국하여 Jiangsu Normal University에 취업하여 관련 연구를 지원하고 해외 협력을 지원하는 업무를 담당하고 있음.

- 2019년 8월 석사학위를 취득한 황은주 학생은 학부 졸업 후 오랜 기간, 전공이 아닌 타 직업군에 취업(꽃꽂이강사, 영어강사, 일반회사 등) 하였으나 농업지도직 공무원을 취업 목표로 설정한 바 있음. 원활한 농업지도사 업무수행을 위해 알아야 할 다양한 농업현장(특히 작물보호)에 대한 체험과 연구를 위하여 석사과정에 진학하였음. 학위논문은 딸기 수출을 위해 검역해충인 벚초파리의 시설딸기 내 발생현황에 대한 연구로 이는 2020년 4월 SCI(E) 학술지인 Journal of Asia-Pacific Entomology에 주저자로 출판되었음. 또한 본 결과는 2019년 12월 한·호주 검역협상에 활용되어 현 한국 딸기의 호주 수출 여부에 대한 결과를 기다리는 중임. 또한 본 연구결과는 2019년 춘계 한국응용곤충학회에서 구두발표 우수학술상을 수상하였고 학위기간 동안 SCI(E) 학술지에 주저자 1편을 출판한 바 있음. 이상의 결과로 미루어 학위 취득의 목표였던 작물보호에 대한 농업 현장과 연구에 대한 심도있는 경험은 성취된 것으로 보이며 조만간 이를 기반으로 농업지도사로 취업할 것으로 확신함.

- 2019년 8월에 석사학위를 취득한 김남연 학생은 국내 배에 발생하는 바이러스 분포조사 및 현장 진단 기법 주제로 학위를 취득하였음. 본 과정에서 차세대염기서열분석(NGS)을 통해 국내에 분포하는 바이러스 개체군(Virome) 분석을 하였음. 이를 통해 국내에 피해를 주는 바이러스의

목록을 확보하는데 큰 기여를 하였음. 또한 현장 진단 및 정밀 진단을 위해 최신 검출 기법인 등온증폭법(LAMP, RPA)과 디지털 PCR을 국내 식물바이러스 진단 분야 최초로 개발하여 식물바이러스 진단법 선진화에 큰 기여를 하였음. 학위 과정 동안 국제학술지 8편(주저자 5편, 공저자 3편), 국내학술지 2편을 발표하였으며, 학술발표 20건 (주저자)을 발표하였고 또한 등온증폭법 이용 식물바이러스 진단 관련 국내 특허 3건을 출원하였음. 2018년 춘계식물병리학술대회에서는 우수포스터상을 수상하기도 하였음. 이를 기반으로 졸업 후 ㈜인바이러스테크에 입사하여 학위과정에서 습득하였던 기술을 이용하여 바이러스 핵산 추출 및 진단 kit 제작 업무를 맡고 있음.

▶ **참여인력 배출 이후 진로 추적·관리 계획**

- 사업팀에서는 사업에 참여한 후 졸업한 모든 졸업생들의 최근 근황을 파악하기 위한 연락망을 확보하여, 취업 준비 상황을 수시로 확인하고 다양한 취업 정보를 제공하고 있음. 특히 각 연구실별로 단톡방을 설치하여 운영하고 있으며, 취업에 필요한 정보 및 자료를 공유하고 있음.
- 사업에 참여한 후 졸업한 학생들이 취업 할 때까지 정기적으로 연락을 취하고 취업을 위해 필요한 것이 무엇인지 파악하여 필요한 정보 및 자료를 꾸준히 제공할 것임.
- 외국에 취업한 참여인력을 통하여, 외국 취업에 대한 현 대학원생과의 연관 관계 혹은 취업 기준, 박사후연구원 지원 자격 및 현 실정 등의 정보들을 제공할 방침임.
- 연례적인 방문 이외에도 상시적으로 연락을 주고받으며 참여인력들과 교류를 이어가며, 실험 진행 및 논문 작성과 관련한 토의 및 학술교류 등 실제 연구에 관련된 내용에 대해 상의하며 지속적인 교류를 진행하고자 함.
- “Home coming day” 를 만들어서 배출된 참여인력과 정기적인 만남을 통해 지속적인 교류를 유지하고 취업 기관에서의 업무역량과 실무이행도 등의 소속 상황을 확인하며, 관련 조언 등을 통해 기존 참여인력이 졸업 후의 본인의 분야에 최대한의 역량을 발휘할 수 있도록 격려하고 함.

② 졸업자의 대표적 취(창)업 사례 (최근 10년)

<표 2-3> 최근 10년간 교육연구팀 참여교수 지도학생 중 졸업생 대표적 취(창)업 사례

연 번	성명	졸업연월	수여 학위 (박사/석사)	학위취득 시 학과(부)명	재학 시 BK21사업 참여 여부 (Y/N)	최종학위 (박사/석사) 및 수여 대학/학과	현 직장 및 직위
대표 취(창)업 사례의 우수성							
1	Tindwa Hamisi Juma	2015.2	박사	응용생물학과	Y	박사 / 일반대학원 / 응용생물학과	Sokoine University of Agriculture, Tanzania
Tindwa Hamisi 박사는 아프리카의 탄자니아 “소코이네 농업대학교” 토양 및 지질과학과에서 미생물-작물-농해충 상호 작용을 연구하는 교수로 재직하며 강의를 하고 있음. 또한 다양한 연구과제를 수주하여 탄자니아 농업현장에서 농업생산성의 증진을 위하여 노력하고 있음.							
2	최민지	2015.2	석사	응용생물학과	Y	석사 / 일반대학원 / 응용생물학과	광주광역시 농업 기술센터 연구원
최민지 학생은 석사학위 졸업 후 농촌진흥청 국립농업과학원 생물소재공학부에서 석사 후 인턴 연구원으로 재직하면서 식물 대사산물의 생합성 및 기능에 관한 연구를 수행하였고, 이런 경험을 바탕으로 현재 광주광역시 농업기술센터 농업지원과에 취업하여 현장에서 요구하는 기술지도 및 보급 업무와 연구의 방향 및 내용을 결정하는 연구기획 업무를 담당하고 있음.							
3	Nguyen Dinh Sy	2017.2	박사	응용생물학과	Y	박사 / 일반대학원 / 응용생물학과	Tay Nguyen University, Vietnam, 조교수
Nguyen Dinh Sy 학생은 박사학위 취득 후 베트남 Tay Nguyen University에 조교수로 임용되어 식물 스트레스 반응 관련 기술을 해당 지역의 농산업에 직접 활용할 수 있는 교육 및 연구를 수행하고 있음. 특히 Department of Science and International Relations의 Deputy Head로서 소속 대학과 해외 연구기관 간의 국제교류 및 협력 사업을 총괄하는 업무를 담당하고 있음.							
4	박기범	2017.2	석사	응용생물학과	Y	석사 / 일반대학원 / 응용생물학과	(주)인바이러스테크 대표
박기범 대표는 석사학위 취득 후 현재 본 학과 박사과정 학생임. (1) viral RNA 추출법 및 Flavivirus 진단법에 대한 특허를 스스로 작성·등록함. (2) 자기주도적으로 연구재단 지원, 바이오아이코아(글로벌창업과제 9억3천/3년)를 수행 중임. (3) 2019년 InVIRUStech 법인 설립후 출시된 Flaviviral RNA 추출키트 및 진단키트는 질병관리본부의 공인 후, 올해 4월부터 공식진단 키트로 사용중 임.							
5	박승현	2017.8	석사	응용생물학과	Y	석사 / 일반대학원 / 응용생물학과	LG팜한농
2017년 8월에 졸업한 박승현 학생은 식물 가뭄 스트레스에 대한 수박 작물의 유전자 및 애기장대 유전자의 기능 분석 연구내용으로 SCI 논문 2편을 출판하였으며, 이를 통해 석사학위를 취득하였고, 졸업 후 현재, LG팜한농 회사에 재직 중임.							

최근 10년간 졸업생 수	석사	34	5
	박사	8	

3. 대학원생 연구역량

3.1 대학원생 연구 실적의 우수성

① 대학원생(졸업생) 대표연구업적물의 우수성

<표 2-4> 최근3년간 참여교수 지도학생(졸업생) 대표연구업적물

연번	최종 학위 (박사 /석사)	졸업생 성명	세부 전공 분야	졸업 연월	실적구분	대표연구업적물 상세내용
1	박사	이관욱	식물RNA대사	2017.02	저널 논문	Kwanuk Lee, Ji Hoon Han, Youn-Il Park, Catherine Colas des Francs-Small, Ian Small and Hunseung Kang
						The mitochondrial pentatricopeptide repeat protein PPR19 is involved in the stabilization of nad1 transcripts and is crucial for mitochondrial function and Arabidopsis development
						New Phytologist (IF 7.299, 피인용횟수 23)
						2015(1), 202-216
						2017
						10.1111/nph.14528
2	박사	Ghazala Nawaz	분자생물학	2017.08	저널 논문	Ghazala Nawaz and Hunseung Kang
						Chloroplast- or mitochondria- targeted DEAD-box RNA helicases play essential roles in organellar RNA metabolism and abiotic stress responses
						FRONTIERS IN PLANT SCIENCE (IF 4.1, 피인용횟수 27)
						8(871), 1
						2017
						10.3389/fpls.2017.00871
최근 3년간 졸업생 수			석사	13	2	
			박사	4		

3.1 대학원생 연구 실적의 우수성

① 대학원생(졸업생) 대표연구업적물의 우수성

▶ **The mitochondrial pentatricopeptide repeat protein PPR19 is involved in the stabilization of nad1 transcripts and is crucial for mitochondrial function and Arabidopsis development**

- 본 논문은 IF=7.299, ES=0.08247, JCR 식물학 분야 Top 3.5% (8/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었으며, 현재까지 피인용수는 23회임 (Google Scholar).
- 기후변화로 인해 야기되는 환경 스트레스 (가뭄, 저온, 고온, 고염분 등)로 인해 작물의 생산량이 크게 감소하고 있으며, 따라서 식물이 어떻게 스트레스를 인식하고 스트레스에 적응하는지를 이해하는 것은 스트레스 내성 작물을 육성하는 데 대단히 중요한 부분임.
- 식물이 환경 스트레스를 인식하는 과정에는 엽록체에서의 광합성 효율과 함께 미토콘드리아에서의 호흡률 변화가 중요한 센서 역할을 함이 밝혀지고 있음. 미토콘드리아의 생성과 호흡 능력 조절은 스트레스 적응에 중요하며, 이 과정에 미토콘드리아의 유전자 발현 조절이 결정적인 역할을 함. 특히 미토콘드리아의 유전자 발현은 RNA 전사체의 스플라이싱 및 안정성 등 전사 후 단계에서 주로 조절되며, 이 과정에 핵에서 암호되어 미토콘드리아로 수송되는 다양한 RNA-결합 단백질이 중요한 역할을 함이 알려지고 있음.
- 본 논문은 식물 생육, 발달 및 스트레스 반응에서 중요한 역할을 하는 미토콘드리아 생성 및 기능에 필수적인 PPR 유전자가 미토콘드리아 전사체에 직접 결합하여 RNA 안정성에 관여하여 미토콘드리아 생성, 호흡 및 기능에 중요함을 처음 밝힌 것으로, 미토콘드리아 유전자 발현 기작을 이해하고 미토콘드리아 기능을 최적화함으로써, 기후변화에 따라 피해가 더욱 심각해지고 있는 작물을 보호하고 스트레스 내성 작물 개발에 활용할 수 있는 기반을 제시하였음. 또한, 핵과 미토콘드리아 사이에 PPR 단백질 등 RNA-결합 단백질이 관여하는 신호전달 및 상호작용이 식물생육 및 스트레스 반응에 중요함을 제시하였음.
- 본 논문은 핵에서 암호되어 미토콘드리아로 수송되는 단백질을 활용하여 미토콘드리아의 호흡과 미토콘드리아 기능을 최적화함으로써, 스트레스로부터 효과적으로 식물을 보호하고 생산성을 증가시킬 수 있는 스트레스 내성 작물을 개발할 수 있는 가능성을 제시한 것으로, 기후변화 대응 작물 보호 미래 인재양성을 목표로 하는 본 교육연구팀의 교육 및 연구에 직접 적용할 수 있는 과학적 기반과 활용 가능성을 제시한 우수한 논문임.

▶ **Chloroplast- or mitochondria- targeted DEAD-box RNA helicases play essential roles in organellar RNA metabolism and abiotic stress responses**

- 본 논문은 IF=4.106, ES=0.10146, JCR 식물학 분야 Top 8.8% (20/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었으며, 현재까지 피인용수는 27회임 (Google Scholar).
- 최근 지구온난화 및 이상기후로 인해 야기되는 환경 스트레스 (가뭄, 저온, 고온, 고염분 등)로 인해 작물의 생산량이 크게 감소하고 있으며, 따라서 식물의 스트레스 내성 기작을 규명하고 스트레스 내성 작물을 육성하는 것은 대단히 중요한 과제임.

- 기후변화로 인한 환경 스트레스에 식물이 적응하고 대처하기 위해서는 다양한 생리학적, 생화학적, 분자생물학적 반응이 필요하며, 이 과정에 유전자의 전사 및 전사 후 단계에서의 발현과 조절이 필수적임. 특히 최근 유전자의 전사 후 단계에서의 조절이 스트레스 반응에 중요하다는 사실이 국내외 연구진의 연구결과 밝혀지고 있으며, 이러한 전사 후 유전자 조절에 DEAD-box RNA helicase를 포함한 다양한 RNA-결합 단백질이 관여함이 규명되고 있음.
- 본 논문은 RNA 대사, 식물 생육 및 스트레스 반응에 중요한 역할을 하는 DEAD-box RNA helicase의 중요성 및 활용 가능성을 제시한 논문임. 특히 스트레스 반응에 중요한 엽록체와 미토콘드리아로 수송되어 엽록체와 미토콘드리아 생성 및 기능에 중요한 DEAD-box RNA helicase의 기능과 활용 가능성을 제시함으로써, 엽록체 및 미토콘드리아 유전자 발현 기작을 이해하고 각 세포소기관의 기능을 최적화함으로써 기후변화에 따라 피해가 더욱 심각해지고 있는 작물을 보호하고 스트레스 내성 작물 개발에 활용할 수 있는 기반을 제시하였음.
- 본 논문은 DEAD-box RNA helicase를 활용하여 기후변화에 대응하여 작물을 스트레스로부터 효과적으로 보호하고 생산성을 증가시킬 수 있는 학문적 기반을 이해하고 스트레스 내성 작물을 개발할 수 있는 가능성을 제시한 것으로, 기후변화 대응 작물 보호 미래 인재양성을 목표로 하는 본 교육연구팀의 교육 및 연구에 직접 적용할 수 있는 과학적 기반과 활용 가능성을 제시한 우수한 논문임.

③ 대학원생(졸업생) 학술대회 대표실적의 우수성

<표 2-6> 교육연구팀 참여교수 지도학생 중 대학원생(졸업생) 학술대회 발표실적

연번	최종학위 (박사/석사)	졸업생 성명	졸업 연월	발표 형식(구두, 포스터)	학술대회 발표실적 상세내용
1	석사	김남연	2019.8.	구두	김남연, 정래동
					Novel diagnostic methods for detection of pear viruses
					2018년 작물보호분야 공동 국제학술대회
					2018년, 김대중 컨벤션센터(광주, 대한민국)
2	석사	황은주	2019.8	구두	황은주, 정수연, 정준성, 왕아라, 김민지, 최득수, 김익수
					A year-round monitoring to confirm free of the spotted-wing drosophila, <i>Drosophila suzukii</i> (Diptera: Drosophilidae), at the strawberry greenhouses
					2019 Spring International Conference of KSAE (A New Challenge and Response to Invasive Alien Pests)
					2019년, 그랜드 플라자(청주, 대한민국)
최근 3년간 졸업생 수		석사	13		2
		박사	4		

3.1 대학원생 연구 실적의 우수성

③ 대학원생(졸업생) 학술대회 대표실적의 우수성

▶ Novel diagnostic methods for detection of pear viruses

- 기후이상변화로 인한 작물의 피해가 증가됨에 따라 국내 응용곤충학회와 식물병리학회에서는 2018년 10월 공동으로 국제작물보호 국제학술대회를 광주광역시 김대중컨벤션센터에서 개최하였음. 학과 석사과정 중이었던 김남연 학생은 기후이상변화에 따른 배 과수 바이러스에 대한 현장진단기술에 대한 최신 진단기술에 대해 개발한 진단기법 위주로 구두발표함.
- 바이러스병은 방제가 어려워 현재로서는 신속·정확하게 진단하고 감염된 바이러스 제거로 방제를 진행하고 있음. 따라서 현장적용 신속정확한 진단 기술이 점점 필요성이 증가되고 있는 실정임.
- 김남연 학생이 발표한 바이러스 현장 진단 기술은 재조합효소중합증폭법(Recombinase Polymerase Amplification, RPA)으로 타겟 배 바이러스(ASPV)를 1분 만에 증폭 가능하며, 민감도도 일반 PCR보다 10-100배 민감한 기술임. 또한 본 RPA 기술을 활용하여 휴대 가능한 전기영동 장치를 이용하여 현장적용 연구도 진행해 본 결과 RPA 기술로부터 1분 증폭, 휴대 전기영동장치로 5분 만에 증폭여부의 확인이 가능함.
- 본 기술을 활용하면 바이러스 감염여부를 현장에서 신속·정확하게 10분 이내 검출 가능함. 또한 김남연 학생은 제 3세대 PCR이라고 알려져 있는 초정밀진단기법인 디지털 PCR방법을 활용하여 배 바이러스 검출 결과도 발표하였음. 본 기술은 2세대인 Real-time PCR 보다 더욱 민감하여 현재 알려져 있는 최고의 정밀 진단법으로 알려져 있음. 김남연 학생은 본 디지털 PCR을 이용하여 배바이러스 ASPV를 검출하였는데 기존 Real-time PCR 보다 100배 이상 민감한 결과를 확인함.
- 바이러스 진단을 위한 최신 기술인 RPA방법과 디지털 PCR방법은 국내 식물바이러스 진단 기술로 활용된 적이 없는 국내 최초 연구결과이며 본 연구결과를 통해 3건의 특허출원을 하였고 등록 중에 있음.
- 본 연구팀은 국내 최고의 식물바이러스 진단 시스템을 갖추고 있으며, 기후이상변화에 따른 바이러스 및 변이체를 신속·정밀·특이적으로 검출하는 신기술들을 보유하고 있음. 현재 연구팀에서 개발한 RPA, 디지털 PCR 등 최신 바이러스 진단 기술을 국내 연구기관(국립원예특작과학원, 국립종자원 등) 및 타 대학 진단 연구실에 개발한 기술을 보급하고 있으며, 상용화하기 위해 다양한 업체들과 진단키트 제작을 진행하고 있음.

▶ A year-round monitoring to confirm free of the spotted-wing drosophila, *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae), at the strawberry greenhouses

- 황은주 학생은 국내 청주에서 개최된 2019 Spring International Conference of KSAE (Korean Society of Applied Entomology) 학회에 참석하여 “시설재배 딸기에 검역해충인 벚초파리가 발생하지 않음을 증명하기 위한 연중 모니터링 연구”에 대해 구두 발표하였으며, 이에 대해 구두발표 우수상을 수상하였음.

- 국내 수출 딸기는 통상적으로 10월부터 재배를 시작하여 5월까지 생산하나 수출은 주로 11월 ~ 4월까지, 주로 겨울철을 중심으로 이루어지고 있음. 겨울철은 대부분의 곤충이 월동을 하는 시기이었으나 기후온난화로 겨울철과일에 대한 관심이 고조되면서 겨울철 과일에 발생하는 해충 연구가 중요해짐. 특히, 딸기의 경우 딸기과실 내 산란된 알로 인해 수입국에 유입되는 상황을 심각하게 우려하고 있는 상황임.
- 호주에 국산 딸기를 수출하기 위해서는 딸기재배 기간은 물론 년중 벚초파리의 발생동태에 대한 연구결과가 필요한 실정이었음. 이에 본 연구는 18개월간 전남 딸기재배지와 수출단지를 형성하고 있는 경남지역(대평딸기특화단지)에 대한 벚초파리의 발생 패턴 등을 연구하였고 그 결과, 겨울철 약 3개월 동안 딸기 온실 내·외 어떤 곳에서도 벚초파리가 발생하지 않음을 확인하였고 더욱이 벚초파리의 본래 서식처인 주변 야산도 거의 발생하지 않음을 확인하였으며, 이는 온실 내 낙과에 대한 산란 결과와 동일하였음.
- 이러한 결과를 기반으로 2019년 12월 한·호주 딸기 수출을 위한 검역협상이 진행된 바 있고 현 이에 대한 결과를 기다리는 중임. 또한 이상의 연구결과는 국내 SCIE급 학술지인 Journal of Asia-Pacific Entomology에 2020년 4월 30일 자로 출판하였음.
- 본 연구는 지속적인 기후변화에 따른 계절별 온도 변화로 국내 생산 농산물의 수출에 많은 영향을 줄 수 있는 해충 발생에 대한 생태학적 연구를 수행한 결과로 향후 유사한 사안에 대해 시사하는 점이 매우 높은 연구결과임.

④ 대학원생(졸업생) 특허, 기술이전, 창업 실적의 우수성

<표 2-7> 교육연구팀 참여교수 지도학생 중 대학원생(졸업생) 특허, 기술이전, 창업 실적 등

연번	최종학위 (박사/석사)	졸업생 성명	졸업 연월	실적구분	특허, 기술이전, 창업 등 실적 상세내용
1	석사	박기범	2017.2	창업	박기범, 조용훈, 한연수(창업자,박기범)
					바이러스 RNA를 추출하는 방법 (10-1885038) - Viral RNA 추출킷 및 바이러스 진단기술 기반으로 창업)(Viral RNA 추출킷 및 바이러스 진단기술 기반으로 창업
					대한민국 (창업회사명, InVIRUStech)
					10,000,000원 (창업자본금, 1천만원)
					2019년
2	박사	민지희	2019.2	특허	김철수, 민지희, 박승현
					LsRZF1 안티센스 유전자 도입에 의한 건조 내성이 증진된 형질전환체
					대한민국
					10-1758868-0000
					2017년
최근 3년간 졸업생 수		석사	14	2	
		박사	4		

3.1 대학원생 연구 실적의 우수성

- ④ 대학원생(졸업생) 특허, 기술이전, 창업 등
실적의 우수성

▶ 바이러스 RNA 추출 방법 및 바이러스 RNA 추출용 조성물(박기범 학생)

1) 특허의 창의성 및 혁신성

- 최근 중국에서 신종 코로나바이러스를 RT-PCR로 진단할 때 False-negative가 문제가 됨. 마찬가지로 1,000 ~ 2,000 마리 중 1 ~ 2마리의 모기에 인체바이러스가 감염되어 있어서 국내외적으로 진단에 큰 어려움을 겪고 있음. 이러한 관점에서 박기범 학생이 출원·등록한 바이러스 RNA를 추출하는 방법에 관한 특허의 우수성은 “PCR 진단과정 중 가장 많은 문제를 일으키는 PCR 오염물질을 제거하는 추출단계와 조성물을 확립” 하여 특허를 확보함. 또한 기존 핵산추출키트에 비하여 저렴한 가격에 그리고 초보자도 쉽게 사용할 수 있는 핵산추출키트를 개발하였음.
- 본 핵산추출키는 모기 유래 인체바이러스(뎅기, 지카, 일본뇌염바이러스 등) 뿐만 아니라, 바이러스를 분리하기 어려운 농작물과 나무에서도 효과적으로 분리하는데 성공함.
- 이러한 우수성을 기반으로 PCT 특허도 출원하였으며, 미국에도 개별 특허를 출원하고, 2018년(보스톤)과 2019년(필라델피아)에 개최된 BIO International Convention에 참석하여 개발된 추출키트를 외국의 학자와 Vendor에게 홍보함. 2020년 6월 8 ~ 11일까지 미국 캘리포니아주 샌디에이고에서 개최될 “2020 BIO International Convention” 에서 적극적으로 홍보하여 외국에 수출하는 방안을 찾을 예정임.
- 이러한 특허를 기반으로 전남대학교 창업보육센터에 (주)인바이러스테크 창업을 하여 매출을 유발하고 있어 지속적인 신규 일자리 창출을 통하여 지역사회에 기여하고 있고, 호남지역에 농업현장에서 바이러스에 의한 농작물피해를 신속·정확하게 진단함으로써 농가에 피해를 절감하는 효과가 있을 것으로 판단됨.

2) 교육연구팀의 비전과 목표와의 부합성

- 본 특허를 기반으로 (주)인바이러스테크를 창업하였고, 현재 위와 같은 핵산추출기법을 기반으로 식물에 바이러스를 전파하는 진딧물, 총채벌레 등에서 바이러스를 제거, 고효율 방식으로 추출하는 방법을 개발하고 있음.
- 또한 PCR 진단을 적용하기 어려운 시료에서도 효과적으로 깨끗한 핵산을 추출하는 기술이므로, 일반적으로 식물바이러스를 추출하기 어려운 Woody Plant에 접목하여 현재 성공적으로 추출법을 개발함.
- 향후 콩, 고추, 인삼, 애기장대, 묘목, 곡물, 구황작물, 원예작물, 종자관리 등 광범위한 사례에 적용하여 작물보호산업에 적용하고자 함. 본 특허는 각 바이러스 진단 실험을 하는 대학교, 국가연구기관에서 활용할 수 있으며 특히 신규 바이러스 감시, 진단에 적용 가능함.

3) 산업에의 기여

- 현재 농림축산식품부, 농기평(iPET) 그리고 농진청 3개 국가기관에서 농작물에서 유래하는 식물바이러스 추출법과 진단법에 대한 투자가 이루어지고 있음. 본 교육팀은 선제적으로 이러한 기술을 개발하여 응용하고 있어 향후 전라남도 농업기술원, 농업기술센터, 그리고 기타 바이러스를 취급하는 연구소에 보급할 예정임.
- 또한 질병관리본부와 긴밀하게 공조하고 있음. 예를 들어, 모기 유래 Flavivirus (뎅기, 지카, 웨스트나일, 일본뇌염, 황열 바이러스)를 저가로 추출하고 높은 민감도와 정확성을 갖고 진단할 수 있는 방법(SOP)를 개발하였고, 질병관리본부와 함께 검증(Validation Test)를 성공적으로 완료함.

- 이를 기반으로 2020년 4월 이후 KCDC, 검역소, 및 전국(제주권역, 호남권역, 경상권역, 강원권역, 충청권역, 서울/경기권역)에 있는 16개 기후변화매개체감시 거점센터에 보급될 예정임. 또한 이러한 원천기술을 기반으로 식물바이러스 매개충으로부터 바이러스를 저가/고효율 추출법을 개발하는데 활용할 예정임.

▶ **LsRZF1 안티센스 유전자 도입에 의한 건조 내성이 증진된 형질전환체(민지희 학생)**

1) 특허의 창의성 및 혁신성

- 2017년에 특허 등록한 LsRZF1 안티센스 유전자 도입에 의한 건조 내성이 증진된 형질전환체의 기술은 유비퀴틴 재편 시스템을 이용하여, 삼투조절물질인 프롤린 대사체를 변형하는 기술로, 물과 양분의 순환계 조절, 세포 내 팽압과 부피(세포벽 신장도) 사이의 관계 결정에 따른 물의 출입 조절, 프롤린 유입 및 식물 조직과 기관 내 수송 조절 기작을 통해 작물 생육 스트레스에 대한 작물 개선 및 생산에 필수불가결한 기술이라 할 수 있음.

2) 교육연구팀의 비전과 목표와의 부합성

- 참박 유전자 LsRZF1은 일종의 E3 ubiquitin ligase로써, 가뭄 스트레스에 대하여 단백질 번역 후 유비퀴틴화 재편 과정에 중요한 역할을 담당하는 단백질임. 이러한 LsRZF1의 유비퀴틴화 재편 과정은 타겟 유전자들의 전사 발현을 조절함과 동시에 식물 세포 내 프롤린 함량을 조절함으로써, 가뭄 내성을 조절함을 알 수 있었음.
- LsRZF1의 안티센스 유전자를 공대수박에 형질전환시킴으로써, LsRZF1에 상응하는 공대수박의 GdRZF1 유전자의 전사 발현이 억제됨을 알 수 있었고, 이러한 결과는 가뭄 내성 유전자들의 활성 강화 및 프롤린 함량 증대로 이루어졌음. 결국 LsRZF1 안티센스 유전자가 도입된 공대수박 형질전환체들은 가뭄 내성이 강화됨을 알 수 있었고, 이 형질전환체들을 접목 육종에 사용한다면, 환경 스트레스에 대해 수확량 증대를 기대할 수가 있음. 즉, 단백질 번역 후 유비퀴틴화 재편 과정을 담당하는 LsRZF1 유전자의 편집 기술을 이용한다면 가뭄 내성 강화 식량 작물을 개발할 수가 있으며, 또한 이런 기술들을 타 경제 작물에 이용한다면 환경 스트레스에 대해 생산성 향상을 기대할 수 있음.

3) 산업에의 기여

- 프롤린 함량 조절 기술은 내건성 혹은 저온 내성을 증진 시키는 매우 중요한 기술이므로 생육 스트레스에 대한 타 경제 작물에 활용할 수 있을 것으로 기대되며, 이러한 양적 형질의 개선은 종자 산업 활성화를 유도할 것임.
- 수분 스트레스 내성 증진 작물 개발로 인한 관수량과 관수 노력 절감 및 토지 이용 극대화를 꾀할 수가 있음.

3. 대학원생 연구역량

3.2 대학원생 연구 수월성 증진계획

3.2 대학원생 연구 수월성 증진계획

▶ 최근 현황

- 본 연구교육팀의 최근 3년간 참여교수의 지도학생(졸업생)의 연구실적을 보면 총 43편의 논문을 게재하여 평균 IF는 0.14616/년이었으며, 연도별 평균 5%의 질적 성장을 이루었음[첨부 5-2].
- 본 연구교육팀의 최근 3년간 대학원생 학술대회 발표 논문 환산 편수는 83.8878편이었으며, 이는 1인당 연평균 1.5679건으로 매년 다양한 학술활동을 해 왔음[첨부 5-2].
- 교수간의 공동연구 혹은 연구프로젝트의 공동연구를 활성화시킴으로써, 한 실험실에서 사용해 왔던 제한적 실험 기법 외에 다양한 분야의 실험 기법을 배움과 동시에 광역적인 연구 분야를 섭렵할 수 있는 대학원생의 연구력 향상이 기대됨.
- 이러한 성과 달성을 위해 현재까지 시행한 사업 및 지원 내용, 향후 구체적인 지원 계획은 아래와 같음.

▶ 연구력 향상을 위한 지원 계획

- 본 학과는 현재까지 BK21 사업 및 학과의 자체적 프로그램을 활용하여 대학원생 연구력 향상을 위해 다양한 지원을 하고 있음. 금요일 정기세미나 및 특별 심포지엄 개최를 통한 연구 방향 설정 및 연구 의욕 고취(최근 3년간 국내연구자 22명 초청 세미나 개최), 해외 우수 연구기관과의 교류 및 연수(Kansas State University, Michigan State University, University of Western Australia 등), 논문 발표 및 국내외 학술대회 발표에 대한 인센티브 지급(최근 3년간 11명의 대학원생) 등 다양한 사업을 수행하였음. 이러한 경험 및 실적을 바탕으로 대학원생 연구력 향상을 위해 아래와 같은 프로그램을 수행 할 계획임.
- 해외 우수 연구기관과의 학생 교환 프로그램 운영
 - 본 사업팀과 협력하고 있는 해외 우수 연구기관(Kansas State University, Michigan State University, University of Western Australia, Tokyo Technical University, University of Illinois 등)과의 공동연구 프로그램 개발을 통하여, 우수 대학원생에게 1 ~ 2개월 간 해외 공동연구자 연구실에서 연구를 수행하고 해외 우수 대학 시스템을 직접 체험하게 하여 국제적 마인드를 고취시킬 수 있는 기회를 제공할 것임.
- 국내외 전문가를 초청한 정기 세미나 개최
 - 정기 세미나에 국내외 전문가를 초청하여 최근 연구 동향 및 새로운 연구 기법 등을 소개하고, 정기 세미나에 대학원생들이 자신의 연구결과를 발표하게 하여 연구 의욕 고취 및 자기 진단을 모색하도록 할 것임.
- 논문 작성 및 영어 교정 서비스 지원
 - 참여 학생들이 영어 논문을 작성하도록 의무화하고, 현재 전남대학교에서 시행하고 있는 영어 논문 교정 서비스를 최대한 활용하여, 투고할 저널에 맞춤형 논문을 작성하도록 지원할 것임.
- 대학원생 대상 다양한 방법의 경제적 지원
 - 각 참여 교수들이 수행하고 있는 연구과제를 활용하여 참여 대학원들의 인건비를 석사 1,300,000원/월, 박사 1,800,000원/월 이상 지원함으로써 학생들이 학업 및 연구에 전념할 수 있도록 지원할 계획임.
 - 참여 학생들이 발표한 논문의 수준을 객관적으로 평가하여, 학문분야별 상위 10% 저널과 상위 25% 저널에 주저자로 출판할 경우 각각 2,000,000원과 1,000,000원의 인센티브를 지급하여 학생들의 연구 의욕을 고취시키고 연구의 질적 향상을 도모할 것임.

- 전남대학교 차원에서 시행하고 있는 다양한 장학제도 (1 RA/ 1 faculty 연구조교 지원, 대학원생 학문후속 양성 장학사업, 일반대학원 우수논문 시상, Prominent Future Faculty 프로그램, 대학원생 취업캠프 프로그램 등)를 최대한 활용하여 참여 학생들의 연구 의욕을 고취시키고자 함.
- ‘BK FOUR -마일리지’ 제도를 운영함으로써 대학원생의 연구력 및 학술활동 향상 실적을 토대로 마일리지를 부여하고 마일리지 점수를 토대로 차년도 장학금 지원 및 수당을 지급할 예정임.
 - 1) 마일리지 기준: 논문(편당 5~30), 특허(10~20), 수상실적(10~20)
 - 2) 대학원생의 학술활동 장려 및 경쟁 유도
 - 3) 해외 연수 프로그램 참여자 선발 시 우대
- 연구실적 향상을 위한 졸업요건 강화
 - 박사는 SCI급 논문 2편 이상, 석사는 국제/국내학술대회 발표 1건 이상.

▶ **학술활동 향상을 위한 지원 계획**

- 본 학과는 현재까지 BK21 사업 및 학과의 자체적 프로그램을 활용하여 대학원생 학술활동 향상을 위해 다양한 지원을 하고 있음. 국외 학술대회 참가 지원 (최근 3년간 일본, 스페인, 중국 등에서 개최된 국제학회에 9명의 대학원생 지원), 국내 학술대회 참가 지원 (최근 3년간 대학원생 1인당 연평균 1.5679건 발표)을 하였음. 이러한 경험 및 실적을 바탕으로 대학원생 학술활동 향상을 위해 아래와 같은 프로그램을 수행할 계획임.
- 대학원생 주체적인 학술활동 개발
 - 대학원생 주체 사업단 규모의 학술대회를 연 1회 개최하여 대학원생들의 포스터 및 세미나 발표 기회를 부여할 것임.
 - 정기세미나 및 심포지엄의 연사를 학생이 직접 선정하고 섭외하도록 하여 적극적인 참여를 유도할 것임.
 - 산업체 및 연구소와 연계하여 실험실에서 수행중인 연구가 산업 및 연구현장에서 활용되는 전반적인 프로세싱을 체험할 수 있는 프로그램을 구성하여 운영함으로써 대학원생의 연구력을 증진할 수 있도록 할 계획임.
- 공정 평가를 통한 우수 학생 지원
 - 참여 학생들의 학업 및 연구 실적을 객관적으로 평가하여 우수 학생들에게 국내외 학술대회 참가기회를 우선적으로 제공할 것임.
 - 국내외 학술대회에서 구두발표 시 여타 장학제도에서 우선권을 부여함으로써 학술활동 의욕을 고취시킬 것임.
 - ‘BK FOUR-마일리지’ 제도를 운영함으로써 학술활동 향상을 위해 지원할 예정임.
- 학업 및 연구력 향상 학생에 대한 지원
 - 우수 학생뿐만 아니라 사업이 시행되는 동안 학업 및 연구력이 지속적으로 증가하는 학생들을 격려하는 것도 중요하다고 생각됨. 따라서 성적 및 연구 실적 증감 현상을 계속 추적하여 발전 가능성이 있는 학생들에게 국내외 학술대회 참가기회를 제공 할 것임.

4. 신진연구인력 운용

4.1 우수 신진연구인력 확보 및 지원 계획

4.1 우수 신진연구인력 확보 및 지원 계획

▶ 확보 및 지원 계획

후보 선발	<ul style="list-style-type: none"> • 학위과정 및 박사 후 연구원 과정 중에 연구 수행능력이 우수한 재원을 우선 활용 • 기후변화 대응 작물보호 및 농업생명공학 관련 타대학 우수 박사학위자 유치
선발 조건	<ul style="list-style-type: none"> • 객관적이고 공정한 과정을 통해 최적의 우수 인력을 선발 • 1단계 논문심사 • 2단계 연구내용 발표 및 면접 등
제한 사항	<ul style="list-style-type: none"> • 2년 이내에 학문분야별 상위 10% 논문 1편 이상을 게재 • 채용 이후 3년 이후부터는 학문 분야별 상위 10% 논문 1편 이상을 매년 게재
지원 계획	<ul style="list-style-type: none"> • 각 연구자의 경력 및 연구 능력에 따라 차등 지원 • 인건비는 본 사업에서 제시한 최소 월급 외에, 참여 교수의 연구비를 활용하여 능력에 따라 추가 지급 • 연구성과 및 논문 발표 여부, 발표한 논문의 우수성 등을 고려하여 성과급 (학문 분야별 상위 10% 논문 게재시 300만원 지급)을 제공 • 연구 결과를 국내외 학회에서 발표할 수 있는 기회를 제공

○ 국내외 식물 헬스케어 및 농업생명공학 관련 우수 박사학위자 유치

- 현재 본 대학원에서 박사학위를 받은 우수한 신진연구인력이 다수 있음. 이들은 학위과정 및 박사 후 연구원 과정 중에 많은 우수 논문을 발표하였으며 연구 수행능력이 우수한 재원으로 이들 우수 연구자를 우선 활용하고자 함.
- 동시에 타 대학 졸업생 가운데 기후변화 대응 작물보호 및 농업생명공학 관련 우수 박사학위자의 리스트를 작성하고 이들에 대한 최근의 연구동향 분석을 통해 우수한 신진인력을 지속적으로 확보할 것임. 또한 매년 개최되는 각종 춘계 및 추계 학술대회에서 신진인력의 구두 발표에 주목하여 관련 분야 우수 신진인력을 확보할 계획임.
- 우수 신진연구자를 BK FOUR사업 및 교내 특성화 사업에 연사로 초빙하여 본 사업팀 및 학과와 지속적인 연구관계를 설정하고 연구과제에 공동연구원으로 참여시킴으로써 향후 신진연구인력으로 활용할 것임.

○ 우수 신진연구인력 확보를 위한 공정한 채용

- 신진연구자 선발은 1단계 논문심사, 2단계 연구내용 발표 및 면접 등 객관적이고 공정한 과정을 통해 최적의 우수 인력을 선발할 것임. 현재까지의 연구성과는 물론 미래 학문세대로 발전 가능성까지 고려하고자 함.

○ 연구성과에 따른 연구비 지원

- 신진연구자는 채용 이후 2년 이내에 학문분야별 상위 10% 논문 1편 이상을 게재하여야 하며, 이 논문의 Acceptance Letter를 2월 이전까지 받아야 하며 이점이 충족되지 않을 경우 다음해 3월 1일자로 계약이 자동으로 해지되도록 하여 논문작성 및 투고에 책임감과 열정을 갖고 연구에 집중할 수 있도록 할 것임.
- 채용 이후 3년 이후부터는 학문 분야별 상위 10% 논문 1편 이상을 매년 게재하여야 함.
- 위 조건이 충족될 경우 신진연구자에 대한 지원은 각 연구자의 경력 및 연구 능력에 따라 차등 지원할 것임.

- 인건비는 본 사업에서 제시한 최소 월급 외에, 참여 교수의 연구비를 활용하여 능력에 따라 추가 지급할 것임. 연구성과 및 논문 발표 여부, 발표한 논문의 우수성 등을 고려하여 성과급(학문 분야별 상위 10% 논문 게재시 300만원 지급)을 제공함으로 질적 향상을 추구하고자 함.
- 본 사업팀의 연구성과를 홍보하고 연구결과 확산을 위하여 연구 결과를 국내외 학회에서 발표할 수 있는 기회를 제공할 것임. 모든 지원은 본 사업팀에서 마련한 지침에 따라 차등 지원할 것임.

○ 다양한 연구 프로젝트 참여 기회 제공

- 신진연구인력은 본 사업팀의 교육 및 연구 프로그램에 최대한 활용할 것임. 우수 대학원생 유치를 위한 학부생대상 “Core Learning Program” 을 주도하도록 하고 새로 입학하는 석박사 대학원생의 실험 안내 및 지도, 참여교수의 연구 수행 등 본 사업팀 구성원과의 원활한 연계활동을 위해 최대한 활용할 것임.
- 신진연구인력을 독자적인 연구자로 성장 발전시키기 위하여, 본 사업팀에서 추구하는 연구 방향에 부합되는 연구과제를 참여 교수와 공동으로 발굴하고 정부부처에서 시행하는 연구비를 수주하게 함으로써 독자적인 연구자로 성장할 수 있도록 유도할 것임.
- 전남대학교 대학원 혁신본부가 제시한 학문후속세대를 위해 개선될 제도, 지원 프로그램, 연구교수 정착 계획 등을 적극 활용하고자 함.

III. 추진계획

1. 학문후속세대에 대한 다양한 연구기회 제공

가. 학문후속세대 지원을 위한 각종 제도개선

- 1) 외국인 학생 박사후연구원 임용을 위한 비자 변경 처리 전담직원 배치 및 운영
 - 2) 이력관리 및 관리 프로그램 고도화를 통한 체계적인 학문후속세대 인적 관리 체계 구축
- 나. 학문후속세대 연구기회 제공을 위한 다양한 지원 프로그램 운영

1) 신진연구인력 대상 교내연구지원사업 등을 통한 다양한 연구지원 제도 운영

구분	2020	2021	2022	2023	2024	2025	2026	2027	재원
논문게재장려금	130	130	130	130	130	130	130	130	대학회계 (단위: 백만원)
학술대회논문발표	10	10	10	10	10	10	10	10	
저술장려금	10	10	10	10	10	10	10	10	
학술소모임프로그램	15	15	15	15	15	15	15	15	
교과목 개발 지원	10	10	10	10	10	10	10	10	

2) 신진연구인력 대상 연구지원 제도 개편 및 확대

- 신진연구인력 대상 ‘연구역량 고도화 사업’ 확대
 - 신진연구인력 유형별(이공/인문사회분야), 연령별, 학문분야별 사업 수요조사 추진
 - 연중 상·하반기 2회 사업 추진으로 신진연구인력 임용기간에 따른 참여 확대 도모
 - 예산 : 연 60,000천원(총 7개년 420,000천원) [대학회계]
- 신진연구인력 조기정착 및 연구기회 제공을 위한 ‘기초 및 보호학문 지원사업’ 확대
 - 인문·사회, 자연과학, 기초 의·약학, 법학, 예술 등 기초 및 보호학문 분야 연구 지원

중견 연구	사업명	분야별 지원 연구비(천원)			
		인문/사회	예제능	자연계	
	기초 및 보호학문 (공동연구)	1년차	40,000	40,000	40,000
		2년차	40,000	40,000	40,000
		3년차	40,000	40,000	40,000

- 예산 : 연 160,000천원(총 7개년 1,120,000천원) [대학회계]

다. BK21사업 배출 석·박사 채용(교원 및 연구원) 기회 확대

- 1) BK21 배출 석·박사에 대한 ‘연구원’ 채용 계획 ⇒ 대학 내 연구교수 제도 정착
 - 박사후연구원 운영 및 활용 지침을 개정하여 활용기관에서 요구한 특정 조건을 충족한 경우 우대하여 임용할 수 있도록 지침 개정

구분	개정전	개정후
박사후연구원 운영 및 활용 지침	해당 활용기관 소속 연구책임교수, 연구소장, 센터장 또는 사업단장의 추천으로 산학협력단의 자격심사를 거쳐 총장이 임용	해당 소속 연구자(연구책임자, 센터 및 사업단장, 연구소장) 추천 및 활용기관에서 요구한 특정 조건을 충족한 경우 우대하여 임용할 수 있으며, 산학협력단의 자격심사를 거쳐 총장이 임용

2) BK21 배출 석·박사에 대한 ‘교원’ 채용 계획

- 교육연구단(팀)을 운영 중인 학과(부)에 전임교원 T/O 우선 배정 및 증원
- BK21사업 분야 석·박사 학위 취득자 관리 및 채용 검토(BK배출인력 이력관리)
 - 전임교원 공개 채용 온라인 접수 시 BK사업 분야 석·박사 학위취득 여부 항목 신설
 - 전임교원 최종 합격자 중 BK사업 분야 석·박사 학위 취득자에 대한 관리 체계 구축

○ 연구 집중 환경 조성

- 사업팀 교수와 공동 연구 수행 및 연구에만 집중할 수 있도록 강의 및 타 행정업무 업무를 최소화하고자 함.
- 별도 공간을 제공함으로써 연구에 집중할 수 있는 환경을 조성함.

○ 소속감 고취

- 타교 출신의 신진연구원이 고용될 경우 학부 주관 행사에 공동 참여하여 소속감을 고취시킬 계획임.
- 신진 연구 인력들은 개인 PC 및 실험실 연구공간을 활용하여 대학원생들과 활발하게 교류하며 연구를 수행하도록 함.
- 대학원생들의 연구 활동에 대하여 자문역할을 하는 등 연구경험이 적은 대학원생들에게 직접적인 도움을 주는 멘토 역할을 부여함.

○ 신진 연구자의 사회 진출을 지원하기 위한 프로그램 운영

- 신진연구자의 연구 능력 향상 외에 영작문 및 영어 말하기/듣기 능력을 향상시키기 위해 본교의 언어교육원에서 수행하고 있는 언어 강좌를 수강할 기회를 마련하고자 함.
- 전남대 기초교육원에서 운영하고 있는 교수법 프로그램 참여를 적극 권장하여 효과적인 강의법과 영어강의법 등 다양한 강좌를 제공하여 미래의 교수 후보로써 강의능력향상을 지원하고자 함.
- 신진연구인력이 직접 기획하고 주도하는 연구과제 수주를 장려할 계획임.

○ 전남대학교 학문후속세대 지원 프로그램의 적극적인 활용

- 전남대학교 대학원 혁신본부가 제시한 강의 기회제공, 처우개선, 연구기회 제공 정책을 적극적으로 활용하고자 함.

3. 학술연구 지원 및 환경 개선

3.1 학문후속세대에 대한 강의·연구기회 제공

㉔ 학문후속세대에 대한 연구기회 제공 실적과 계획

<표 3-3> 학문후속세대에 대한 연구기회 제공 실적

번호	도입시기	학문후속세대에 대한 연구기회 제공 실적	증빙
1	계속	학문후속세대 지원체계 구축을 위한 제도개선	3-3-1
2	계속	전남대학교 비전임교원 인사에 관한 규정 : 학술연구교수 제도 운영	3-3-2
3	2017. 3.	학문후속세대 연구기회 제공을 위한 다양한 지원사업 : 3종	3-3-3
4	2017. 3.	학문후속세대 연구기회 제공을 위한 다양한 지원사업(별도운영) : 3종	3-3-4
5	2017. 3.	BK21사업 배출 석·박사 채용(교원 및 연구원) 실적 : 3개년	3-3-5

<표 3-4> 학문후속세대에 대한 연구기회 제공 계획

(단위: 천원)

번호	적용시기	학문후속세대에 대한 연구기회 제공 계획	투입예산
1	2020. 3.	(대학회계) 학문후속세대 연구지원1 : 논문게재 장려금	910,000
2	2020. 3.	(대학회계) 학문후속세대 연구지원2 : 학술대회 논문발표	70,000
3	2020. 3.	(대학회계) 학문후속세대 연구지원3 : 저술장려금	70,000
4	2020. 3.	(대학회계) 학문후속세대 연구지원4 : 학술소모임 프로그램	105,000
5	2020. 3.	(대학회계) 학문후속세대 연구지원5 : 교과목 개발지원	70,000
6	2020. 3.	(대학혁신지원사업) 학문후속세대 연구지원6 : 연구역량 고도화사업	420,000
7	2020. 3.	(대학회계) 학문후속세대 연구지원7 : 기초 및 보호학문지원	1,120,000
8	2020. 3.	BK21사업 배출 석·박사 채용(교원 및 연구원) 기회 확대	-

▶ **신진연구인력 확보 및 운용실적**

○ BK21을 통한 신진연구 인력 확보

- 그간 BK을 수행하며 사업팀의 한정된 예산으로 시기별로 1인 이상의 신진연구인력을 채용한 바 있음.

○ 신진연구인력 선발과정

- 본 대학원에서 박사학위를 받은 우수한 신진연구인력 가운데 학위과정 및 박사 후 연구원 과정 중에 많은 우수 논문을 발표한 우수 연구자를 우선적으로 활용하였음.

○ 신진연구인력 지원 실적

- 사업팀 예산에서 매월 250만원의 인건비를 지급하고, 참여 교수의 연구비를 활용하여 추가로 인건비를 지급하며, 논문 발표 및 사업팀 학술활동에 기여도를 평가하여 인센티브를 지급함으로써 연구에 매진할 수 있도록 지원하였음.

○ 신진연구인력 운용 실적

- 그 결과, 본 교육연구팀에 참여하는 교수로부터 박사학위를 받은 조용훈박사 및 김민지 박사는 그간 BK21의 신진연구인력으로 선발되어 학술적으로 괄목할 만한 발전을 이룬 경우임.

<조용훈 박사>

- 2013년부터 2017년까지 조용훈 박사가 신진연구인력으로 참여하는 동안 본 사업비 예산에서 지원하는 인건비(월 2,500,000원) 외에 참여 교수인 한연수 교수가 개인 연구비에서 인건비를 추가로 지급하여 총액 월 3,500,000원 이상을 지급하였고, 논문 발표 및 사업팀 학술활동에 기여도를 평가하여 인센티브를 지급함으로써 신진연구인력이 연구에 전념할 수 있도록 지원하였음.

- 조용훈 박사는 최근 5년간 국제학술지에 주저자 21편, 공동저자 20편, 총41편의 논문을 왕성하게 발표함. 주저자 논문의 탁월성에 있어서도 Frontiers in Immunology(IF 5.511)에 1편, 네이처 자매지인 Scientific Report(IF 4.122)에 4편의 논문을 발표하였으며, Entomology 학문분야 JCR 5.1 %에 해당하는 Insect Biochemistry & Molecular Biology에 1편을 발표하여 전반적으로 연구 능력이 증진되고 있음을 확인함. 또한 공동저자로 20편의 논문을 출판하는 등 매우 왕성한 공동연구력도 보여주고 있음.

- 이러한 연구력을 기반으로 조용훈 박사는 전남대학교 친환경농업연구소의 연구교수로 재직하고 있으며, 독자적인 연구책임자(PI)로 다수의 연구과제를 수주하여 수행하고 있음: (1) 농기평(iPET)으로부터 “식용곤충기반 프리미엄 반려견간식 수출연구사업단(총 34.35억)”의 단장으로 한국의 곤충산업을 활성화에 결정적으로 기여하고 있으며, (2) 농기평(iPET)으로부터 “등검은말벌에 의한 농가 피해실태 조사 연구(시기별, 지역별, 피해상태)를 수행한 바 있고(총 5,000만원), (3) 한국연구재단으로부터 “해외유입 고병원성 땀기바이러스의 매개체인 흰줄숲모기의 autophagy 유전자 발굴 및 면역기능 구명”에 관하여 연구하고 있음(총 1억), (4) 연구재단으로부터 “식사료용 곤충모델인 밀웬의 항균펩타이드 발현조절기작인 immune deficiency (IMD) 신호전달 및 면역유도기작 구명”에 관한 연구비(4억6천)도 수주, (5) 농기평으로부터 “식용곤충을 활용한 프리미엄(휴먼그레이드)반려동물 간식 수출연구사업단 사전기획 연구(2천)”도 수주하는 등 매우 탁월한 연구력과 과제기획능력을 전문가로부터 인정받고 있어 국내에서 차세대 리더로 성장 중임.

- 또한, 조용훈 박사는 신진연구인력으로 본 사업팀에 참여하는 동안 교육 및 연구 프로그램에 크게 기여하였음. 우수 대학원생 유치를 위한 학부생 대상 “Core Learning Program“ 주도, 새로

입학하는 석박사 대학원생의 실험 안내 및 지도, 참여교수의 연구 수행 등 본 사업팀 구성원과의 원활한 연계활동을 위해 최대한 활용하였음.

<김민지 박사>

- 2018년 1월부터는 신진연구인력으로 채용되었던 김민지 박사는 전남대학교를 졸업하고 전남대학교에서 지원하는 첫 번째 이공계 박사 후 해외연수 지원대상자로 선발되어 미국 Purdue University에서 1년 동안 박사 후 연구원으로 연구를 수행하였음.
- 김민지 박사는 최근 3년간 최근 3년간 국제학술지에 주저자 9편, 공동저자 21편을 논문을 발표하였으며, 특히 2018년 Journal of Economic Entomology(IF 1.779, ES 0.00996, Entomology 분야 상위 29%)에 출판한 “Phytosanitary cold treatment of spotted-wing drosophila, *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae) in Campbell Early grape” 를 통해 국내 포도가 호주에 수출될 수 있도록 견인하였으며, GigaScience(IF 4.688, EF 0.01250, 상위 11%)에 공저자로 박사학위논문 주제의 분류군에 속하는 야생누에에 대한 “Genome sequence of the Japanese oak silk moth, *Antheraea yamamai*: the first draft genome in the family Saturniidae” 를 출판한 바 있고 또한, 2020년 2월 International Journal of Biological Macromolecules에 주저자로 출판된 논문은 IF 4.784, ES 0.04017이며, 관련 Biochemistry & Molecular Biology 분야 JCR 상위 18%의 논문임.
- 김민지 박사의 경우 본 사업비 예산에서 지원하는 인건비 외에 참여 교수인 김익수 교수가 개인 연구비에서 인건비를 추가로 지급하였으며 (총액 월 3,500,000원 이상), 논문 발표에 따른 인센티브를 추가 지급함으로써 신진연구인력이 연구에 전념할 수 있도록 지원함.
- 현 김민지 박사는 한의학연구원에 근무하고 있으며 주요 임무로 자연적 유입, 의도적 혼합, 미확인 종 및 품종 등의 한의학 및 식품에 함유된 재료의 원산지 추적, 중동정 등을 위한 분자판별에 대해 연구 중임.

5. 참여교수의 교육역량

5.1 참여교수의 교육역량 대표실적

<표 2-8> 교육연구팀 참여교수의 교육역량 대표실적

연번	참여교수명	연구자등록번호	세부전공분야	대학원 교육관련 대표실적물	DOI번호/ISBN/인터넷 주소 등
참여교수의 교육관련 대표실적의 우수성					
1	김철수	10103401	분자유전	국가나노기술정책센터 정기 책자	ISSN 2287-3597
<p>최근에 나노소재를 이용한 작물의 생장/생육 조절 및 촉진에 관한 연구가 활발히 진행되고 있음. 예를 들어, 독특한 화학구조, 기계열, 전기적 특성등을 가지고 있는 탄소나노튜브가 식물세포 내 엽록체로 삽입되어, 나노기술에 의해 식물체 내 광합성 조절이 가능하다는 연구내용이 보고되었음. 또한 TiO₂는 식물의 질소대사 활성을 조절할 수 있고, 이에 따라 시금치의 생장을 촉진시킴으로써 수확량의 30%를 증가시켰다는 연구결과가 보고되었음. 뿐만 아니라 벼의 도열병, 포도의 노균병 등에 TiO₂ 나노입자를 활용한 병 방제에 대한 가능성도 확인되었음. 나노기술의 농업 응용은 점차 범위가 확대될 것으로 기대되고 있음. 농업생산에 직접적으로 응용될 뿐만 아니라 농업에서 유래되는 다양한 생물자원의 보건/의료, 환경/에너지 등 다양한 활용에도 보다 적극적으로 나노기술이 접목되고 있음. 이러한 나노기술 및 생명공학 기술을 접목시킴으로써 식물 환경스트레스에 대한 농산물 고부가가치의 플랫폼으로 활용될 수 있을 것으로 기대됨.</p>					
2	김익수	10138617	동물분류/계통	교과목 개발	별첨
<p>2019년부터 강의하게 된 대학원 교과목인 검역해충학특론은 교역의 확대와 기후온난화로 지속적으로 유입되는 외래 해충과 함께 반대로 농산물 수출시 국외 침투 가능성으로 문제시 되는 국내 해충 등 검역 해충에 대한 이해를 위해 외래 해충의 국내 유입 방지를 위한 관리방안, 유입 후 국내 관리방안 및 국외 유출 해충의 국내외 가해 양상 및 이들의 연구 동향 등 검역 관련 해충의 관리를 위한 연구 동향에 대해 학습하는 과목으로 기후변화에 따른 검역 해충에 대한 이해는 국내 농업생태계는 물론 자연생태계 그리고 인간의 생활 (예, 코로나바이러스감염증-19)에 직접적인 악영향을 미침을 물론 아열대 기후화에 따른 원활한 국내 농산물 수출을 위해 그 어느 때보다 중요성이 부각되는 시점으로 이에 대한 다각도의 학습이 필요한 시점임.</p>					
3	정래동	11004729	식물병리	교과목 개발	별첨
<p>최근 이상기후변화로 인한 식물의 병 발생 및 이에 따른 피해 방제 방안을 모색하기 위해 2016년 9월부터 식물병리학세미나 과목을 개설하였음. 본 과목은 이상기후로 인한 식물병 피해, 원인분석, 진단, 방제 등 다양한 측면에서 식물병 발생 문제를 해결안을 모색한다는 측면에서 중요한 과목임. 본 과목은 식물병 전반에 대한 기본 지식뿐만 아니라 대학원생들의 독창적인 아이디어를 바탕으로 식물병 피해를 줄이기 위한 해결방안을 모색하는 대학원생 참여기반 수업임. 진단 및 방제 부분에서는 분자생물학 및 생화학적 측면에서 기존에 알려져 있지 않은 최신 현장 진단 및 방제 기술을 이용해 친환경적인 식물병 문제 해결을 모색함. 본 교과목을 통해 이상기후변화에 따른 식물병 작물보호전문가를 육성하는데 큰 도움이 될 것으로 기대됨.</p>					

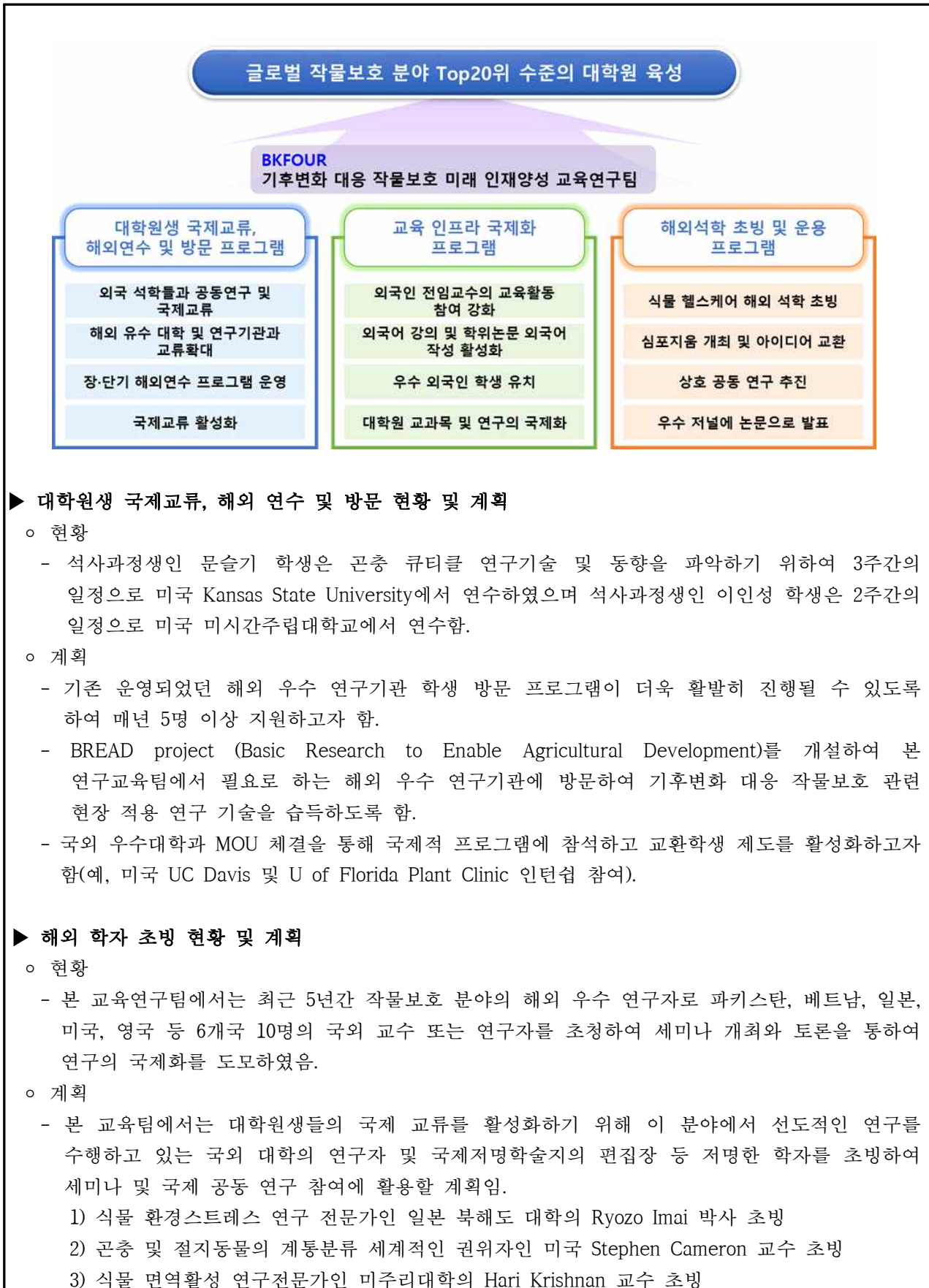
6. 교육의 국제화 전략

6.1 교육 프로그램의 국제화 현황 및 계획

① 교육 프로그램의 국제화 현황 및 계획

6.1 교육 프로그램의 국제화 현황 및 계획

① 교육 프로그램의 국제화 현황 및 계획



- 4) 농해충-공생균 상호작용의 대가인 일본 AIST의 Takema Fukatse 박사 초빙
- 5) 식물-병원체 상호작용 전문가인 미국 켄터키대학의 Pradeep Kachroo 교수 초빙
- 6) 오하이오주립대 Ye Xia 교수 초빙

- 이상의 석학을 염두에 두고 추후 보다 학생들의 요구 중심으로 초빙하고자 함.
- 국외 우수한 자매 대학교나 연구기관과 개인 연구실 단위의 교류를 추진하여 실험실 수준의 실질적 교류 협력관계도 수립하고자 함.

▶ **교육 인프라 (외국인 전임교수) 향상 실적 및 계획**

○ 실적

- 본 학과에서는 2010년 미국 Kansas State University에서 연구교수로 재직하던 Arakane Yasuyuki 교수를 농생대에서는 처음이자 유일하게 전임 외국인 교수로 초빙하여 교육, 연구 및 국제화 측면에서 많은 시너지 효과를 내고 있으며 BK21 사업에서는 많은 연구실적과 인력배출 실적이 있음.

○계획

- Arakane Yasuyuki 교수는 본 교육연구팀에는 참여하지 않지만 전임교원으로서 석박사 학위자의 논문심사에 참여할 예정이며 해당 대학원생은 반드시 학위논문을 영어로 발표하게 됨으로 학위논문의 엄정성 유지와 질적 향상에 지속적으로 기여할 예정임.
- Arakane Yasuyuki 교수는 학부 및 대학원에서 다양한 곤충관련 교과목을 강의하고 있으며 전과목을 영어로 강의함으로 지속적으로 대학원생과 학부학생 모두에게 국제적 감각을 갖도록 지도할 계획임.
- 영어권의 우수 대학원생을 모집하여, 대학원 재학생들이 국제적인 마인드를 가지고 다문화 연구실에서 연구와 배움에 임할 수 있는 분위기를 조성함.
- 대학원생들의 학위논문 영어 작성 및 영어 세미나 발표를 위해 영어 논문 작성법 및 발표법 등 영어 논문 및 발표 교정 프로그램 운영하고자 함.

▶ **우수 외국인 학생 유치 현황 및 계획**

○현황

- 최근 5년간 본 교육연구팀과 긴밀한 관계를 맺고 있는 해외 대학에서 추천받아 베트남, 이란, 이탈리아, 중국, 파키스탄으로부터 박사과정 6명, 석사과정 4명의 우수 외국인 학생을 유치하였음.
- 특히, 지난 2년 동안 본 교육연구팀에 참여한 박사과정 학생인 Nguyen Dinh Sy, Tindwa Hamisi Juma 학생은 베트남 및 케냐의 자국 대학교에 교수요원으로 있는 우수한 재원으로 연구력이 아주 우수한 학생들임.

○계획

- 해외 우수 대학원생 유치를 위해 전남대학교 차원에서 시행하고 있는 제도를 최대한 활용할 계획임(외국인 유학생 전담 부서인 국제협력본부에서 유학생의 입학부터 졸업까지 찾아가는 현장 서비스 진행 중).
- 지속적으로 해외 대학의 추천을 받아 화상회의 등을 통하여 반드시 대면 인터뷰를 통해 우수 외국인 학생을 유치하고자 함.
- 명실상부한 모델대학 수준의 영문 홈페이지를 제작하여 교육연구팀에 관한 내용을 자유롭게 문의할 수 있는 시스템을 마련하고자 함.
- 교육팀 참여 교수들이 미국, 일본, 중국 등 해외 현지에서 학교 및 응용생물학과 설명회 개최를 통해 해외 학생 유치함.

② 대학원생 국제공동연구 현황과 계획

<표 2-9> 교육연구팀 참여교수 지도학생(재학생 및 졸업생) 국제공동연구 실적

연번	공동연구 참여자			상대국/소속기관	연구주제	연구기간 (YYYYMM-YYYYMM)
	교육연구팀		국외 공동연구자			
	대학원생	지도교수				
No data have been found.						

6.1 교육 프로그램의 국제화 현황 및 계획

② 대학원생 국제공동연구 현황과 계획

▶ 대학원생의 해외 연구실 공동연구 수행(15일 이상) 실적

○ 해외 우수 연구기관 학생 방문 프로그램 운영 실적

- 없음

- 최근 3년간 본 교육연구팀의 참여교수가 지도한 학생은 없으나 BK21을 수행하며 당시 참여교수의 지도학생인 석사과정의 이인성 학생은 2017. 2. 4 ~ 2. 19 미국 미시간주립대학교 F. Trail 교수의 실험실을 방문하여 식물병원균을 포함하는 진균(곰팡이) 형질전환 기술과 노하우를 전수받아 진균 연구에 크게 도움이 되었음.

- 최근 3년간의 실적은 아니지만 BK21을 수행하며 본 교육연구팀 참여교수의 대학원생인 이관욱 학생은 박사과정 중 1개월간 (2014.01.14.~2014.02.14.) 호주 University of Western Australia를 방문하여 식물의 RNA 대사 연구 동향 파악, 엽록체와 미토콘드리아의 효과적 분리 기술, polysome loading assay 등 연구 기법을 습득하였으며, 문슬기 학생은 석사과정 중 3주간 (2015.02.07.~2015.02.26.) 미국 Kansas State University를 방문하여 곤충의 큐티클 형성 기작 및 관련 대사, 곤충의 키틴 대사 및 탄닝 대사 연구 등 실험원리 및 방법을 습득하여 후속 연구를 수행하는데 크게 도움이 되었음.

▶ 대학원생의 해외 연구실 공동연구 수행(15일 이상) 계획

- 중국 난징대학교 Kai Xu 교수와 공동연구 수행을 진행할 예정임. Kai Xu 교수는 콩에서 문제가 되고 있는 바이러스 복제 및 방제 전문가로 식량작물에서 문제가 되는 바이러스 방제 공동연구를 수행할 예정이며 이 과정에서 공동연구를 위해 관련 대학원생을 해외 연구실에 파견 할 예정임.

- 미국 켄터키 대학교 Pradeep Kachroo 교수와 공동연구를 수행할 예정임. Pradeep Kachroo 교수는 식물면역 분야에서 국제적으로 인정받고 있는 학자임. 새로운 식물면역조절 기작을 규명하기 위한 공동연구를 수행할 예정이며 이 과정에서 공동연구를 위해 관련 대학원생을 해외 연구실에 파견할 예정임.

- 본 학과 및 교육연구팀과 교류가 있는 국외 우수 대학교나 연구기관과의 교류를 더욱 더 활성화하여 국제화를 강화시키고 교육 및 연구의 질적 향상을 도모 할 것임.

- 본 학과 및 교육팀과 공동 연구 및 교류가 가능한 해외 연구기관으로 호주 University of Western Australia, 미국 Michigan State University, Ohio State University, Purdue University, Kansas State University, Missouri University, Danforth Plant Science Center, University of Arizona, Utah State University, 일본 오카야마 대학, 홋카이도대학, 고베대학, 동경대학, 독일 Bayreuth University, Hannover University, University of Tübingen, 오스트리아 Vienna University, 네덜란드 Wageningen University 등이 있음.

- 교육팀에 참여하는 대학원생들의 학업 및 연구실적을 객관적으로 평가하여 위 연구기관에 15-30일 정도 연수를 보냄으로써, 최신 연구 동향을 파악하고 연구 기법을 습득하며 공동연구를 수행함으로써 연구의 수월성을 증진시킬 계획임.

▶ 대학원생 장·단기 해외연수 실적

○ 장기연수: 박기범 학생(기간 4주: 2018년 6월4-30일)

- 박사과정생인 박기범 학생은 예비창업자로 본인 주도적으로 연구재단으로부터 바이오아이코아 예비창업팀(4,000만원 지원)에 선정되어 PI 역할로 과제를 수행함. 2018년 6월 4일부터 30일까지 4주 동안 미국에서 개최된 2018 KIC Bio I-Corps 연수에 참여하여 Customer Discovery 훈련을

받았고, 84명의 외국학자 및 기업가를 직접 만나서 바이러스 분야에 대한 상담을 수행하고 Opentrons과 파트너십 체결을 위하여 본사(Brooklyn, NY)를 방문하여 Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health의 미생물/면역학과의 Douglas E. Norris 교수, Marcelo Jacobs-Lorena 교수 등 다수의 교수를 만나 Microsoft에서 지원받아 진행 중인 Project premonition 연구과제 동향 등 다양한 내용의 연수를 수행함.



○ 단기연수: 박기범 학생(기간 2주: 6월 2-16일)

- 미국에서 개최된 2019년 Korea Innovation Center-Global Accelerator 프로그램에 참석함.
- 연구재단의 바이오아이코아 글로벌창업팀에 “저가 인체 무해성 viral RNA 추출 자동화시스템 개발 및 산업화” 과제(9억3천만원/3년)로 최종 선정되어 2주간 미국에 방문함.
- 6월 2-6일까지 2019 BIO USA 박람회에 참석하여 전시부스에 “Viral RNA 추출킷 신규 제품”의 특징 및 장점에 대해 외국 학자 및 무역업 종사자에게 홍보함.
- 6월 7일 존스홉킨스대학교를 방문하여 Vector Encounter 학회에 참석함.
- 6월 8일 TeraImmune 관계자와 미팅함.
- 6월 10일부터 Washington DC에 위치한 Korea Innovation Center에 참석하여 Small Business Innovation Research (SBIR) grant 작성법, 자격, 그리고 미국에 특허출원 시 주의사항 노하우 등에 대한 세미나에 참석하여 유익한 정보를 습득함.
- 미국에 InVIRUStech-USA 법인을 설립하기 위하여 필요한 서류, 양식, 절차 등을 조사함.

▶ 대학원생 장단기 해외연수 계획

○ 본 학과 및 교육연구팀과 교류가 있는 국외 우수 대학교나 연구기관 연수

- 호주, 미국, 일본, 독일, 오스트리아, 네덜란드 등에 학업 성적이 우수하고 연구력이 탁월하며 진취적이고 미래지향적인 학생들을 선발하여 1-2개월 동안 연수를 보냄으로써 공동연구를 활성화할 것임.

○ Outbound 및 Inbound 형태의 대학원생 장단기 해외연수 활성화

- 파트너십 관계인 외국 우수대학과 MOU를 맺고 대학원생 연수를 시행하고 6개월 이상 방문하여 공동연구를 수행할 예정임.
- 작물보호를 위한 융복합 핵심 기술 분야별로 세계적으로 선도적인 해외 연구그룹들과 대학원생의 장단기 연수 프로그램을 마련하고 적극적으로 활용할 예정임.
- 해외 우수 연구기관에서 본 교육팀으로 Inbound 연수를 활성화할 계획이며, 이를 위해 전남대학교 Research fellowship를 활용할 예정임.
- 해외 우수대학의 연구년 교수를 유치하여, 대학원생 및 신진 연구인력의 Inbound 연수 활성화로 이어지도록 함.

Ⅲ. 연구역량 영역

1.2연구업적물

① 참여교수 대표연구업적물의 우수성

<표 3-2> 최근 5년간 참여교수 대표연구업적물 실적

연번	참여교수명	연구자등록번호	이공계열/인문사회계열(간호/보건/체육/기타 분야에 한함)	세부전공분야	실적구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
1	강훈승	10103561	이공계열	식물유전	저널논문	Kwanuk Lee, Ji Hoon Han, Youn-Il Park, Catherine Colas des Francs-Small, Ian Small and Hunseung Kang	
						The mitochondrial pentatricopeptide repeat protein PPR19 is involved in the stabilization of nad1 transcripts and is crucial for mitochondrial function and Arabidopsis developmentThe mitochondrial pentatricopeptide repeat protein PPR19 is involved in the stabilization of nad1 transcripts and is crucial for mitochondrial function and Arabidopsis development	
						New PhytologistNew Phytologist	
						215(1), 202-216215(1), 202-216	
						2017	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28332713
						10.1111/nph.14528	
<p>본 논문은 IF=7.299, ES=0.08247, JCR 식물학 분야 상위 3.5% (8/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었으며, 현재까지 피인용수는 23회임 (Google Scholar). 본 논문은 식물 생육, 발달 및 스트레스 반응에서 중요한 역할을 하는 미토콘드리아 생성 및 기능에 필수적인 PPR 유전자가 미토콘드리아 전사체에 직접 결합하여 RNA 안정성에 관여하여 미토콘드리아 생성 및 기능에 중요함을 밝힌 것으로, 미토콘드리아 유전자 발현 기작을 이해하고 미토콘드리아 기능을 최적화함으로써, 기후변화에 따라 피해가 더욱 심각해지고 있는 작물을 보호하고 스트레스 내성 작물 개발에 활용할 수 있는 기반을 제시하였음</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번 호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기 타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
2	강훈 승	101035 61	이공계열	식물유 전	저널논 문	Ghazala Nawaz and Hunseung Kang	
						Chloroplast- or mitochondria-targeted DEAD-box RNA helicases play essential roles in organellar RNA metabolism and abiotic stress responses	
						Frontiers in Plant Science	
						8(871), 1-9	
							URL입력
						2017	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5442247/
						10.3389/fpls.2017.00871	
<p>본 논문은 IF=4.106, ES=0.10146, JCR 식물학 분야 상위 8.8% (20/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었으며, 현재까지 피인용수는 27회임 (Google Scholar). 본 논문은 RNA 대사, 식물 생육 및 스트레스 반응에 중요한 역할을 하는 DEAD-box RNA helicase의 중요성 및 활용 가능성을 제시한 논문임. 특히 스트레스 반응에 중요한 엽록체와 미토콘드리아로 수송되어 엽록체와 미토콘드리아 생성 및 기능에 중요한 DEAD-box RNA helicase의 기능과 활용 가능성을 제시함으로써, 엽록체 및 미토콘드리아 유전자 발현 기작을 이해하고 각 세포소기관의 기능을 최적화함으로써 기후변화에 따라 피해가 더욱 심각해지고 있는 작물을 보호하고 스트레스 내성 작물 개발에 활용할 수 있는 기반을 제시하였음</p>							

연번	참여 교수명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙					
						대표연구업적물의 우수성						
3	강훈 승	10103561	이공계열	식물유전	저널논문	Kwanuk Lee, Su Jung Park, Catherine Colas des Francs-Small, Michael Whitby, Ian Small, and Hunseung Kang						
						The coordinated action of PPR4 and EMB2654 on each intron half mediates trans-splicing of rps12 transcripts in plant chloroplasts						
						Plant Journal						
						100(6), 1193-1207						
												URL입력
						2019				https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31442349		
						10.1111/tpj.14509						
<p>본 논문은 IF=5.726, ES=0.04498, JCR 식물학 분야 상위 4.8% (11/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었음. 본 논문은 식물 생육, 발달 및 스트레스 반응에서 중요한 역할을 하는 엽록체 생성 및 기능에 필수적인 PPR 유전자가 엽록체 전사체의 스플라이싱에 관여하여 엽록체 기능에 중요함을 밝혔음. 엽록체가 식물 스트레스 반응의 센서로 작용한다는 최근의 연구결과를 고려할 때, 엽록체 유전자 발현 기작을 이해하고 엽록체 생성 및 기능을 이해하는 본 연구결과는, 이상기후 환경에서도 광합성을 효과적으로 유지하고 현재 기후변화에 따라 피해가 더욱 심각해지고 있는 작물을 보호하고 스트레스 내성 작물 개발에 활용할 수 있는 기반을 제시하였음</p>												

연번	참여 교수 명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
4	김익수	10138617	이공계열	동물분류/계통	저널 논문	Jeong Sun Park, Min Jee Kim, Su Yeon Jeong, Sung Soo Kim, Iksoo Kim	
						Complete mitochondrial genomes of two gelechioids, <i>Mesophleps albilinella</i> and <i>Dichomeris ustalella</i> (Lepidoptera: Gelechiidae), with a description of gene rearrangement in Lepidoptera	
						Current Genetics	
						62(4), 809–826	
							URL입력
						2016	https://link.springer.com/article/10.1007/s00294-016-0585-3
10.1007/s00294-016-0585-3							
<p>본 논문은 IF-3.464, ES-0.00375, JCR 상위 34%(Google scholar 24회 인용)에 출판된 논문임. 해충이 포진된 나비목내 잘 알려지지 않은 뿔나방과의 앞테두리흰줄뿔나방과 큰털보뿔나방의 완전 미토콘드리아 유전체 염기서열을 분석하여 기 보고된 뿔나방상과 9종의 유전체와 분석한 결과임. 앞테두리흰줄뿔나방은 ND3와 ND5 유전자 사이의 6개 tRNA 배열은 다른 나비목 곤충에서 거의 알려지지 않은 새로운 배열을 가진 것을 확인함. 이러한 유전자 배열은 Tandem Duplication-Random Loss model로 설명하였으며 해당 종에서 독립적이고 독특한 진화의 결과로 해석하였음. 농업생태계는 물론 자연 생태계에는 기후변화로 인해 부지불식간 많은 외래종이 일시적 또는 궁극적으로 유입되고 있는 실정으로 국내 자생생물에 대한 형태적 동정, 유전정보의 확보, 진화적 관련성의 이해는 친환경적 방제를 위한 근본적인 중요성이 있음</p>							

연번	참여 교수명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
5	김익수	10138617	이공계열	동물분류/계통	저널논문	Joo Young Lee, Ah Rha Wang, Yong Soo Choi, Ratna Thapa, Hyung Wook Kwon, Iksoo Kim	
						Mitochondrial DNA variations in Korean Apis cerana (Hymenoptera: Apidae) and development of another potential marker	
						Apidologie	
						47(1), 123-134	
							URL입력
						2016	https://link.springer.com/article/10.1007/s13592-015-0381-y
						10.1007/s13592-015-0381-y	
<p>본 논문은 IF-2.250, ES-0.00317, JCR 상위 17%(Google scholar 기준 8회 인용)에 출판된 논문임. 동양종꿀벌(토종벌)의 생물지리학적 기원 추적과 국내 토종벌의 국제적 관련 및 국내에서의 유전적 구조에 대한 결과로 국내 동양종꿀벌은 국제적으로 Mainland Asian group에 속함을 확인하였음. 추가적인 분자마커 선발을 통한 국내 동양종꿀벌의 분석결과, 기원이 다른 2개의 독립적 그룹이 존재함을 확인함. 특히, 본 논문은 기존 보고되었던 동양종꿀벌의 생물지리학 연구에 추가적으로 국내외 개체를 포함하여 대규모 분석을 수행한 결과로 이전의 결과를 통합, 정리한 매우 의미있는 논문임. 본 연구에 사용된 집단유전학적 접근법, 분석법과 해석은 기후변화에 따른 외래종의 기원, 유입지역, 유입특징, 확산특징 등을 추론하기 위한 방법론적인 유사성이 있으며 이러한 결과는 생태정보를 활용하고 생태정보에 따른 해충방제법 수립을 위한 근본적인 중요성이 있음.</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번 호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기 타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙	
						대표연구업적물의 우수성		
6	김익 수	101386 17	이공계열	동물분 류/계통	저널논 문	Phytosanitary cold treatment of spotted-wing Drosophila, <i>Drosophila suzukii</i> (Diptera: Drosophilidae) in 'Campbell Early' grape		
						Journal of Economic Entomology		
						111(4), 1638-1643		
								URL입력
						2018	https://academic.oup.com/jee/article/111/4/1638/5025116	
						10.1093/jee/toy148		
<p>본 논문은 IF-1.779, ES-0.00996, JCR 상위 29%(Google scholar 기준 1회 인용)에 출판된 논문임. 우리나라 등 아시아 기원으로 북미 및 유럽에 침입한 벼초파리에 관한 연구임. 포도 등 생과실 수출을 위해서는 반드시 비농약 수확 후 관리방안이 필요한 실정임. 벼초파리의 기본적 생태정보를 기반으로 수출 과실에서 발견 가능한 모든 곤충 태를 대상으로 한 저온처리 결과, 100% 사멸 가능한 온도 범위와 저온저장 기간을 확인한 연구 결과임. 해당 결과는 호주와 국내 캠벨얼리 품종 수출 협상 자료로 활용되어 현재 캠벨얼리는 호주에 수출되고 있음. 또한, 본 연구는 국내 생과실 수출시 벼초파리에 대한 소독기준절차의 근거로 활용됨. 기후변화에 따른 해충의 유입/유출은 농산물의 수출입에 막대한 지장을 초래하고 있어 생태적 연구 결과를 근간으로 한 무농약 소독기법의 개발은 본 연구교육팀의 지향점과 일치함.</p>								

연번	참여 교수명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
7	김철수	10103401	이공계열	분자유전	저널논문	Ji-Hee Min, Hyun-Woo Ju, Dayoung Yoon, Kyeong-Hwan Lee, Sungbeom Lee and Cheol Soo Kim	
						Arabidopsis Basic Helix-Loop-Helix 34 (bHLH34) Is Involved in Glucose Signaling through Binding to a GAGA Cis-Element	
						Frontiers In Plant Science	
						8(2100)	
							URL입력
						2017	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28369480
						10.3389/fpls.2017.02100	
<p>본 논문은 IF=4.106, ES=0.10146, JCR 식물학 분야 상위 8.8% (20/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었음. bHLH34 전사활성인자가 AtPGR 프로모터의 5'-GAGA-3' element에 결합하여 당 신호전달 반응 AtPGR 유전자 전사를 조절함을 알 수 있었음. Gain- and loss-of-function analyses를 통해서, bHLH34는 당 신호조절 반응뿐만 아니라, abscisic acid (ABA)와 염해 스트레스 반응에도 관여함을 알 수 있었음. 더군다나 유전학적 실험을 통해서, bHLH34와 상동유전자인 bHLH104는 당 신호전달에 negative regulator로 작용함을 알 수 있었음</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
8	김철수	10103401	이공계열	분자유전	저널논문	Da-Jeong Shin, Ji-Hee Min, Tinh Van Nguyen, Young-Min Kim, Cheol Soo Kim	
						Loss of Arabidopsis Halotolerance 2-like (AHL), a 3'-phosphoadenosine-5'-phosphate phosphatase, suppresses insensitive response of Arabidopsis thaliana ring zinc finger 1 (atrzf1) mutant to abiotic stress	
						Plant Molecular Biology	
						99(4), 363-377	
							URL입력
						2019	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29321786
						10.1007/s11103-019-00822-0	
<p>본 논문은 IF=3.928, ES=0.00962, JCR 식물학 분야 상위 10.5% (24/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었음. pca17 돌연변이체는 atrzf1 돌연변이체의 suppressor 인자로서, PCA17 유전자는 phosphoadenosine-phosphate (PAP) phosphatase를 암호화하는 유전자임. 프롤린 대사와 황 대사를 조절하여 비생물적 스트레스에 반응함을 알 수 있었고, 또한 프롤린 합성에 있어서 AtRZF1은 AHL의 음성 조절인자이며, AHL은 양성 조절인자임을 밝혀냈음</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
9	김철수	10103401	이공계열	분자유전	저널논문	Da-Jeong Shin, Ji-Hee Min, Tinh Van Nguyen, Young-Min Kim, Cheol Soo Kim	
						Loss of Arabidopsis Halotolerance 2-like (AHL), a 3'-phosphoadenosine-5'-phosphate phosphatase, suppresses insensitive response of Arabidopsis thaliana ring zinc finger 1 (atrzf1) mutant to abiotic stress	
						Plant Molecular Biology	
						99(4), 363-377	
							URL입력
						2019	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30637572
						10.1007/s11103-019-00822-0	
<p>본 논문은 IF=3.928, ES=0.00962, JCR 식물학 분야 상위 10.5% (24/228)에 해당하는 우수 저널에 발표되었음. pca17 돌연변이체는 atrzf1 돌연변이체의 suppressor 인자로서, PCA17 유전자는 phosphoadenosine-phosphate (PAP) phosphatase를 암호화하는 유전자임. 프롤린 대사와 황 대사를 조절하여 비생물적 스트레스에 반응함을 알 수 있었고, 또한 프롤린 합성에 있어서 AtRZF1은 AHL의 음성 조절인자이며, AHL은 양성 조절인자임을 밝혀냈음</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번 호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기 타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
10	정래 동	110047 29	이공계열	식물병 리	저널논 문	Seon-Min Go, Mi-Ri Park, Hyun-Seung Kim, Won Seok Choi, Rae-Dong Jeong	
						Antifungal effect of non-thermal atmospheric plasma and its application for control of postharvest Fusarium oxysporum decay of paprika	
						Food Control	
						98(1), 245-252	URL입력
						2019	
						10.1016/j.foodcont.2018.11.028	https://www.science direct.com/science/ article/abs/pii/S095 6713518305735
						<p>본 논문은 IF-4.248, ES-0.02985에 해당하는 저널에 발표된 논문임(Google Scholar 기준 2회 인용). 최근 기후이상 변화로 저장성 작물에 대한 식물병 피해가 나날이 증가되고 있는 실정임. 이에 따라 친환경 식물병 제어 기술 개발이 시급함. 기존엔 화학적 방법으로 저장성 병원균 억제에 활용하였으나 화학적 처리는 작물에 직접 약해 및 잔류성 문제로 점점 그 처리법을 기피하고 있는 실정임. 본 연구에서는 친환경물리적 방법으로 저온플라즈마를 이용하여 파프리카에서 문제시 되고 있는 저장성 곰팡이병에 대한 식물병 제어기술을 개발함. 최근 들어 저온 플라즈마 기술이 저장성 향상, 살균 등 농생명산업에 많이 활용되고 있는 실정임. 본 연구기술은 저온플라즈마를 이용해 일본으로 많이 수출되고 있는 파프리카에 저장성 향상을 높이기 위해 저장성 향상 기술 향상 기술 개발에 목적을 두고 있으며, 저온플라즈마 처리 시 약 50% 저장성 병원균 억제 및 저장성 향상됨을 확인함. 본 개발된 기술은 다양한 수출농산물에 대한 저장성 향상 기술에 큰 기여를 할 것으로 생각됨.</p>	

연번	참여 교수 명	연구자 등록번 호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기 타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
11	정래 동	110047 29	이공계열	식물병 리	저널논 문	Mi-Ae Jeong, Rae-Dong Jeong	
						Application of ionizing radiation for the control of postharvest disease in fresh produce: recent advances	
						Plant Pathology	
						67(1), 18-29	
							URL입력
						2018	https://bsppjournal.s.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/ppa.12739
						10.1111/ppa.12739	
<p>본 논문은 IF-2.493, ES-0.00636에 해당하는 저널에 출판된 논문임(Google Scholar 기준 8회 인용). 최근 기후이상 변화로 인해 식물병으로 인한 작물의 피해가 나날이 증가되고 있는 실정으로 특히 수확 후 저장성 작물에 대한 저장성 향상 및 식물병 제어에 대한 친환경 기법이 나날이 필요한 시점임. 이를 위해 본 논문은 친환경물리적 방법인 이온화에너지를 이용한 저장성병원균 제어를 위한 최신 연구동향에 대한 기법을 소개한 논문으로 이온화에너지는 화학적 방법으로 병 방제 활용보다 더욱 자연친화적이며 인체 및 작물에 잔류 문제가 없어 전 세계적으로 많이 이용하고 있는 병 방제 기술임. 본 논문은 병 방제뿐만 아니라 저장성 향상에 이온화에너지 활용 측면도 기술되어져 있으며, 기후이상변화에 따른 식물병 대응에 필요한 친환경 방제 방법에 대한 대안으로 활용할 수 있는 좋은 논문임</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번 호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기 타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
						대표연구업적물의 우수성	
12	정래 동	110047 29	이공계열	식물병 리	저널논 문	Nam-Yeon Kim, Hyo-Jeong Lee, Rae-Dong Jeong	
						A portable detection assay for apple stem pitting virus using reverse transcription-recombinase polymerase amplification	
						Journal of Virological Methods	
						274, 113747	
							URL입력
						2019	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31580840
						10.1016/j.jviromet.2019.113747	
<p>본 논문은 IF-1.746, ES-0.00867에 해당하는 저널에 출판된 논문임. 식물바이러스병은 방제법의 부재로 인해 신속 정확한 진단을 통한 바이러스 제거를 진행하고 있는 실정으로 기존에 많이 사용하는 항혈철 및 PCR 기반 진단방법은 시간, 정확도, 민감도 등 이유로 새로운 바이러스 진단 기법 개발에 대한 필요성이 점점 증가되고있음. 본 연구논문은 등온증폭법인 재조합중합효소반응을 이용하여 배에서 문제가 되고 있는 ASPV 바이러스에 대해 현장에서 진단할 수 있는 방법을 개발하였음. 본 진단 방법을 이용해 바이러스 진단에 활용하게 되면 RNA를 이용하여 1분만에 타겟 바이러스를 증폭할 수 있으며, 이 산물을 휴대전기영동 장치를 이용해 5분만에 증폭 여부를 확인할 수 있음. 또한 기존의 일반 RT-PCR보다 100배 더 좋은 민감도를 보이고 있음. 본 진단기술은 국내에서 최초로 식물바이러스 진단에 사용된 첫 번째 사례가 되며, 이를 적용하기 위해 국내에서 다양한 연구기관에서 본 기술을 활용하고 있음. 본 진단기술은 현장에서 신속·정확한 바이러스 진단활동에 큰 도움을 줄 것으로 생각되어지는 연구 결과임</p>							

연번	참여 교수명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙
	대표연구업적물의 우수성						
13	한연수	10088334	이공계열	세포생리	저널논문	Soyi Park, Yong Hun Jo, Ki Beom Park, Hye Jin Ko, Chang Eun Kim, Young Min Bae, Bobae Kim, Sung Ah Jun, In Seok Bang, Yong Seok Lee, Yu Jung Kim and Yeon Soo Han	
						TmToll-7 Plays a Crucial Role in Innate Immune Responses Against Gram-Negative Bacteria by Regulating 5 AMP Genes in <i>Tenebrio molitor</i>	
						Frontiers in Immunology	
						10, 310	
							URL입력
						2019	https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fimmu.2019.0310/full
						10.3389/fimmu.2019.00310	
<p>본 논문은 IF-4.716, ES-0.08584, Immunology 분야 상위 27.8%에 해당하는 저널에 출판된 논문임. 저곡해충 모델인 밀웜으로부터 항균 펩타이드의 발현에 매우 중요하다고 알려진 Toll-7 유전자를 최초로 발굴하여 그 기능을 RNAi 기법을 이용하여 규명한 논문임. 본 논문은 밀웜의 체액성 면역 signaling pathway에 관련된 TmToll-7 유전자가 그람음성균인 E. coli 감염에 대해 5개의 항균펩타이드 발현을 조절함으로써 숙주를 보호한다는 내용임.</p>							

연번	참여 교수 명	연구자 등록번 호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기 타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙	
								대표연구업적물의 우수성
14	한연 수	100883 34	이공계열	세포생 리	저널논 문	TmCactin plays an important role in Gram-negative and -positive bacterial infection by regulating expression of 7 AMP genes in <i>Tenebrio molitor</i>		
						Scientific Reports		
						7, 46459		
								URL입력
						2017	https://www.nature.com/articles/srep46459	
						10.1038/srep46459		
<p>본 논문은 IF-4.011, ES-1.06137, MULTIDISCIPLINARY SCIENCES 분야 상위 21.7%에 해당하는 저널(Google scholar 기준 10회 인용)에 출판된 논문임. 본 논문은 밀웜의 체액성 면역 signaling pathway에 관련된 TmCactin 유전자가 그람음성균인 <i>E. coli</i>와 그람양성균인 <i>S. aureus</i> 감염에 대해 7개의 항균펩타이드 발현을 조절함으로써 숙주를 보호한다는 내용임.</p>								

연번	참여 교수명	연구자 등록번호	이공계열 /인문사회 계열 (간호/ 보건 / 체육/ 기타 분야에 한함)	세부 전공 분야	실적 구분	대표연구업적물 상세내용	증빙					
						대표연구업적물의 우수성						
15	한연수	10088334	이공계열	세포생리	저널논문	Soo Gon Kim, Yong Hun Jo, Jeong Hwan Seong, Ki Beom Park, Mi Young Noh, Jun Ho Cho, Hye Jin Ko, Chang Eun Kim, Hamisi Tindwa, Bharat Bhusan Patnaik, In Seok Bang, Yong Seok Lee, Yeon Soo Han						
						TmSR-C, scavenger receptor class C, plays a pivotal role in antifungal and antibacterial immunity in the coleopteran insect Tenebrio molitor						
						Insect Biochemistry and Molecular Biology						
						89, 31-42						
												URL입력
											2017	https://www.science-direct.com/science/article/pii/S0965174817301285
											10.1016/j.ibmb.2017.08.007	
<p>본 논문은 IF-3.618, ES-1.06137, ENTOMOLOGY 분야 상위 5.1% 에 해당하는 저널(Google scholar 기준 5회 인용)에 출판된 논문임. 본 논문은 밀웜의 면역 리셉터인 scavenger receptor class C 유전자를 농해충인 밀웜의 유전체에서 발굴하여 생물정보학적분석, 분자생물학적 분석기법과 RNAi 기법을 이용하여 "TmSR-C가 항박테리아 및 항곰팡이 면역에 중요한 기능을 한다는 사실을 구명한 논문임.</p>												

③ 참여교수 저서, 특허, 기술이전, 창업 등 실적의 우수성

<표 3-4> 최근 5년간 참여교수 저서, 특허, 기술이전, 창업 실적 등

연번	참여교수명	연구자 등록번호	세부전공분야	실적 구분	저서, 특허, 기술이전, 창업 등 상세내용	증빙
저서, 특허, 기술이전, 창업 실적의 우수성						
1	강훈승	10103561	식물유전	특허	강훈승, 김연옥	
					배추 유래 BrRH22 유전자를 이용한 환경 스트레스 내성이 증가된 형질전환 식물체의 제조 방법 및 그에 따른 식물체	
					대한민국	URL입력
					10-1973551호	
					2019년도	
<p>본 발명은 배추 유래 BrRH22 유전자를 이용한 환경 스트레스 내성이 증가된 형질전환 식물체의 제조방법 및 그에 따른 식물체에 관한 것으로, 배추 유래 BrRH22 유전자를 과발현시킨 형질전환 식물체는 고염분 및 가뭄 스트레스에 내성을 보임. 따라서 환경 스트레스에 대해 저항성이 강한 형질전환 식물체의 개발을 위해 BrRH22 유전자는 유용할 것으로 기대되며, 이를 이용하여 환경 스트레스에 대해 저항성이 강한 식물체를 생산하고, 경제 작물 등의 수확량 증대 등에 기여할 수 있는 기술을 제시하였음</p>						
2	한연수	10088334	세포생리	특허	한연수	
					바이러스 RNA 추출하는 방법	
					대한민국	URL입력
					10-1885038호	
					2018년도	
<p>2018년 “viral RNA extraction 방법” 특허를 등록함. 이를 기반으로 박기범 학생이 연구재단에서 바이오아이코아(글로벌창업과제 9억3천/3년) 과제를 수주 할 수 있도록 지도하였으며, (주)인바이러스테크 법인을 설립하고 전남대 창업보육센터에 입주함 (2019년 11월 대학원생 학생 창업지도 실적). 2020년 현재 본 특허를 기반으로 Viral RNA추출킷과 Pan-Flavivirus 진단킷 개발 및 상품을 출시하여 전국에 16개 거점센터, 보건환경연구원, 검역소에 제품을 납품하고 있음. 본 viral RNA extraction 방법에 대한 원천기술을 기반으로 농작물 및 식물바이러스의 RNA 추출킷 개발 진단킷 개발에 적용하고 있음. 이러한 등록 특허를 기반으로 PCT 특허출원하였고, 현재 미국에 특허출원하여 대기중에 있음.</p>						

연번	참여교수명	연구자 등록번호	세부전공분야	실적 구분	저서, 특허, 기술이전, 창업 등 상세내용	증빙
3	김철수	10103401	분자유전	특허	<p>저서, 특허, 기술이전, 창업 실적의 우수성</p> <p>김철수, 민지희, 박승현 LsRZF1 안티센스 유전자 도입에 의한 건조 내성이 증진된 형질전환체 대한민국 10-1758868호 2017년도</p>	URL입력
	<p>참박 유전자 LsRZF1은 일종의 E3 ubiquitin ligase로써, 가뭄 스트레스에 대하여 단백질 번역 후 유비퀴틴화 재편 과정에 중요한 역할을 담당하는 단백질임. 이러한 LsRZF1의 유비퀴틴화 재편 과정은 타겟 유전자들의 전사 발현을 조절함과 동시에 식물 세포 내 프롤린 함량을 조절함으로써, 가뭄 내성을 조절함을 알 수 있었음. LsRZF1의 안티센스 유전자를 공대수박에 형질전환시킴으로써, LsRZF1에 상응하는 공대수박의 GdRZF1 유전자의 전사 발현이 억제됨을 알 수 있었고, 이러한 결과는 가뭄 내성 유전자들의 활성 강화 및 프롤린 함량 증대로 이루어졌음. 결국, LsRZF1 안티센스 유전자가 도입된 공대수박 형질전환체들은 가뭄 내성이 강화됨을 알 수 있었고, 이 형질전환체들을 접목 육종에 사용한다면, 환경 스트레스에 대해 수확량 증대를 기대할 수가 있음. 즉, 참박 유전자 유비퀴틴 E3 ligase LsRZF1 안티센스 유전자 도입에 의한 공대수박 GdRZF1 유전자의 전사 발현을 억제함으로써, 가뭄 내성이 증진된 식물체 개발 기술에 관한 특허임.</p>					
4	김철수	10103401	분자유전	특허	<p>이경환, 최영수, 김철수, 이미라, 임민규 다층구조의 환경장애 진단용 종이센서 및 이의 제작 방법 대한민국 10-1896007호 2018년도</p>	URL입력
	<p>스마트 농업 시스템의 효율성을 결정하는 첫 번째 요인은 농업생산 모니터링 시스템의 민감도와 정확도이며, 현재 작물의 생육 상태를 파악하기 위해서 사용하고 있는 센서시스템은 작물이 갖고 있는 고유한 색상 및 형상, 주위환경 변화 등을 영상시스템, 분광시스템, 전기적 진단 센서로 측정하고 있음. 이러한 센서시스템들은 민감도가 낮아 작물의 환경 스트레스나 병원균에 의한 작물 피해를 조기 예방하기 위한 진단은 매우 어려움. 또한, 이런 센서들은 작물의 요구도를 파악하기 위한 간접적인 수단이라는 단점이 있음. 따라서 본 특허 기술은 가뭄에 유도되는 식물체 내 프롤린 분자를 바이오 마커로 이용, 이를 감지하는 종이 센서를 제작하였음. 즉, 가뭄이나 수분 스트레스 현상 등의 환경장애에 따른 작물의 성장 혹은 생육 상태를 현장에서 신속하게 검정할 수 있도록 한 다층구조의 종이 센서 진단 키트의 제작 방법에 관한 것임.</p>					

연 번	참여교수명	연구자 등록번호	세부전공분 야	실적 구분	저서, 특허, 기술이전, 창업 등 상세내용	증빙
	저서, 특허, 기술이전, 창업 실적의 우수성					
5	김익수	10138617	동물분류/계 통	저서	김길하, 이동운, 운영남, 김익수	
					곤충생태학: 기초행동화학	
					향문사	URL입력
					978-89-7187-246-8 93520	
					2016년도	
<p>본 저서는 국내 최초의 곤충생태학 이론서로 5개 단원으로 구성되어 있으며 그 중 김익수 교수는 제3장 곤충집단생물학 단원을 저술하였음. 해당 단원은 생태계내 곤충의 역할과 곤충의 군집 생태, 개체군 성장 및 종간 상호작용 등에 대한 내용을 담고 있음. 본 저서는 대학교재 뿐만 아니라 관련 분야의 대학생이나 전문가 및 실무자를 위한 기초적 교재 그리고 국가고시에 출제되는 곤충생태 관련 다양한 문제에 대한 기준적 교재로 활용될 수 있도록 집필되었음. 본 기후변화 대응 작물보호 미래인력 양성 교육연구팀과 관련하여 기후변화는 장기적 관점에서는 종의 유입과 멸종의 문제이지만 그 과정은 철저하게 개체군의 변동에 관한 것으로 기후변화는 해충 개체군의 서식밀도와 가해 양상의 변화를 야기하게 되고 이는 다시 방제전략의 변화를 요구하게 되므로 환경친화적 농업 구현을 위해선 해충집단에 대한 이해는 친환경적 작물보호를 위한 근본적 중요성이 있다고 할 수 있음.</p>						

1.2 연구업적물

- ④ 교육연구팀의 학문적 수월성을 대표하는 연구업적물
(최근 10년)

<표 3-5> 최근 10년간 교육연구팀의 학문적 수월성을
대표하는 연구업적물

Plant RNA chaperones in stress response

Hunseung Kang, Su Jung Park, and Kyung Jin Kwak

Department of Plant Biotechnology, College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju, 500-757, Korea

Post-transcriptional regulation of RNA metabolism is a key regulatory process in diverse cellular processes, including the stress response of plants, during which a variety of RNA-binding proteins (RBPs) function as central regulators in cells. RNA chaperones are RBPs found in all living organisms and function by providing assistance to the correct folding of RNA molecules during RNA metabolism. Although our understanding of the role of RNA chaperones in plants is far less advanced than in bacteria, viruses, and animals, recent progress in functional characterization and determination of RNA chaperone activity of several RBPs has shed new light on the emerging roles of RNA chaperones during the stress response of plants.

Diverse structures and multiple roles of RBPs

RBPs have been shown to function as central regulators in the post-transcriptional regulation of RNA metabolism during diverse cellular processes, including growth, development, and stress responses. RNA metabolism includes post-transcriptional processes, such as RNA processing, pre-mRNA splicing, mRNA export, localization, turnover, and translational control. RNA molecules are folded into a functional native conformation during RNA metabolism. RNA chaperones are RBPs that aid in the RNA folding process by preventing RNA misfolding or by resolving misfolded RNA species. Although our understanding of the role of RNA chaperones in plants is not as advanced as in other organisms, recent progress in the functional characterization of RBPs emphasizes the importance of the diverse family members of RBPs, with RNA chaperone activity playing a role in the growth, development, and stress response of plants.

The complexity of the post-transcriptional regulation of eukaryotic gene expression is reflected in the diversity of the RBP family. Typical RBPs contain one or more RNA-recognition motifs (RRM, also known as RBD or RNP domain) or K homology (KH) domains [1], both of which are ancient protein structures that have been found in organisms ranging from bacteria to humans [2]. In addition to these well-conserved domains, various auxiliary domains or motifs, such as glycine-rich, arginine-rich, arginine-glycine (RGG) repeat, serine-arginine (SR)-repeat, arginine-aspartate (RD)-repeat, and zinc finger motifs, are frequently found in RBPs [3]. The highly conserved RRM sequences are involved in the recognition

of precursor-mRNAs, mature-mRNAs, and small nuclear RNAs, and in protein–protein interactions, leading to the formation of ribonucleoprotein (RNP) complexes [4]. The auxiliary domains are also involved in protein–protein interactions and dictate RNA-binding specificity [5,6].

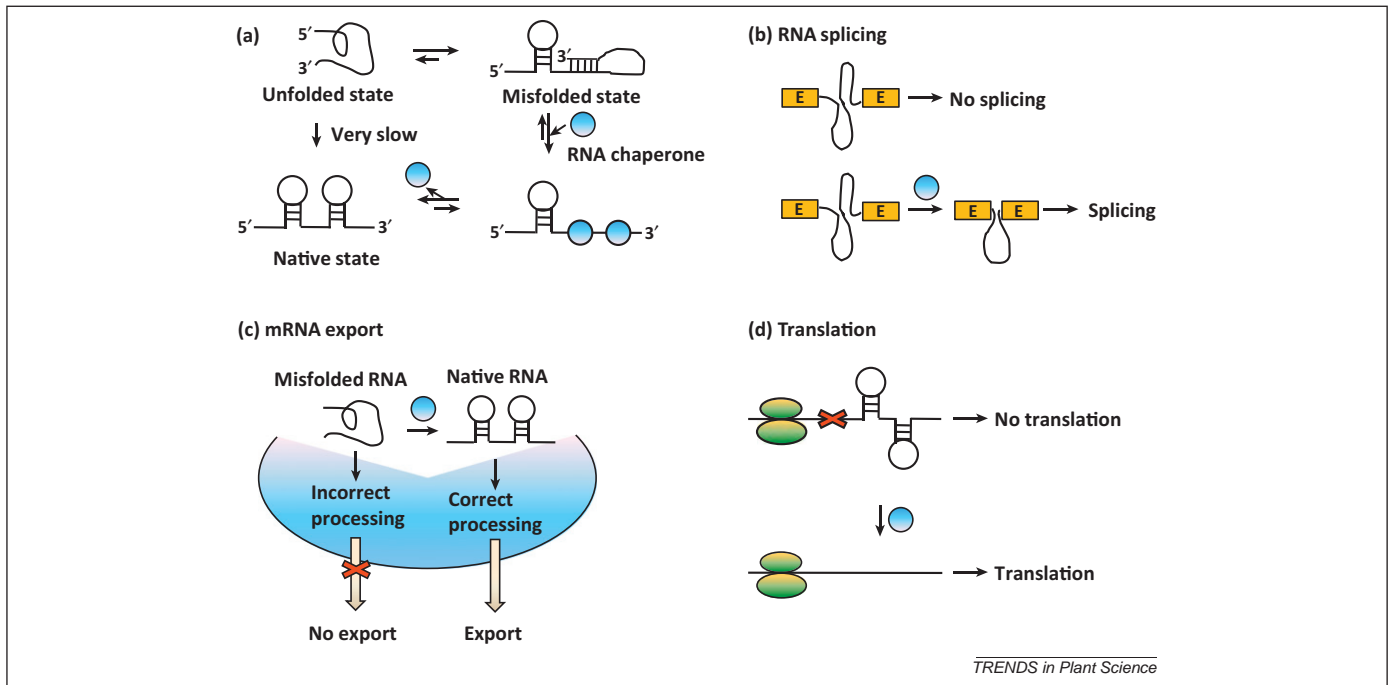
Plant genomes encode hundreds of RBPs [7,8], many of which are plant specific and are therefore likely to perform plant-specific functions. It has been demonstrated that many genes encoding RBPs are differentially regulated at the transcriptional or post-transcriptional level depending on the cell type, developmental stage, or environmental cues [7,9,10]. Plant RBPs have been widely demonstrated to be regulatory factors controlling flower development, circadian rhythms, abscisic acid signaling, stress responses, and chromatin modification [7–9]. RNA chaperones are nonspecific RBPs found in all living organisms and function by providing assistance to the correct folding of RNA molecules during the post-transcriptional regulation of gene expression. With the recent progress in functional characterization of RBPs in diverse plant species and determination of RNA chaperone activity of several RBP families, the roles of RNA chaperones in growth, development, and stress response of plants as well as bacteria and animals are emerging. Here, we review the essential role of RNA chaperone functioning as an important regulatory molecule in plant stress response.

Characteristic features of RNA chaperones

Since the term ‘RNA chaperone’ was first coined approximately 20 years ago, RNA chaperones have been increasingly shown to perform important roles during the RNA folding process in cells. RNA has two fundamental folding problems, kinetic and thermodynamic problems, in which RNA is kinetically trapped in alternative conformations and has difficulty in specifying thermodynamically stable tertiary structures that are favored over competing structures [11,12]. RNA molecules have the tendency to fold into diverse secondary structures, and these alternative misfolded structures have to be resolved in order for the RNA molecules to function normally. Several proteins can assist RNAs in reaching their active functional states by resolving non-functional structures [13,14].

Proteins with RNA chaperone activity belong to a heterogeneous group of proteins that do not share a common sequence, motif, or structure, but have the common property of destabilizing RNA structures. Those proteins promote RNA folding by preventing RNAs from being trapped in non-functional conformations and accelerating escape

Corresponding author: Kang, H. (hskang@nu.ac.kr).



TRENDS in Plant Science

Figure 1. Multiple roles of RNA chaperones during RNA metabolism in eukaryotes. (a) RNA chaperones are RNA-binding proteins that can aid in the RNA folding process by preventing RNA misfolding or by resolving misfolded RNA species. RNA chaperones are no longer needed once the RNA molecule has been folded into a native conformation [11,12]. (b) RNA chaperones help RNA splicing by maintaining pre-RNA substrates in splicing-competent conformations or by facilitating a rearrangement of spliceosomal RNAs and/or mRNAs during the splicing process. (c) RNA chaperones are involved in mRNA export from the nucleus to the cytoplasm by maintaining native RNA structures for correct processing and transport. (d) RNA chaperones facilitate efficient translation by disrupting hampering stable secondary structures in mRNA.

from kinetic folding traps (Figure 1) [11,12,15]. Due to the lack of efficient and relevant *in vivo* systems, only a limited number of proteins whose primary function is to resolve non-specifically misfolded RNAs in cells have been identified. Therefore, the term ‘RNA chaperone’ generally has been used to refer to proteins with RNA chaperone activity that facilitates RNA folding *in vitro* and can be determined using a wide variety of assays (Figure 2). *In vitro* RNA chaperone activity assays include oligonucleotide annealing, oligonucleotide melting and strand-displacement, hammerhead ribozyme cleavage, and group I intron splicing. Testing for RNA chaperone activity *in vivo* utilizes the folding trap assay and transcription anti-termination assay in *Escherichia coli* [16–18].

Although both RNA chaperones and specific RBPs can solve the kinetic and thermodynamic folding problems inherent to RNA molecules, RNA chaperones differ from specific RBPs in that they are no longer needed once the RNA molecule has been folded into a native conformation (Figure 1). By contrast, specific RBPs often remain bound to the RNA molecule to maintain the native conformation of the RNA. Another specific feature of RNA chaperones is that they generally bind weakly to diverse RNA substrates with low sequence-specificity, suggesting that RNA chaperones interact transiently and electrostatically with RNA substrates [19]. RNA chaperones do not require external energy input such as ATP or any other energy-providing cofactors, and usually adapt highly disordered structures [20–22]. The structurally disordered regions of RNA chaperones have been suggested to function as molecular recognition elements that loosen the structure of the misfolded intermediate without ATP consumption,

possibly via an ‘entropy transfer’ model [23]. According to this model, the disordered domains of RNA chaperones become ordered, whereas the domains of the RNA substrate are unfolded upon binding to their RNA target (entropy transfer from RNA chaperone to RNA substrate). In the subsequent step, the RNA substrate is correctly folded, whereas the RNA chaperone is disordered again (entropy transfer from RNA substrate to RNA chaperone). A recent study that determined the solution structures of DEAD-box RNA chaperones revealed the importance of a C-terminal basic tail for the nonspecific binding of RNA chaperone to large RNA substrates [24]. Analysis of the structural features of *E. coli* RNA chaperone Hfq and virus-encoded RNA chaperones has demonstrated that the intrinsically disordered flexible region of the protein is important for RNA chaperone activity [25,26]. It has also been suggested that overall folding and disordered flexible C-terminal glycine-rich region of *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*) glycine-rich RBPs are important for RNA chaperone activity [27]. RNA chaperones are believed to perform significant functions in the regulation of RNA metabolism, including precursor-mRNA splicing, mRNA export, and translation (Figure 1). All of these cellular processes require the interactions of RNA chaperones with diverse RNA substrates, and the structural flexibility of RNA chaperones allow stable interaction of the proteins with multiple and structurally heterogeneous RNA substrates in cells.

RNA chaperones in stress responses

The functional roles of RNA chaperones in the nucleus, cytoplasm, and cellular organelles, including mitochondria

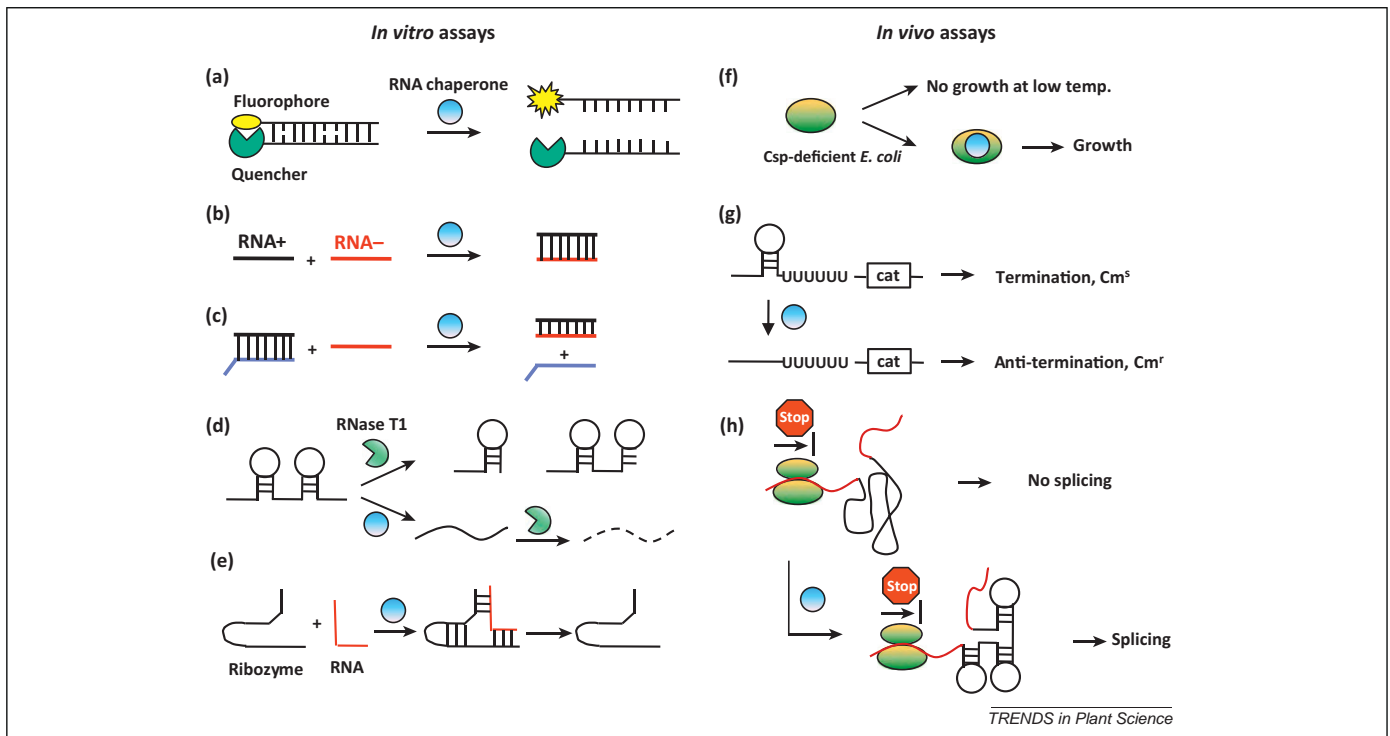


Figure 2. *In vitro* and *in vivo* assays to measure RNA chaperone activity. A wide variety of assays are generally used to determine RNA chaperone activity of a protein of interest. (a) Nucleic acid-melting assay; base pairs in RNA or DNA molecules labeled with a fluorophore and quencher are broken by RNA chaperones, emitting fluorescence. (b) Annealing assay; two complementary RNA strands are annealed in the presence of RNA chaperones. (c) Strand displacement assay; the RNA duplex is loosened and an alternative RNA helix is formed. (d) Helix-destabilizing assay; a labeled single-stranded RNA is partially cleaved at exposed G residues by RNase T1, and RNA chaperones unwind the RNA secondary structures, allowing RNase T1 to cleave at probably most, if not all, G residues. (e) Hammerhead ribozyme cleavage assay; the cleavage of substrate RNA is enhanced in the presence of RNA chaperones. (f) Cold shock assay in *Escherichia coli*; the *E. coli* BX04 mutant cells that lacked bacterial RNA chaperones, cold shock proteins (Csps), and thus are highly sensitive to cold stress cannot grow at low temperatures, but the cells expressing RNA chaperones can grow at low temperatures. The complementation ability of a plant RNA binding protein (RBP) in RNA chaperone-deficient *E. coli* mutant cells supports the RNA chaperone activity of the protein. (g) Transcription anti-termination assay in *E. coli*; the transcription terminator stem folds and transcription of the chloramphenicol acetyltransferase (*cat*) cannot proceed, allowing the cells to be chloramphenicol sensitive (Cm^s). RNA chaperones loosen the terminator stem, transcription can occur, and the cells become chloramphenicol resistant (Cm^r). (h) Ribozyme fold trap assay in *E. coli*; in the absence of translation, misfolding of the group I intron occurs, resulting in no splicing. RNA chaperones loosen misfolded structures and splicing can proceed. The experimental procedures of these assays are described in detail elsewhere [16–18].

and chloroplast, have increasingly been determined in stress response and development of plants as well as bacteria, viruses, and animals (Figure 3). The roles of RNA chaperones during stress response have been extensively studied in bacteria. Bacteria RNA chaperone host factor Q (Hfq) is a member of the Sm-family proteins and mediates a wide range of RNA interactions involved in transcription anti-termination and growth and stress tolerance of bacteria [28,29]. The growth of *E. coli* in high osmolality media depends on the transporters ProP, which mediates the uptake of proline, glycine betaine, and related osmoprotectants. Recently, it was demonstrated that ProQ, whose structure is similar to known RNA chaperone proteins FinO and Hfq from *E. coli*, is an RNA chaperone controlling ProP levels in *E. coli* under osmotic stress [30].

Increasing numbers of reports have demonstrated that the genes encoding diverse RBPs are regulated by a variety of environmental stimuli in plants [7,10,31]. Among the reported plant RBPs, glycine-rich RNA-binding proteins (GRPs), cold shock domain proteins (CSPs), and RNA helicases (RHs) have been determined to function as RNA chaperones under stress conditions (Figure 3). The roles of RNA chaperones are more prominent when cells are exposed to low temperatures, because misfolded RNA molecules become over-stabilized and cannot assume a native conformation without the help of RNA chaperones.

The function of RNA chaperones has been extensively studied in bacteria under low temperature stress conditions. It was determined that bacterial CSPs are highly induced under low temperature conditions and function as RNA chaperones by destabilizing the over-stabilized secondary structures in mRNAs, which contributes to efficient translation at low temperatures [32–35]. Cold shock proteins are homologous to a domain called the cold shock domain (CSD) of eukaryotic Y-box proteins and are highly versatile regulators of eukaryotic gene expression [36]. The occurrence and cellular functions of CSPs in bacteria, animals, and plants have recently been reviewed [37]. *Arabidopsis* and rice (*Oryza sativa*) genomes were shown to contain four CSPs that harbor highly homologous CSDs at the N-terminal half, but contain variable glycine-rich regions interspersed with different numbers of CCHC-type zinc fingers at the C-terminal half [38–40]. CSPs have been demonstrated to affect seed germination and growth of *Arabidopsis* under abiotic stress conditions [41]. The importance of structural differences in determining the RNA chaperone activity of CSPs has been demonstrated. *Arabidopsis* AtCSP1, which comprises 299 amino acids with seven CCHC-type zinc fingers at the C terminus, possesses RNA chaperone activity, whereas AtCSP2, which contains 204 amino acids with two CCHC-type zinc fingers at the C terminus, did not have RNA chaperone activity [42].

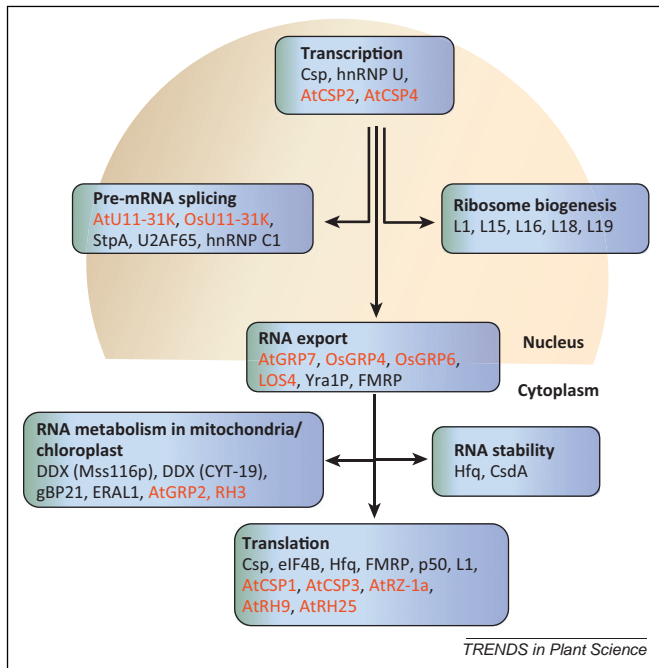


Figure 3. Cellular processes involving the proteins with RNA chaperone activity. RNA-binding proteins harboring RNA chaperone activity have been demonstrated in various organisms including plants, animals, bacteria, and viruses. Abbreviations: Csp, cold shock protein; CSP, cold shock domain protein; DDX, DEAD-box protein; eIF4B, eukaryotic translation initiation factor; ERAL1, era G-protein-like 1; FMRP, fragile X mental retardation protein; gBP21, guide RNA-binding protein; GRP, glycine-rich RNA-binding protein; Hfq, host factor protein; hnRNP, heterogeneous nuclear ribonucleoprotein; L, ribosomal protein; p50, the major core protein of messenger ribonucleoprotein particles; RH, RNA helicase; RZ, zinc finger-containing RNA-binding protein; StpA, H-NS protein; U2AF65, U2 small nuclear RNA auxiliary factor; U11-31K, U11/U12 minor spliceosomal protein. Plant RNA-binding proteins harboring RNA chaperone activity are highlighted with red color.

Domain-swapping and deletion experiments have shown that the number and length of zinc finger glycine-rich domains of CSPs are crucial to the full activity of the RNA chaperones [43]. The CSPs isolated from rice [40] and winter wheat (*Triticum aestivum*) [44] have been determined to harbor RNA chaperone activity during the cold adaptation process in *E. coli*. It has been demonstrated that *Arabidopsis* AtCSP2 is an RNA chaperone and is involved in cold adaptation as well as developmental process [45,46]. In addition, *Arabidopsis* AtCSP3 has been shown to regulate the freezing tolerance in *Arabidopsis* via functioning as an RNA chaperone [47]. Ectopic expression of bacterial CSPs in plants resulted in enhanced stress adaptation of multiple plant species, including *Arabidopsis*, rice, and maize (*Zea mays*), which provided solid evidence that RNA chaperones can be used to improve yield potentials of crops [48]. Interestingly, the observation that a functional RNA-binding motif was required for the improved stress tolerance in both *E. coli* and maize suggests a common stress adaptation mechanism that is conserved in plants and bacteria.

It was found that cyanobacteria lack CSPs but contain GRPs instead, therefore it was hypothesized that GRPs may substitute for the function of CSPs in cyanobacteria [49,50]. The role of GRPs in the stress response of plants has been implicated based on the observation that the genes encoding GRPs were regulated by a variety of environmental stimuli in plants [10]. In particular, the transcript levels of GRPs

were highly upregulated in diverse plant species under cold stress conditions [10], suggesting that they play a role during the cold adaptation process in plants. The role of GRPs as RNA chaperones has been determined in *Arabidopsis* and rice. *Arabidopsis* AtGRP2 and AtGRP7, which conferred cold and freezing tolerance in plants [51,52], had RNA chaperone activity during the cold adaptation process [42]. However, AtGRP4, which did not confer cold tolerance in plants [53], was shown to have no RNA chaperone activity [42]. Rice OsGRP1 and OsGRP4, which successfully complemented the cold-sensitive phenotypes of the BX04 *E. coli* mutant at low temperatures and conferred cold and freezing tolerance in *Arabidopsis*, exhibited RNA chaperone activity [54]. In addition, among the three RZ proteins that are family members of GRPs containing CCHC-type zinc finger motifs, only *Arabidopsis* AtRZ-1a and rice OsRZ2 have been demonstrated to confer cold tolerance in plants and have been determined to harbor RNA chaperone activity [55–57]. These findings demonstrate that a specific member of GRP family functions as RNA chaperones during the cold adaptation process in plants. Moreover, functional complementation of OsGRPs in the cold-sensitive *atgrp7* mutant suggested that GRPs in *Arabidopsis* and rice are functionally conserved during the cold adaptation process [54]. In addition to the important role of GRPs in cold stress response, a recent study has demonstrated that GRP can enhance salt tolerance in plants [58].

DEAD-box RHs are ubiquitous in RNA-mediated processes and are associated with diverse RNA metabolism events, ranging from RNA synthesis to RNA degradation via catalyzing the ATP-dependent unwinding of local RNA secondary structures [59,60]. The roles of RHs in cellular processes, such as pre-mRNA splicing, nucleo-cytoplasmic transport, translation, and RNA decay, have been established [61]. Some DEAD-box RHs have been determined to function as RNA chaperones that facilitate native folding of structured RNAs by accelerating conformational rearrangements [62,63], and the roles of RHs under stress response have been suggested in various organisms, including bacteria, yeast, human, and plants [64]. Although a large number of DEAD-box RHs are present in plant genomes, for example, 58 DEAD-box RHs in *Arabidopsis* and more than 50 DEAD-box RHs in rice [65,66], the number of reports addressing the functions of RHs in plant stress responses and their RNA chaperone activity is very limited. It has been shown that the transcript levels of the genes encoding DEAD-box RHs are regulated by different stress conditions in bacteria and plants [67–70], but the functional roles of RHs in plant stress responses are just beginning to be determined. RHs have been implicated in multiple stress responses in *Arabidopsis* [71–74], in salt stress in barley [75], in oxidative stress in *Clostridium perfringens* and rice [76,77], and in heavy metal stress in yeast [78]. *Arabidopsis* AtRH9 and AtRH25 have been demonstrated to play a negative role in seed germination of *Arabidopsis* under salt stress conditions, whereas AtRH25 has been shown to enhance freezing tolerance [79]. The AtRH25 was capable of suppressing the cold sensitivity of *E. coli* mutant cells lacking bacterial RNA chaperones at low temperatures [79], which suggests that AtRH25 functions as an RNA chaperone in *E. coli* cells under cold stress conditions.

Recent studies demonstrating the functions of RBPs in stress responses have revealed the cellular role of RBPs and RNA chaperones. Because RNA chaperones are involved in cellular processes occurring in both the nucleus and the cytoplasm, a regulated import and export of RNA chaperones is required to fulfill their function in different subcellular location. It has been demonstrated that RRM mediates the import of RBPs into the nucleus via interaction with other proteins [80]. *Arabidopsis* AtGRP7 and AtCSP2 were localized to both the nucleus and the cytoplasm [46,52], and *Arabidopsis* DEAD-box RNA helicase LOS4 was localized to both the nucleus envelope and the cytoplasm [72]. Nuclear and/or cytoplasmic localization of RBPs harboring RNA chaperone activity and the analysis of loss-of-function mutants have demonstrated that several RBPs and RNA chaperones are involved in the regulation of mRNA export from the nucleus to the cytoplasm [52,54,57,72,81]. It is likely that RNA molecules can adopt stable but inactive structures under specific stress conditions, and RNA chaperones participate in the disruption of misfolded inactive RNA structures, which helps to maintain normal RNA metabolism, including processing, pre-mRNA splicing, transport, RNA decay, and translation under stress conditions. To fully understand the cellular roles of RNA chaperones, it is imperative to identify target RNAs that are regulated by RNA chaperones. Although it is difficult to find RNA targets and mechanistically study the role of RNA chaperones in cells, due to the sequence-nonspecific interaction of RNA chaperone with RNA substrates, the comparison of global transcript profiling between the wild type and AtGRP7-overexpressing transgenic plants has revealed that approximately 300 transcripts, including those involved in circadian clock, stress response, ribosome function, and RNA metabolism, were regulated by AtGRP7 [82]. Further research is needed to identify RNA targets and determine how the folding and metabolism of target RNAs are regulated by RNA chaperones during stress adaptation processes.

Concluding remarks and outlook

Although proteins harboring RNA chaperone activity have been demonstrated in limited cases in plants, recent progress determining the biological functions of RBPs and their RNA chaperone activity has shed light on the significance of RNA chaperones in stress response of plants. In addition to their significant roles in plant stress response, the potential role of RNA chaperones in the growth and development of plants is emerging. A recent study has demonstrated that AtCSP4 harboring RNA chaperone activity affects late stages of embryo development in *Arabidopsis* [83]. *Arabidopsis* AtU11/U12-31K, one of the seven proteins unique to minor spliceosomes in plants as well as in animals [84,85], has been determined to be an RNA chaperone indispensable for correct U12 intron splicing and normal growth and development of plants [86]. It has been proposed that the RNA chaperone activity of AtU11/U12-31K is needed to maintain pre-RNA substrates in splicing-competent conformations or facilitates rearrangement of spliceosomal RNAs and/or mRNAs during splicing process. Because the regulation of gene expression in cellular organelles, such as mitochondria and chloroplasts, is achieved

mainly at post-transcriptional level [87], and the functional roles and RNA chaperone activity of DEAD-box RMs have been demonstrated in mitochondrial and chloroplast intron splicing [88–94], it would be of great interest to determine whether RNA chaperones are important regulators in organelle biogenesis and plant development. A major task for the future is to understand how RNA chaperones recognize substrate RNAs and how they collaborate with other proteins to regulate post-transcriptional RNA metabolism in response to developmental and environmental cues.

Disclaimer statement

The authors declare that they have no conflict of interest.

Acknowledgments

Research in the H. Kang laboratory is supported by grants from the Mid-career Researcher Program through the National Research Foundation of Korea grant funded by the Ministry of Education, Science and Technology (2011-0017357) and from the Next-Generation BioGreen21 Program (PJ00803701), Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Lorkovic, Z.J. and Barta, A. (2002) Genomic analysis: RNA recognition motif (RRM) and K homology (KH) domain RNA-binding proteins from the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nucleic Acids Res.* 30, 623–635
- Burd, C.G. and Dreyfuss, G. (1994) Conserved structures and diversity of functions of RNA binding proteins. *Science* 265, 615–621
- Albà, M.M. and Pagès, M. (1998) Plant proteins containing the RNA-recognition motif. *Trends Plant Sci.* 3, 15–21
- Maris, C. *et al.* (2005) The RNA recognition motif, a plastic RNA-binding platform to regulate post-transcriptional gene expression. *FEBS J.* 272, 2118–2131
- Kenan, D.J. *et al.* (1991) RNA recognition: towards identifying determinants of specificity. *Trends Biochem. Sci.* 16, 214–220
- Nagai, K. *et al.* (1995) The RNP domain: a sequence specific RNA-binding domain involved in processing and transport of RNA. *Trends Biochem. Sci.* 20, 235–240
- Lorkovic, Z.J. (2009) Role of plant RNA-binding proteins in development, stress response and genome organization. *Trends Plant Sci.* 14, 229–236
- Cook, K.B. *et al.* (2011) RBPDB: a database of RNA-binding specificities. *Nucleic Acids Res.* 39, D301–D308
- Ambrosone, A. *et al.* (2012) Beyond transcription: RNA-binding proteins as emerging regulators of plant response to environmental constraints. *Plant Sci.* 182, 12–18
- Sachetto-Martins, G. *et al.* (2000) Plant glycine-rich proteins: a family or just proteins with a common motif? *Biochim. Biophys. Acta* 1492, 1–14
- Herschlag, D. (1995) RNA chaperones and the RNA folding problem. *J. Biol. Chem.* 270, 20871–20874
- Woodson, S.A. (2010) Taming free energy landscapes with RNA chaperones. *RNA Biol.* 7, 677–686
- Schroeder, R. *et al.* (2004) Strategies for RNA folding and assembly. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 5, 908–919
- Rajkowsch, L. *et al.* (2007) RNA chaperones, RNA annealers and RNA helicases. *RNA Biol.* 4, 118–130
- Herschlag, D. *et al.* (1994) An RNA chaperone activity of non-specific RNA binding proteins in hammerhead ribozyme catalysis. *EMBO J.* 13, 2913–2924
- Cristofari, G. and Darlix, J.L. (2002) The ubiquitous nature of RNA chaperone proteins. *Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol.* 72, 223–268
- Rajkowsch, L. *et al.* (2005) Assays for the RNA chaperone activity of proteins. *Biochem. Soc. Trans.* 33, 450–456
- Semrad, K. (2011) Proteins with RNA chaperone activity: a world of diverse proteins with a common task—Impediment of RNA misfolding. *Biochem. Res. Int.* 2011, <http://dx.doi.org/10.1155/2011/532908>
- Mayer, O. *et al.* (2007) RNA chaperone activity and RNA-binding properties of the *E. coli* protein StpA. *Nucleic Acids Res.* 35, 1257–1269

- 20 Ivanyi-Nagy, R. *et al.* (2005) Disordered RNA chaperone proteins: from functions to disease. *Cell. Mol. Life Sci.* 62, 1409–1417
- 21 Ivanyi-Nagy, R. *et al.* (2008) RNA chaperoning and intrinsic disorder in the core proteins of *Flaviviridae*. *Nucleic Acids Res.* 36, 712–725
- 22 Tompa, P. and Kovacs, D. (2010) Intrinsically disordered chaperones in plants and animals. *Biochem. Cell Biol.* 88, 167–174
- 23 Tompa, P. and Csermely, P. (2004) The role of structural disorder in the function of RNA and protein chaperones. *FASEB J.* 18, 1169–1175
- 24 Mallama, A.L. *et al.* (2011) Solution structures of DEAD-box RNA chaperones reveal conformational changes and nucleic acid tethering by a basic tail. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 108, 12254–12259
- 25 Beich-Frandsen, M. *et al.* (2011) Structural insights into the dynamics and function of the C-terminus of the *E. coli* RNA chaperone Hfq. *Nucleic Acids Res.* 39, 4900–4915
- 26 Zúñiga, S. *et al.* (2009) Role of RNA chaperones in virus replication. *Virus Res.* 139, 253–266
- 27 Kwak, K.J. *et al.* (2011) Structural determinants crucial to the RNA chaperone activity of glycine-rich RNA-binding proteins 4 and 7 in *Arabidopsis thaliana* during the cold adaptation process. *J. Exp. Bot.* 62, 4003–4011
- 28 Chambers, J.R. and Bender, K.S. (2011) The RNA chaperone Hfq is important for growth and stress tolerance in *Francisella novicida*. *PLoS ONE* 6, e19797
- 29 Rabhi, M. *et al.* (2011) The Sm-like RNA chaperone Hfq mediates transcription antitermination at Rho-dependent terminators. *EMBO J.* 30, 2805–2816
- 30 Chaulk, S.G. *et al.* (2011) ProQ is an RNA chaperone that controls ProP levels in *Escherichia coli*. *Biochemistry* 50, 3095–3106
- 31 Mangeon, A. *et al.* (2010) Functional diversity of the plant glycine-rich proteins superfamily. *Plant Signal. Behav.* 5, 99–104
- 32 Phadtare, S. *et al.* (1999) Cold-shock response and cold-shock proteins. *Curr. Opin. Microbiol.* 2, 175–180
- 33 Jiang, W. *et al.* (1997) CspA, the major cold-shock protein of *Escherichia coli*, is an RNA chaperone. *J. Biol. Chem.* 272, 196–202
- 34 Phadtare, S. *et al.* (2002) The nucleic acid melting activity of *Escherichia coli* CspE is critical for transcription antitermination and cold acclimation of cells. *J. Biol. Chem.* 277, 7239–7245
- 35 Phadtare, S. (2011) Unwinding activity of cold shock proteins and RNA metabolism. *RNA Biol.* 8, 394–397
- 36 Mihailovich, M. *et al.* (2010) Eukaryotic cold shock domain proteins: highly versatile regulators of gene expression. *Bioessays* 32, 109–118
- 37 Sasaki, K. and Imai, R. (2012) Pleiotropic roles of cold shock domain proteins in plants. *Front. Plant Gen. Genomics* 2, 116
- 38 Karlson, D. and Imai, R. (2003) Conservation of the cold shock domain protein family in plants. *Plant Physiol.* 131, 12–15
- 39 Chaikam, V. and Karlson, D. (2010) Comparison of structure, function and regulation of plant cold shock domain proteins to bacterial and animal cold shock domain proteins. *BMB Rep.* 43, 1–8
- 40 Chaikam, V. and Karlson, D. (2008) Functional characterization of two cold shock domain proteins from *Oryza sativa*. *Plant Cell Environ.* 31, 995–1006
- 41 Park, S.J. *et al.* (2009) Cold shock domain proteins affect seed germination and growth of *Arabidopsis thaliana* under abiotic stress conditions. *Plant Cell Physiol.* 50, 869–878
- 42 Kim, J.S. *et al.* (2007) Cold shock domain proteins and glycine-rich RNA-binding proteins from *Arabidopsis thaliana* can promote the cold adaptation process in *Escherichia coli*. *Nucleic Acids Res.* 35, 506–516
- 43 Park, S.J. *et al.* (2010) The C-terminal zinc finger domain of *Arabidopsis* cold shock domain proteins is important for RNA chaperone activity during cold adaptation. *Phytochemistry* 71, 543–547
- 44 Nakaminami, K. *et al.* (2006) Functional conservation of cold shock domains in bacteria and higher plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 103, 10122–10127
- 45 Fusaro, A.F. *et al.* (2007) AtGRP2, a cold-induced nucleocytoplasmic RNA-binding protein, has a role in flower and seed development. *Planta* 225, 1339–1351
- 46 Sasaki, K. *et al.* (2007) *Arabidopsis* COLD SHOCK DOMAIN PROTEIN2 is a RNA chaperone that is regulated by cold and developmental signals. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 364, 633–638
- 47 Kim, M.-H. *et al.* (2009) Cold shock domain protein 3 regulates freezing tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *J. Biol. Chem.* 284, 23454–23460
- 48 Castiglioni, P. *et al.* (2008) Bacterial RNA chaperones confer abiotic stress tolerance in plants and improved grain yield in maize under water-limited conditions. *Plant Physiol.* 147, 446–455
- 49 Graumann, P.L. and Marahiel, M.A. (1998) A superfamily of proteins that contain the cold-shock domain. *Trends Biochem. Sci.* 23, 286–290
- 50 Maruyama, K. *et al.* (1999) Conservation of structure and cold-regulation of RNA-binding proteins in cyanobacteria: probable convergent evolution with eukaryotic glycine-rich RNA-binding proteins. *Nucleic Acid Res.* 27, 2029–2036
- 51 Kim, J.Y. *et al.* (2007) Functional characterization of a glycine-rich RNA-binding protein2 in *Arabidopsis thaliana* under abiotic stress conditions. *Plant J.* 50, 439–451
- 52 Kim, J.S. *et al.* (2008) Glycine-rich RNA-binding protein7 affects abiotic stress responses by regulating stomata opening and closing in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 55, 455–466
- 53 Kwak, K.J. *et al.* (2005) Characterization of transgenic *Arabidopsis* plants overexpressing GR-RBP4 under high salinity, dehydration, or cold stress. *J. Exp. Bot.* 56, 3007–3016
- 54 Kim, J.Y. *et al.* (2010) Glycine-rich RNA-binding proteins are functionally conserved in *Arabidopsis thaliana* and *Oryza sativa* during cold adaptation process. *J. Exp. Bot.* 61, 2317–2325
- 55 Kim, Y.O. *et al.* (2005) Cold-inducible zinc finger-containing glycine-rich RNA-binding protein contributes to the enhancement of freezing tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 42, 890–900
- 56 Kim, Y.O. and Kang, H. (2006) The role of a zinc finger-containing glycine-rich RNA-binding protein during the cold adaptation process in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol.* 47, 793–798
- 57 Kim, J.Y. *et al.* (2010) Zinc finger-containing glycine-rich RNA-binding protein in *Oryza sativa* has an RNA chaperone activity under cold stress conditions. *Plant Cell Environ.* 33, 759–768
- 58 Wang, C. *et al.* (2012) A glycine-rich RNA-binding protein can mediate physiological responses in transgenic plants under salt stress. *Mol. Biol. Rep.* 39, 1047–1053
- 59 Rocak, S. and Linder, P. (2004) DEAD-box proteins: the driving forces behind DNA metabolism. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 5, 232–241
- 60 Linder, P. and Jankowsky, E. (2011) From unwinding to clamping—the DEAD box RNA helicase family. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 12, 505–516
- 61 Jankowsky, E. (2011) RNA helicases at work: binding and rearranging. *Trends Biochem. Sci.* 36, 19–29
- 62 Tanner, N.K. and Linder, P. (2001) DEXD/H box RNA helicases: from generic motors to specific dissociation functions. *Mol. Cell* 8, 251–262
- 63 Lorsch, J.R. (2002) RNA chaperones exist and DEAD-box proteins get a life. *Cell* 109, 797–800
- 64 Owttrim, G.W. (2006) RNA helicases and abiotic stress. *Nucleic Acids Res.* 34, 3220–3230
- 65 Aubourg, S. *et al.* (1999) The DEAD box RNA helicase family in *Arabidopsis thaliana*. *Nucleic Acids Res.* 27, 628–636
- 66 Umate, P. *et al.* (2010) Genome-wide analysis of helicase gene family from rice and *Arabidopsis*: a comparison with yeast and human. *Plant Mol. Biol.* 73, 449–465
- 67 Chamot, D. and Owttrim, G.W. (2000) Regulation of cold shock-induced RNA helicase gene expression in the Cyanobacterium *Anabaena* sp. strain PCC 7120. *J. Bacteriol.* 182, 1251–1256
- 68 Lim, J. *et al.* (2000) Low temperature regulated DEAD-box RNA helicase from the Antarctic archaeon, *Methanococoides burtonii*. *J. Mol. Biol.* 297, 553–567
- 69 Kreps, J.A. *et al.* (2002) Transcriptome changes for *Arabidopsis* in response to salt, osmotic, and cold stress. *Plant Physiol.* 130, 2129–2141
- 70 Fowler, S. and Thomashow, M.F. (2002) *Arabidopsis* transcriptome profiling indicates that multiple regulatory pathways are activated during cold acclimation in addition to the CBF cold response pathway. *Plant Cell* 14, 1675–1690
- 71 Gong, Z. *et al.* (2002) RNA helicase-like protein as an early regulator of transcription factors for plant chilling and freezing tolerance. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 99, 11507–11512
- 72 Gong, Z. *et al.* (2005) A dead box RNA helicase is essential for mRNA export and important for development and stress responses in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 17, 256–267
- 73 Zhu, J. *et al.* (2007) Interplay between cold responsive gene regulation, metabolism and RNA processing during plant cold acclimation. *Curr. Opin. Plant Biol.* 10, 290–295
- 74 Kant, P. *et al.* (2007) STRESS RESPONSE SUPPRESSOR1 and STRESS RESPONSE SUPPRESSOR2, two DEAD-box RNA

- helicases that attenuate *Arabidopsis* responses to multiple abiotic stresses. *Plant Physiol.* 145, 814–830
- 75 Nakamura, T. *et al.* (2004) Structural and transcriptional characterization of a salt-responsive gene encoding putative ATP-dependent RNA helicase in barley. *Plant Sci.* 167, 63–70
- 76 Briolat, V. and Reyssat, G. (2002) Identification of the *Clostridium perfringens* genes involved in the adaptive response to oxidative stress. *J. Bacteriol.* 184, 2333–2343
- 77 Li, D. *et al.* (2008) OsBIRH1, a DEAD-box RNA helicase with functions in modulating defence responses against pathogen infection and oxidative stress. *J. Exp. Bot.* 59, 2133–2146
- 78 Montero-Lomeli, M. *et al.* (2002) The initiation factor eIF4A is involved in the response to lithium stress in *Saccharomyces cerevisiae*. *J. Biol. Chem.* 277, 21542–21548
- 79 Kim, J.S. *et al.* (2008) Functional characterization of DEAD-box RNA helicases in *Arabidopsis thaliana* under abiotic stress conditions. *Plant Cell Physiol.* 49, 1563–1571
- 80 Cassola, A. *et al.* (2010) RNA recognition motifs involved in nuclear import of RNA-binding proteins. *RNA Biol.* 7, 339–344
- 81 Chinnusamy, V. *et al.* (2008) Nuclear RNA export and its importance in abiotic stress responses of plants. In *Nuclear pre-mRNA Processing in Plants* (Reddy, A.S.N. and Golovkin, M., eds), pp. 235–255, Springer-Verlag
- 82 Streitner, C. *et al.* (2010) Global transcript profiling of transgenic plants constitutively overexpressing the RNA-binding protein AtGRP7. *BMC Plant Biol.* 10, 221
- 83 Yang, Y. and Karlson, D. (2011) Overexpression of AtCSP4 affects late stages of embryo development in *Arabidopsis*. *J. Exp. Bot.* 62, 2079–2091
- 84 Lorković, Z.J. *et al.* (2005) Evolutionary conservation of minor U12-type spliceosome between plants and humans. *RNA* 11, 1095–1107
- 85 Russell, A.G. *et al.* (2006) An early evolutionary origin for the minor spliceosome. *Nature* 443, 863–866
- 86 Kim, W.Y. *et al.* (2010) The *Arabidopsis* U12-types spliceosomal protein U11/U12-31K is involved in U12 intron splicing via RNA chaperone activity and affects plant development. *Plant Cell* 22, 3951–3962
- 87 del Campo, E.M. (2009) Post-transcriptional control of chloroplast gene expression. *Gene Regul. Syst. Biol.* 3, 31–47
- 88 Mohr, S. *et al.* (2002) DEAD-box protein functions as an ATP-dependent RNA chaperone in group I intron splicing. *Cell* 109, 769–779
- 89 Huang, H.R. *et al.* (2005) The splicing of yeast mitochondrial group I and group II introns requires a DEAD-box protein with RNA chaperone function. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 102, 163–168
- 90 Bhaskaran, H. and Russell, R. (2007) Kinetic redistribution of native and misfolded RNAs by a DEAD-box chaperone. *Nature* 449, 1014–1019
- 91 Halls, C. *et al.* (2007) Involvement of DEAD-box proteins in group I and group II intron splicing: biochemical characterization of Mss116p, ATP hydrolysis-dependent and -independent mechanisms, and general RNA chaperone activity. *J. Mol. Biol.* 365, 835–855
- 92 Mohr, S. *et al.* (2006) A DEAD-box protein alone promotes group II intron splicing and reverse splicing by acting as an RNA chaperone. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 103, 3569–3574
- 93 Karunatilaka, K.S. *et al.* (2010) Single-molecule analysis of Mss116-mediated group II intron folding. *Nature* 467, 935–939
- 94 Asakura, Y. *et al.* (2012) Chloroplast RH3 DEAD box RNA helicases in maize and *Arabidopsis* function in splicing of specific group II introns and affect chloroplast ribosome biogenesis. *Plant Physiol.* 159, 961–974

A putative novel transcription factor, AtSKIP, is involved in abscisic acid signalling and confers salt and osmotic tolerance in *Arabidopsis*

Gah-Hyun Lim¹, Xia Zhang¹, Moon-Soo Chung¹, Dong Ju Lee², Young-Min Woo³, Hyeon-Sook Cheong⁴ and Cheol Soo Kim¹

¹Department of Plant Biotechnology and Agricultural Plant Stress Research Center, Chonnam National University, Gwangju 500–757, South Korea;

²Department of Plant Science, College of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul 151–921, South Korea; ³Department of Plant

Science, Pohang University, Pohang 790–784, South Korea; ⁴Faculty of Biotechnology, College of Natural Science, Chosun University, Gwangju 501–759, South Korea

Summary

Author for correspondence:

Cheol Soo Kim

Tel: +82 62 530 2182

Email: cskim626@chonnam.ac.kr

Received: 12 May 2009

Accepted: 27 July 2009

New Phytologist (2010) **185**: 103–113

doi: 10.1111/j.1469-8137.2009.03032.x

Key words: abscisic acid, osmotic stress, plant development, salinity stress, SNW/SKIP domain, transactivation activity.

- We identified and functionally characterized the *AtSKIP* gene (At1g77180), an *Arabidopsis* homologue of SNW/SKIP, under abiotic stresses. Although the SNW/SKIP protein has been implicated as a critical transcription cofactor, its biological functions have yet to be reported in any plant.
- Recently, we have isolated *Salt-tolerance genes (SATs)* via the overexpression screening of yeast with a maize cDNA library. One of the selected genes (*SAT2*) appeared to confer elevated tolerance to salt. Maize *SAT2* cDNA encodes a homologue of the human SNW/SKIP transcriptional coregulator.
- Treatment with salt, mannitol and abscisic acid induced *AtSKIP* expression. Ectopic expression of the *AtSKIP* gene modulated the induction of salt tolerance, dehydration resistance and insensitivity towards abscisic acid under stress conditions. By contrast, *atskip* antisense lines displayed reduced tolerance to abiotic stresses during germination. Moreover, a decrease in *AtSKIP* expression resulted in an abnormal phenotype. We further determined that the AtSKIP protein activated the transcription of a reporter gene in yeast. Green fluorescent protein-tagged AtSKIP was localized in the nuclei of both onion cells and transgenic *Arabidopsis* cells.
- Taken together, these results suggest that AtSKIP functions as both a positive regulator and putative potential transcription factor in the abiotic stress signalling pathway.

Introduction

A better understanding of the mechanisms underlying plant responses to abiotic stress, including salinity and dehydration, is essential in addressing current agronomic problems. Detrimental effects of salinity occur as the result of osmotic stress, interruption of metabolic activities by ionic excesses and imbalances, and interference by salt ions of the uptake of essential macro- and micro-nutrients (Tester & Davenport, 2003). These adverse effects manifest in the inhibition of germination, reduction of growth and developmental disturbances (Verslues *et al.*, 2006). The plant hormone

abscisic acid (ABA) is a crucial regulator of plant responses to environmental stress, such as drought, low temperature and elevated salt (Finkelstein *et al.*, 2002). Plants that are challenged by drought and salt stress recruit ABA as an endogenous signal to initiate adaptive responses (Zhu, 2002). During the late stages of embryogenesis, ABA promotes the acquisition of desiccation tolerance and seed dormancy and inhibits seed germination (Koornneef *et al.*, 2002; Song *et al.*, 2005). A large body of evidence supports the notion that the transcriptional signalling cascade constitutes a complex signalling network between abiotic stress and ABA signalling pathways in plants (Yamaguchi-

Shinozaki & Shinozaki, 2006). Apparently, the transcription factors perform crucial functions in these processes. However, many of the cellular components and genes involved in ABA perception and downstream transduction have yet to be characterized clearly.

Recently, we have isolated *Salt-tolerance* genes (*SATs*) on the basis of the overexpression screening of yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) with a maize cDNA library from kernels (Kim *et al.*, 2007). One of the selected genes (*SAT2*) appeared to confer elevated tolerance to salt in comparison with control yeast cells. Maize *Salt-tolerance 2* (*SAT2*) cDNA encodes a homologue of the human SNW/SKIP transcriptional coregulator. The acronym SNW stands for the absolutely conserved motif SNWKN (Folk *et al.*, 1996); SKIP is the abbreviation for Ski-interacting protein, as the oncoprotein was the first binding partner identified in humans (Dahl *et al.*, 1998). NcoA62 is another SKIP, which functions as a nuclear receptor coactivator and a putative vitamin D receptor (Baudino *et al.*, 1998). SNW/SKIP proteins have already been identified in a wide variety of organisms, from yeasts to humans, where they form a portion of the nuclear regulatory complexes involved in transcriptional pre-initiation, splicing and polyadenylation (Folk *et al.*, 2004). The human member of this protein family, NcoA62/SKIP, interacts in a ligand-dependent fashion with the heterodimer formed by the vitamin D receptor and the retinoid X receptor, and augments vitamin D-dependent gene expression (MacDonald *et al.*, 2004). The further interaction partners of SNW/SKIP proteins in eukaryotic cells include the Ski oncoprotein and several transcriptional regulators, such as myogenic basic helix-loop-helix protein D (Myo D) and the Smad2/Smad3 proteins, which function as downstream factors of transforming growth factor- β signalling (Leong *et al.*, 2001; Folk *et al.*, 2004). Recently, Skip has been demonstrated to perform a function in the Epstein-Barr virus-encoded latency protein (EBNA2) activation of Notch-responsive transcription factor (CBF1)-repressed promoters (Folk *et al.*, 2004). Contacts with both CBF1 and Skip were demonstrated to be crucial for the effective targeting of EBNA2 to DNA. Skip has also been demonstrated to interact with the ankyrin repeat domain of the intracellular component of receptor Notch (NotchIC) to facilitate NotchIC participation in the activation of downstream target genes of the Notch signalling pathway (Zhou *et al.*, 2000).

In this study, we have identified the *Arabidopsis* homologue of SNW/SKIP, AtSKIP (At1g77180), as a putative novel transcriptional factor in ABA, salt and osmotic stress responses. *AtSKIP* overexpression in transgenic *Arabidopsis* plants reduced the sensitivity towards ABA during seedling growth and increased salt tolerance, whereas reductions in *AtSKIP* expression induced ABA hypersensitivity in seedling growth and drastic developmental defects, including dwarfism, reduced apical dominance, altered leaf morphology

and poor fertility. In addition, *AtSKIP*-overexpressing plants displayed markedly enhanced dehydration tolerance. These results suggest that *AtSKIP* functions as a putative potential transcription factor between ABA signalling and water deficit.

Materials and Methods

Plant materials, growth conditions and stress induction

Arabidopsis plants were grown in growth chambers under intense light at 22°C, 60% relative humidity and a 16 h day length. The plants were challenged with salt by the submersion of 10-d-old *Arabidopsis* seedlings in a solution containing 150 mM NaCl. Samples were obtained at 0, 3, 6 and 12 h of salt stress. For the mannitol treatment of *Arabidopsis*, 10-d-old seedlings were submerged in a solution containing 400 mM mannitol and sampled at 0, 6, 12 and 24 h. For ABA challenge, 10-d-old seedlings were submerged in a solution containing 100 μ M ABA and sampled at 0, 3, 6 and 12 h. In each case, the retrieved seedlings were promptly frozen in liquid nitrogen and stored at -80°C.

Quantitative real-time polymerase chain reaction

Quantitative real-time polymerase chain reaction (qPCR) was carried out with a Rotor-Gene 6000 quantitative PCR apparatus (Corbett Research, Mortlake, NSW, Australia) and the results were analysed using RG6000 1.7 software (Corbett Research). Total RNA was extracted from the variously treated 10-d-old *Arabidopsis* seedlings using an RNeasy Plant Mini kit (QIAGEN, Valencia, CA, USA). qPCR was carried out using the SensiMix One-Step kit (Quantance, London, UK). *Arabidopsis Actin8* was used as the internal control. Quantitative analysis was carried out using the Delta Delta C_T method (Livak & Schmittgen, 2001). Each sample was run in three independent experiments. The reaction primers utilized were as follows:

for qPCR of *AtSKIP* (At1g77180), upstream 5'-GCTTTCACAGGGGCTTCA-3' and downstream 5'-AAACTGTTTAAACAGATCCA-3';

for qPCR of *RD29A* (At5g52310), upstream 5'-AGGAACCACACTCAACACAC-3' and downstream 5'-CGTCATCATCATCTTCTTC-3';

for qPCR of *RD29B* (At5g52300), upstream 5'-GAGCAAGCAGAAGAACCAATCA-3' and downstream 5'-CATCATCATCATCTTCCACATCG-3';

for qPCR of *Cor15A* (At2g42540), upstream 5'-CAGCGGAGCCAAGCAGAGCAG-3' and downstream 5'-CATCGAGGATGTTGCCGTCACC-3';

for qPCR of *Actin8* (At1g49240), upstream 5'-TGCCTATCTACGAGGGTTTC-3' and downstream 5'-GTCCGTCGGGTAATTCATAG-3'.

Construction of *AtSKIP* deletion mutants for the analysis of transactivation activity in yeast cells

For the analysis of transactivation activity, a subclone of each type of *AtSKIP* deletion cDNA was constructed via PCR amplification using primers harbouring the *Bam*HI and *Sac*I restriction endonuclease sites (Table S1, see Supporting Information). The coding sequences were inserted into the pAS2 vector and the clones obtained were confirmed by DNA sequence analysis. Deletion constructs were transformed into the Y190 yeast strain (MATa gal4 gal80 his3 trp1-901 ade2-101 ura3-52 leu2-3 leu2-112 + URA3::GAL>>lacZ LYS2::GAL(UAS)>>HIS3 cyc⁺) by the lithium method (Schiestl & Gietz, 1989) and the cells were selected on –Trp medium. Colonies were replated on –Trp medium and employed for 5-bromo-4-chloro-3-indolyl-β-D-galactopyranoside (X-Gal) filter assays as described previously (Bai & Elledge, 1996). To measure the strength of X-Gal activity from the *AtSKIP* deletion constructs, a liquid β-galactosidase assay, using *o*-nitrophenyl β-D-galactopyranoside as a substrate, was conducted as described by the manufacturer (Clontech, Mountain View, CA, USA).

Antisense construct of *AtSKIP*

The gene-specific cDNA fragment of *AtSKIP* was amplified by PCR using the forward primer 5'-CGGGATCCCGTT-TAACGCCGGTCACTGCGT-3' (*Bam*HI site is shown in italics) and reverse primer 5'-CGAGCTCGATGAAGTCTCTTAATGATC-3' (*Sac*I site is shown in italics). The PCR products were initially cloned into the pGEM T-easy vector and confirmed by sequencing. This antisense *AtSKIP* cDNA construct was then released by digestion with *Bam*HI and *Sac*I, and subcloned into the pBI121 vector under the control of the constitutive 35S promoter. The construct was then transformed into *Arabidopsis* plants (ecotype Columbia), and the resultant T₃ homozygous transgenic lines (*atskip2* and *atskip11*) were evaluated for ABA and abiotic stress sensitivity.

Overexpression construct of *AtSKIP*

Total RNA was isolated from *Arabidopsis* leaves using Trizol reagent (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA). Reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) was utilized to obtain full-length *AtSKIP* cDNA (At1g77180). The generated product was then cloned into the pGEM T-easy vector (Promega, Madison, WI, USA) for DNA sequence analysis. The RT-PCR primers were as follows: forward primer 5'-CGGGATCCCGTATGAAGTCTCTT-AATGATC-3' (*Bam*HI site is shown in italics) and reverse primer 5'-CGAGCTCGTTAACGCCGGTCACTGCGTTC-3' (*Sac*I site is shown in italics) on the basis of the sequence information in a cDNA database (NCBI, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

Amplification proceeded for 35 cycles consisting of 94°C for 30 s; 57°C for 30 s and 72°C for 2 min. The PCR-amplified products were double-digested with *Bam*HI and *Sac*I and then directionally cloned into the plant expression vector pBI121. The resultant construct was introduced into *Agrobacterium tumefaciens* strain GV3101 by *in planta* vacuum infiltration (Bechtold & Pelletier, 1998). Homozygous lines (T₃ generation) from eight independent transformants were obtained, and two lines (OX-9 and OX-11) displaying high levels of transgene expression were selected for phenotypic characterization. The kanamycin resistance of the T₂ generation from these two selected lines segregated as a single locus.

Results

Arabidopsis Salt-tolerance 2 (AtSAT2) encodes for a homologue of the human SNW/SKIP transcriptional coregulator

Previously, we have isolated *SATs* via the overexpression screening of yeast with a maize cDNA library from kernels (Methods S1, see Supporting Information). During screening, we identified a maize clone (*SAT2*) that appeared to confer elevated tolerance to salt in comparison with control cells (Fig. S1, see Supporting Information). The isolated partial *SAT2* cDNA (GenBank Accession No. AY106331) displayed considerable homology with known members of the SNW/SKIP protein family. SNW/SKIP is a nuclear protein that is highly conserved in a wide variety of organisms from yeasts to humans and is ubiquitously essential for survival (Baudino *et al.*, 1998; Dahl *et al.*, 1998; Martinkova *et al.*, 2002). Several lines of evidence show that SKIP is a critical transcription cofactor, but its biological functions have yet to be reported in any plant.

In an effort to gain an insight into the function of the *SNW/SKIP* gene in plants, we attempted to isolate the gene in *Arabidopsis* that encodes for sequences similar to the isolated partial maize *SAT2* (Fig. S2, see Supporting Information). The isolated cDNA sequence (At1g77180) comprised 1842 bp and harboured one single open reading frame encoding a protein of 613 amino acids with a calculated molecular weight of 67.5 kDa. As shown in Fig. 1a, the deduced amino acid sequence displayed a considerable degree of homology with already identified members of the SNW/SKIP protein family. The *A. thaliana* gene was therefore designated as *AtSKIP*. On the basis of the amino acid sequence alignments, at least three distinct domains were detected within the SNW/SKIP homologues: a central domain harbouring the so-called SNW box; a less well-conserved N-terminal domain that has so far not been linked to a specific function, but which contains a glycine-rich box that was also identified in *AtSKIP* (Fig. 1b); and a

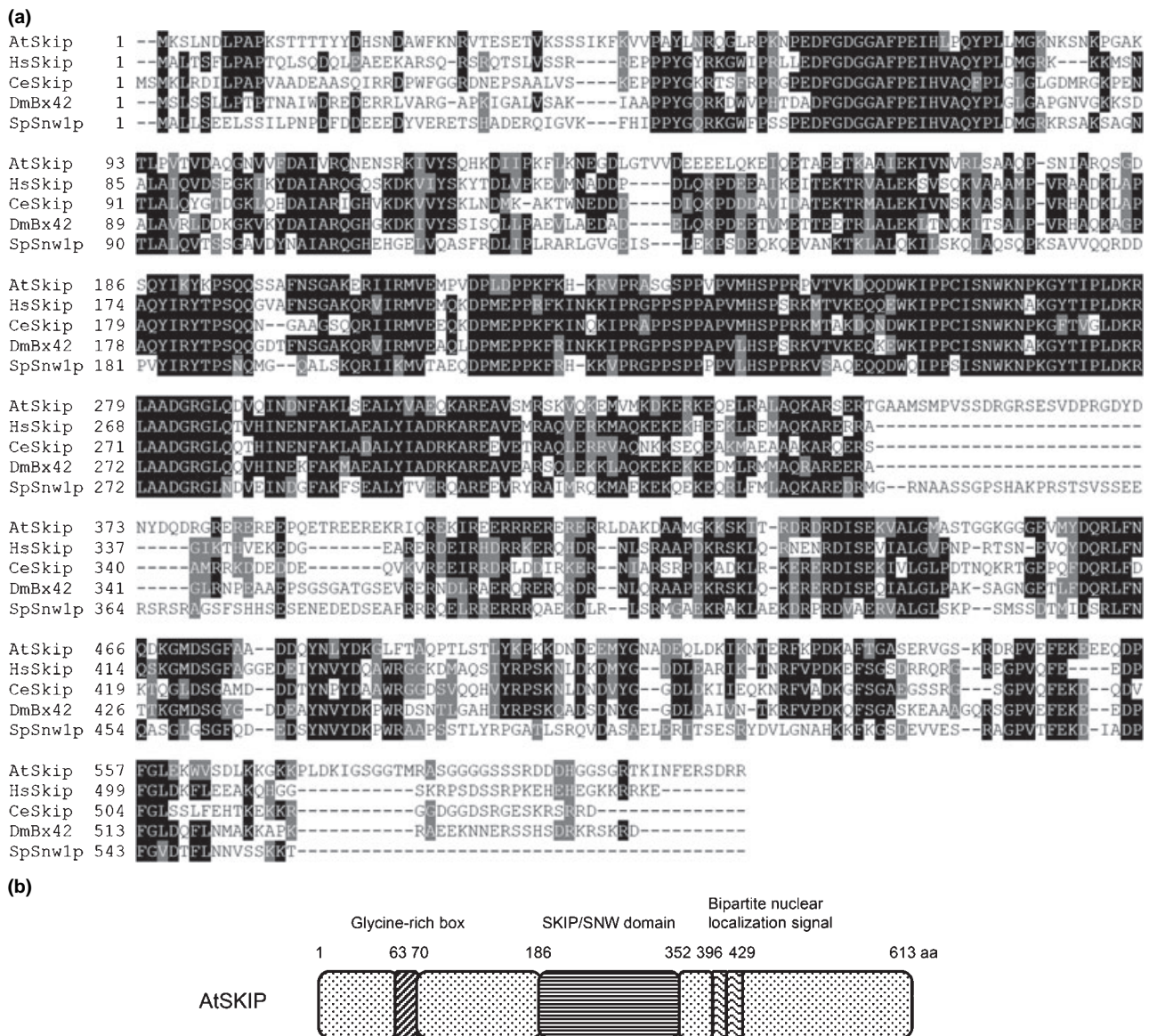


Fig. 1 Alignment of full-length deduced amino acid sequences of AtSKIP and SNW/SKIP orthologues from different phylogenetic origins. (a) Shown are the sequences of AtSKIP (At1g77180), *Homo sapiens* NcoA62/SKIP (HsSKIP; U51432), *Caenorhabditis elegans* SKIP (CeSKIP; Z74045), *Drosophila melanogaster* Bx42 (DmBx42; X64536) and *Schizosaccharomyces pombe* Snw1p (SpSNW1p; ALO32824). Black and grey shading indicate identical and similar amino acids, respectively. Gaps were introduced to optimize the alignment. (b) The structure of the conserved regions of the AtSKIP protein. The primary structure contains, beginning at the N-terminus, the following remarkable motifs (http://myhits.isb-sib.ch/cgi-bin/motif_scan): glycine-rich box (63–70), SNW/SKIP domain (186–352) and bipartite nuclear localization signal (396–429).

C-terminal domain involved in homodimer formation and in the interaction with the small subunit of splicing factor (Ambrozkova *et al.*, 2001). Based on its amino acid sequence features, AtSKIP seems to be encoded by only one gene in the *Arabidopsis* genome and can be clearly assigned to the SNW/SKIP family of transcriptional regulators.

AtSKIP expression in *Arabidopsis*

To obtain clues regarding the function of AtSKIP, we initially assessed its expression pattern. Northern blot experi-

ments demonstrated that *AtSKIP* was expressed in every developmental stage and within the entire plant (Fig. 2a), especially the roots, inflorescence stems, rosette leaves and flowers, with a small amount of the transcript being detected in the seeds and siliques (Fig. 2b). Genome-wide expression analysis in *Arabidopsis* revealed that the expression of *AtSKIP* was induced by ABA, senescence, salinity, drought, osmotic stress and cold (Gene Investigator, <https://iii.geneinvestigator.ethz.ch/at>; AtGenExpress visualization tool, <http://jsp.weigelworld.org>; Bae *et al.*, 2003). Next, in an effort to determine the *in vivo* functions of

AtSKIP, we assessed the accumulation of *AtSKIP* RNA in 10-d-old *Arabidopsis* seedlings during salt, mannitol and ABA treatment using qPCR. As shown in Fig. 2c, *AtSKIP* was induced slightly in *Arabidopsis* seedlings within 3 h of salt or ABA treatment, and continued with time. A mannitol concentration of 400 mM resulted in a slight induction of *AtSKIP* in the whole parts of 10-d-old seedlings within 6 h of mannitol treatment, with a marginal decline after 12 h. The induction in *AtSKIP* expression was sustained for at least 24 h after mannitol treatment (Fig. 2c). *AtSKIP* was also induced steadily during mannitol treatment, in contrast with the control *RESPONSIVE TO DESICCATION 29A* (*RD29A*) gene (Nakashima *et al.*, 2006), which was induced quickly and transiently (Fig. 2d). However, *AtSKIP* expression was induced to a lesser degree, on average, compared with salt- and ABA-treated samples.

AtSKIP is a nuclear-localized protein

To determine the subcellular localization of AtSKIP, a green fluorescent protein (GFP) reporter gene was fused in-frame to the AtSKIP coding region to generate a GFP-AtSKIP fusion protein in onion cells and transgenic *Arabidopsis* plants. As shown in Fig. 3, the fluorescence signal of the GFP-AtSKIP construct was detected in the nuclei of the onion cells (Fig. 3a) and in transgenic *Arabidopsis* (Fig. 3b); however, the majority of the GFP protein was located in the cytoplasm of the onion cells, and the GFP fluorescence signal was weak (Fig. 3a). These results are consistent with the

identity of AtSKIP as a nuclear-localized protein, which is in agreement with its predicted function as a putative transcription factor.

AtSKIP shows transcriptional activation activity in the C-terminal domain

To determine whether AtSKIP could display transcriptional activation activity, full-length cDNA of *AtSKIP* was fused to the GAL4 DNA-binding domain and the resultant construct, AtSKIP613 (Fig. 4a), was introduced into yeast strain Y190. The AtSKIP613 protein was capable of inducing *lacZ* expression by itself in yeast cells (Fig. 4a), indicative of a putative transcriptional activator function for the full-length AtSKIP protein. To further define the regions corresponding to the transcriptional activation domain, we constructed mutants with deleted portions of the AtSKIP protein (Fig. 4a). When part of the N-terminus was deleted (construct AtSKIP430), a positive colour reaction developed within 1 h on the X-Gal filter assay (Fig. 4a). As was the case with construct AtSKIP430, constructs AtSKIP253 and AtSKIP83 also conferred a high level of *lacZ* expression within 1 h (Fig. 4a). When the C-terminal end was deleted, leaving only the N-terminal region (construct AtSKIP183) or central peptides with the N-terminal region (constructs AtSKIP530 and AtSKIP360), no *lacZ* expression was evident, even on overnight incubation (Fig. 4a), implicating the C-terminal domain as crucial for transcriptional activation activity. As the X-Gal filter assay does not provide a quantitative measure of the *lacZ* expression level, a second

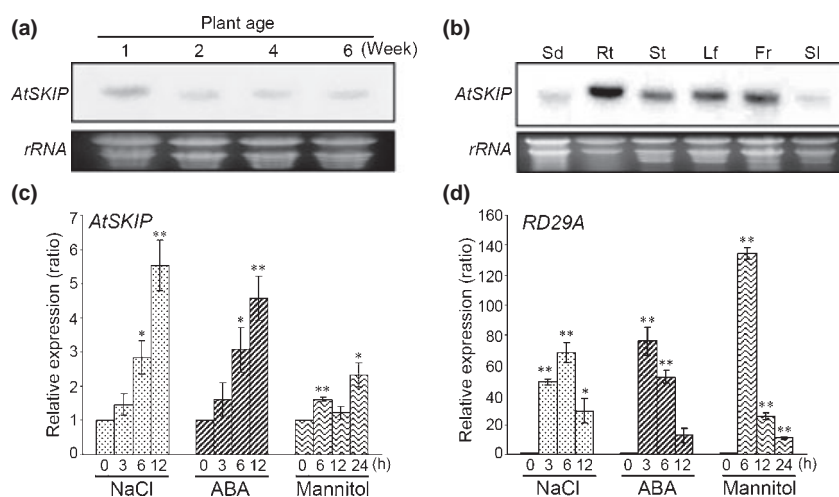


Fig. 2 Expression of the *AtSKIP* gene in *Arabidopsis thaliana*. (a) RNA levels were determined by Northern hybridization using total RNA isolated at the indicated ages. (b) Northern blotting of *AtSKIP* expression. Lane Sd, seed; lane Rt, root; lane St, stem; lane Lf, leaf; lane Fr, flower; lane Sl, silique. (c, d) Quantitative real-time polymerase chain reaction (qPCR) analysis of the expression of *AtSKIP* (c) and *RD29A* (d) involved in abiotic stresses. All quantifications were made in three independent isolated RNA samples obtained from plants treated with 150 mM NaCl, 100 μ M abscisic acid (ABA) and 400 mM mannitol at the indicated times. Error bars indicate standard deviations of three independent biological samples. Differences between the expression of *AtSKIP* or *RD29A* in 10-d-old *Arabidopsis* seedlings untreated and treated with various abiotic stresses are significant at the $0.005 > P > 0.001$ (*) or $P < 0.001$ (**) levels.

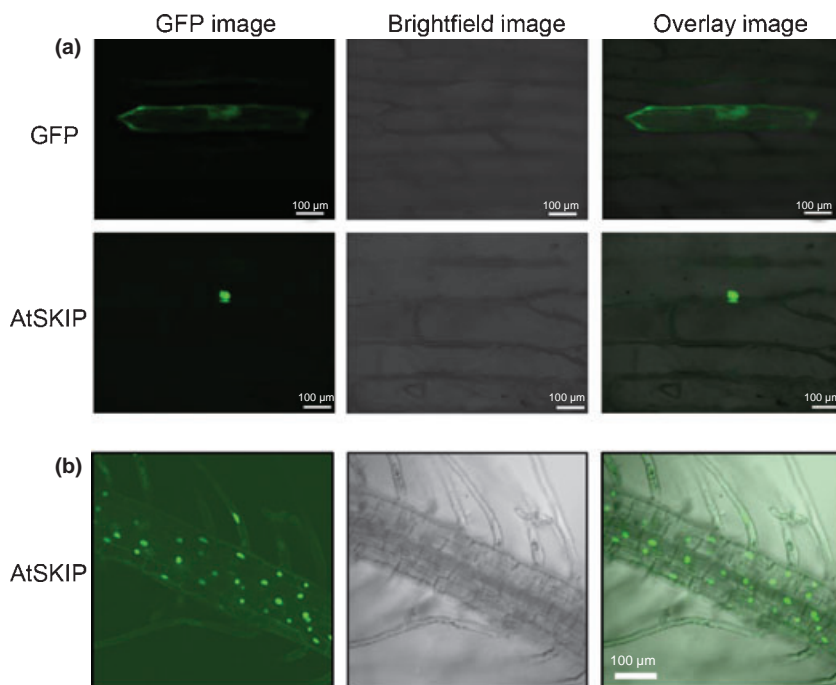


Fig. 3 Nuclear localization of AtSKIP. (a) Green fluorescent protein (GFP) and GFP fusion with AtSKIP were transiently expressed in onion cells (Methods S1, see Supporting Information). Bars, 100 µm. (b) GFP-AtSKIP green fluorescence in the nuclei of the root cells of transgenic *Arabidopsis thaliana*. Bars, 100 µm.

set of experiments was conducted in which β -galactosidase activity was assayed in the lysates of yeast cells expressing these deletion constructs of the AtSKIP protein. Figure 4b shows the β -galactosidase activity recovered from yeast cells expressing the AtSKIP deletion proteins. Fundamentally, the results of this analysis were consistent with those obtained from the filter assay.

Knockdown of *AtSKIP* leads to altered plant development

Furthermore, in an effort to evaluate the functional consequences of the loss of *AtSKIP*, *atskip* antisense lines were generated using full-length cDNA sequences. The SNW/SKIP protein performs an essential function as a transcriptional activator in all eukaryotes; for example, knockout of this gene is lethal, as has been demonstrated in *Saccharomyces cerevisiae* and *Schizosaccharomyces pombe* (Diehl & Pringle, 1991; Ambrozokova *et al.*, 2001). In this study, because the expression of *AtSKIP* was only partially abolished, as shown by the results of RT-PCR (Fig. 5a), we successfully obtained *atskip* antisense transgenic lines. Pleiotropic abnormal developmental phenotypes were observed in these antisense lines, including reduced inflorescence stems and smaller rosette leaves (Fig. 5b). In addition, antisense lines showed markedly reduced seed production, as indicated by the observation of shortened siliques with fewer seeds (data not shown). These results strongly bolster the concept that the AtSKIP gene may perform a crucial function in the regulation of the plant development of *Arabidopsis*.

Overexpression of *AtSKIP* confers high tolerance to abiotic stress

To assess its function *in vivo*, we induced *AtSKIP* overexpression in *Arabidopsis* under the control of the 35S promoter. Eight homozygous lines (T_3 generation) were obtained, and two lines (OX-9 and OX-11) that displayed high levels of transgene expression (Fig. 6a) were selected for phenotypic characterization. The comparison of AtSKIP-overexpressing lines with wild-type (WT) plants demonstrated no morphological alterations or retardation of growth.

We attempted to determine whether salt, mannitol or ABA stress tolerance could be influenced by the levels of AtSKIP expression. AtSKIP expression was assessed via RT-PCR in two randomly selected independent *atskip* (*atskip2* and *atskip11*) antisense lines. AtSKIP expression was knocked down in the antisense lines (Fig. 6b). To evaluate the effects of AtSKIP expression on germination with ABA treatment, the seeds of WT, *atskip* and AtSKIP-overexpressing plants were germinated on Murashige and Skoog (MS) medium (Murashige & Skoog, 1962). The germination ratio among WT, *atskip* and AtSKIP-overexpressing plants was similar and acceptable on MS medium (Fig. 6c). As the seeds of WT, *atskip* and AtSKIP-overexpressing plants germinated on MS medium containing 2.5 µM ABA, the cotyledon greening efficiency of WT was only slightly above 35% at 10 d after germination; less than 25% of the *atskip* mutant plants (line 11) remained alive and only 5% of the *atskip* cotyledons (line 2) expanded and turned green, compared with 95% in OX-9 and OX-11 (Fig. 6c). These

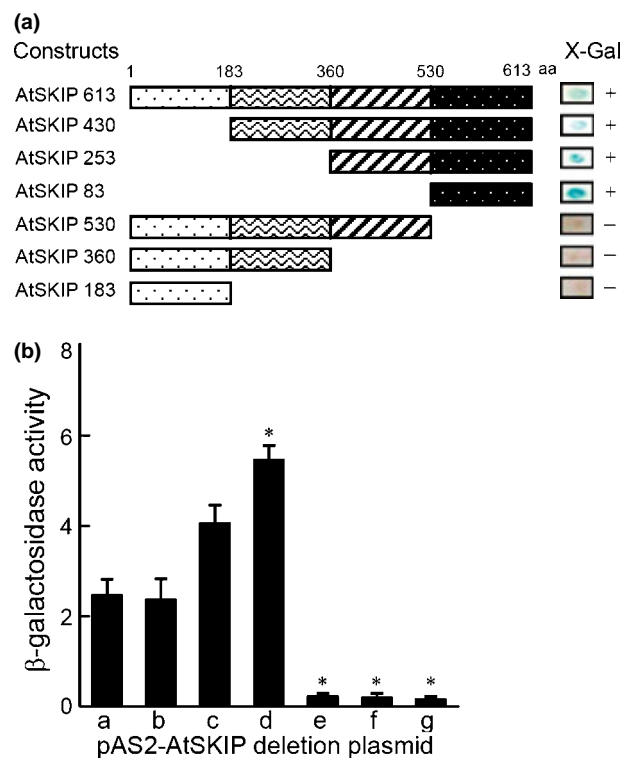


Fig. 4 Structure of AtSKIP deletion mutants in pAS2-GAL4 used for transactivation activity. (a) The NH₂- and COOH-terminal deletion mutants were constructed by PCR. Self-transactivation, as illustrated by the colour reaction in the 5-bromo-4-chloro-3-indolyl-β-D-galactopyranoside (X-Gal) assay (shown on right), occurred within 1 h for AtSKIP613, AtSKIP430, AtSKIP253 and AtSKIP83 constructs. Overnight incubation failed to produce a self-activation reaction with the AtSKIP530, AtSKIP360 and AtSKIP183 constructs. (+) indicates that a positive reaction was detected in the X-Gal assay. (–) indicates that no X-Gal reaction was detected. (b) Assay of β-galactosidase activity. The values shown are the averages of three independent experiments. Error bars indicate standard deviations. The asterisk denotes a statistically significant difference compared with the AtSKIP613 construct ($P < 0.005$). Letters denote the structures of the AtSKIP deletion mutants in the pAS2 plasmid. a, AtSKIP613; b, AtSKIP430; c, AtSKIP253; d, AtSKIP83; e, AtSKIP530; f, AtSKIP360; g, AtSKIP183.

results indicate that the *atskip* mutant is more likely than the WT to be sensitive to ABA. However, the AtSKIP-overexpressing plants were demonstrated to be more resistant to exogenous ABA than were the WT and *atskip* mutant plants.

To evaluate the effects of AtSKIP expression on germination with elevated salinity or mannitol, the seeds of the WT, *atskip* and AtSKIP-overexpressing plants were germinated in MS medium supplemented with 150 mM NaCl or 400 mM mannitol, and then permitted to grow for 10 d before assessment of the survival rates of the AtSKIP-overexpressing plants in response to salt or dehydration stress. At 150 mM NaCl, c. 80% of the WT leaves expanded and



Fig. 5 Phenotypes of *atskip* mutant plants. (a) Expression levels of AtSKIP in wild-type (WT) and three *atskip* antisense transgenic lines determined by reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) using total RNA isolated from 2-wk-old seedlings. Actin was used in RT-PCR as an internal control. Lane WT, wild-type; lane Mi, mild *atskip* phenotype; lane Mo, moderate *atskip* phenotype; lane St, strong *atskip* phenotype. (b) Five-week-old WT and *atskip* antisense mutants with different phenotypes.

turned green, compared with more than 90% of the OX-9 and OX-11 lines (Fig. 7a,b). By contrast, 10–20% of two *atskip* transgenic lines remained alive at 10 d after germination (DAG) (Fig. 7a,b). Osmotic stress also resulted in drastic differences in the survival rate after 10 d: 70–90% of two AtSKIP-overexpressing seeds generated pale green or green leaves, compared with c. 50% of the WT controls (Fig. 7c,d), whereas less than 15% of the antisense transgenic plants remained alive at 10 DAG (Fig. 7c,d). These results are consistent with AtSKIP being a necessary component for the regulation of developmental growth under abiotic stress.

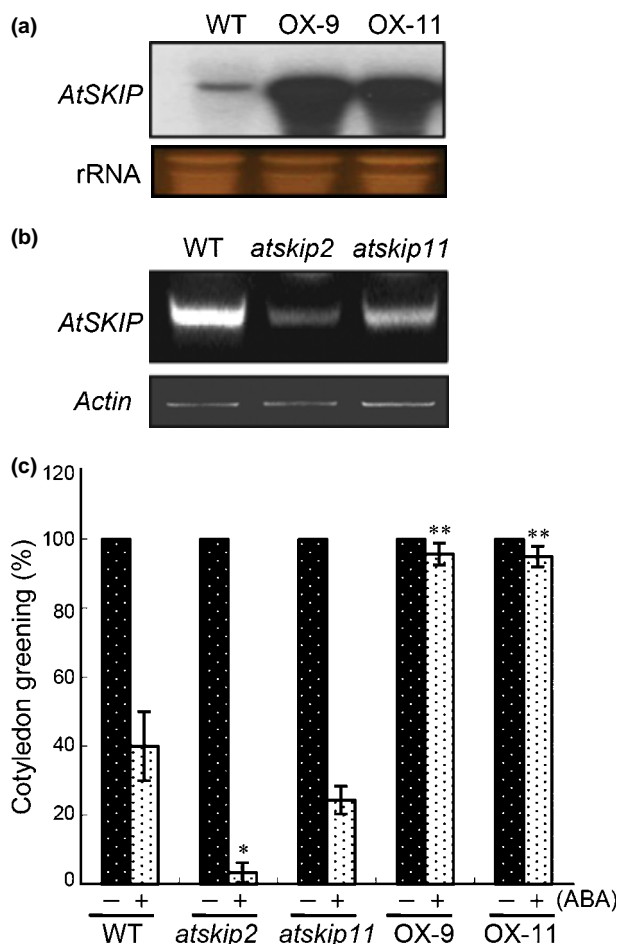


Fig. 6 Abscisic acid (ABA) sensitivity of *AtSKIP*-overexpressing and *atskip* antisense transgenic plants. (a) Expression levels of *AtSKIP* in wild-type (WT) and two independent transgenic lines overexpressing *AtSKIP* (OX-9 and OX-11). The blot was probed with ^{32}P -*AtSKIP* cDNA. Ethidium bromide-stained rRNAs were utilized as a loading control (bottom section). (b) Expression levels of *AtSKIP* in WT and two independent *atskip* antisense transgenic lines (*atskip2* and *atskip11*) were determined by reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR). *Actin* was used in RT-PCR as an internal control. (c) Effect of ABA treatment on cotyledon greening. Seeds were sown on Murashige and Skoog (MS) agar plates without (-) or with (+) 2.5 μM ABA and permitted to grow for 5 or 10 d, respectively, and seedlings with green cotyledons were counted (triplicates, $n = 50$ each). Error bars represent standard deviations. Differences between WT and transgenic plants grown in the same conditions are significant at the 0.005 > P > 0.001 (*) or $P < 0.001$ (**) levels.

Effects of salt, mannitol and ABA on stress-related genes

It has been relatively well established that the expression of the *Rd29A*, *Rd29B* and *Cold-regulated 15A* (*Cor15A*) genes is induced by stress (Ishitani *et al.*, 1998; Rosado *et al.*, 2006). *Rd29A* and *Rd29B* are also induced under drought, ABA and salt stress conditions (Abe *et al.*, 1997; Nakashima *et al.*, 2006). In addition, the *Cor15A* gene is induced by ABA, high salinity, cold and osmotic stress (Ishitani *et al.*,

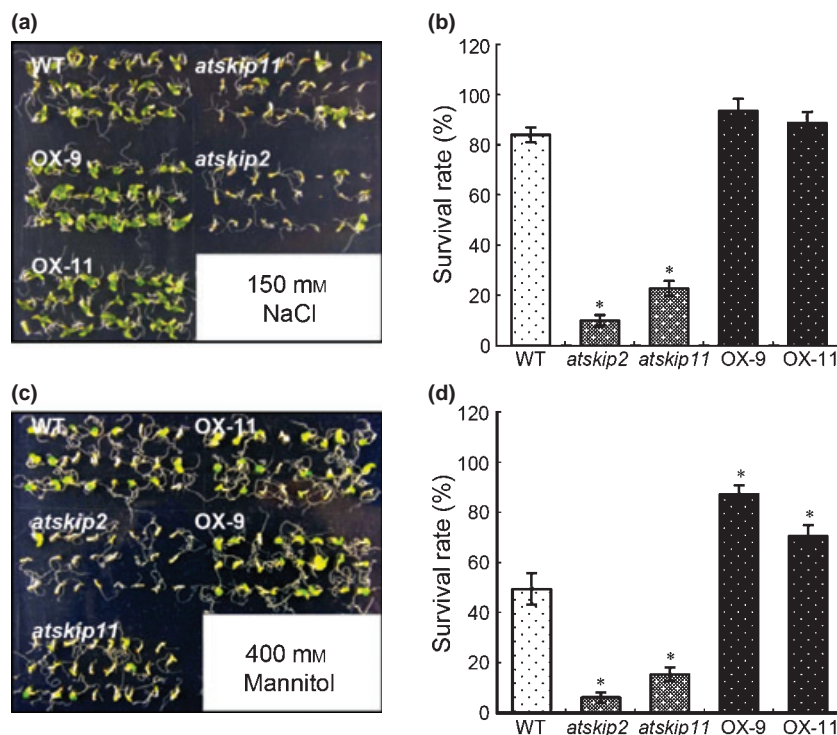
1998). Figure S3 (see Supporting Information) shows that the transcript levels of stress-inducible genes, including *Rd29A*, *Rd29B* and *Cor15A*, displayed enhanced induction in *AtSKIP*-overexpressing OX-9 and WT plants than in *atskip2* mutant plants following ABA or mannitol treatment, as the expression of the three genes was slightly less induced by salt treatment in the *atskip2* mutant than in the WT and *AtSKIP*-overexpressing OX-9 plants. These observations support the concept that *AtSKIP* regulates the expression of these stress marker genes under salt, dehydration and ABA stress conditions. However, the expression levels of *Rd29A* and *Rd29B* in WT and *AtSKIP*-overexpressing plants under ABA or salt stress seem to be very similar. This probably indicates that the overexpression of *AtSKIP* by itself is not sufficient for the induction of stress-related genes and may require additional components.

Discussion

Recently, we conducted a yeast screen to identify salt tolerance genes in a maize kernel cDNA library. During screening, we isolated a partial maize cDNA (SAT2) displaying high homology with known members of the SNW/SKIP protein family (Fig. S2). The SNW/SKIP domain has been suggested to be involved in transcriptional activity and interaction with other proteins, as well as in yeast cell viability (Prathapam *et al.*, 2001; Martinkova *et al.*, 2002; Folk *et al.*, 2004). To identify the novel components involved in abiotic stress tolerance in *Arabidopsis*, we characterized the stress tolerance gene, designated *AtSKIP*, which functions as a putative stress-inducible transcription factor. The sequence of *AtSKIP* was found to display a high degree of similarity to the human SNW/SKIP protein. Its biological role has yet to be elucidated in any plant, although the human SNW/SKIP protein is a crucial part of the nuclear regulatory complex as an essential spliceosomal component and a transcriptional coregulator (Folk *et al.*, 2004).

In this study, we observed that *AtSKIP* mediated responses to ABA, salinity and dehydration stress during germination and seedling stages. Our study also demonstrated a distinct difference in the expression of *Rd29A*, *Rd29B* and *Cor15A* genes between the *AtSKIP*-overexpressing transgenic line and the *atskip* antisense line on exposure to exogenous abiotic stresses (Fig. S3). *AtSKIP*-overexpressing plants showed enhanced insensitivity to ABA in comparison with the WT, whereas the antisense lines showed enhanced sensitivity to ABA during germination and cotyledon greening (Fig. 6c), implying that *AtSKIP* is a crucial component in the regulation of ABA or ABA-mediated stress signalling pathways in *Arabidopsis*. It has been reported previously that ABA accumulates in different plant tissues in response to water deficit and salinity stresses, and is believed to function as a signal for the initiation of

Fig. 7 Influence of *AtSKIP* transgenic lines on salt and osmotic stress tolerance. (a) Effect of salt treatment on leaf growth. (b) Effect of salt treatment on plant growth. Seeds were sown on Murashige and Skoog (MS) agar plates supplemented with 150 mM NaCl (a, b) and permitted to grow for 10 d, and the surviving plants were scored (triplicates, $n = 50$ each). Error bars represent standard deviations. The asterisk denotes a statistically significant difference compared with the wild-type ($P < 0.01$). (c) Effect of mannitol treatment on leaf growth. (d) Effect of mannitol treatment on plant growth. Seeds were sown on MS agar plates supplemented with 400 mM mannitol (c, d) and permitted to grow for 10 d, and the surviving plants were scored (triplicates, $n = 50$ each). Error bars represent standard deviations. The asterisk denotes a statistically significant difference compared with the wild-type ($P < 0.01$).



acclimation to these stresses (Pla *et al.*, 1993; Robertson & Chandler, 1994).

As shown in Fig. 7, the influences of NaCl and mannitol on *AtSKIP*-overexpressing plants were apparent in the survival assay, compared with that of *atskip* or WT plants. The *atskip* plants displayed hypersensitivity to salinity or osmotic stresses, whereas *AtSKIP*-overexpressing plants displayed enhanced salt or mannitol insensitivity (Fig. 7), thereby supporting the notion that *AtSKIP* is a component of resistance against the dehydration-triggered defective developmental process. A growing body of evidence is bolstering the concept that the transcriptional signalling cascade constitutes a complex signalling network between abiotic stress and ABA signalling pathways in plants (Yamaguchi-Shinozaki & Shinozaki, 2006). Apparently, the transcription factors perform crucial functions in these processes. Similar to *AtSKIP*, *Glycine max* basic/leucine zipper protein 44 (*GmbZIP44*), *GmbZIP62* and *GmbZIP78* are active under conditions of reduced ABA sensitivity, and confer significant tolerance to salt stresses when they are overexpressed (Liao *et al.*, 2008).

Mechanistically, transcription factors control gene expression via interaction with the *cis*-elements of targeting gene promoters, whereas transcriptional coregulators assist in the control of gene expression via interaction with transcription factors (Riano-Pachon *et al.*, 2008). The crucial difference between transcription coregulators and transcription factors centres on whether or not they can bind to

DNA. This study shows that *AtSKIP* not only displays self-transcriptional activation activity, but can also bind to single- and double-stranded DNA (data not shown), which is a general characteristic of transcription factors. However, the conclusion that *AtSKIP* functions as a putative transcription factor remains controversial. Firstly, recent research has shown that SNW/SKIP proteins work by facilitating the assembly or regulating the rearrangements of 'nuclear machines', such as the ternary complexes of transcription factors or spliceosomes (Folk *et al.*, 2004). Secondly, the specificity of the DNA sequence to which *AtSKIP* binds also remains in question, even though *AtSKIP* can bind to both single- and double-stranded DNA.

In summary, this study has identified and physiologically characterized the gene involved in the ABA signal cascade in *Arabidopsis*; this gene not only influences the development and growth of *Arabidopsis*, but also enhances anti-abiotic stress ability via the regulation of ABA signal transduction, although its physiological mechanisms have yet to be characterized completely. Further analysis, including the identification of interaction partners, may provide novel insights into *AtSKIP*-mediated abiotic stress tolerance, as the human SNW/SKIP protein performs functions crucial to human life, including pre-mRNA processing and steroid hormone signalling via protein–protein interactions. Overall, the physiological functions of *AtSKIP* appear to be worthy of further elucidation.

Acknowledgements

We thank Dr Joo-Yeol Kim for assistance in gene constructions. This work was supported in part by grants to C.S.K. from the Agricultural Plant Stress Research Center (KOSEF program, SRC, funded by the South Korean government, MOST), the Basic Research Promotion Program (KRF-2007-331-F00020) funded by the South Korean government and the Korea Research Foundation Program (KRF-314-C00350) funded by the South Korean government.

References

- Abe H, Yamaguchi-Shinozaki K, Urao T, Iwasaki T, Hosokawa D, Shinozaki K. 1997. Role of Arabidopsis MYC and MYB homologs in drought- and abscisic acid-regulated gene expression. *The Plant Cell* 9: 1859–1868.
- Ambrozkova M, Puta F, Fukova I, Skruzny M, Brabek J, Folk P. 2001. The fission yeast ortholog of the coregulator SKIP interacts with the small subunit of U2AF. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 284: 1148–1154.
- Bae MS, Cho EJ, Choi EY, Park OK. 2003. Analysis of the Arabidopsis nuclear proteome and its response to cold stress. *Plant Journal* 36: 652–663.
- Bai C, Elledge SJ. 1996. Gene identification using the yeast two-hybrid system. *Methods in Enzymology* 273: 331–347.
- Baudino TA, Kraichely DM, Jefcoat SC, Winchester SK, Partridge NC, MacDonald PN. 1998. Isolation and characterization of a novel coactivator protein, NCoA-62, involved in vitamin D-mediated transcription. *Journal of Biological Chemistry* 273: 16434–16441.
- Bechtold N, Pelletier G. 1998. In planta *Agrobacterium*-mediated transformation of adult *Arabidopsis thaliana* plants by vacuum infiltration. *Methods in Molecular Biology* 82: 259–266.
- Dahl R, Wani B, Hayman MJ. 1998. The Ski oncoprotein interacts with Skip, the human homolog of *Drosophila* Bx42. *Oncogene* 16: 1579–1586.
- Diehl BE, Pringle JR. 1991. Molecular analysis of *Saccharomyces cerevisiae* chromosome I: identification of additional transcribed regions and demonstration that some encode essential functions. *Genetics* 127: 287–298.
- Finkelstein RR, Gampala SS, Rock CD. 2002. Abscisic acid signaling in seeds and seedlings. *The Plant Cell* 14: S15–S45.
- Folk P, Puta F, Krpejsova L, Blahuskova A, Markos A, Rabino M, Duttin RP. 1996. The homolog of chromatin binding protein Bx42 identified in *Dictyostelium*. *Gene* 181: 229–231.
- Folk P, Puta F, Skruzny M. 2004. Transcriptional coregulator SNW/SKIP: the concealed tie of dissimilar pathways. *Cellular and Molecular Life Sciences* 61: 629–640.
- Ishitani M, Xiong L, Lee H, Stevenson B, Zhu JK. 1998. HOS1, a genetic locus involved in cold-responsive gene expression in Arabidopsis. *The Plant Cell* 10: 1151–1161.
- Kim MJ, Lim GH, Kim ES, Ko CB, Yang KY, Jeong JA, Lee MC, Kim CS. 2007. Abiotic and biotic stress tolerance in Arabidopsis overexpressing the multiprotein bridging factor 1a (MBF1a) transcriptional coactivator gene. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 354: 440–446.
- Koornneef M, Bentsink L, Hilhorst H. 2002. Seed dormancy and germination. *Current Opinion in Plant Biology* 5: 33–36.
- Leong GM, Subramaniam N, Figueroa J, Flanagan JL, Hayman MJ, Eisman JA, Kouzmenko AP. 2001. Ski-interacting protein interacts with Smad proteins to augment transforming growth factor- β -dependent transcription. *Journal of Biological Chemistry* 276: 18243–18248.
- Liao Y, Zou HF, Wei W, Hao YJ, Tian AG, Huang J, Liu YF, Zhang JS, Chen SY. 2008. Soybean *GmbZIP44*, *GmbZIP62* and *GmbZIP78* genes function as negative regulator of ABA signaling and confer salt and freezing tolerance in transgenic *Arabidopsis*. *Planta* 228: 225–240.
- Livak KJ, Schmittgen TD. 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ method. *Methods* 25: 402–408.
- MacDonald PN, Dowd DR, Zhang C, Gu C. 2004. Emerging insights into the coactivator role of NcoA62/SKIP in vitamin D-mediated transcription. *Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology* 89–90: 179–186.
- Martinkova K, Lebduska P, Skruzny M, Folk P, Puta F. 2002. Functional mapping of *Saccharomyces cerevisiae* Prp45 identifies the SNW domain as essential for viability. *Journal of Biochemistry* 132: 557–563.
- Murashige T, Skoog F. 1962. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue culture. *Physiologia Plantarum* 15: 473–497.
- Nakashima K, Fujita Y, Katsura K, Maruyama K, Narusaka Y, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K. 2006. Transcriptional regulation of ABI3- and ABA-responsive genes including RD29B and RD29A in seeds, germinating embryos and seedlings of Arabidopsis. *Plant Molecular Biology* 60: 51–68.
- Pla M, Vilardell J, Gultinan MJ, Marcotte WR, Niogret MF, Quatrano RS, Pages M. 1993. The cis-regulatory element CCACGTGG is involved in ABA and water-stress responses of the maize gene rab28. *Plant Molecular Biology* 21: 259–266.
- Prathapam T, Kuhne C, Hayman M, Banks L. 2001. Ski interacts with the evolutionarily conserved SNW domain of Skip. *Nucleic Acids Research* 29: 3469–3476.
- Riano-Pachon DM, Correa LGG, Trejos-Espinosa R, Mueller-Roeber B. 2008. Green transcription factors: a *Chlamydomonas* overview. *Genetics* 179: 31–39.
- Robertson M, Chandler PM. 1994. A dehydrin cognate protein from pea (*Pisum sativum* L.) with an atypical pattern of expression. *Plant Molecular Biology* 26: 805–816.
- Rosado A, Schapire AL, Bressan RA, Harfouche AL, Hasegawa PM, Valpuesta V, Botella MA. 2006. The Arabidopsis tetratricopeptide repeat-containing protein TTL1 is required for osmotic stress responses and abscisic acid sensitivity. *Plant Physiology* 142: 1113–1126.
- Schiestl RH, Gietz RD. 1989. High efficiency transformation of intact yeast cells using single stranded nucleic acids as a carrier. *Current Genetics* 16: 339–346.
- Song C-P, Agarwal M, Ohta M, Guo Y, Halfter U, Wang P, Zhu JK. 2005. Role of an Arabidopsis AP2/EREBP-type transcriptional repressor in abscisic acid and drought stress responses. *The Plant Cell* 17: 2384–2396.
- Tester M, Davenport R. 2003. Na⁺ tolerance and Na⁺ transport in higher plants. *Annals of Botany* 91: 503–527.
- Verslues PE, Agarwal M, Katiyar-Agarwal S, Zhu J, Zhu JK. 2006. Methods and concepts in quantifying resistance to drought, salt and freezing, abiotic stresses that affect plant water status. *Plant Journal* 45: 523–539.
- Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K. 2006. Transcriptional regulatory networks in cellular responses and tolerance to dehydration and cold stresses. *Annual Review of Plant Biology* 57: 781–803.
- Zhou S, Fujimuro M, Hsieh JJD, Chen L, Miyamoto A, Weinmaster G, Hayward SD. 2000. Skip, a CBF-associated protein, interacts with the ankyrin repeat domain of NotchIC to facilitate NotchIC function. *Molecular and Cellular Biology* 20: 2400–2410.
- Zhu JK. 2002. Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual Review of Plant Biology* 53: 247–273.

Supporting Information

Additional supporting information may be found in the online version of this article.

Methods S1. Detailed Materials and Methods.

Fig. S1 Tolerance enhancement to salt stress in yeast by overexpression of SAT2.

Fig. S2 Alignment of partial length deduced amino acid sequences of maize SAT2 and SNW/SKIP homologue from *Arabidopsis*.

Fig. S3 Expression of stress-regulated genes: *RD29A* (a), *RD29B* (b) and *Cor15A* (c).

Table S1 Clones and primers for AtSKIP deletion mutants

Please note: Wiley-Blackwell are not responsible for the content or functionality of any supporting information supplied by the authors. Any queries (other than missing material) should be directed to the *New Phytologist* Central Office.



About *New Phytologist*

- *New Phytologist* is owned by a non-profit-making **charitable trust** dedicated to the promotion of plant science, facilitating projects from symposia to open access for our Tansley reviews. Complete information is available at www.newphytologist.org.
- Regular papers, Letters, Research reviews, Rapid reports and both Modelling/Theory and Methods papers are encouraged. We are committed to rapid processing, from online submission through to publication 'as-ready' via *Early View* – our average submission to decision time is just 29 days. Online-only colour is **free**, and essential print colour costs will be met if necessary. We also provide 25 offprints as well as a PDF for each article.
- For online summaries and ToC alerts, go to the website and click on 'Journal online'. You can take out a **personal subscription** to the journal for a fraction of the institutional price. Rates start at £151 in Europe/\$279 in the USA & Canada for the online edition (click on 'Subscribe' at the website).
- If you have any questions, do get in touch with Central Office (newphytol@lancaster.ac.uk; tel +44 1524 594691) or, for a local contact in North America, the US Office (newphytol@ornl.gov; tel +1 865 576 5261).



TmSR-C, scavenger receptor class C, plays a pivotal role in antifungal and antibacterial immunity in the coleopteran insect *Tenebrio molitor*



Soo Gon Kim ^{a,1}, Yong Hun Jo ^{a,1}, Jeong Hwan Seong ^a, Ki Beom Park ^a, Mi Young Noh ^a, Jun Ho Cho ^a, Hye Jin Ko ^a, Chang Eun Kim ^a, Hamisi Tindwa ^{a,b}, Bharat Bhusan Patnaik ^c, In Seok Bang ^d, Yong Seok Lee ^e, **Yeon Soo Han** ^{a,*}

^a **Division of Plant Biotechnology**, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA), College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju, 61186, Republic of Korea

^b Department of Soil and Geological Sciences, (Soil Microbiology Section), College of Agriculture, Sokoine University of Agriculture, P.O. Box 3008, Chuo Kikuu, Morogoro, Tanzania

^c School of Biotech Sciences, Trident Academy of Creative Technology (TACT), F2-B, Chandaka Industrial Estate, Chandrasekharpur, Bhubaneswar, 751024, Odisha, India

^d Department of Biological Science, Hoseo University, Asan, Republic of Korea

^e Department of Life Science and Biotechnology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University, Asan City, 336-745, Republic of Korea



ARTICLE INFO

Article history:

Received 4 July 2017

Received in revised form

15 August 2017

Accepted 24 August 2017

Available online 1 September 2017

Keywords:

Tenebrio molitor

Scavenger receptor class C

Phagocytosis

Innate immunity

Abstract

Scavenger receptors (SRs) constitute a family of membrane-bound receptors that bind to multiple ligands. The SR family of proteins is involved in removing cellular debris, oxidized low-density lipoproteins, and pathogens. Specifically, class C scavenger receptors (SR-C) have also been reported to be involved in phagocytosis of gram-positive and -negative bacteria in *Drosophila* and viruses in shrimp. However, reports are unavailable regarding the role of SR-C in antifungal immune mechanisms in insects. In this study, a full-length *Tenebrio molitor* SR-C (*TmSR-C*) sequence was obtained by 5'- and 3'-Rapid amplification of cDNA ends-polymerase chain reaction (RACE-PCR). The *TmSR-C* full-length cDNA comprised 1671 bp with 5'- and 3'-untranslated regions of 23- and 107-bp, respectively. *TmSR-C* encodes a putative protein of 556 amino acid residues that is constitutively expressed in all tissues of late instar larvae and 2-day-old adults, with the highest transcript levels observed in hemocytes of larvae and adults. *TmSR-C* mRNA showed a 2.5-fold and 3-fold increase at 24 and 6 h after infection with *Candida albicans* and β -glucan, respectively. Immunoassay with *TmSR-C* polyclonal antibody showed induction of the putative protein in the cytosols of hemocytes at 3 h after inoculation of *C. albicans*. RNA interference (RNAi)-based gene silencing and phagocytosis assays were used to understand the role of *TmSR-C* in antifungal immunity. Silencing of *TmSR-C* transcripts reduced the survivability of late instar larvae at 2 days post-inoculation of *C. albicans*, *Escherichia coli*, or *Staphylococcus aureus*. Furthermore, in *TmSR-C*-silenced larvae, there was a decline in the rate of microorganism phagocytosis. Taken together, results of this study suggest that *TmSR-C* plays a pivotal role in phagocytosing not only fungi but also gram-negative and -positive bacteria in *T. molitor*.

© 2017 Published by Elsevier Ltd.

1. Introduction

Insects lack an adaptive immune system, but a potent innate immune system efficiently protects the host against invasion by a plethora of microorganisms, including fungi, bacteria, and viruses.

Innate immunity in insects encompasses both humoral and cellular immune systems. The humoral immune system includes effector antimicrobial peptides (AMPs) (Tanji et al., 2007), which are predominantly synthesized in fat bodies and released into the hemolymph. It also includes proteins in the prophenoloxidase (proPO) cascade (Kim et al., 2008) and reactive oxygen and nitrogen species (Schmidt et al., 2001; Zhang et al., 2012). Toll and immune deficiency (IMD) pathways constitute the major humoral immune signaling pathways. These signaling pathways are initiated by

* Corresponding author.

E-mail address: hanys@jnu.ac.kr (Y.S. Han).

¹ These authors contributed equally to the work.

pattern recognition receptors (PRRs) that sense pathogen associated molecular patterns (PAMPs) such as bacterial peptidoglycan, mannose, and lipopolysaccharide (Zhang et al., 2012). In *Drosophila*, Toll pathway is activated by gram-positive bacteria and fungi, while IMD pathway is activated by gram-negative bacteria, resulting in the expression of effector AMPs drosomycin and dipterin, respectively (Kim et al., 2008). The cellular immune system (or cell-mediated immunity), on the other hand, entails phagocytosis, nodulation, and encapsulation (Lamprou et al., 2005; Mavrouli et al., 2005; Nappi et al., 2004; Schmidt et al., 2001; Sideri et al., 2008).

Scavenger receptors (SRs) constitute a family of multifunctional proteins that, on the basis of their multi-domain structures, are grouped into nine heterogeneous classes (SR-A–SR-I). Of the many functions attributed to SRs, growing evidence suggests their roles in innate immunity as PRRs, as well as their involvement in phagocytic clean-up of pathogens and other modified proteins (Areschoug and Gordon, 2009; Mukhopadhyay and Gordon, 2004). SRs have been reported to recognize a wide assortment of PAMPs, including lipopolysaccharide (LPS), lipoteichoic acid (LTA), bacterial CpG DNA, and yeast zymosan/ β -glucan (Areschoug and Gordon, 2009; Mukhopadhyay and Gordon, 2004), and to mediate non-opsonic phagocytosis of pathogenic microbes. Among the nine SR classes, scavenger receptor class A (SR-A) and class B (SR-B) have been well studied. SR-A, expressed in macrophages, contains five different subtypes, including SR-A1, macrophage receptor with collagenous structure (MARCO), cellular stress response protein 1 (CSR-1), scavenger receptor with C-type lectin (SR-CL), and scavenger receptor class A member 5 (SCARA5) (Areschoug and Gordon, 2009; Canton et al., 2013), and plays roles in non-opsonin-mediated phagocytosis (Areschoug and Gordon, 2009; Arredouani et al., 2006; Peiser et al., 2000, 2002). SR-B includes at least four members: cluster of differentiation 36 (CD36), CD163, SR-B1, and lysosome membrane protein 2 (LIMP2)-related genes. CD36, the phagocyte receptor, is expressed in macrophages and is important for the initiation of phagocytosis and Toll-like receptor (TLR) 2/6 signaling in response to *Staphylococcus aureus* infection (Areschoug and Gordon, 2009; Stuart et al., 2005). The well-studied SR-B1 is expressed in macrophages, hepatocytes, dendritic cells, and steroidogenic tissues (Murphy et al., 2005), and is considered a target receptor for hepatitis C virus (Barth et al., 2008; Dubuisson et al., 2008).

There are several studies for SRs in marine invertebrates such as shrimp and crab. *Marsupenaeus japonicus* SR-B2 (MjSR-B2) and *Portunus trituberculatus* SR-B (PtSRB) have antimicrobial functions in initiating phagocytosis and the expression of AMPs (Bi et al., 2015), and in sensing and phagocytizing bacterial pathogens (Yang et al., 2016b), respectively. Interestingly, it was also reported that MjSR-C plays a critical role in antiviral phagocytic function against white spot syndrome virus (WSSV) in shrimp (Yang et al., 2016a).

In insects, the *Drosophila* scavenger receptor class C (DmSR-C) functions as a broad polyanionic ligand binder similar to mammalian SR-A. It acts as a pattern recognition molecule with the ability to phagocytize both gram-positive and gram-negative bacteria. Generally, SR-C in insects has been implicated as a major phagocyte receptor involved in bacterial recognition (Ramet et al., 2001). With the identification of SR-C and its isoforms in invertebrates, the multidimensional facets of the receptor are becoming apparent. Apart from a few existing reports, SR-C remains an interesting gene to explore for innate immune functions in insects. This is even more significant in the case of the coleopteran insect *Tenebrio molitor*, which has been used as an efficient model to elucidate immune signaling pathways such as the Toll pathway (Jo et al., 2017; Patnaik et al., 2014; Yu et al., 2010), pro-PO

cascade (Cerenius et al., 2008), and cell-mediated immune responses (Lee et al., 2015; Tindwa et al., 2015a, 2015b).

In this study, we identified the full-length cDNA sequence of the SR-C gene from *T. molitor* and designated it as *TmSR-C*. Using quantitative PCR (qPCR), we studied the tissue-specific expression of *TmSR-C* after the inoculation of microorganisms such as *Escherichia coli*, *S. aureus*, and *Candida albicans*. Analysis of mortality assay following RNAi-based *TmSR-C* gene-silencing in hemocytes revealed that the protein was required for the survival of the insect. Further, the phagocytic activity of ds*TmSR-C*-treated *T. molitor* hemocytes against pathogens was investigated. Our findings suggest that *TmSR-C* plays a role in the phagocytosis of microorganisms such as *E. coli*, *S. aureus*, and *C. albicans*.

2. Materials and methods

2.1. Animals

Healthy *T. molitor* larvae (mealworms) were obtained from Pusan National University (Pusan, South Korea) and maintained at 26 ± 1 °C and $60 \pm 5\%$ relative humidity. The animals were reared under dark conditions and fed daily with an artificial diet. The diet contained 4.4 g of NeoVita (Samwoo median Co., Chungnam, Korea), 0.5 g of chloramphenicol (Sigma Aldrich, St. Louis, USA), 0.4 g of L-ascorbic acid (Sigma Aldrich, St. Louis, USA), 0.5 g of sorbic acid (Sigma Aldrich, St. Louis, USA), 0.5 ml of propionic acid (Sigma Aldrich, St. Louis, USA), 2.2 g of yeast dry powder (HNH, Seoul, Korea), 2.2 g of bean powder (Dongrang food, Daejeon, Korea), 7.6 g of agar (Miryang agar-agar, Miryang, Korea), 4.4 g of wheat powder (Qone, Seoul, Korea), 73.3 g of wheat bran, and 200 ml of distilled water autoclaved at 121 °C for 15 min. The animals were selected randomly for each experiment.

2.2. Microbial cultures and immune challenge of insects

The pathogenic microorganisms used in this study were *E. coli* K12 and *S. aureus* RN4220, both donated by Prof. Bok Leul Lee, Pusan National University (Pusan, South Korea), and *C. albicans* procured from Hoseo University (Asan, South Korea). Luria-Bertani (LB) broth was used for *E. coli* and *S. aureus* culture, whereas Sabouraud dextrose broth was used to culture *C. albicans*. All standard media used for culturing the microorganisms were purchased from Becton Dickinson, and Company (Franklin Lakes, USA). Cells cultured overnight were harvested, washed, and suspended in $1 \times$ phosphate buffered saline ($1 \times$ PBS, 130 mM NaCl, 7 mM Na_2HPO_4 , 3 mM $\text{NaH}_2\text{PO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$; pH 7.2). After centrifugation at $3500 \times g$ for 10 min at 4 °C, the concentration of suspended cells was measured by spectrophotometry at an optical density of 600 (OD_{600}). The cells were diluted in PBS to reach a concentration of 10^9 cells/ml of *E. coli* and *S. aureus* and 5×10^7 cells/ml of *C. albicans*.

For immune challenge experiments, a $1 \mu\text{l}$ suspension of *E. coli* (10^6 cells), *S. aureus* (10^6 cells), or *C. albicans* (5×10^4 cells) was microinjected into *T. molitor* larvae using a Picospritzer III micro-dispense system (Parker, Hollis, NH). PBS-injected *T. molitor* larvae were used as a negative control.

2.3. Full-length cDNA cloning and sequencing

Partial cDNA sequence of SR-C was obtained from *T. molitor* expressed sequence tag (EST) and RNASeq database (unpublished) and designated as *TmSR-C*. The *T. castaneum* SR-C protein sequence was used as a query for identification of *TmSR-C* using local-blastn searches. Subsequently, the full-length cDNA sequence of *TmSR-C* was obtained using a SMARTer RACE cDNA amplification kit (Clontech Laboratories, Mountain View, USA) according to

manufacturer's instructions. Briefly, the first PCR reaction was conducted using a universal primer mix and gene-specific primers (TmSR-C 5'-RACE GSP1 and TmSR-C 3'-RACE GSP1), followed by nested gene-specific primers (TmSR-C 5'-RACE GSP2 and TmSR-C 3'-RACE GSP2). A list of primers used in the RACE-PCR step is shown in Table 1. PCR was conducted under the following reaction conditions: denaturation at 94 °C for 30 s, annealing at 55 °C for 30 s, and extension at 72 °C for 30 s for 30 cycles. The nested PCR products were purified using an AccuPrep PCR purification kit (Bioneer, Daejeon, Korea), cloned into TOPO TA cloning vector (Invitrogen Corporation, Carlsbad, CA), and subsequently transformed into competent *E. coli* DH5 α cells for sequence evaluation.

2.4. Sequence analysis of TmSR-C

The deduced amino acid sequence of TmSR-C was used to analyze conserved domains and evolutionary relationships with orthologs. Domain architecture of the protein was predicted using InterProScan (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/pfa/ipscan/>) and BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>) programs (Altschul et al., 1990; Quevillon et al., 2005; Zdobnov and Apweiler, 2001). The amino acid sequences of TmSR-C orthologs were obtained by BLAST search in GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) and analyzed in ClustalX2 (Larkin et al., 2007). A phylogenetic analysis using the maximum likelihood method was constructed in MEGA (ver. 6) (Tamura et al., 2013). A percentage identity matrix was constructed using ClustalX2 (Larkin et al., 2007).

2.5. Tissue-specific distribution and expression profiles of TmSR-C

To determine the tissue-specific distribution of TmSR-C, the gut, integument, fat body, Malpighian tubules, and hemocytes from *T. molitor* late instar larvae and adult, and ovaries, and testes of adults were used (n = 3). Quantitative PCR (qPCR) method was used to investigate the temporal expression of TmSR-C mRNA after injection of *E. coli* (10⁶ cells per larvae), *S. aureus* (10⁶ cells per larvae), *C. albicans* (5 × 10⁴ cells per larvae), and β -1,3-glucan (1 μ g per larvae). The primers used for qPCR analysis are shown in Table 1. The expression of TmSR-C transcripts was evaluated at 6, 12, and 24 h after challenge with the microorganisms. Further, to

investigate hemocyte-specific expression patterns of TmSR-C, *C. albicans* (5 × 10⁴ cells per larvae) or β -1,3-glucan (1 μ g per larvae) were injected into *T. molitor* larvae. Hemocytes were isolated from *T. molitor* larvae at 1, 3, 6, 12, and 24 h after microbial injection. Hemocytes isolated from PBS-injected *T. molitor* larvae were used as a negative control. Total RNAs were immediately isolated from collected hemocytes using Trizol. cDNAs were synthesized with 1 μ g of total RNA using AccuPower RT Pre Mix (Bioneer, Daejeon, South Korea) and an Oligo (dT)_{12–18} primer on a PTC-200 PCR machine (MJ Research, USA). AccuPower 2 × Green Star qPCR master mix (Bioneer, Daejeon, South Korea) and gene-specific primers (TmSR-C qPCR Fw and Rv) were used to detect TmSR-C signals by real-time PCR (Exicycler 96, Bioneer Co., Daejeon, South Korea). qPCR was performed under conditions of initial denaturation at 95 °C for 20 s, followed by 40 cycles at 95 °C for 5 s and 60 °C for 20 s. *T. molitor* 60S ribosomal protein L27a (TmL27a; TmL27a qPCR Fw and Rv) was used as an internal control. Primers used in the qPCR studies are shown in Table 1. For the qPCR analysis, the data from three independent experiments were recorded and presented as the mean \pm SE (n = 3). The datasets were analyzed statistically using Student's *t*-test. Differences at a level of p < 0.05 were considered significant.

2.6. RNAi analysis and bioassays

TmSR-C transcripts were silenced by RNA interference (RNAi) assay using TmSR-C specific dsRNA synthesized with primers (dsTmSR-C-F and dsTmSR-C-R incorporating a T7 promoter) designed with SnapDragon dsRNA design software (http://www.flyrnai.org/cgi-bin/RNAi_find_primers.pl). Primer sequences are provided in Table 1. The primers attached to T7 oligonucleotide sequences were used to PCR amplify a 380-bp TmSR-C fragment. Partial enhanced green fluorescent protein (*EGFP*) genes were amplified from a pEGFP-C1 plasmid vector (Clontech Laboratories, CA, USA), which served as a negative control. dsRNAs for TmSR-C and *EGFP* were synthesized the same way using an AmpliScribe T7-Flash transcription kit (Epicentre Biotechnologies, Madison, USA). Then, 1 μ g of dsRNA (either TmSR-C or *EGFP*) was injected into *T. molitor* late instar larva using a disposable needle mounted on a microapplicator (Picospritzer III micro-dispense system, Parker).

Table 1
Primer sequences used in the present study.

Name	Primer sequences
TmSR-C 5'-RACE GSP1	5'- GAAAGGAGTTGTCCCACT-3'
TmSR-C 5'-RACE GSP2	5'- GAGGGTGTAAACGAGAA-3'
TmSR-C 3'-RACE GSP1	5'- GCTCCACCGACGTAGAAGAG-3'
TmSR-C 3'-RACE GSP2	5'- CGGTGTTTTGTTTCAGTGTGG-3'
TmSR-C qPCR Fw	5'- CGGTGTTTTGTTTCAGTGTGG-3'
TmSR-C qPCR Rev	5'- TCAAGAAGCGAACGTCACCTC-3'
TmL27a qPCR Fw	5'-TCATCCTGAAGGCAAAGCTCCAGT-3'
TmL27a qPCR Rev	5'-AGGTGTGTTAGGCAGGCACCTTTA-3'
TmSR-C-BamHI-Fw	5'-CGCGGATCCTTCCGCTATCCCCAGGA-3'
TmSR-C-HindIII-Rev	5'-CCCAAGCTTCACGCCGAAGACTCGATGTAG-3'
dsTmSR-C Fw	5'- <u>TAATACGACTCACTATAGGGAGA</u> ACAAGTGGTACCGAGGGTTG-3'
dsTmSR-C Rev	5'- <u>TAATACGACTCACTATAGGGAGA</u> CTCTTCTACGTCGGTGGAC-3'
dsEGFP Fw	5'- <u>TAATACGACTCACTATAGGGTAC</u> GTAACCGCCACAAGTTC-3'
dsEGFP Rev	5'- <u>TAATACGACTCACTATAGGGTTC</u> GCTCAGGTAGTGGTTGTCG-3'
<i>E. coli</i> rrn-Fw	5'-GCTACAATGGCGCATACAAA-3'
<i>E. coli</i> rrn-Rv	5'-TTCATGGAGTCGAGTTGCAG-3'
<i>S. aureus</i> Sa1S-Fw	5'-ACAAATAATAAAGGTGGC-3'
<i>S. aureus</i> Sa1A-Rv	5'-GCATGTTAATAACTCAA-3'
<i>C. albicans</i> ITS1-Fw	5'-TTTATCAACTTGTACACACAGA-3'
<i>C. albicans</i> ITS2-Rv	5'-ATCCCGCCTTACCACTACCG-3'
LM-hly-Fw	5'-CATGGCACCCACGATCT-3'
LM-hly-Rv	5'-ATCCGCGTGTTCITTTTCA-3'

※Underlining indicates T7 promotor sequences.

Treated larvae were observed for gene-silencing efficiency daily for a period of 5 consecutive days.

After confirming sufficient *TmSR-C* gene knockdown, *S. aureus* (10^6 cells), *E. coli* (10^6 cells), or *C. albicans* (5×10^4 cells) were injected into dsEGFP- and ds*TmSR-C*-treated larvae ($n = 10$), respectively. Then, larval mortality was recorded daily for five consecutive days. The experiments were conducted with three biological replications. Wilcoxon-Mann-Whitney test was used to check for statistical significance of the differences in survival rates between ds*TmSR-C* and dsEGFP-treated larval groups.

2.7. Peptide-specific antibody and recombinant protein expression

To generate polyclonal antibody (pAb), the extracellular domain peptide of *TmSR-C* was synthesized and purified (AbFrontier, Seoul, Korea). Synthesized *TmSR-C* peptide was conjugated with keyhole limpet hemocyanin (KLH) and injected into rabbits as a primary dose, followed by a series of booster immunizations based on a standard antibody production protocol. Antiserum against the *TmSR-C* peptide was purified using *TmSR-C* peptide-conjugated beads.

To confirm the specific binding of *TmSR-C* pAb, recombinant *TmSR-C* (r*TmSR-C*) was expressed in an *E. coli* system. Specific primers, including the restriction enzyme site (*TmSR-C-BamHI-Fw* and *TmSR-C-HindIII-Rev*; Table 1) was used to amplify the cDNA fragment encoding the extracellular domains of the protein. The PCR product was cloned into a pET28a expression vector (Promega, Madison, USA) and subsequently transformed into *E. coli* BL21 (DE3) cells. Cloned bacteria were selected by plating onto LB agar plates containing kanamycin, and recombinant *TmSR-C* protein was induced with 1 mM isopropyl β -D-1-thiogalactopyranoside (IPTG; Bioneer, Korea). The purified r*TmSR-C* protein and hemocyte lysates from *T. molitor* late instar larvae were used for western blot analysis. Briefly, the samples were harvested by centrifugation at $1200 \times g$ at 4°C , washed, and suspended in PBS. Protein samples were collected by homogenization followed by centrifugation at 15,000 rpm at 4°C for 15 min to remove cell debris. The concentration of the collected protein was calculated by measurement at OD₂₈₀ using an EPOCH machine (BioTek Instruments, Inc., USA). Diluted protein samples were mixed with $5 \times$ protein sample buffer (255 mM Tris-HCl [pH 6.8], 50% glycerol, 5.1% SDS, 5% β -mercaptoethanol, and 0.01% bromophenol blue) and boiled at 100°C for 5 min. Proteins were separated under denaturing conditions and were subsequently transferred to a polyvinylidene difluoride (PVDF) membrane incubated with levamisole (0.1%) to block endogenous phosphatase. Blocking was carried with 5% Difco skim milk (BD Laboratories) in Tris-buffered saline with 0.1% Tween 20 (TBST; 10 mM Tris-HCl, 150 mM NaCl, 0.1% Tween 20 [pH 7.5]) at 4°C for 1 h, followed by incubation with primary antibody against anti-*TmSR-C* antibody diluted in blocking buffer (1:5000) at 4°C for 3 h. After six washes in TBST for 10 min each, membranes were incubated with alkaline peroxidase-conjugated secondary antibody diluted in TBST (1:5000) at 4°C for 1 h. After washing the membrane, signals were detected using NBT/BCIP solution (B5655, Sigma-Aldrich Co., St. Louis, USA). Anti-His-monoclonal antibody (Applied Biological Materials Inc., Canada) and β -actin monoclonal antibody (Santa Cruz Biotechnology, Inc. U.S.A.) were used as loading controls.

2.8. Immunohistochemistry

To detect the subcellular localization of *TmSR-C* in hemocytes of larvae challenged with the fungus *C. albicans*, an immunocytochemical analysis was performed. Briefly, the hemolymph was extracted from last instar larvae and injected into an anti-coagulation buffer (98 mM NaOH, 186 mM NaCl, 12 mM EDTA, and

8.6 mM citric acid; pH 4.5) mixed with Grace's insect medium (Life Technologies, Carlsbad, USA). Hemocytes were harvested, washed, and suspended in PBS by centrifugation at $1200 \times g$ at 4°C . Suspended hemocytes were allowed to settle for 30 min on glass slides at room temperature. The hemocytes were rinsed with PBS and fixed with 4% paraformaldehyde diluted in PBS. After washing three times with PBS, hemocytes were blocked with 1% BSA in $1 \times$ PBS containing 0.1% Triton-X100 (PBT) for 1 h and then incubated with anti-*TmSR-C* pAb (1:300 in PBT) for 1 h. Following washing with PBT, the hemocytes were treated with Alexa Fluor 488-conjugated secondary antibodies (Molecular Probes, 1:300 in PBST) for 1 h. Nuclei were detected using TO-PRO-3 Iodide (Molecular Probes, 1:300 in PBS). Samples were mounted with DakoCytomation fluorescent mounting medium (Dako, Carpinteria, USA) and observed using a FluoView 500 system (Olympus, Ina, Japan).

2.9. Phagocytosis assay

To measure the *in vivo* phagocytosis rate, ds*TmSR-C*- and dsEGFP-treated larvae were immune-challenged by injections of *E. coli* (10^8 cells), *S. aureus* (10^8 cells), or *C. albicans* (10^7 cells). PBS-injected group was included as a negative control. After incubation for 5 min post injection, hemocytes were collected into anti-coagulation buffer and purified by centrifugation at $200 \times g$. Genomic DNA was isolated using a G-spin total DNA extraction kit (iNtRON Biotechnology, Inc., Korea) according to the manufacturer's instructions. The relative numbers of microorganisms (*E. coli*, *S. aureus*, or *C. albicans*) phagocytized by *Tenebrio* hemocytes were determined using a relative quantitative PCR method with primers specific for the target microorganisms (Table 1). The template DNAs were normalized using *TmL27a*.

3. Results

3.1. Molecular characterization of *TmSR-C*

The full-length cDNA sequence of *TmSR-C* (GenBank accession no. KY977453) is 1801-bp long, containing a 23-bp 5'-untranslated region (UTR), a 1671-bp open reading frame (ORF), and a 107-bp 3'-UTR. The putative protein contains 556 amino acid residues. A polyadenylation signal (AATAAA) was found 20 bp upstream of the poly (A) sequence in the 3'-UTR (Fig. 1). Two sushi domains (also called the complement control protein [CCP] or short consensus repeats [SCR]), one MAM domain (a domain in meprin, A5, receptor protein tyrosine phosphatase), one somatomedin B-like domain (SMB domain; CxCxxxCxxxxxCxxxxxC), and one transmembrane domain at the C-terminus were identified in the protein. A serine/threonine-rich sequence was found between the SMB and transmembrane domain. Four *N*-glycosylated asparagines (Asn-Xaa-Ser/Thr), putative *N*-glycosylation sites, were also found in the *TmSR-C* sequence. Further, a cleavage site between the amino acids G and W in the ORF suggests the presence of a 16-amino acid signal peptide sequence. The putative *TmSR-C* protein was found to be most similar to *Drosophila melanogaster* scavenger receptor-C-II (*DmSR-C-II*), as shown in Fig. 2. Among the four *DmSR-C* isoforms, only *DmSR-C-I* and *DmSR-C-II* showed a single-span transmembrane receptor-like structure. *DmSR-C-III* and *DmSR-C-IV* are extracellular proteins, and a domain analysis suggested that *TmSR-C* is a stable outer membrane protein involved in the recognition of several types of bacterial patterns.

A multiple sequence alignment and phylogenetic tree were constructed using SR-C protein sequences of insects in the orders Diptera, Coleoptera, Hemiptera, and Lepidoptera (Fig. 3). This revealed the evolutionary relationships between *TmSR-C* and other insect SR-Cs. As shown, insect SR-Cs are organized into four major

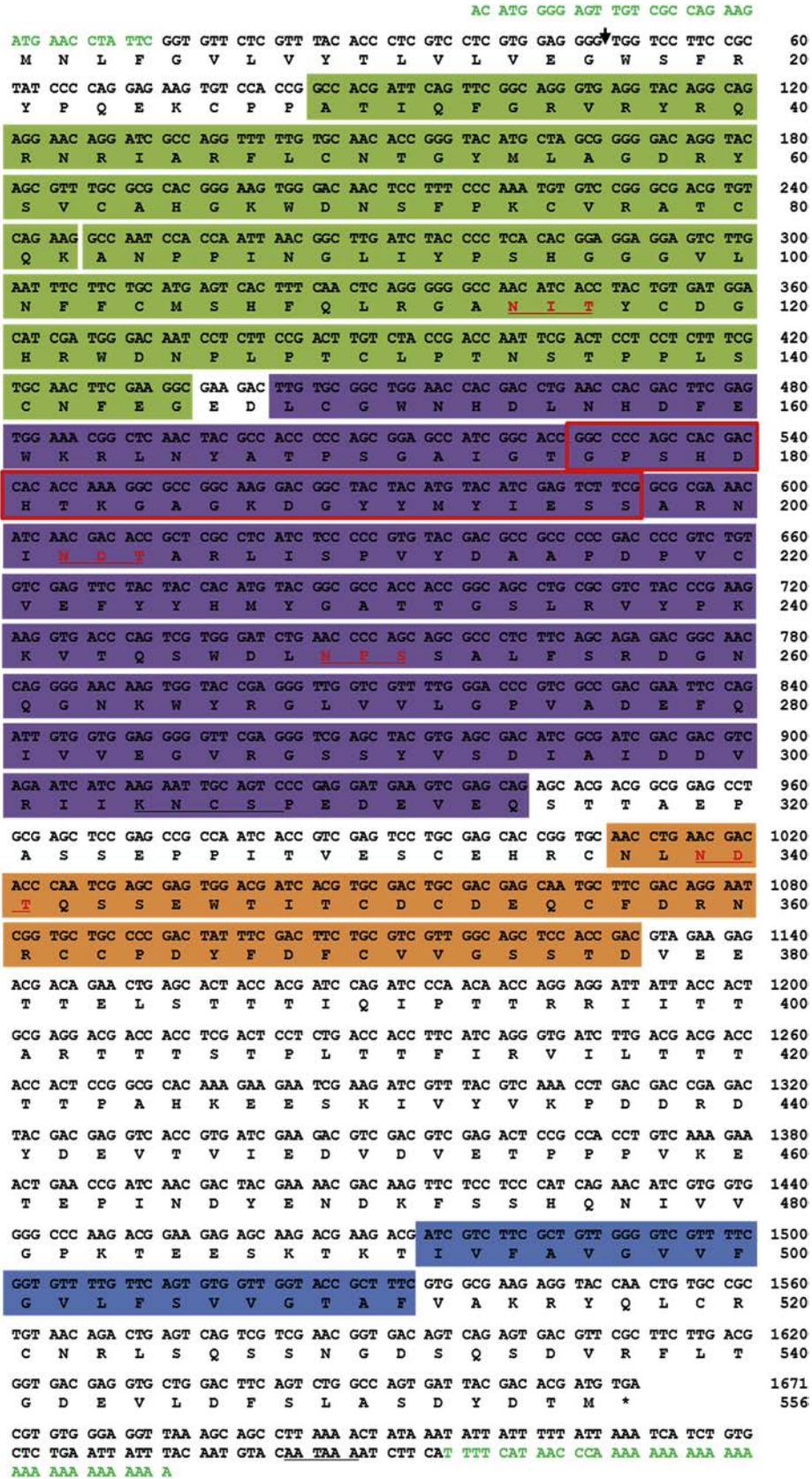


Fig. 1. Nucleotide and deduced amino acid sequences of *TmsR-C*. The open reading frame (ORF) bears a signal peptide region (cleavage site between G and W [↓]), two sushi domains (green), one MAM domain (purple), one somatomedin B-like domain (orange), and one transmembrane domain (blue). Putative *N*-glycosylated asparagines are highlighted in red. A polyadenylation signal (AATAAA) is found 83 bp downstream of the termination codon. (For interpretation of the references to colour in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

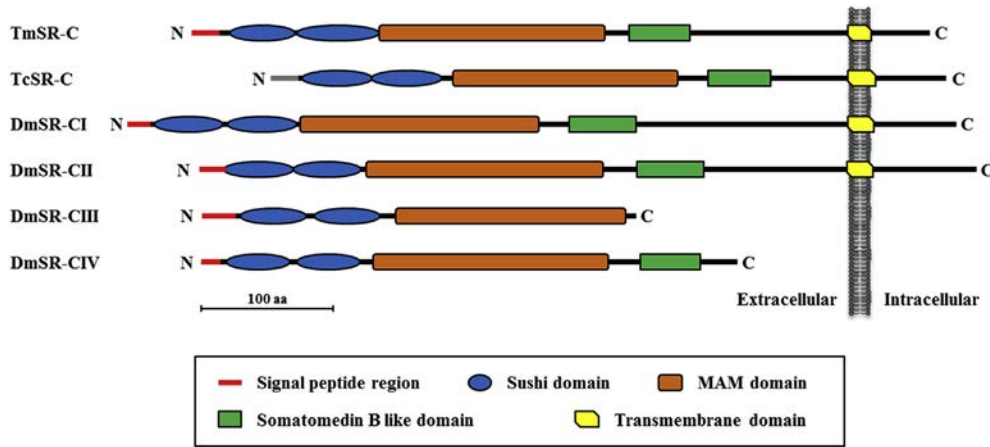


Fig. 2. Structural analysis of *TmSR-C*. The deduced amino acid sequence of *TmSR-C* was analyzed using the programs InterProScan, SignalP4.1, Phobius, and BLAST. *TmSR-C*, *TcSR-C*, *DmSR-C-I*, and *DmSR-C-II* contain a signal peptide, two sushi domains, one MAM domain, one somatomedin B-like domain, and one transmembrane domain.

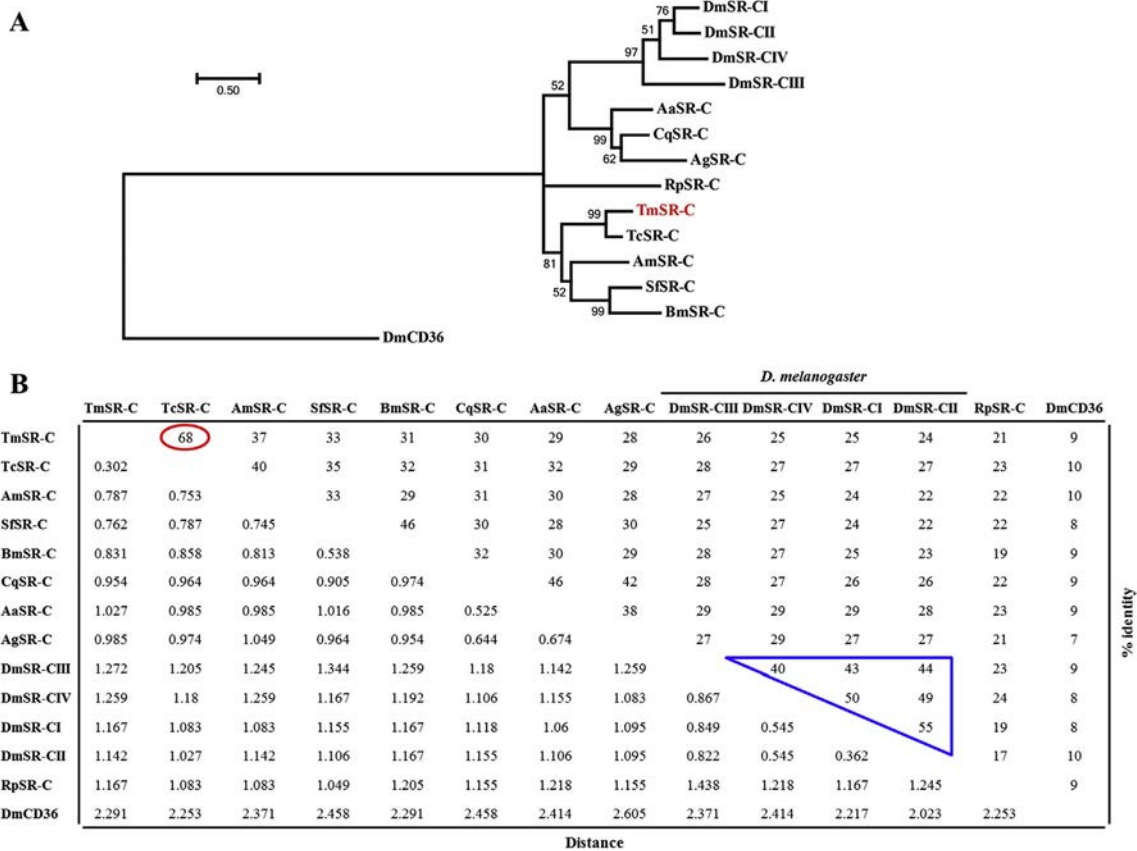


Fig. 3. Sequence analyses of *TmSR-C* and its orthologs. (A) Phylogenetic analysis of the amino acid sequences of *TmSR-C* and SR-C orthologs. Amino acid sequences of the orthologs of *TmSR-C* were obtained from GenBank, a multiple sequence alignment was obtained using ClustalX2, and a phylogenetic tree was constructed using the maximum likelihood method in MEGA 6.0. Bootstrap values generated from 1000 replications are shown at nodes. (B) Percent identity and distance matrix of eSR-C with SR-C orthologs. Maximum identities are circled. The identity between the *DmSR-C* isoforms is boxed. The orthologs are abbreviated as follows: *TmSR-C*, *T. molitor* scavenger receptor class C (KY977453); *TcSR-C*, *T. castaneum* scavenger receptor class C-like protein (XP_001812043.1); *AmSR-C*, *Apis mellifera* hypothetical protein LOC411253 (XP_394726.3); *SfSR-C*, *Spodoptera frugiperda* scavenger receptor class C-like protein (ABB92836.1); *DmSR-C-I*, *D. melanogaster* scavenger receptor class C, type I (NP_477102.1); *DmSR-C-II*, *D. melanogaster* scavenger receptor class C, type II, isoform B (NP_001188908.1); *DmSR-C-III*, *D. melanogaster* scavenger receptor class C, type III (NP_524747.1); *DmSR-C-IV*, *D. melanogaster* scavenger receptor class C, type IV (NP_608789.1); *RpSR-C*, *Riptortus pedestris* class C scavenger receptor (BAN21313.1); *CqSR-C*, *Culex quinquefasciatus* scavenger receptor class C, type I (XP_001847563.1) *AaSR-C*; *Aedes aegypti* hypothetical protein Aael_AAEL006361 (XP_001651940.1); *AgSR-C*, *Anopheles gambiae* str. PEST AGAP011974-PA (XP_320557.4); *BmSR-C*, *B. mori* scavenger receptor type C precursor (NP_001128387.1).

groups/clusters. *TmSR-C* clustered with *Tribolium castaneum* SR-C (*TcSR-C*), whereas SR-Cs in the Coleoptera order clustered together and were closely associated with another Lepidoptera

cluster. The hemipteran *Riptortus pedestris* SR-C (*RpSR-C*) formed its own clade. The predicted *TmSR-C* amino acid sequence showed highest identity (68%) with *TcSR-C*, with a minimum distance of

0.302. The identity of *TmSR-C* with other insect SR-Cs ranged 21–37%. The clustered *D. melanogaster* SR-Cs had low identity with one another (40–55%).

3.2. *TmSR-C* expression in different tissues

The expression of *TmSR-C* transcripts in *T. molitor* larval and adult tissues was analyzed by qPCR. An analysis of the tissue-specific distribution of *TmSR-C* transcripts in both life stages showed significantly higher expression ($p < 0.05$) in hemocytes compared to that in the other tissues studied. In the larval stage, the expression of *TmSR-C* transcripts in hemocytes was more than 40-fold higher than that in other tissues (Fig. 4A). *TmSR-C* expression was approximately 4-fold higher in hemocytes dissected from *T. molitor* adults than from other tissues in adults (Fig. 4B). This suggests that SR-C transcripts are mainly expressed in hemocytes, compared to other tissues.

3.3. Temporal expression patterns of *TmSR-C* after immune challenge

To identify the temporal expression patterns of *TmSR-C*, *T. molitor* late instar larvae were challenged with *E. coli*, *S. aureus*, *C. albicans*, or fungal cell-surface protein β -1,3-glucan. The qPCR analysis showed that *TmSR-C* was down-regulated (0.4-fold) at 6 h post-challenge with *E. coli* (Fig. 5A). Upon challenge with *S. aureus*, *TmSR-C* was significantly ($p < 0.05$) down-regulated after 12 h (Fig. 5B). The temporal expression pattern also showed that *TmSR-C* was specifically induced at 24 h post-challenge with *C. albicans* (Fig. 5C) and was highly expressed at 6 h post-injection with β -1,3-glucan (Fig. 5D). Because of the clear trend of upregulation of *TmSR-C*

C transcripts after challenge with the fungus *C. albicans* and fungal cell-surface molecule β -1,3-glucan, we attempted to understand the expression of these transcripts in hemocytes (Fig. 5E). Results of the qRT-PCR analysis showed that *TmSR-C* was significantly induced by *C. albicans* and β -1,3-glucan in hemocytes. Interestingly, in hemocytes, *TmSR-C* expression was highly induced at 3 h following injection of both β -1,3-glucan and *C. albicans*, and transcript levels decreased thereafter.

3.4. Polyclonal antibody generation and subcellular localization of *TmSR-C* in hemocytes

To confirm the subcellular localization of *TmSR-C* in hemocytes, a peptide-based *TmSR-C* polyclonal antibody was generated in a rabbit. The antibody was used to confirm r*TmSR-C* expression using a pET28a plasmid and bacterial expression system. r*TmSR-C* (~23 kDa) and putative native *TmSR-C* protein (~90 kDa) signals were detected by western transfer and subsequent immunoblotting with *TmSR-C* pAb (Fig. 6A).

The subcellular localization of *TmSR-C* in hemocytes collected from *C. albicans*-challenged *T. molitor* late instar larvae was observed by confocal microscopy. *TmSR-C* was strongly induced in the cytosol at 3 h post injection of *C. albicans*, relative to that of the uninjected control (Fig. 6B). We presume, therefore, that *TmSR-C* protein was involved in phagocytosis after challenge with *C. albicans*, which resulted in strong signals in the cytosol.

3.5. RNAi and mortality analysis

To investigate the function of *TmSR-C* in response to infection by pathogenic microorganisms, an RNAi study was conducted. The RNAi silencing efficiency of *TmSR-C* transcripts in whole larvae was over 90% ($p < 0.05$) (Fig. 7A). ds*TmSR-C* at a concentration of 1 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ per larva was found sufficient to significantly silence *TmSR-C* transcripts. Mortalities of 90 and 70% following immune challenge by *E. coli* and *S. aureus*, respectively, were observed in *TmSR-C* silenced larvae (Fig. 7B and C). In the larval group challenged with *C. albicans*, 100% mortality was observed within 2 days of challenge (Fig. 7D). Increased mortality of *TmSR-C*-silenced individuals following immune challenge by gram-positive and gram-negative bacterial and fungal infections indicate that transcript of this protein are required for immune function in this insect.

3.6. *TmSR-C* functions in the phagocytosis of microorganisms in *T. molitor*

To further investigate the potential phagocytic role of *TmSR-C* in *T. molitor* hemocytes, we analyzed the rate of phagocytosis in hemocytes of *TmSR-C* silenced larvae as compared to dsEGFP-treated larvae. qPCR analysis revealed that silencing of *TmSR-C* decreased the ratio of phagocytosed microorganisms (Fig. 8). Compared to the dsEGFP-treated larvae, the phagocytic rate in ds*TmSR-C* was significantly ($p < 0.05$) reduced to 37, 28, and 55% after challenge with *E. coli* (Fig. 8A), *S. aureus* (Fig. 8B), and *C. albicans* (Fig. 8C), respectively.

4. Discussion

This study was conducted to identify the immune functions of *TmSR-C* in *T. molitor*. The study was based on the hypothesis that *TmSR-C* may be a required phagocytic receptor for bacteria- and fungus-specific ligands on hemocytes in *T. molitor*. We found that silencing of *TmSR-C* transcripts inhibited phagocytosis of microorganisms. Hence, we speculate that *TmSR-C* promotes phagocytosis and inhibits the multiplication of microorganisms in the insect. The

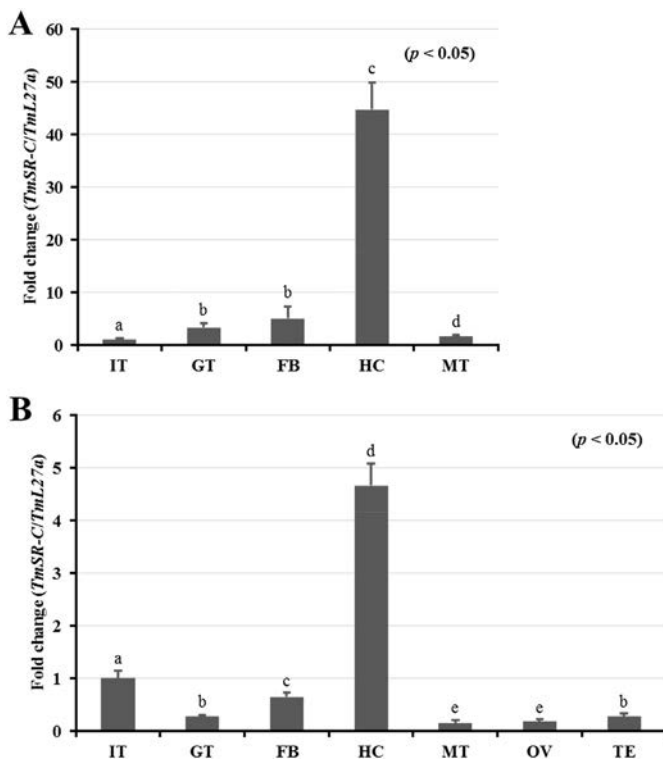


Fig. 4. Tissue-specific expression patterns of *TmSR-C*. Relative expression of *TmSR-C* mRNA in tissues from late instar larvae (A) and 2-day-old adults. *TmL27a* served as internal control to normalize the concentration of templates between samples. Vertical bars represent standard errors ($n = 3$). IT, integument; FB, fat body; MT, Malpighian tubule; HC, hemocyte; OV, ovary; TE, testis.

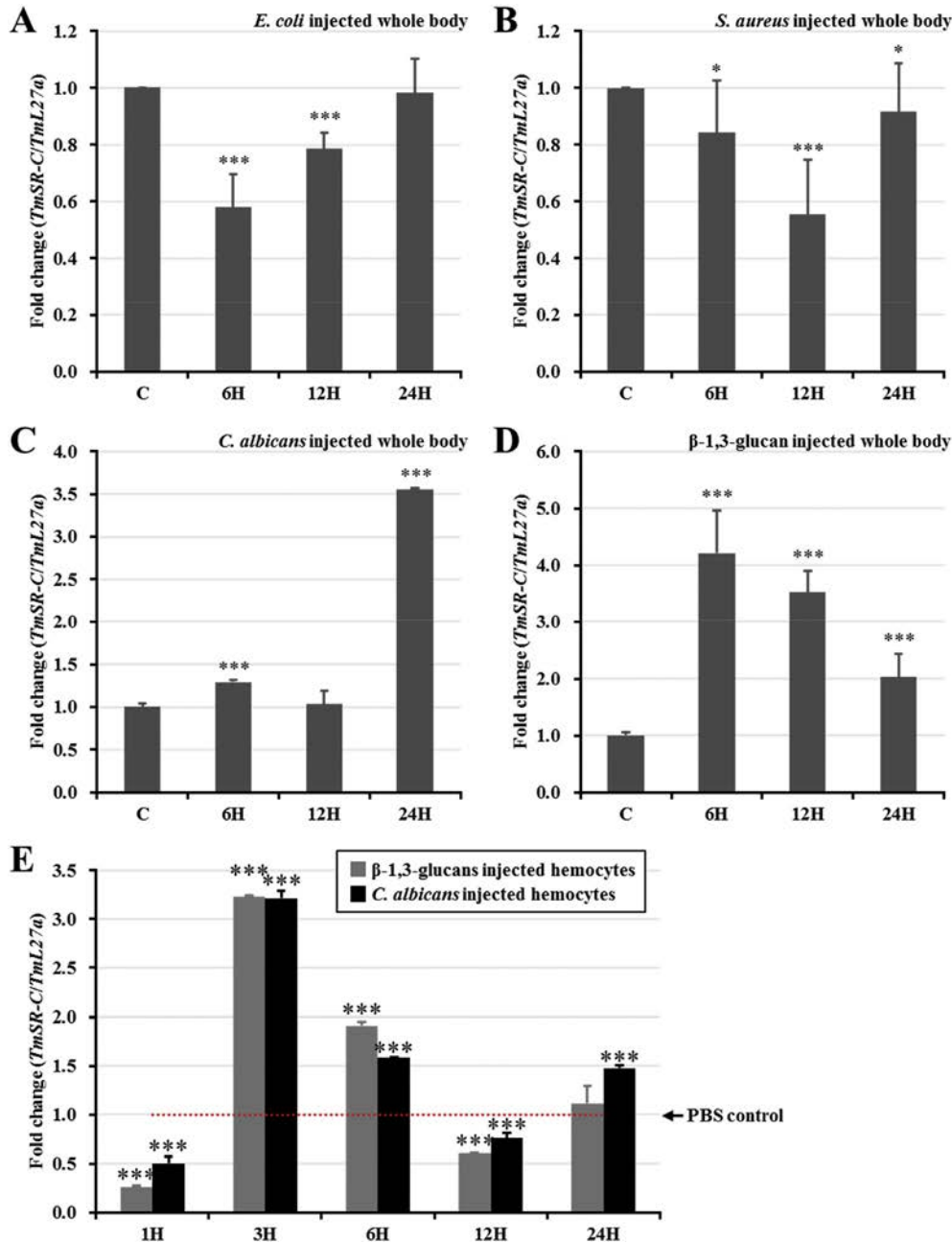


Fig. 5. Time-course expression analysis of *TmSR-C* after challenge with (A) *E. coli* (B) *S. aureus* (C) *C. albicans*, or (D) β -1,3-glucan. Pathogen-dependent expression patterns were measured by qPCR with cDNA synthesized from *T. molitor* late instar larval whole bodies and 6, 12, and 24 h after pathogens were injected. “C” indicates the uninjected control. (E) Hemocyte-specific expression patterns of *TmSR-C* after *C. albicans* and β -1,3-glucan challenge. Hemocytes were isolated after injecting *C. albicans* and β -1,3-glucan at 1, 3, 6, 12, or 24 h *TmL27a*-specific primers were used for an internal control to calculate relative expression using the delta-delta-Ct method. PBS-injected *T. molitor* larvae were used as a negative control. *TmSR-C* expression, induced by injecting β -1,3-glucan (gray) and *C. albicans* (black), was normalized by a PBS-injected control (dot line). The data from three biological replications were recorded and are represented as the mean \pm SE. The data were significant at $p < 0.05$.

mechanistic pathway through which phagocytosis is promoted by *TmSR-C* should be studied further.

The *TmSR-C* identified in this study showed structural similarity with the *D. melanogaster* SR-C isoform II receptor, *DmSR-C-II*. The extracellular arm of *DmSR-C-II* is shorter than that of *DmSR-C-I*, although both the SR-C isoforms and *TmSR-C* contain a signal peptide region, sushi domain, MAM domain, somatomedin B-like domain, and transmembrane domain. The two sushi domains (CCP domain) and MAM domain were shown to be sufficient for binding of *DmSR-C-I* to bacterial ligands *in vitro* (Ramet et al., 2001). While the sushi domain promotes the formation of oligomers, the MAM

domain mediates protein-protein interactions (Cismasiu et al., 2004; Niranjana et al., 2016). *TmSR-C* showed high amino acid sequence identity with *TcSR-C*. This was confirmed by a phylogenetic analysis of *TmSR-C* and other insect SR-C genes, in which *TmSR-C* and *TcSR-C* were placed in a single branch with high bootstrap values.

TmSR-C transcripts were constitutively expressed in all developmental stages and tissues in *T. molitor*. However, these transcripts were conspicuously expressed in hemocytes. In another study, *MjSR-C*, the shrimp SR-C, was also found to be expressed in hemocytes, and the arrestin protein was found to be responsible for

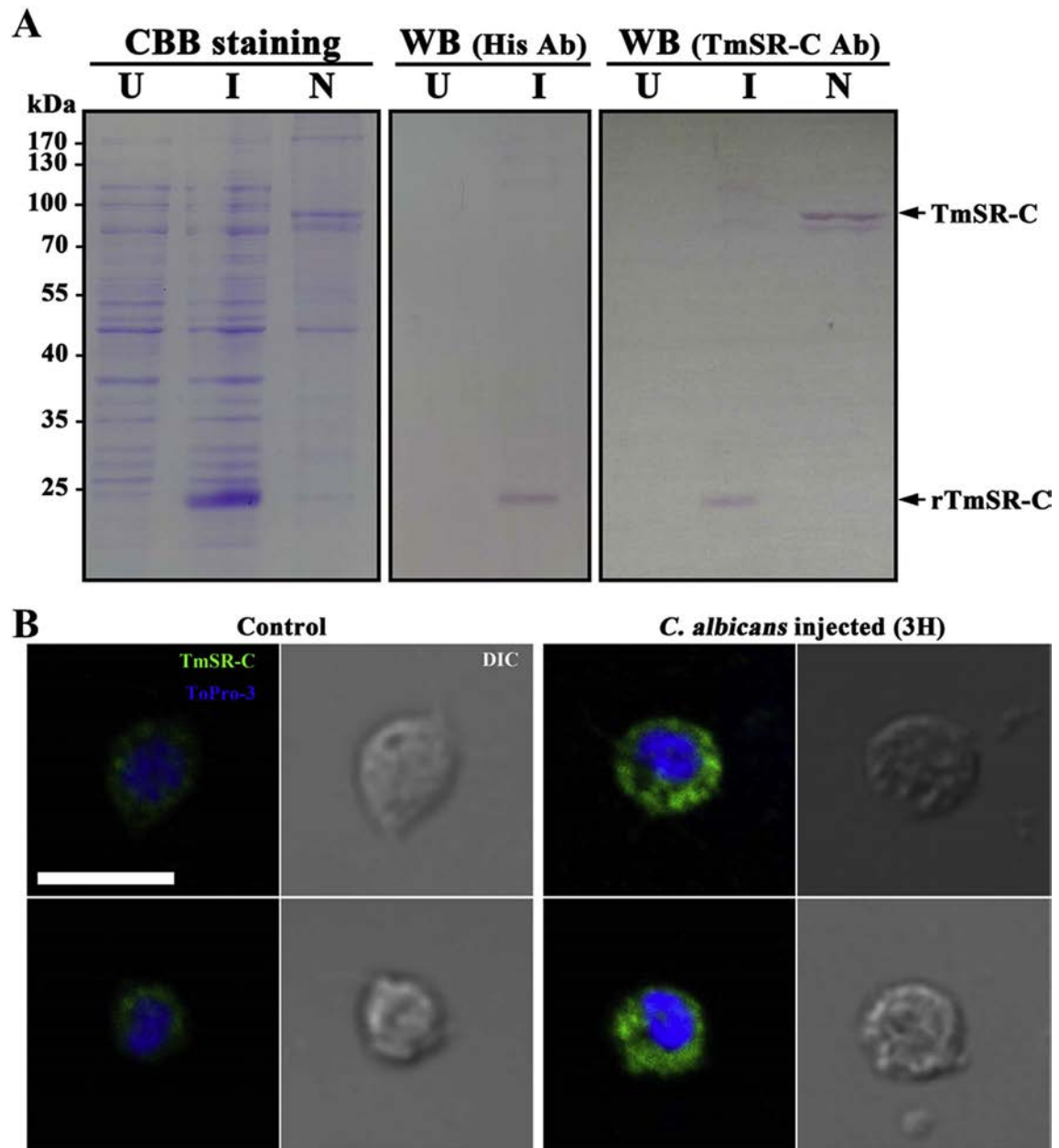


Fig. 6. *TmSR-C* antibody specificity (A) and confocal microscopic analysis of *TmSR-C* (B). (A) Polyclonal *TmSR-C* antibody specificity was assayed using recombinant *TmSR-C* (r*TmSR-C*) protein expressed in an *E. coli* expression system with pET28a + plasmid. Western blot analysis with anti-His mAb used as a positive control. U, uninduced competent cell lysates; I, IPTG-induced cell lysates; N: native hemolymph lysates. (B) Hemocytes were isolated from *C. albicans*-challenged *T. molitor* late instar larvae 3 h after infection. *TmSR-C* (green) was detected using anti-*TmSR-C* polyclonal antibody. Nuclei were detected using TO-PRO-3 iodide (blue signal). Scale bar = 10 μ m. (For interpretation of the references to colour in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

clathrin-mediated endocytosis of WSSV (Yang et al., 2016a). Further, a high level of *TmSR-C* expression in hemocytes is related to faster response to microbial pathogens. We conducted a time-course experiment and quantified *TmSR-C* transcripts using qPCR after challenge of the insect with bacterial and fungal isolates and a cell surface carbohydrate. This was done in order to understand *TmSR-C* expression in response to multiple ligands. Surprisingly, high levels of *TmSR-C* expression were observed in *T. molitor* larvae challenged with the *C. albicans* and the fungal cell surface carbohydrate β -1,3-glucan. Although the binding affinity of SR-C protein for polyanionic ligands has been reported for *DmSR-C-I*, the high affinity towards fungal isolates is shown for the first time in this study. Earlier, SCARF1 (scavenger receptor class F, member 1) was

found to mediate recognition of the yeast *Cryptococcus neoformans* and induce antifungal peptides in the nematode *Caenorhabditis elegans* (Means, 2010). qPCR analysis of specific tissues of the insect after challenge with *C. albicans* and β -1,3-glucan showed that both the fungus and the molecule were sufficient to elicit *TmSR-C* expression.

Detection of r*TmSR-C* using *TmSR-C* polyclonal antibody suggested that the antiserum would be useful for determining the subcellular localization of *TmSR-C* in hemocytes. The induction of *TmSR-C* protein in the cytosol of hemocytes 3 h post-infection with *C. albicans* suggested phagocytosis of the fungus.

Significant mortality in *TmSR-C* silenced larvae relative to that in negative control larvae (ds*EGFP*) 2 days after infection with

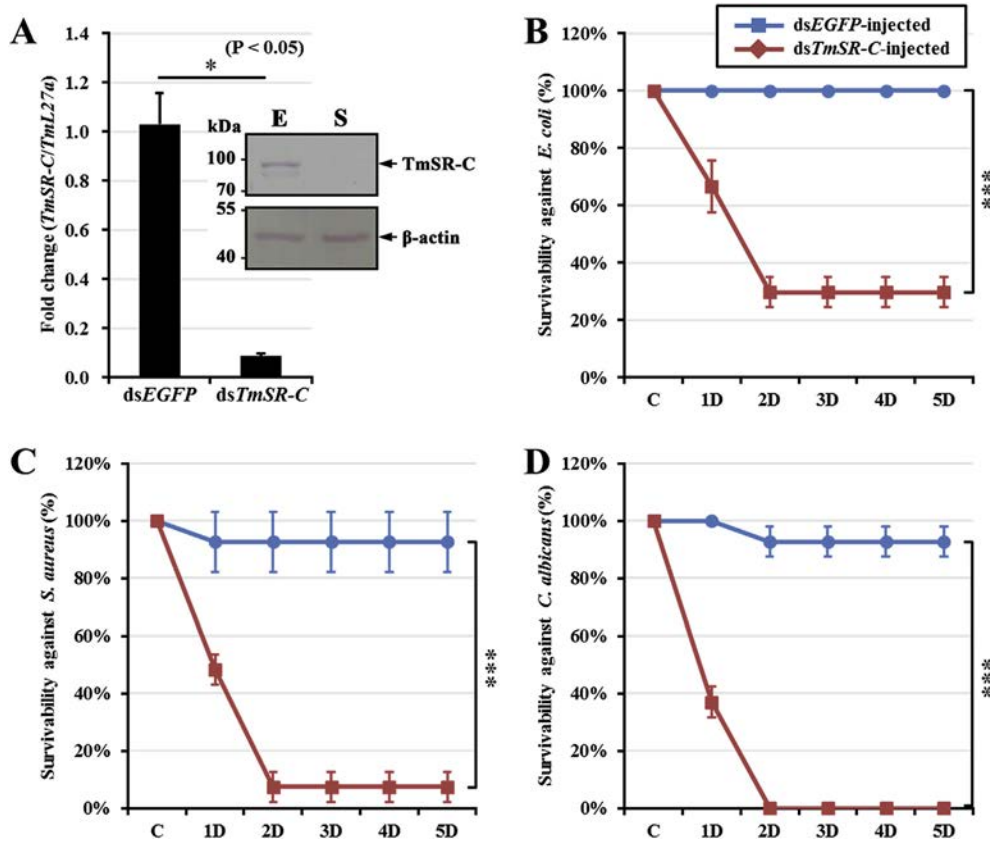


Fig. 7. RNA interference-based functional study of *TmSR-C* in *T. molitor* larvae. (A) Efficiency of ds*TmSR-C* treatment and *TmSR-C* mRNA levels in dsEGFP- and ds*TmSR-C* injected larvae monitored by qPCR. *TmSR-C* protein induction analyzed by western blot, with anti-*TmSR-C* pAb and β -actin mAb used as loading controls. The data represent the mean \pm SE of three independent biological replicates. (B–D) The time-dependent survival rate of *Tenebrio* larvae after inoculation of *E. coli* (B), *S. aureus* (C), or *C. albicans* (D) into ds*TmSR-C*-treated *T. molitor* larvae was examined and mortality recorded until 5 days after injection. E, dsEGFP-treated *T. molitor* larval hemocytes; S, ds*TmSR-C*-treated *T. molitor* larval hemocytes.

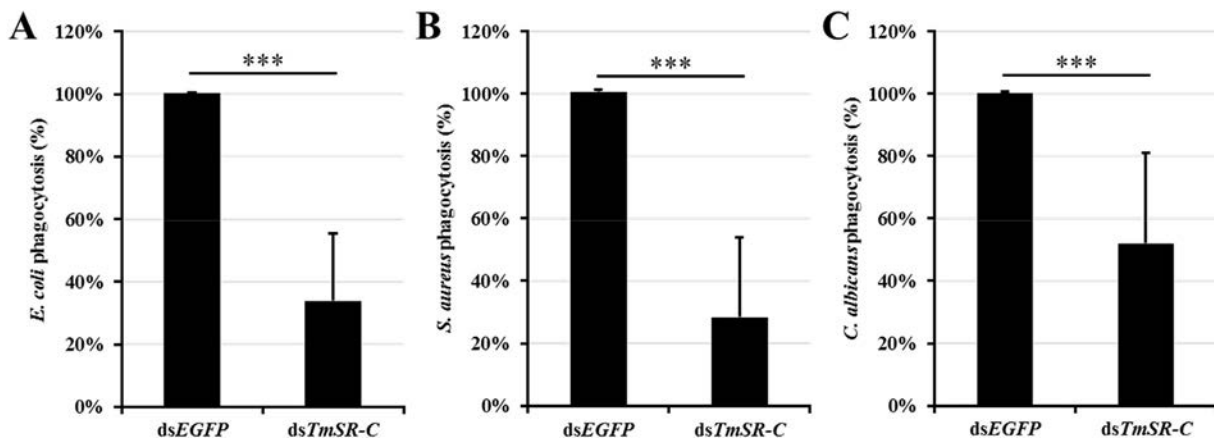


Fig. 8. Phagocytosis assay of pathogenic microorganisms by ds*TmSR-C*-treated *T. molitor* larvae. Phagocytosed microorganisms, (A) *E. coli*, (B) *S. aureus*, and (C) *C. albicans*, were detected by qPCR with microorganism-specific primers. The results show that the ratio of phagocytosed microorganisms decreased in the ds*TmSR-C*-treated group relative to that in the dsEGFP-injected group.

microorganisms suggested an innate immune function for these transcripts. In *Drosophila* S2 cells, *DmSR-C-I* was found to mediate the endocytic dsRNA uptake (Ulvila et al., 2006). Further, in *TmSR-C* silenced conditions, the ratio of phagocytosed microorganisms was significantly less than that in the control. The rates of *E. coli* and

S. aureus phagocytosis were also considerably less in the *TmSR-C* silenced condition. The rate of phagocytosis of the fungus *C. albicans* was reduced to 50% in the *TmSR-C* silenced individuals. Results of the qPCR analysis indicated a possible role for *TmSR-C* in phagocytosis and innate immunity. Previously, Ramet et al. (2001)

emphasized that *DmSR-C-I* contributes to phagocytosis of gram-negative and gram-positive bacteria, but not of yeast (Ramet et al., 2001). Although not reported, it is possible that one of the other *Drosophila* SR-Cs, such as *DmSR-C-II*, *DmSR-C-III*, or *DmSR-C-IV* is involved in fungal recognition and phagocytosis. In the cases of other SR-Cs such as *TmSR-C* in insects where only one SR-C has been identified, phagocytosis of both bacterial and fungal ligands is possible. In this context, our finding that *TmSR-C* is necessary for the efficient phagocytosis of bacteria and fungi are novel. Although the exact mechanism of phagocytosis remains unclear, it could be speculated that, like other pathogen recognition receptors such as SR-A, Toll, and G-protein coupled receptors (GPCRs), *TmSR-C* may get oligomerized upon recognition of pathogens and be internalized to the cytosol. The intracellular signaling components of *TmSR-C* should be explored in further detail.

5. Conclusions

This was a novel study to characterize the immune function of *TmSR-C* using RNA interference and qPCR assays. We found that *TmSR-C* functions in the phagocytosis of bacterial and fungal pathogens. SR-C was identified using a *T. molitor* RNA-Seq database and characterized using a bioinformatics approach. The characteristic sushi and MAM domains are likely responsible for ligand binding. A high amino acid sequence similarity with *TcSR-C* was observed, and high expression of *TmSR-C* mRNA was observed in hemocytes. Silencing of the *TmSR-C* transcripts strongly increased microbial susceptibility. This is because *TmSR-C* is required for binding to microbial ligands and internalizing the pathogens. Overall, our results suggest that *TmSR-C* plays a critical role in antibacterial and antifungal immunity in *T. molitor*.

Acknowledgements

This work was supported by the Basic Science Research Program of the National Research Foundation of Korea, which is funded by the Ministry of Science, ICT and Future Planning [grant number 2015R1A2A2A01005301].

Appendix A. Supplementary data

Supplementary data related to this article can be found at <http://dx.doi.org/10.1016/j.ibmb.2017.08.007>.

References

- Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W., Lipman, D.J., 1990. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215, 403–410.
- Areschoug, T., Gordon, S., 2009. Scavenger receptors: role in innate immunity and microbial pathogenesis. *Cell Microbiol.* 11, 1160–1169.
- Arredouani, M.S., Yang, Z., Imrich, A., Ning, Y., Qin, G., Kobzik, L., 2006. The macrophage scavenger receptor SR-A/II and lung defense against pneumococci and particles. *Am. J. Respir. Cell Mol. Biol.* 35, 474–478.
- Barth, H., Schnober, E.K., Neumann-Haefelin, C., Thumann, C., Zeisel, M.B., Diepolder, H.M., Hu, Z.Y., Liang, T.J., Blum, H.E., Thimme, R., Lambot, M., Baumert, T.F., 2008. Scavenger receptor class B is required for hepatitis C virus uptake and cross-presentation by human dendritic cells. *J. Virol.* 82, 3466–3479.
- Bi, W.J., Li, D.X., Xu, Y.H., Xu, S., Li, J., Zhao, X.F., Wang, J.X., 2015. Scavenger receptor B protects shrimp from bacteria by enhancing phagocytosis and regulating expression of antimicrobial peptides. *Dev. Comp. Immunol.* 51, 10–21.
- Canton, J., Neculai, D., Grinstein, S., 2013. Scavenger receptors in homeostasis and immunity. *Nat. Rev. Immunol.* 13, 621–634.
- Cerenius, L., Lee, B.L., Soderhall, K., 2008. The proPO-system: pros and cons for its role in invertebrate immunity. *Trends Immunol.* 29, 263–271.
- Cismasiu, V.B., Denes, S.A., Reilander, H., Michel, H., Szedlacek, S.E., 2004. The MAM (meprin/A5-protein/PTPmu) domain is a homophilic binding site promoting the lateral dimerization of receptor-like protein-tyrosine phosphatase mu. *J. Biol. Chem.* 279, 26922–26931.
- Dubuisson, J., Helle, F., Cocquerel, L., 2008. Early steps of the hepatitis C virus life cycle. *Cell Microbiol.* 10, 821–827.
- Jo, Y.H., Kim, Y.J., Park, K.B., Seong, J.H., Kim, S.G., Park, S., Noh, M.Y., Lee, Y.S., Han, Y.S., 2017. TmCactin plays an important role in Gram-negative and -positive bacterial infection by regulating expression of 7 AMP genes in *Tenebrio molitor*. *Sci. Rep.* 7, 46459.
- Kim, C.H., Park, F.W., Ha, N.C., Kang, H.J., Lee, B.L., 2008. Innate immune response in insects: recognition of bacterial peptidoglycan and amplification of its recognition signal. *Bmb Rep.* 41, 93–101.
- Lamprou, I., Tsakas, S., Theodorou, G.L., Karakantza, M., Lampropoulou, M., Marmaras, V.J., 2005. Uptake of LPS/E. coli/latex beads via distinct signalling pathways in medfly hemocytes: the role of MAP kinases activation and protein secretion. *Biochim. Biophys. Acta* 1744, 1–10.
- Larkin, M.A., Blackshields, G., Brown, N.P., Chenna, R., McGettigan, P.A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I.M., Wilm, A., Lopez, R., Thompson, J.D., Gibson, T.J., Higgins, D.G., 2007. Clustal W and clustal X version 2.0. *Bioinformatics* 23, 2947–2948.
- Lee, J.H., Jo, Y.H., Patnaik, B.B., Park, K.B., Tindwa, H., Seo, G.W., Chandrasekar, R., Lee, Y.S., Han, Y.S., 2015. Cloning, expression analysis, and RNA interference study of a HORMA domain containing autophagy-related gene 13 (ATG13) from the coleopteran beetle, *Tenebrio molitor*. *Front. Physiol.* 6, 180.
- Mavrouli, M.D., Tsakas, S., Theodorou, G.L., Lampropoulou, M., Marmaras, V.J., 2005. MAP kinases mediate phagocytosis and melanization via prophenoloxidase activation in medfly hemocytes. *Biochim. Biophys. Acta* 1744, 145–156.
- Means, T.K., 2010. Fungal pathogen recognition by scavenger receptors in nematodes and mammals. *Virulence* 1, 37–41.
- Mukhopadhyay, S., Gordon, S., 2004. The role of scavenger receptors in pathogen recognition and innate immunity. *Immunobiology* 209, 39–49.
- Murphy, J.E., Tedbury, P.R., Homer-Vanniasinkam, S., Walker, J.H., Ponnambalam, S., 2005. Biochemistry and cell biology of mammalian scavenger receptors. *Atherosclerosis* 182, 1–15.
- Nappi, A.J., Vass, E., Malagoli, D., Carton, Y., 2004. The effects of parasite-derived immune-suppressive factors on the cellular innate immune and autoimmune responses of *Drosophila melanogaster*. *J. Parasitol.* 90, 1139–1149.
- Niranjan, S.K., Goyal, S., Dubey, P.K., Vohra, V., Singh, S., Kathiravan, P., Kataria, R.S., 2016. Molecular characterization of buffalo haptoglobin: sequence based structural comparison indicates convergent evolution between ruminants and human. *Anim. Biotechnol.* 27, 30–37.
- Patnaik, B.B., Patnaik, H.H., Seo, G.W., Jo, Y.H., Lee, Y.S., Lee, B.L., Han, Y.S., 2014. Gene structure, cDNA characterization and RNAi-based functional analysis of a myeloid differentiation factor 88 homolog in *Tenebrio molitor* larvae exposed to *Staphylococcus aureus* infection. *Dev. Comp. Immunol.* 46, 208–221.
- Peiser, L., De Wintter, M.P., Makepeace, K., Hollinshead, M., Coull, P., Plested, J., Kodama, T., Moxon, E.R., Gordon, S., 2002. The class A macrophage scavenger receptor is a major pattern recognition receptor for *Neisseria meningitidis* which is independent of lipopolysaccharide and not required for secretory responses. *Infect. Immun.* 70, 5346–5354.
- Peiser, L., Gough, P.J., Kodama, T., Gordon, S., 2000. Macrophage class A scavenger receptor-mediated phagocytosis of *Escherichia coli*: role of cell heterogeneity, microbial strain, and culture conditions in vitro. *Infect. Immun.* 68, 1953–1963.
- Quevillon, E., Silventoinen, V., Pillai, S., Harte, N., Mulder, N., Apweiler, R., Lopez, R., 2005. InterProScan: protein domains identifier. *Nucleic Acids Res.* 33, W116–W120.
- Ramet, M., Pearson, A., Manfrulli, P., Li, X., Koziel, H., Gobel, V., Chung, E., Krieger, M., Ezekowitz, R.A., 2001. *Drosophila* scavenger receptor Cl is a pattern recognition receptor for bacteria. *Immunity* 15, 1027–1038.
- Schmidt, O., Theopold, U., Strand, M., 2001. Innate immunity and its evasion and suppression by hymenopteran endoparasitoids. *Bioessays* 23, 344–351.
- Sideri, M., Tsakas, S., Markoutsas, E., Lampropoulou, M., Marmaras, V.J., 2008. Innate immunity in insects: surface-associated dopa decarboxylase-dependent pathways regulate phagocytosis, nodulation and melanization in medfly hemocytes. *Immunology* 123, 528–537.
- Stuart, L.M., Deng, J., Silver, J.M., Takahashi, K., Tseng, A.A., Hennessy, E.J., Ezekowitz, R.A., Moore, K.J., 2005. Response to *Staphylococcus aureus* requires CD36-mediated phagocytosis triggered by the COOH-terminal cytoplasmic domain. *J. Cell Biol.* 170, 477–485.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipiński, A., Kumar, S., 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30, 2725–2729.
- Tanji, T., Hu, X., Weber, A.N., Ip, Y.T., 2007. Toll and IMD pathways synergistically activate an innate immune response in *Drosophila melanogaster*. *Mol. Cell Biol.* 27, 4578–4588.
- Tindwa, H., Jo, Y.H., Patnaik, B.B., Lee, Y.S., Kang, S.S., Han, Y.S., 2015a. Molecular cloning and characterization of autophagy-related gene TmATG8 in *Listeria*-invaded hemocytes of *Tenebrio molitor*. *Dev. Comp. Immunol.* 51, 88–98.
- Tindwa, H., Jo, Y.H., Patnaik, B.B., Noh, M.Y., Kim, D.H., Kim, I., Han, Y.S., Lee, Y.S., Lee, B.L., Kim, N.J., 2015b. Depletion of autophagy-related genes ATG3 and ATG5 in *Tenebrio molitor* leads to decreased survivability against an intracellular pathogen, *Listeria monocytogenes*. *Archives insect Biochem. physiology* 88, 85–99.
- Ulvila, J., Parikka, M., Kleino, A., Sormunen, R., Ezekowitz, R.A., Kocks, C., Ramet, M., 2006. Double-stranded RNA is internalized by scavenger receptor-mediated endocytosis in *Drosophila* S2 cells. *J. Biol. Chem.* 281, 14370–14375.
- Yang, M.C., Shi, X.Z., Yang, H.T., Sun, J.J., Xu, L., Wang, X.W., Zhao, X.F., Wang, J.X., 2016a. Scavenger receptor C mediates phagocytosis of white spot syndrome virus and restricts virus proliferation in shrimp. *PLoS Pathog.* 12.
- Yang, N., Zhang, D.F., Tao, Z., Li, M., Zhou, S.M., Wang, G.L., 2016b. Identification of a

- novel class B scavenger receptor homologue in *Portunus trituberculatus*: molecular cloning and microbial ligand binding. *Fish. Shellfish Immunol.* 58, 73–81.
- Yu, Y., Park, J.W., Kwon, H.M., Hwang, H.O., Jang, I.H., Masuda, A., Kurokawa, K., Nakayama, H., Lee, W.J., Dohmae, N., Zhang, J., Lee, B.L., 2010. Diversity of innate immune recognition mechanism for bacterial polymeric meso-diaminopimelic acid-type peptidoglycan in insects. *J. Biol. Chem.* 285, 32937–32945.
- Zdobnov, E.M., Apweiler, R., 2001. InterProScan - an integration platform for the signature-recognition methods in InterPro. *Bioinformatics* 17, 847–848.
- Zhang, Z., Long, Q.X., Xie, J.P., 2012. Roles of peptidoglycan recognition protein (PGRP) in immunity and implications for novel anti-infective measures. *Crit. Rev. Eukaryot. Gene Expr.* 22, 259–268.

Ⅲ. 연구역량 영역

1. 참여교수 연구역량

1.3 교육연구팀의 연구역량 향상 계획

1.3 교육연구팀의 연구역량 향상 계획

▶ 교육연구팀 국제저명학술지 우수 논문 향상 계획

- 교육연구팀 참여 교수간의 공동연구와 국제 연구기관의 우수 연구자와의 공동연구를 통하여 연구의 질적 향상을 도모할 것임.
- 강훈승 교수
 - 최근 동식물 분야에서 크게 관심을 받고 있는 RNA 메틸화가 식물 생육 및 스트레스 반응에 관여하는 기능을 규명하는 연구를 국내외 우수연구자와의 공동연구를 통하여 연구역량을 향상시킬 계획임.
 - RNA 메틸화 조절에 관여하는 miRNA의 역할을 밝히기 위해, miRNA biogenesis에 관여하는 유전자 돌연변이체를 분석하는 연구를 연세대학교 양성욱 교수와 공동으로 수행하여, RNA 메틸화-miRNA 상호 연관성을 깊이 규명하고 Nucleic Acid Research 등 우수 저널에 논문을 발표할 것임.
 - RNA 메틸화가 식물 생육 및 스트레스 반응에 관여하는 기능을 밝히는 연구를 영국 University of Nottingham의 Rupert Fray 교수와 공동으로 수행하여, RNA 메틸화에 관여하는 writer들의 기능을 깊이 규명하고 Plant Cell 등 우수 저널에 논문을 발표할 것임.
 - 스트레스 하에서 RNA 메틸화가 어떻게 변하는지를 Met-IP-RNA-seq 등 기법을 이용하여 National University of Singapore의 Hao Yu 교수와 공동으로 수행하고 그 결과를 Molecular Plant 등 우수 저널에 논문을 발표할 것임.
 - 스트레스 반응 중에 RNA 메틸화가 스트레스 반응에 관여하는 유전자들의 발현, 안정성 및 변형과정에 어떻게 영향을 미치는지를 규명하는 연구를 중국 Jangsu Normal University의 Xu Tao 교수 연구진과 공동으로 수행하여 Nature Communication 등 우수 저널에 논문을 발표할 것임.
 - 다양한 환경 스트레스 가운데 특히 최근 가장 중요한 문제로 다가오고 있는 가뭄 스트레스 반응에 관여하는 유전자들의 기능을 CRISPR/Cas system을 활용하여 작물에서 규명하고 활용하는 연구를 본 교육연구팀 참여교수인 김철수 교수와 함께 공동으로 수행하여 Nature Biotechnology 등 우수 저널에 발표할 계획임.
- 김철수 교수
 - 중국 Huazhong Agricultural University의 Xuelu Wang 교수와 공동연구를 통하여 Soybean crop development under abiotic stress: The crosstalk between drought and BR signaling pathways 연구결과를 우수 저널인 Molecular Plant (JCR 상위 0.018%)에 발표할 계획임.
 - 단백질 합성 후 유비퀴틴 시스템에 의한 표적 단백질들의 분해성 기전 구명과 이에 따른 식물 성장 및 생육의 변화, 프롤린 및 산소활성종 대사체들의 변화, 식물 세포벽 대사체 변화 등의 연구를 수행하여 Journal of Experimental Botany 등 우수 저널에 논문을 발표할 계획임.

○ 한연수 교수

- 미국의 UC-Davis 교수인 Akif Eskalen 교수와 국제공동연구를 통하여 미국 서부 캘리포니아에 심각한 피해를 주고 있는 Mealy bug에 대한 해충방제법에 대한 연구를 수행하여 보다 impact 있는 논문을 작성하고자 함.
- Vector Biology의 석학인 NIH에 Carolina Barillas-Mury 교수 연구실과도 공동연구를 통하여 High-impact journal에 논문을 게재하고자 하며, 미국 California 주립대학교의 김유정 교수와 공동연구를 통하여 지속적으로 IF 10 이상 논문에 도전하고자 함.
- Frontiers in Immunology 저널의 “Jere W. McBride (University of Texas Medical Branch at Galveston Galveston, United States) 교수의 Invitation Review 초청을 받아 인도의 Dr. Patnaik 박사와 국제공동연구를 통하여 The Autophagy Pathway: Bacterial Pathogen Immunity and Evasion 관련 분야에 대한 국제공동연구를 활성화하고자 함.

○ 김익수 교수

- 국제적으로 명성있는 곤충학자인 미국 Purdue University의 Cameron 교수와 공통 관심사인 나비목 곤충의 계통분류에 관해 심도있게 논의 한 바 있으며 계통분석을 위한 새로운 방법에 대한 연구결과를 우수 저널인 Systematic Entomology (JCR 상위 5%)에 발표할 계획임.
- 경상대학교 이원훈 교수와 농촌진흥청 공동연구사업으로 “꽃매미상과 외래해충의 동정시스템 구축 및 원산지 추적” 과제를 수행중임. 기후변화에 따른 관련 외래종의 국내 유입과 정착 특성에 대한 집단유전학적 분석을 수행 중으로 외래종의 유입과 정착은 국제적으로 매우 관심이 높은 연구 주제로 충분한 데이터를 확보한 후 국제 학술지(상위 20%)에 발표할 계획임.
- 농촌진흥청 황재삼 박사와 공동연구를 통하여 곤충의 유용 유전자의 기능에 대한 연구결과를 우수 저널인 Scientific Report에 발표할 계획임.
- 일본으로부터 유입된 미기록종 나방류의 미기록종 기록 및 유전적 변이와 생태적 특성에 관하여 목포대학교 최세웅 교수와 국제학술지에 발표할 계획임.
- 경북대학교 황의욱 교수와 환경부 산하기관인 국립생물자원관의 연구사업으로 “차세대염기서열 분석기반 동물자원 디지털염기서열 활용연구” 를 수년간 수행 중임. 연구대상인 기후변화 지표곤충의 한반도내 적응 및 확산 원인 구명을 위하여 NGS 분석을 통해 환경적응관련 유전자 및 SNP를 선별하고 이들이 한반도내 생태계에서 차별화된 적응에 관여하는지를 구명하고자 함. 현재까지 이동성이 많은 나비를 대표하여 남방노랑나비에 대한 유전자 분석을 완료하였으며 현재는 매미류에 대해 연구중임. 이상의 연구결과는 추가적인 생물정보학적 분석 후 국제적으로 우수한 저널에 발표할 계획임.
- 2019년 국내에 침입한 열대거세미나방에 대하여 각 국가는 자국에 침입한 개체군의 기원, 정착형의 유전자형 및 현장용 신속 유충진단법에 대해 세계적으로 관심이 높음. 이에 대해 농림축산검역본부에 3년간의 공동연구과를 신청 중이며 연구결과는 열대거세미나방의 발생 국가 연구자들과 컨소시엄을 구성하여 국제적으로 우수한 학술지에 발표할 계획임.

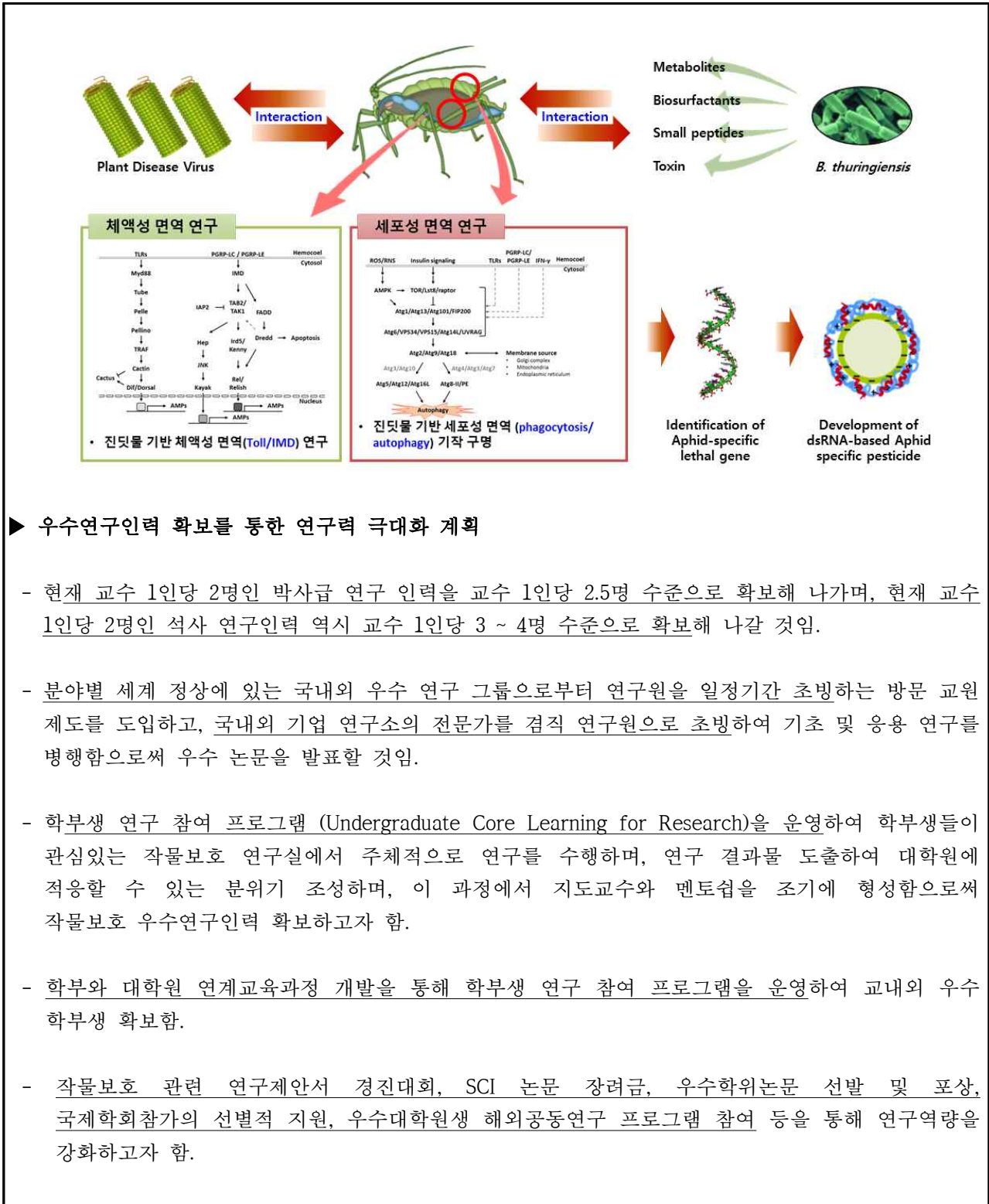
- 우리나라의 고유 자원인 누에의 기원과 계통에 대하여 농촌진흥청 김성렬 박사 및 김성완 박사와 농촌진흥청 다부처 유전체 사업을 수행중이며 이를 통해 우리나라 고유 누에 품종인 삼면잠의 유전체 특징을 구명하고 국내외 누에 품종과 진화적 관련성을 비교함으로써 한국 고유 누에 품종의 고유성에 대해 우수 저널인 Scientific Report에 발표할 계획임.

○ 정래동 교수

- 최근 기후이상변화에 따른 식물바이러스의 피해가 급증함에 따라 바이러스-식물-해충간의 상호작용 관련 연구를 교육팀 참여 교수간의 공동연구와 국제 연구기관과의 우수 연구자와 공동연구를 통하여 우수한 연구를 진행하고자 함. 식물바이러스 면역 기작을 통한 작물보호 연구를 미국 켄터키대학교 Pradeep Kachroo 교수와 Aardra Kachroo, 미국 오하이오주립대 Ye Xia 교수와 공동연구를 통해 연구의 질적 향상을 올리고자 함. 또한 식물바이러스 방제제 개발의 부재로 RNAi-나노 delivery system을 이용하여 영국 캠브리지대학의 John Carr 교수와 특이적 바이러스 억제제 개발 연구를 진행하고자 함.
- 2020년부터 농촌진흥청 아젠다 과제로 “고위험바이러스 초정밀 진단기법 개발” 과제를 공동연구 진행중에 있으며 전세계적으로 개발되지 않았던 디지털 PCR을 이용한 고위험 바이러스 검출기법을 개발하여 국제적으로 우수한 학술지에 발표할 예정임.
- 2020년부터 농촌진흥청 아젠다 과제로 “맥류에서 발생하는 바이러스 위험도 평가” 과제를 공동연구 진행 중에 있으며 기후이상변화에 따른 맥류 바이러스 피해 현황 및 예측을 통해 작물보호에 중요한 결과를 도출하여 국제 우수한 학술지에 발표하고자함.
- 2020년부터 5년간 iPET 지원 연구과제로 “RNAi 기반 과수 무병묘 생산 기술 개발” 을 진행 중에 있으며 현재까지 전세계적으로 과수 무병묘 생산 기술로는 항바이러스제, 열처리를 통해 보급하였으나 바이러스 억제 효율이 낮아 새로운 기술 도입이 시급하여 본 과제에서 도입되는 기술은 전세계적으로 처음 도입 기술이기에 과수 무병묘 생산 기술의 혁신성 및 우수성으로 기대됨.

▶ **정부 주도 R&D 사업과의 강력한 유기적 연계를 통한 우수 논문 향상 계획**

- 친환경 농업 사업단을 비롯한 정부 R&D 사업들을 활용하여 기초 연구와 응용 연구의 유기적 공조 체계를 마련하고 공동연구를 통해 시너지 효과를 극대화할 것임. 환경 스트레스에 대한 작물 보호 연구에 분자 수준의 연구 기법도입 및 결과 분석을 통해 작물의 스트레스 반응연구를 선도하며, 현장에서 문제가 되는 식물병, 가뭄, 저온, 해충 방제에 관한 문제를 종합적으로 다룰 수 있는 공동연구 과제 도출을 통하여, 연구의 질적 향상을 도모하고자 함.
- 한연수 교수와 정래동 교수는 전세계적으로 바이러스 억제제 부재로 현재 (1세부)식물면역 증진 및 바이러스 억제제 개발, (2세부)식물바이러스 매개충(진딧물)의 면역기전 연구를 통한 친환경 해충방제기술 개발에 대한 연구주제로 중점연구소사업을 신청. 본 사업을 통하여 친환경식물 바이러스 및 해충 방제제 개발을 통해 국제적으로 우수한 연구논문을 출판하고자 함



▶ 우수연구인력 확보를 통한 연구력 극대화 계획

- 현재 교수 1인당 2명인 박사급 연구 인력을 교수 1인당 2.5명 수준으로 확보해 나가며, 현재 교수 1인당 2명인 석사 연구인력 역시 교수 1인당 3 ~ 4명 수준으로 확보해 나갈 것임.
- 분야별 세계 정상에 있는 국내외 우수 연구 그룹으로부터 연구원을 일정기간 초빙하는 방문 교원 제도를 도입하고, 국내외 기업 연구소의 전문가를 겸직 연구원으로 초빙하여 기초 및 응용 연구를 병행함으로써 우수 논문을 발표할 것임.
- 학부생 연구 참여 프로그램 (Undergraduate Core Learning for Research)을 운영하여 학부생들이 관심있는 작물보호 연구실에서 주체적으로 연구를 수행하며, 연구 결과물 도출하여 대학원에 적용할 수 있는 분위기 조성하며, 이 과정에서 지도교수와 멘토십을 조기에 형성함으로써 작물보호 우수연구인력 확보하고자 함.
- 학부와 대학원 연계교육과정 개발을 통해 학부생 연구 참여 프로그램을 운영하여 교내외 우수 학부생 확보함.
- 작물보호 관련 연구제안서 경진대회, SCI 논문 장려금, 우수학위논문 선발 및 포상, 국제학회참가의 선별적 지원, 우수대학원생 해외공동연구 프로그램 참여 등을 통해 연구역량을 강화하고자 함.

2. 산업사회에 대한 기여도

2.1 산업사회 문제 해결 기여 실적

2.1 산업·사회 문제 해결 기여 실적

▶ 산업·사회 문제 해결을 위한 인적 및 물적 교류 실적

○ 협약체결을 통한 지역사회와 교류

- 전남대학교는 전라남도 곡성군 및 (재)전라남도 생물산업진흥재단과 친환경생물산업 클러스터 구축사업을 위한 MOU를 체결하여 운영하고 있음.
- 이를 통해 지역의 핵심 관심 사항중 하나인 친환경 농산물 생산을 위한 지속적 교류를 해 오고 있음.

○ 지역 농민에 대한 병해충 방제전략 강의

- **한연수 교수**는 2015년 친환경유기농업전문가교육 과정에서 “식물바이러스 매개충 방제 전략”에 관한 노하우를 농민에게 교육하였고, 전남농업마이스터대학(고추전공)에서 “생물농약 및 천적이용법”에 관한 노하우를 농민에게 전수함.
- **김익수 교수**는 2015년 및 2016년 농업인재개발원 주관 친환경유기농업전문과정에서 유기농을 위한 비농약 해충방제전략에 대해서 강의함.
- **김익수 교수**는 2017년 및 2018년 농림수산물교육문화정보원 주관 전남농업마이스터 대학에서 고추전공농민을 대상으로 고추 발생해충의 가해 양상 및 고추의 피해증상에 대해 강의함.
- **김익수 교수**는 2018년 농촌진흥청 주관 토종별 낭충봉아부패병 저항성 품종 출시회에서 우리나라 동양종꿀벌의 지정학적 위치 및 중요성에 대하여 강의함.
- **정래동 교수**는 2018년 농림수산물교육문화정보원의 친환경 유기농업 전문가 교육과정인 고추마이스터 과정에서 바이러스 방제에 대하여 강의함.

○ 기후변화대응 전문가 초청 및 인적 교류 실적

- **강훈승 교수**는 전남대학교 기후변화대응농생명연구소를 설립하여 현재 소장을 맡고 있으며, 2019년 APEC 기후센터의 김대하 박사와 전종안 박사, 농협경제지주 축산연구원의 송재용 박사를 초청하여, 전 세계적인 가뭄 극복을 위한 방안, 동아시아지역 농업적 가뭄 감시 기법, 기후변화 대응 작물 및 축산분야 연구 방향 등 기후변화 대응 작물보호를 위한 다양한 관점을 논의하고, 향후 공동연구 활성화 및 교류 증진을 위한 다양한 방안을 협의하였음.

▶ 산업·사회 문제 해결 실적

○ 외래 유입종 방제에 기여

- **김익수 교수**는 외래종인 등검은말벌의 효과적인 방제 및 발생 조사를 위하여 전라남도 순창 소재 (주)다목과 공동연구를 통해 유인제 및 포획기 개발한 바 있으며 심포지움 및 농민 대상 세미나 등을 통해 등검은말벌의 방제 등 양봉관련 연구 동향에 대해 강의한 바 있음. 이러한 연구결과는 다수 언론에 보도된 바 있음(2016년 9월 광주 KBS 시사현장맥, KBS 9시 뉴스, 2018년 10월 YTN 뉴스 등).



○ 국내 농산물 수출 증진에 기여

- 김익수 교수는 포도 및 딸기 발생 해충인 벚초파리 대한 저온처리 및 모니터링 연구 수행을 통해 국내 농산물 수출에 기여함. 벚초파리 모니터링 연구 수행을 통해 벚초파리의 저온 사멸 조건을 확립하여 농산물 수출 시 이용되는 소독처리기준을 설정하였으며, 벚초파리 미발생국인 호주와의 포도 수출 시 주요 자료로 활용되도록 한 바 있음(연합뉴스의 5곳).
- 김익수 교수는 국내 주요 딸기 수출 온실을 대상으로 3년에 걸쳐 발생 조사를 수행하였으며, 연구 결과는 호주와의 딸기 수출 협상 자료로 이용되어 현 호주의 반응을 기다리고 있는 중임. 이러한 연구내용은 언론에 보도된 바 있음. 이상의 결과는 국제학술지인 Journal of Economic Entomology(IF 1.779, ES 0.00996, 상위 29%, Google scholar 기준 1회 인용)와 Entomological Research에 출판된 바 있음.
- 김익수 교수는 제주도농업기술원과 국내 수출 농산물 중 하나인 심비디움(난초과)에 발생하는 목화진딧물의 무농약 방제를 위하여 이온화에너지를 이용한 방제 연구를 수행함. 심비디움에 대한 이온화에너지에 의한 약해평가도 함께 수행하여 심비디움에 대한 무약해 목화진딧물 제어 가능 선량(원자력 농도)을 확인한 바 있음. 해당 결과는 심비디움 수출을 위한 소독처리기준 설정에 활용됨. 이러한 연구내용은 언론에 보도된 바 있음(2019년 12월, 시사매거진 외 3곳).

연합뉴스

한국산 포도, 호주 수출길 활짝 열린다

출시시간 2017-08-06 11:00

정빛나 기자

| 수출 가능 생산지 9개 지역→전국으로 확대

(서울=연합뉴스) 정빛나 기자 = 농림축산검역본부와 호주의 협상을 통해 국산 포도인 캄벨 엘라 품종에 대한 검역 요건이 완화됨에 따라 국내에서 생산된 모든 포도가 호주로 수출할 수 있게 됐다고 6일 밝혔다.

기존에는 호주로 수출 가능한 포도 생산지역이 국내 9개 시군으로 한정됐었다.

하지만 이번 협상으로 한국의 모든 상업적 포도 생산지역이 호주 수출 가능지역으로 확대됐다.

국산 포도는 2014년 처음 호주로 수출된 이후 수출 물량이 2015년 51t으로 정점을 찍었지만 지난해에는 24%로 감소했다.

하지만 이번 검역요건 완화를 계기로 수출 가능지역이 확대됨에 따라 수출도 증가할 것으로 보인다고 검역본부는 내다봤다.

연합뉴스 자료사진

한국농어민신문

호주 수출 심비디움, 목화진딧물 방역 실증시험

출시시간 2019-12-18 18:14

[한국농어민신문 강재남 기자]

제주특별자치도농업기술원(원장 정대진)은 호주로 시범 수출할 심비디움 열매 품종 그린 허니, 웨딩캐스터링 버니루비 등 4품종을 대상으로 수출검역 시 문제되는 목화진딧물 사전방역 실증시험을 추진한다. 심비디움 열매 수출국 현지 검역 시 매년 미소해충인 목화진딧물이 발생해 화훼 수출농가들에게 어려움을 주고 있는 실정이다.

제주도농기원은 이번 실증을 위해 이온화 에너지 전자선을 이용한 살충기술을 적용할 예정이다. 지금까지 제주도농기원, 한국원자력연구원 첨단방사선연구소, 전남대 김익수 교수팀의 합동 연구 결과 전자선 300Gy~400Gy 처리로 목화진딧물의 100% 살충 및 품질 유지 효과를 확인했다.

전자선은 감마선이나 엑스선과 같은 이온화 에너지로 활용목적에 따라 제품마다 쓰이는 선량율을 조절할 수 있어 농수축산물을 살균·상온 처리, 의료·위생용품 멸균, 각종 사료 및 포장재 멸균 처리에 이용되고 있다.

제주도농기원은 이번 수출하는 심비디움 열매에 20cm의 고투과력을 가진 한국원자력연구원 첨단방사선연구소의 10MeV 전자가속기를 이용, 컨베이어 조사 설비로 처리할 예정이다. 더불어 현장조사팀이 호주 시드니 화훼판매장을 방문해 바이어 협조를 받아 현지 도착 후 유통기간별, 열매 풍량별 품질, 산선도 등도 조사할 계획이다.

이광주 농업연구소는 "어려운 화훼 수출 여건 속에서도 열정을 다하고 있는 수출농가의 애로사항 해결을 위해 관계기관, 농가 등과 긴밀한 협력을 해 나가겠다"며 "앞으로 일본, 호주는 물론 수출국 확대를 위해 노력하겠다"고 말했다.

제주=강재남 기자 kangn@agrinet.co.kr

※저작권자 © 한국농어민신문. 무단 전재 및 재배포 금지

○ 멸종위기종의 규제 완화에 기여

- **김익수 교수**는 대표적인 멸종위기 곤충인 애기뽕소똥구리의 유전적 다양성을 조사하기 위하여 국내 애기뽕소똥구리에 대해 최신의 GBS(Genome-By-Sequencing) 방법을 이용한 다량의 SNP를 분석함. 그 결과, 국내 애기뽕소똥구리는 유전적으로 높은 다양성 지수를 보여 유전적 건강도가 양호한 것으로 나타남. 해당 결과는 멸종위기종이 더해만 지는 각박한 생태 환경에서 적극적인 보호 정책 덕택에 멸종위기 상태를 벗어난 매우 드문 연구 결과로 이에 대한 연구결과는 연합뉴스 외 9곳의 언론에 보도된 바 있으며(2019년 9월) 현재 이에 대한 논문을 작성중에 있음.

국내 서식 멸종위기 애기뽕소똥구리 유전적 건강도 '양호'
기사입력 2019/09/29 12:50 송우

생물자원관 "유전자 다양성 높아 건강한 개체군 유지 가능성"

애기뽕소똥구리
(제주특별자치도 제주시에서 제공-연합뉴스)

(서울=연합뉴스) 박성민 기자 = 국내 멸종위기종 애기뽕소똥구리의 유전자 다양성이 높아 건강한 개체군을 유지할 가능성이 크다는 연구 결과가 나왔다.

국립생물자원관은 전남대 동용생물학과 김익수 교수팀과 함께 2016년부터 영광, 여수, 제주, 황성, 서산, 몽진 등 6곳에서 애기뽕소똥구리의 유전적 다양성을 연구한 결과 유전적 건강도가 '양호한 것으로 나타났다'고 5일 밝혔다.

초식동물 배설물을 섭취하는 애기뽕소똥구리는 주로 가축을 방목하는 목초지에 서식한다. 1970년대 이후 가축 사육환경이 자연 방목에서 축사 중심으로 변하면서 2005년 멸종위기 야생동물 2급으로 지정됐다. 소똥구리와 달리 먹지날개에 부러진 채로 흩어 있다.

연구진은 국내 6곳에서 확보한 67마리를 대상으로 고유 초위성체 10개와 단일염기다형성 영역 4천132개를 개발해 유전자 다양성을 비교 분석했다.

『멸종위기』 애기뽕소똥구리 "유전자 다양해서 오래 살 수 있대요"

00

입력 2019/09/29 12:50 | 수정 2019/09/29 12:50

애기뽕소똥구리, 국립생물자원관 제공

국내 멸종위기 야생생물 2급인 애기뽕소똥구리의 유전자 다양성이 높아 건강한 개체군을 유지할 가능성이 높다는 연구 결과가 나왔다.

환경부 소속 국립생물자원관은 전남대 동용생물학과 김익수 교수팀과 2016년부터 최근까지 영광, 여수, 제주, 황성, 서산, 몽진 6곳의 애기뽕소똥구리 국내 주요 서식 집단에서 확보한 67마리를 대상으로 유전자 다양성을 비교, 분석한 결과 유전적 건강도가 양호한 것으로 나타났다고 5일 밝혔다.

▶ **산학협력 인적 및 물적 교류 실적**

○ 산학협동 장비 구축사업 참여 및 사업화

- 본 연구사업팀은 전라남도 생물방제센터 및 친환경 식물보호에 관련된 기업체 [(주)현농, (주)한국유용곤충연구소, (주)원앤원 등]에서 필요한 기술을 공동으로 개발하고 개선하기 위한 장비구축 및 제반 기반을 조성한 바 있음.
- **한연수 교수**는 다년간 함평군 나비축제에 참여하여 축적된 곤충산업관련 노하우를 경상남도 남해군(남해군 곤충산업 육성 종합계획, 2014)과 전라북도 완주군(완주군 곤충산업 육성 종합계획, 2015)에 이전함으로써 지역 곤충산업의 활성화에 크게 기여함.
- **한연수 교수**는 2019년 2편의 특허 등록을 하고, 박기범 대학원생이 (주)인바이러스테크를 창업하도록 지도하고, Scientific advisor의 역할을 하며 한국의 법인 설립에 기여함.

- Dengue virus
- Zika virus
- Japanese encephalitis
- West Nile virus
- Yellow fever virus



- 전국 16개 기후변화매개체 감시거점센터와 보건환경연구원의 PCR 장비별 표준 사용법 가이드라인을 제작하여 증폭 효율성과 민감도 개선에 기여함.

○ 탄소배출량 저감을 위한 산업체와 공동연구

- 지구온난화의 주범인 이산화탄소의 배출량 감소를 위해 다양한 학문분야에서 연구가 진행되어 왔으며 가축의 인체 안전성 향상과 대체 사료개발 분야 역시 이러한 측면에서 중요성이 강조되어 왔음.

- **한연수 교수**는 주식회사 케일과 공동으로 2015년 8월 농기평으로부터 “오리와 반려견의 생산성 및 면역력 개선을 위한 곤충기반 맞춤형 사료개발 및 산업화” 과제(전남대학교, 전남농업기술원 잠업연구소, 전남생물방제센터, (주)한국유용곤충연구소 참여)를 수주하여 식용곤충 기반 오리사료 및 반려동물 간식제품 개발에 기여함으로 지구온난화의 주범인 이산화탄소 배출 저감에 필수적인 소형 동물의 산업화에 기여함.

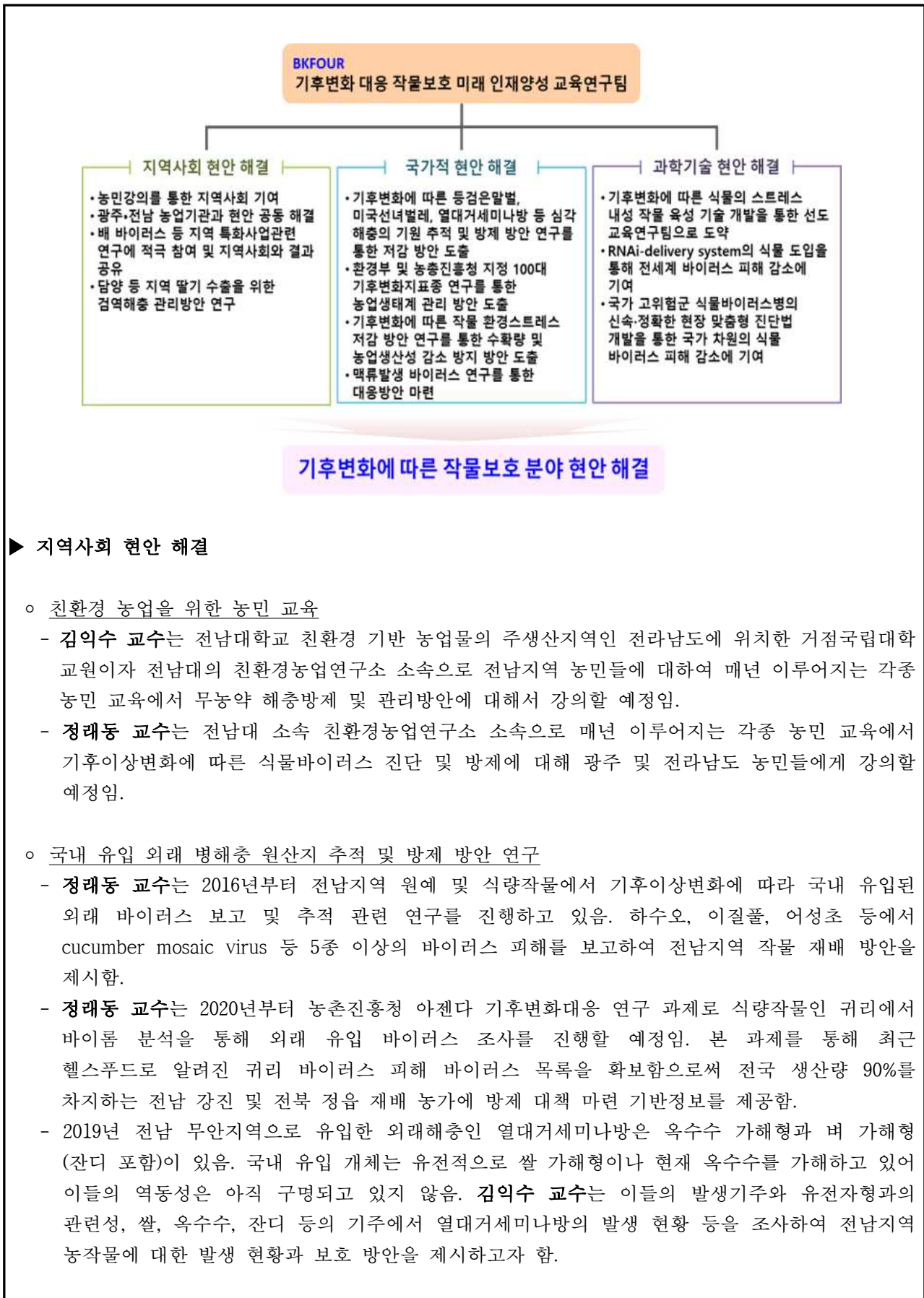
- **한연수 교수**는 2016년 11월 농기평으로부터 “식·사료용 곤충 가공 표준화를 위한 고온 복합형 열풍 건조기술 개발 및 표준공정확립” 과제(전남대학교, (주)케일 참여)를 수주하였으며, 이를 통하여 식용곤충 전용 건조기 3종(KEIL-1000, KEIL-2000, KEIL-VL)을 개발/출시하는데 기여하였고, 곤충건조기 3종-건조 능력을 분석하여 케일1000, 2000, 3000 3개 제품을 출시하는데 기여함으로 지구온난화의 주범인 이산화탄소 배출 저감에 필요한 곤충 산업화에 기여함.

- **한연수 교수**는 2017년 8월 농기평으로부터 “식용곤충을 활용한 프리미엄 (휴먼그레이드) 반려동물 간식 수출연구사업단(전남대학교, (주)케일 참여)” 을 수주하였으며, 이를 통하여 연구실학생들과 같이 미국 뉴욕, 중국 상해, 중국 북경, 대만 가오슝, 일본 치바 등에서 개최된 국제 식품/반려동물 박람회에 참석하여 식용곤충 관련 산업의 기반구축, 육성 및 제품 수출을 달성하기 위하여 노력하였음. 또한 국제박람회에 참석하여 “식용곤충기반 프리미엄 반려동물 간식수출사업단” 과제를 공동으로 추진하고 관련 제품을 외국에 수출하는데 기여함.

2. 산업사회에 대한 기여도

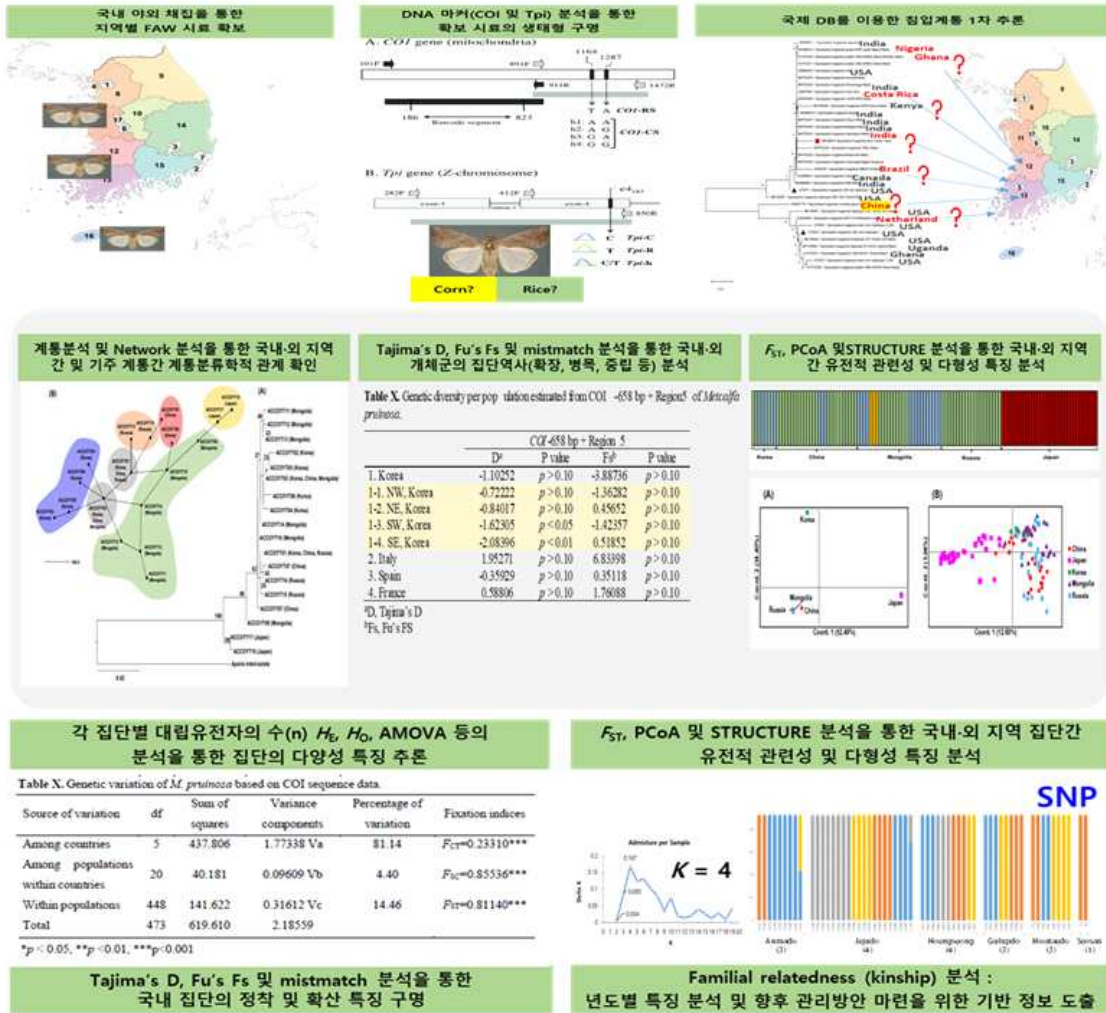
2.2 산업사회 문제 해결 기여 계획

2.2 산업·사회 문제 해결 기여 계획



- 김익수 교수는 열대거세미나방을 옥수수과 벼과 식물에서 발생하는 담배나방, 왕담배나방, 흑명나방, 조명나방 및 국내 발생 *Spodoptera* 속의 나방류로부터 현장에서 신속하게 구분할 수 있는 진단법을 개발하여 조기진단과 이에 따른 적기방제에 활용함으로 전라남도 내 유관농업의 피해 최소화에 기여하고자 함.

□ 외래 침입종인 열대거세미나방 집단유전학적 유전체 분석을 통한 확산 경로 추적 및 유전적 변이 특성 구명



○ 국내 농산물 수출 증진을 위한 병해충 신속진단법 개발

- 벚초파리는 호주를 비롯한 일부 동남아 국가에서 검역해충으로 지정되어 있는 해충으로 딸기에 매우 잘 산란하며 딸기는 대표적 겨울철 과실로 당일 수확된 딸기가 당일 동남아 시장에 도착하는, 그 수출과정이 매우 신속하게 이루어지는 과실임. 김익수 교수는 생과실류 중 딸기의 수출 촉진을 위한 딸기과실 내 초파리 알의 신속 진단법을 개발하고자 함. 딸기 과실 속에 산란된 초파리의 알은 그 크기가 작아 육안 관찰이 거의 불가능하며 일반적인 PCR 범용 소요시간으로 적용이 어려운 실정으로 딸기에 벚초파리의 산란된 흔적을 찾고 그 알이 벚초파리의 알임을 신속하게 진단해 내는 기술이 필요함. 연구 결과가 도출될 경우 이는 딸기뿐만 아니라 유사한 성상의 국내 생과실 수출의 촉진뿐만 아니라 검역 마찰을 최소화하는데 크게 기여할 수 있을 것임.

- 정래동 교수는 2020 ~ 2023년까지 농촌진흥청 기후변화대응 과제로 맥류에서 발생하는 바이러스병 피해 현황 및 위험평가 과제를 진행함으로써 도출되는 맥류 바이러스에 대한 자료를 전라남도농업기술원에 자료를 공유뿐만 아니라 맥류 매개충인 진딧물로부터 맥류 바이러스 초정밀 진단 기술 개발함으로써 바이러스 확산을 미연에 방지함.
- 정래동 교수는 2017 ~ 2020년까지 농림축산식품부 연구과제로 배에서 발생하는 바이러스 피해조사 및 현장적용 진단 기술개발 과제를 진행중에 있음. 본 과제를 진행하면서 도출된 신속정확한 현장 진단 기법들을 광주 및 전남도농업기술에 기술을 공유함으로써 배 바이러스 피해를 줄이는데 기여를 하고자 함.

▶ 국가적 현안 해결

○ 이상기후 및 기후변화에 따른 작물 보호 방안 연구

- 최근 이상기후 및 기후변화로 인한 식물의 피해가 심화되고 작물의 수확량이 감소하는 등 범국가적으로 농업 생산성이 크게 감소하고 있음. **본 연구팀**은 전남대학교에 설립되어 있는 기후변화대응농생명연구소를 적극 활용하여, 기후변화가 농산업에 미치는 영향을 분석하고 대응 방안을 모색하는 교육 및 연구를 통하여, 장기적으로 환경 스트레스에 대응하여 범국가적 식량 자원의 효율적 생산과 안정적 공급에 기여할 수 있는 방안을 제시할 계획임.
- 최근 기후이상변화로 인한 식물바이러스에 의한 작물의 피해가 나날이 증가되고 있으나, 바이러스병 방제제가 개발되지 않아 진단의 중요도가 높아지고 있음. **정래동 교수**는 농촌진흥청 아젠다 과제로 디지털 PCR을 이용한 고위험원예작물 바이러스 정밀진단 기술 개발 연구과제를 진행중에 있음.
- 본 기술은 국내에서는 처음으로 개발 중인 기술로 본 연구과제를 통해 고위험 바이러스에 대한 정밀진단 기술을 개발함으로써 우수 논문, 특허뿐만 아니라 국가적으로 피해가 큰 바이러스 방제에 큰 기여를 할 것으로 예상됨.
- 다양한 작물에 대한 바이러스 피해 조사 및 위험도 평가 연구를 꾸준히 진행되었음. 하지만 최근들어 헬씨푸드 측면에서 맥류에 대한 관심과 생산이 증가되고 있는 실정임. **본 연구팀**에서는 맥류에서 발생하는 바이러스 조사 및 위험도 평가 연구를 진행 중에 있으며, 도출된 바이러스 목록 및 위험도 평가 결과는 국가위험바이러스 대응에 필요한 연구 결과로 활용될 것임.

○ 기후변화에 따른 국내 유입 병해충 기원 추적

- 전 세계적으로 기후온난화 및 국제 무역의 증가로 인해 국내 미발생 해충 유입이 증가하고 있는 추세임. 그 중에서도 등검은말벌과 미국선녀벌레는 각 양봉농가와 다양한 농산물에 피해를 주는 침입종임.
- 최초 발견된 지점에 대한 하나의 보고를 기반으로 이후 모든 검역적 노력과 방제전략이 집중되는 실정임. **김익수 교수**는 지속적 유입 여부, 최초 유입지에 대한 심도있는 검토, 국내 유입 후 확산 특징 등에 대해 추가적인 연구를 수행하고 있음.
- 이러한 연구결과는 해마다 외래종에 대해 보다 올바른 검역 조치방안으로 제시될 수 있음은 물론 초기방제를 위한 국가의 정책방향, 그리고 작물 생산성에 직접적인 영향을 받는 농민의 개별 부담을 경감할 수 있는 방안이 도출될 수 있고 유사 상황에 대한 중요한 자료로도 활용될 수 있으며, 그 결과는 국제학술지에 출판할 예정임.

○ 기후변화에 따른 국내 생물자원의 분포 및 유전적 다양성 연구

- 가장 중요한 환경 문제 중 하나인 지구온난화는 생물종의 이동, 분포지 확대 및 축소, 멸종 등 다양한 문제를 야기함. 국내에서는 이에 대한 대처 방안으로 농촌진흥청과 환경부에서 각 100종의 기후변화지표종을 선발하여 생물종의 분포 및 취약성 등을 감시, 예측하고 있음.
- **김익수 교수**는 2019년 환경부 지정 대표적 남방계 기후변화지표 곤충 종인 남방노랑나비 및 푸른아시아실잠자리를 대상으로 각 종의 유전체 분석을 통한 SNP 마커를 이용하여 유전자 다양성 및 빈도 변화 연구를 수행한 바 있으며, 앞으로도 기후변화지표 곤충종에 대한 상기 측면의 연구를 수행할 예정임(2020년 말때미 예정).
- 상기 연구를 통해 도출된 결과는 기후온난화에 따른 한반도 곤충상의 변동, 그리고 농업생태계에 미치는 천적곤충의 변동, 이에 연동된 해충상의 변동을 이해하는 중요한 자료로 활용될 것임.

○ 중요 생물산업자원의 지속적 개발을 위한 유전 정보 확보

- 최근 누에의 다양한 효능이 입증되면서(예, 홍삼에 빗댄 홍잠) 누에를 이용한 다양한 양잠산물이 개발되어 사업화가 이루어지고 있는 실정임. 양잠산물의 사업화에 따라 외국산 누에산물의 유입과 국가 비지정 유사 누에 품종을 이용한 상품화가 우려되고 있는 실정으로 국내 누에 품종을 구분할 수 있는 분자 마커 개발이 필요한 실정임.
- **김익수 교수**는 다수 누에 품종에 대한 전장유전체 분석을 통해 각 누에품종을 구분할 수 있는 마커 개발 연구를 수행할 예정임. 이러한 연구는 국산 농산물의 신뢰성을 제고하고 국내 양잠농민을 보호하는 중요한 자료로 활용될 것이며 개발된 마커는 특허 등록 및 논문으로 출판할 계획임.

▶ **과학기술 현안 해결**

○ 기후변화에 따른 식물 스트레스 반응 연구를 통한 스트레스 내성 작물 육종

- **강훈승 교수**는 최근 기후변화에 따른 식물의 생육 및 스트레스 반응에 RNA 대사 및 RNA 메틸화가 중요함이 점차 밝혀지고 있으며, 국외의 많은 연구진에서 관련 연구가 활발히 이루어지고 있음.
- **강훈승 교수**는 RNA-결합 단백질과 RNA 메틸화가 식물의 환경 스트레스 반응에 미치는 기능을 밝히는 연구를 통하여, RNA 메틸화 조절을 활용하여 스트레스 내성 작물을 육성할 수 있는 기술을 개발하고, 관련 연구를 선도하는 교육연구팀으로 도약할 계획임.
- **김철수 교수**는 유비쿼틴 전달 시스템에 의한 프롤린 대사체와 세포벽 대사체 변화 기술을 이용, 식물 환경 스트레스에 대한 내재해성 증진 강화 작물들을 개발하고, 특히 종자 과피의 성분을 조절하는 기술을 이용, 과일 후숙 과정에서의 문제점을 해결할 수 있는 기술을 개발할 계획임.

○ 기후변화에 따라 증가한 병해충 신속 정확 진단법 개발

- **한연수 교수**는 2010년 이후 “기후변화매개체감시거점센터(전남1권)”를 운영하면서 축적된 노하우를 기반으로 Viral RNA추출법 개발하고 보급하고 있고, 바이러스진단킷도 개발하여 질병관리본부 등 전국에 16개 거점센터에 보급하는등 최근 Virus 관련 난제를 저가 고효율로 진단하는 방법에 큰 기여를 하고 있음. 향후 기개발 기술의 보급에 박차를 가하고자 함.

- **정래동 교수**는 식물바이러스병 피해가 증가됨에 따라 필수적으로 요구되는 신속·정확한 현장 맞춤형 진단법을 개발하고자 함. 이전 검출 방법은 시간, 민감도, 정확도 면에서 한계를 가지고 있었으나, 본 연구팀에서는 기존에 사용하는 바이러스 진단법이 아닌 최신 기술을 활용한 등온증폭법(LAMP), 디지털 PCR, 나노포어시퀀싱 기술을 이용하여 국가고위험바이러스 진단기법을 개발하여 국가에서 문제가 되는 바이러스 검출 및 진단에 활용함으로써 국내 진단 기술 한계를 극복하여 국가적 선도 기술을 확보할 예정임.

○ 기후변화에 따라 증가한 바이러스 방제제 개발

- 현재, 기후이상변화로 인해 식물바이러스의 피해가 커지고 있지만, 바이러스 방제제가 전세계적으로 개발되어 있지 않은 실정임. **정래동 교수**는 최근 RNAi-delivery system을 식물에 도입함으로써 친환경적으로 식물바이러스들을 특이적으로 제거하는 기술을 개발하여 다양한 바이러스 억제제를 개발중에 있음. 본 기술을 이용하면 복합감염 바이러스들을 특이적으로 제거뿐만 아니라 식물 성장에도 도움을 줄 것으로 생각되어 우리나라뿐만 아니라 전세계적으로 바이러스 피해를 줄일 수 있는 유용한 기술일 것으로 생각됨.

3. 연구의 국제화 현황

3.1 참여교수의 국제화 현황

① 국제적 학술활동 참여 실적 및 현황

3.1 참여교수의 국제화 현황

① 국제적 학술활동 참여 실적 및 현황

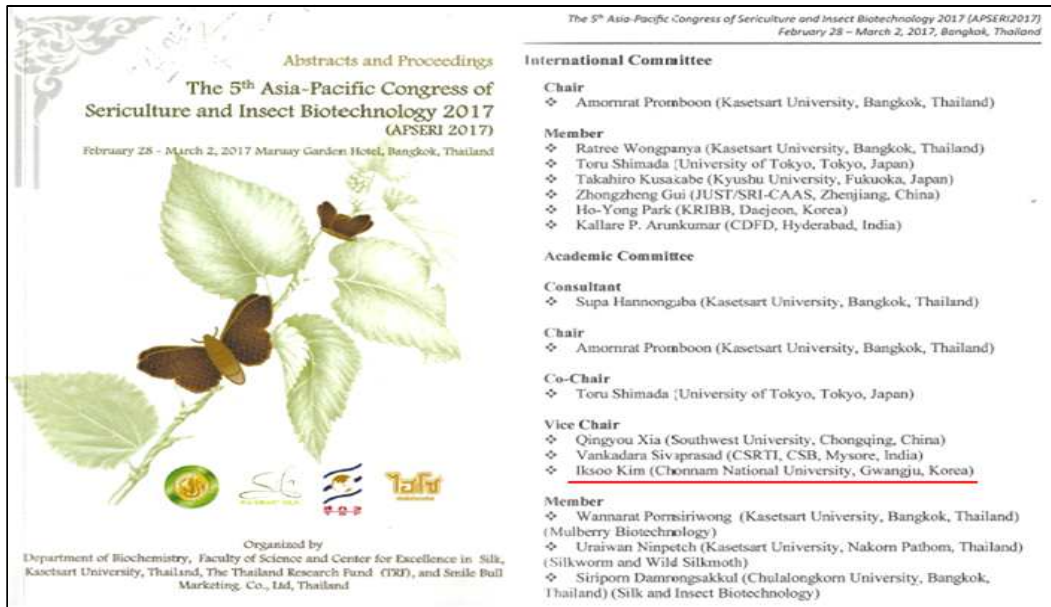
▶ 국제학회/학술대회 활동

- 강훈승 교수는 2017년 9월 수원에서 개최된 “15th International Symposium on Rice Functional Genomics” 국제학술대회 조직위원으로 활동함.
- 강훈승 교수는 2018년 7월 스페인에서 개최된 Annual Congress on Plant Science and Bio Security 국제학술대회에서 “Importance of communications between chloroplasts and the nucleus in plant development and stress responses” 제목의 초청강연을 하였음.
- 강훈승 교수는 2018년 11월 부산에서 개최된 “2018 International Conference of the Korean Society of Plant Biologists” 국제학술대회에서 한국식물학회 회장으로서 조직위원을 총괄하는 활동을 하였음.
- 한연수 교수는 2018년 일본에서 비교면역학 국제심포지엄에 초청받아 “Current status of research on *Tenebrio* innate immunity in Korea” 에 관한 내용으로 기조 연설함.
- 김익수 교수는 2015년 부산에서 열린 “The 4th Asia-Pacific Congress of Sericulture and Insect Biotechnology” 국제학술대회 조직위원으로 활동함.



The 4th Asia-Pacific Congress of Sericulture and Insect Biotechnology	
International Committee	
Chairman	Ho Yong Park (President, The Korean Society of Sericultural Science)
Member	Toru Shimada (The University of Tokyo, Japan) Yong Ping Huang (Chinese Academy of Sciences, China) Myung Sae Han (Kyungpook National University, Korea) Takahiro Kusakabe (Kyushu University, Japan) Zhongzheng Gui (Jiangsu University of Science and Technology, China)
Academic Committee	
Consultant	Su Il Seong, Si Kab Noh, Young Hwan Park, Michihiro Kobayashi, Hiroaki Machii, Xijie Guo
Chairman	Ho Young Park
Co-Chairman	Toru Shimada
Vice chairman	Myung Sae Han, Hisanori Bando, Guozheng Zhang
Member	Pil Don Kang, Jong Gill Kim, Hae Yong Kweon, Ki Hoon Lee, In Chul Um, Tsunenori Kameda, Ken-ichi Nakajima, Tae Woon Goo, Seong Ryul Kim, Kwang Ho Choi, Kwang Gill Lee, Masaaki Azuma, Yutaka Banno, Takeshi Yokoyama, Hyun Bok Kim, Jae Su Kim, Motoko Ikeda, Kazuhiro Iiyama, Jae Sam Hwang, Hyung Joo Yoon, Jianhong Li, Jun Kobayashi, Jae Man Lee, Hyun Woo Park, Woo Jin Kim, Chisa Aoki, Hiroko Tabunoki, Amornrat Promboon, Ningjia He, K. P. Gopinathan, Xingyou Zhu, Hyun Woo Oh
Organization Committee	
Chairman	Sang Mong Lee (Pusan National University, Korea)
Member	Byung Rae Jin (Dong-A University, Korea) <u>Iksoo Kim (Chonnam National University, Korea)</u> Yeon Ho Je (Seoul National University, Korea) Soo Dong Woo (Chungbuk National University, Korea) Kwang Sik Lee (Dong-A University, Korea)

- 김익수 교수는 2017년 태국에서 개최된 “The 5th Asia-Pacific Congress of Sericulture and Insect Biotechnology” 의 개최를 위한 학술위원회 Vice-Chair 및 Plenary Session의 좌장으로 활동하였음.



- 김익수 교수는 2019년 중국에게 개최된 “The Sino-Korea Joint Symposium on Insect Molecular Biology and Biotechnology” 학회에서 “Population genetic characterization of the black-veined white, *Aporia crataegi* (Lepidoptera: Pieridae), using novel microsatellite markers and mitochondrial DNA gene sequences” 제목으로 심포지움에서 초청 발표하였으며, 심포지움 좌장으로도 활동함



- 정래동 교수는 한국식물병리학회에서 주관하는 국제학술대회 학술위원회로 활동하여 국제학술대회 프로그램 및 국외연사 섭외 등 다양한 활동을 하였음.
- 정래동 교수는 Korea Society of Plant Pathology (KSPP)에서 주최한 국제학술대회에서 “Occurrence, distribution, and novel detection of pear viruses in Korea” 제목의 초청강연을 하였음(광주, 대한민국).



Concurrent Session I: Practical Plant Pathology		Chair: Dr. Yong Heon Lee (RDA)
13:40-14:00	On-site diagnosis and identification of plant disease Dr. In-Young Cho (Jinju National University)	
14:00-14:20	Status of national crop pest inspection and management Dr. Sung Jun Hong (Hwasung Management Disease RDI)	
14:20-14:40	Weather-wise crop disease and insect pests management decision-making service system Deputy General Manager, Muri Ahn (Korea Seed & Variety Service)	
14:40-15:00	Practical examples of microbial use and industrial status for agriculture Dr. Yangsoo Kim (Korea Seed & Variety Service)	
15:00-15:20	Coffee break	
15:20-15:50	Research ethics for plant pathologists Dr. Jui-Hoon Yoon (National Institute of Horticultural and Herbal Science)	
Concurrent Session II: Viral Disease and clean plant materials in fruit trees		Chair: Dr. Jae Seon Cha (Chungbuk National University)
13:40-14:10	The current status of virus diseases and diagnosis system on fruit tree in Japan Dr. Shinya Tsutsi (Horticulture Research Station)	
14:10-14:35	Current research on virus and viroid like diseases of fruit trees in Korea Dr. Hyun Ran Kim (National Institute of Horticultural and Herbal Science)	
14:35-15:00	Current status and countermeasures of the damage by viruses and viroid infecting major fruit trees Dr. Suheon Lee (Korea Seed & Variety Service)	
15:00-15:20	Coffee break	
15:20-15:45	Occurrence, distribution, and novel detection of pear viruses in Korea Dr. Park-Dong Jeong (Chonnam National University)	
15:50-16:20	KSPSP Council meeting	
16:20-16:50	KSPSP General meeting	

- 정래동 교수는 2019년 Korea Society of Plant Pathology (KSPSP)에서 주최한 국제학술대회에서 “Application of high-throughput sequencing for viral pathogen discovery in imported fruit tree pollen” 제목의 초청강연 및 세션 좌장으로 활동하였음 (나주, 대한민국).



Program	
17:00-18:30	Concurrent Session V & VI
Concurrent Session V (Application of Agricultural Microorganisms)	
Chair: Sook-Young Park (Chonbuk National Univ.)	
17:00-17:30	Pyeong Il Kim (Center for Industrialization of Agricultural and Livestock Microorganisms) Development of techniques for practical applications of multifunctional microorganism in agriculture
17:30-18:00	Tong-Min Sa (Chungbuk National University) Regulation of plant volatile emission and compatible solutes by ACC Deaminase producing endophyte under salt stress
18:00-18:30	Luk De Maeyer (Bayer, Belgium) Serenade ASO ² , a new tool in the complementary control strategy of fire blight <i>Erwinia amylovora</i> and <i>Pseudomonas syringae</i> bacteria in pome fruit
Concurrent Session VI (Biostimulants / Biopesticides)	
Chair: Park-Dong Jeong (Chonnam National Univ.)	
17:00-17:30	Greg Nichols (Acadian Plant Health, Canada) Sesuvium extract as a unique biostimulant in Agriculture
17:30-18:00	Yongchan Cho (BioBalance, Korea) Amino acids and peptides as biostimulants in Agriculture
18:00-18:30	Ki-Hoon Oh (Farm Hanning Co., Korea) Introduction of biopesticide development cases in Industry
18:30-20:30	Dinner

▶ 참여교수의 국제 학술지 관련 활동

- 강훈승 교수는 SCIE 저널인 Journal of Plant Biology의 편집장으로 활동하였고, Plant Journal, Plant Cell, BMC Plant Biology, Plant Cell Report, New Phytologist, Plant Molecular Biology Reporter, Plant Physiology and Biochemistry, Physiologia Plantarum, Plant Science, Biotechnology Journal, Gene, International Journal of Molecular Sciences, Journal of Plant Research, Frontier Plant Science, PLoS ONE 등 국제저널의 Reviewer로 활동하였음.

- **한연수 교수**는 SCIE 저널인 Entomological Research 저널의 편집위원장으로 활동하였고, Scientific Reports, Frontiers in Immunology, International Journal of Molecular Sciences, Entomological Research, Journal of Asia-Pacific Entomology 등 국제학술저널의 Reviewer로 활동함.
- **김철수 교수**는 SCIE 저널인 Journal of Plant Biology의 편집위원으로 활동하였고, Plant Cell Reports, Molecular Biology Reports, Molecular Ecology, Planta, The Plant Journal, Journal of Plant Physiology, Plant Physiology and Biochemistry, Plant Science, Genes & Genomics, Journal of Plant Growth Regulation 등 국제저널의 Reviewer로 활동하였음.
- **김익수 교수**는 SCIE 저널인 Entomological Research의 Insect Molecular Phylogenetics & Population Genetics 분야의 Subject Editor로 활동 중으로 연간 30-40편의의 관련 논문에 대해 총괄함.
- **김익수 교수**는 SCIE 저널인 Asia-Pacific Entomology의 Phylogeny, Diagnosis, Molecular Ecology 분야의 Associate Editor로 활동 중으로 연간 10 여편의 관련 논문에 대해 총괄업무를 수행하고있으며, PLoS One, Journal of Insect Science, Gene, Genes & Genomics 등 다수 국제학술지의 Reviewer로 활동 중임.
- **정래동 교수**는 Scientific Reports, Frontiers in Plant Science, The Plant Pathology Journal, Plants 등 다수 국제학술지 Reviewer로 활동 중임.

▶ **국제 저술 활동**

- **강훈승 교수**는 “Plant and Microbe Adaptations to Cold in a Changing World” (Edited by Ryozo Imai, Midori Yoshida, and Naoyuki Matsumoto) 책에 “Regulation of RNA metabolism in plant adaptation to cold” 제목의 저술을 하였음 (Springer, ISBN 978-1-4614-8252-9).
- **한연수 교수**는 “Short Views on Insect Biochemistry and Molecular Biology (Edited by Raman Chandrasekar, B.K. Tyagi, Zhong Zheng Gui, Gerald R. Reeck)” 책에 “Molecular expression and structure-function relationships of apolipophorin III in insects with special reference to innate immunity” 제목의 저술을 하였음 (ISBN No. 978-1-63315-205-2, USA; Published by International Book Mission).

▶ **국외 Grant 심사**

- **강훈승 교수**는 Poland SONATA, USA NRF 등 해외 기관에서 연구과제 선정을 위한 연구 계획서 평가 과정에 Reviewer로 활동하였으며, 2016년에는 폴란드 SONATA 프로그램의 NZ2 패널 (Genetics, Genomics)의 연구과제 “NTR1: a key factor involved in the regulation of co-transcriptional splicing in *Arabidopsis thaliana*” 평가에 참여하여 연구과제 평가위원으로 활동함.

▶ 국외 박사학위 논문 및 Book Chapter 심사

- 강훈승 교수는 2016년 호주 The Australian National University의 Marlen Reichel 학생의 박사학위 논문 “The scope and impact of post-transcriptional gene regulation in plants-microRNAs and the RNA-binding proteome of Arabidopsis” 의 심사위원으로 활동함.
- 강훈승 교수는 2018년 파키스탄 Kohat University of Science & Technology의 Ali Rehman 학생의 박사학위 논문 “Effect of plant-derived smoke solution on nodule formation and proteomics of chickpea (*Cicer Arietinum L.*)” 의 심사위원으로 활동함.
- 강훈승 교수는 2015년 Austin Publishing Group에서 출간한 “Cold Shock Protein: Structural Features, Biological Distribution and Future prospects” 서적의 평가위원으로 활동함.

② 국제 공동연구 실적

<표 3-6> 최근 5년간(2015.1.1.-2019.12.31.) 국제 공동연구 실적

연번	공동연구 참여자		상대국/ 소속기관	국제 공동연구 실적	DOI 번호/ISBN 등 관련 인터넷 link 주소
	교육연구단 참여교수	국외 공동연구자			
1	강훈승	Colas des Francs-Small, Catherine, Small, Ian	호주/The University of Western Australia	K. Lee, J.H. Han, Y.-I. Park, C. Colas des Francs-Small, I. Small & H. Kang (2017). The mitochondrial pentatricopeptide repeat protein PPR19 is involved in the stabilization of NADH dehydrogenase 1 transcripts and is crucial for mitochondrial function and Arabidopsis thaliana development. <i>New Phytologist</i> Vol. 215, pp. 202-216.	10.1111/nph.14528
2	강훈승	Colas des Francs-Small, Catherine, Small, Ian, Whitby, Michael	호주/The University of Western Australia	K. Lee, S.J. Park, C. Colas des Francs-Small, M. Whitby, I. Small & H. Kang (2019). The coordinated action of PPR4 and EMB2654 on each intron half mediates trans-splicing of rps12 transcripts in plant chloroplasts. <i>Plant J.</i> Vol. 100, pp. 1193-1207.	10.1111/tpj.14509
3	김익수	Atanasova, Daniela; Husemann, Martin; Rethwisch, Michael; Sanaei, Ehsan; Seiedy, Marjan; Toshova, Teodora B.; Tuda, Midori	불가리아/ Agricultural University of Plovdiv 독일/ University of Hamburg 미국/ University of California Cooperative Extension 호주/ University of Queensland 이란/ University of Tehran 불가리아/ Bulgarian Academy of Sciences 일본/ Kyushu University	E. Sanaei, M. Husemann, M. Seiedy, M. Rethwisch, M. Tuda, T. B. Toshova, M. J. Kim, D. Atanasova & I. Kim (2019) Global genetic diversity, lineage distribution, and Wolbachia infection of the alfalfa weevil <i>Hypera postica</i> (Coleoptera: Curculionidae). <i>Ecol. Evol.</i> , 9(17), 9546-9563.	10.1002/ece3.5474
4	한연수	Bharat Bhusan Patnaik	인도/Dept. of Bio-science and Biotechnology,	Kim SG, Jo YH, Seong JH, Park KB, Noh MY, Cho JH, Ko HJ, Kim CE, Tindwa H, Patnaik BB, Bang IS, Lee YS, Han YS. TmSR-C,	10.1016/j.ibmb.2017.08.007.

② 국제 공동연구 실적

<표 3-6> 최근 5년간(2015.1.1.-2019.12.31.) 국제 공동연구 실적

연번	공동연구 참여자		상대국/ 소속기관	국제 공동연구 실적	DOI 번호/ISBN 등 관련 인터넷 link 주소
	교육연구단 참여교수	국외 공동연구자			
			Fakir Mohan University	scavenger receptor class C, plays a pivotal role in antifungal and antibacterial immunity in the coleopteran insect. Tenebrio molitor. Insect Biochem Mol Biol. 2017 Oct;89:31-42.	
5	김철수	Thomas Leustek, David B. Knaff	미국 / Rutgers University, 미국 / Texas Tech University	J-S. Chung, H-N. Lee, T. Leustek, D. B. Knaff, & C.S. Kim (2015) The Arabidopsis thaliana adenosine 5' -phosphosulfate reductase 2 (AtAPR2) participates in flowering time and glucose response. J. Plant Biol., 58: 128-136	10.1007/s12374-014- 0514-2

3.1 참여교수의 국제화 현황

③ 외국 대학 및 연구기관과의 연구자 교류 실적 및 계획

③ 외국 대학 및 연구기관과의 연구자 교류 실적 및 계획

▶ 참여교수의 교류를 통한 논문 발표

○ 실적

- 강훈승 교수는 호주 Western Australia University의 Ian Small 교수와 공동연구를 통하여 “The mitochondrial pentatricopeptide repeat protein PPR19 Is involved in the stabilization of NADH dehydrogenase 1 transcripts and is crucial for mitochondrial function and *Arabidopsis thaliana* development” 제목의 논문을 우수 저널인 *New Phytologist*에 발표함(2017.7).
- 강훈승 교수는 인도 University of Kashmir 대학의 Riffat John 교수와 공동연구를 통하여 “Abiotic stress: Interplay between ROS, hormones and MAPKs” 제목의 논문을 우수 저널인 *Environmental and Experimental Botany*에 발표함(2017.5).
- 강훈승 교수는 호주 Western Australia University의 Ian Small 교수와 공동연구를 통하여 “The coordinated action of PPR4 and EMB2654 on each intron half mediates trans-splicing of *rps12* transcripts in plant chloroplasts” 제목의 논문을 우수 저널인 *Plant Journal*에 발표함(2019.12).
- 한연수 교수는 미국 California 주립대학교의 김유정 교수, 인도의 Trident School of Biotech Sciences, Trident Academy of Creative Technology에 근무하는 Bharat Bhusan Patnaik 박사, 탄자니아의 Sokoine University of Agriculture에 근무하는 Tindwa Hamisi 교수와 곤충내재면역 기작에 대한 공동연구를 통하여 *Scientific Reports* (2017.4), *Insect Biochemistry and Molecular Biology* (2017.9), *Entomological Research* (2018.1, 2016.3) 등의 국제저널에 논문을 발표함.
- 한연수 교수는 미국의 김유정 교수(California State University, San Bernardino)와 공동연구를 통하여, *TmToll-7 Plays a Crucial Role in Innate Immune Responses Against Gram-Negative Bacteria by Regulating 5 AMP Genes in *Tenebrio molitor**. *Front Immunol.* (2019.3), *TmCactin plays an important role in Gram-negative and -positive bacterial infection by regulating expression of 7 AMP genes in *Tenebrio molitor**. *Sci Rep.* (2017.4) 등의 논문을 발표함.
- 한연수 교수는 인도의 Trident Academy of Creative Technology (TACT) 대학교의 Bharat Bhusan Patnaik 교수와 공동연구를 통하여, *Regulation of the expression of nine antimicrobial peptide genes by TmIMD confers resistance against Gram-negative bacteria*. *Scientific Reports* (2019. 01), *Molecular Cloning and Effects of Tm14-3-3 ζ -Silencing on Larval Survivability Against *E. coli* and *C. albicans* in *Tenebrio molitor**. *Genes (Basel)* (2018. 06), *TmSR-C, scavenger receptor class C, plays a pivotal role in antifungal and antibacterial immunity in the coleopteran insect *Tenebrio molitor**. *Insect Biochem Mol Biol.* (2017.10) 등 다수의 논문을 발표함.
- 김철수 교수는 미국 Rutgers 대학교의 Thomas Leustek 교수 및 미국 Texas Tech 대학교의 David Knaff 교수와 공동연구를 통하여 “The *Arabidopsis thaliana* Adenosine 5' -Phosphosulfate Reductase 2 (AtAPR2) participates in flowering time and glucose response” 제목의 논문을 *Journal of Plant Biology*에 발표함(2015.4).

- 김익수 교수는 호주, 독일, 미국, 일본, 불가리아 등 다수 국제 공동연구자들과 “Global genetic diversity, lineage distribution, and Wolbachia infection of the alfalfa weevil *Hypera postica* (Coleoptera: Curculionidae)” 제목의 논문을 Ecology and Evolution에 발표함(2019.6).

○ 계획

- 강훈승 교수는 영국 University of Nottingham의 Rupert Fray 교수, National University of Singapore의 Hao Yu 교수와 교류를 통하여 RNA 메틸화가 식물 생육 및 스트레스 반응에 관여하는 기능을 밝히는 연구를 수행하고 결과를 우수 논문에 발표할 계획임.
- 강훈승 교수는 중국 Jangsu Normal University의 Xu Tao 교수와 공동연구를 통하여, RNA 메틸화가 작물(토마토 등) 과실 발달, 등숙 및 스트레스 반응에 미치는 영향을 규명하고 활용 가능성을 타진하는 공동연구를 수행하여 우수 논문을 발표할 것임.
- 강훈승 교수는 호주 Western Australia University의 Ian Small 교수와 공동연구를 통하여, RNA-결합 단백질이 식물 생육 및 스트레스 내성에 미치는 영향을 규명하는 공동연구를 수행하여 우수 논문을 발표할 것임.
- 김익수 교수는 미국 Purdue University의 농대 곤충학과 학과장인 Stephen L. Cameron와 지속적인 교류를 해왔으며 2018년도는 김익수 교수의 지도학생이었던 김민지 박사가 1년간 Cameron 교수 연구실에서 Post-doc을 수행한 바 있음. 향후 그간의 연구결과를 공동으로 발표하고자 함.
- 김익수 교수는 일본의 Kyoto Sangyo University의 Jun-ichi Takahashi 교수와 각국의 벌류에 대한 공동관심 사항을 논의하고 공동연구를 수행해온 바 있으며 향후 그간의 공동연구 결과를 논문으로 발표하고자 함.
- 정래동 교수는 지도교수이자 식물면역 권위자인 미국 켄터키대학 식물병리학과 Pradeep Kachroo, Aardra Kachroo 교수와 식물면역체계에 대해 공동연구를 해왔으며, 식물의 전신획득저항성 인자 규명 관련 결과 관련하여 공동연구 결과 논문을 발표할 계획임.

▶ 참여교수의 인적 상호 교류

○ 실적

- 강훈승 교수는 파키스탄 Kohat University of Science and Technology의 Shafiq Rehman 박사를 초청하여 “EFFECT OF PLANT-DERIVED SMOKE SOLUTION ON NODULE FORMATION AND PROTEOMICS OF CHICKPEA (*Cicer arietinum* L.)” 주제의 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을 논의함(2016.5).
- 강훈승 교수는 베트남 Tay Nguyen University의 Nguyen Anh Dzung 박사를 초청하여 “Isolation and screening of indigenous nitrogen fixing rhizobacteria in the roots of coffee (*Coffea arabica*) of central highland, Vietnam” 주제의 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을 논의함. 또한 베트남 Tay Nguyen University의 Van Tien Dung 박사를 초청하여 “Preparation of nanofertilizer based on chitosan nanoparticles and its effect on biophysical characteristics and growth of coffee in green house” 주제의 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을

논의함(2016.6).

- **한연수 교수**는 미국의 “존스홉킨스대학의 Jacobs Lorena 교수의 실험실에서 바이러스 감염 실험을 통하여 Viral RNA 추출법 비교 분석 실험을 수행함.
- **김철수 교수**는 중국의 Xuelu Wang 박사(Huazhong Agricultural University)를 초청하여 “Molecular mechanism of brassinosteroid and strigolactone signaling to regulate rice development” 및 “Plant development under stress: The crosstalk between BR and ABA signaling pathways” 주제 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을 논의함 (2018.11.9 ~ 10).
- **김익수 교수**는 영국의 University of Exeter의 Peter Kennedy 박사를 초청하여 “Tackling the invasive hornet *Vespa velutina*.” 주제의 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을 논의함 (2019.5).
- **김익수 교수**는 미국 Purdue 대학교 Stephen L. Cameron 교수를 초청하여 “Genome-led Diagnostic Research in Asian Fruit Flies, Genus *Bactrocera*” 주제의 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을 논의함 (2019.2).

○ 계획

- **강훈승 교수**는 영국 University of Nottingham의 Rupert Fray 교수, National University of Singapore의 Hao Yu 교수, 중국 Jangsu Normal University의 Xu Tao 교수, 호주 Western Australia University의 Ian Small 교수 연구진과 상호 방문 및 대학원생 교류를 통하여, RNA-결합 단백질 및 RNA 메틸화가 식물 생육 및 스트레스 반응에 관여하는 기능을 밝히는 연구에 관한 정보를 공유하고 연구 방향에 대한 토의를 통하여 연구의 수월성을 증진시키기 위한 교류를 추진할 계획임.
- **김철수 교수**는 중국, Huazhong Agricultural University, Xuelu Wang 박사의 연구실에 방문하여 “Soybean crop development under abiotic stress: The crosstalk between Drought and BR signaling pathways” 주제 강연과 함께 공동연구 내용 및 방향을 논의할 예정임 (2021.6).
- **김익수 교수**는 중국 Jiangsu University of Science and Technology, Zhongzheng Gui 교수와 최근 국내에 비래한 열대거세미나방의 기원추적과 국내 정착 특징에 대한 공동연구 수행을 위한 교류를 추진할 계획임.
- **정래동 교수**는 기후이상변화에 따른 식물바이러스의 피해가 급증함에 따라 바이러스-식물-해충간의 상호작용 관련 연구를 중국 Zhejiang University Zhenghe Li 교수, 난징대학교 Kai Xu 교수와 국제 공동연구를 통하여 우수한 연구를 진행하고자 함.
- **정래동 교수**는 식물바이러스 면역 기작을 통한 작물보호 연구를 미국 켄터키대학교 Pradeep Kachroo 교수와 Aardra Kachroo, 미국 오하이오주립대 Ye Xia 교수와 공동연구를 통해 연구의 질적 향상을 올리고자 함. 또한 식물바이러스 방제제 개발의 부제로 RNAi-나노 delivery system을 이용하여 영국 캠브리지대학의 John Carr 교수와 특이적 바이러스 억제제 개발 연구를 진행하고자 함.

V. 사업비 집행 계획

1. 사업비 집행 계획(1-8차년도)

(단위: 천원)

항목	1차년도 (20.9- 21.2)	2차년도 (21.3- 22.2)	3차년도 (22.3- 23.2)	4차년도 (23.3- 24.2)	5차년도 (24.3- 25.2)	6차년도 (25.3- 26.2)	7차년도 (26.3- 27.2)	8차년도 (27.3- 27.8)	계
대학원생 연구장학금	73,200	182,400	182,400	182,400	182,400	182,400	182,400	73,200	1,240,800
신진연구인력 인건비	21,500	43,200	43,200	43,200	43,200	43,200	43,200	21,500	302,200
산학협력 전담인력 인건비									
국제화 경비	28,000	53,000	53,000	53,000	53,000	53,000	53,000	28,000	374,000
교육연구단 운영비	14,640	32,300	32,300	32,300	32,300	32,300	32,300	14,640	223,080
교육과정 개발비									
실험실습 및 산학협력 활동 지원비	1,740	4,500	4,500	4,500	4,500	4,500	4,500	1,740	30,480
간접비	7,320	16,600	16,600	16,600	16,600	16,600	16,600	7,320	114,240
합계	146,400	332,000	332,000	332,000	332,000	332,000	332,000	146,400	2,284,800

2. 사업비 집행 세부 내역(1~8차년도)

2. 사업비 집행 세부 내역(1~8차년도)

[1차년도] (2차년도 이후 동일 양식으로 기재)

1) 대학원생 연구장학금

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
석사과정생	8 (12×0.7)	700	6	33,600
박사과정생	2 (4×0.7)	1,300	6	15,600
박사 수료생	4 (7×0.7)	1,000	6	24,000
합계	14	작성 불필요	작성 불필요	73,200

2) 신진연구인력 인건비

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
박사후 과정생	1	3,000	6	18,000
박사후 과정생 사업자부담금,퇴직금	1	3,500	1	3,500
합계	1	작성 불필요	작성 불필요	21,500

3) 산학협력 전담인력 인건비

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
산학협력 전담인력				

4) 국제화 경비

(단위 : 천원)

구분	산출근거	금액
단기연수	▶ 대학원생 단기 (15일 이내) 해외연수 경비 및 참가비 지원 - 3,000천원/인×5인 = 15,000	15,000
장기연수	▶ 대학원생 장기 (15일 이상) 해외연수 경비 및 참가비 지원 - 5,000천원/인×1인 = 5,000	5,000
해외석학초빙	▶ 해외 석학 초빙 항공료 및 체제비 지원 - 4,000천원/인×1인 = 4,000	4,000
기타국제화활동	▶ 대학원생 국제학술대회 참가비 지원 - 500천원/인×8인 = 4,000	4,000
합계		28,000

5) 교육연구팀 운영비

(단위 : 천원)

구분	산출근거	금액
교육연구팀 전담직원 인건비	▶ 교육연구팀 전담직원 1인 고용 - 1,000천원/인×6개월 = 6,000 ▶ 전담직원 사용자부담금, 퇴직금 1,300	7,300
성과급	▶ 논문 발표 성과급 - 1,000천원/인×3건 = 3,000	3,000
국내여비	▶ 국내여비	400
학술활동지원비	▶ 국내 학회 및 세미나 참가비 = 1,000 ▶ 전문가 초청 세미나 및 자문료 = 1,500	2,500
산업재산권 출원등록비		0
일반수용비	▶ 사무용품비, 인쇄비	500
회의 및 행사 개최비	▶ 회의비 및 사업팀 학술 행사비	940
각종 행사경비		0
기타		0
합 계		14,640

6) 교육과정 개발비

(단위 : 천원)

산출근거	금액
▶ - .	

7) 실험실습 및 산학협력활동 지원비

(단위 : 천원)

산출근거	금액
▶ 소모성 재료비 (대학원생 실험용)	1,740

8) 간접비 : 7,320천원

[2-7차년도]

1) 대학원생 연구장학금

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
석사과정생	10	700	12	84,000
박사과정생	4	1,300	12	62,400
박사 수료생	3	1,000	12	36,000
합계	17	작성 불필요	작성 불필요	182,400

2) 신진연구인력 인건비

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
박사후 과정생	1	3,000	12	36,000
박사후 과정생 사업자부담금,퇴직금	1	7,200	1	7,200
합계	1	작성 불필요	작성 불필요	43,200

3) 산학협력 전담인력 인건비

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
산학협력 전담인력				

4) 국제화 경비

(단위 : 천원)

구분	산출근거	금액
단기연수	▶ 대학원생 단기 (15일 이내) 해외연수 경비 및 참가비 지원 - 3,000천원/인 × 10인 = 30,000	30,000
장기연수	▶ 대학원생 장기 (15일 이상) 해외연수 경비 및 참가비 지원 - 5,000천원/인 × 2인 = 10,000	10,000
해외석학초빙	▶ 해외 석학 초빙 항공료 및 체제비 지원 - 4,000천원/인 × 2인 = 8,000	8,000
기타국제화활동	▶ 대학원생 국제학술대회 참가비 지원 - 500천원/인 × 10인 = 5,000	5,000
합계		53,000

5) 교육연구팀 운영비

(단위 : 천원)

구분	산출근거	금액
교육연구팀 전담직원 인건비	▶ 교육연구팀 전담직원 1인 고용 - 1,000천원/인×12개월 = 12,000 ▶ 전담직원 사용자부담금, 퇴직금 2,800	14,800
성과급	▶ 논문 발표 성과급 - 1,000천원/인×5건 = 5,000	5,000
국내여비	▶ 300,000 * 5명 * 2회	3,000
학술활동지원비	▶ 국내 학회 및 세미나 참가비 = 2,000 ▶ 전문가 초청 세미나 및 자문료 = 4,000	6,000
산업재산권 출원등록비		0
일반수용비	▶ 사무용품비, 인쇄비	1,000
회의 및 행사 개최비	▶ 회의비 및 사업팀 학술 행사비	2,500
각종 행사경비		0
기타		0
합 계		32,300

6) 교육과정 개발비

(단위 : 천원)

산출근거	금액
▶ - .	

7) 실험실습 및 산학협력활동 지원비

(단위 : 천원)

산출근거	금액
▶ 소모성 재료비 (대학원생 실험용)	4,500

8) 간접비 : 16,600천원

[8차년도]

1) 대학원생 연구장학금

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
석사과정생	8 (12×0.7)	700	6	33,600
박사과정생	2 (4×0.7)	1,300	6	15,600
박사 수료생	4 (7×0.7)	1,000	6	24,000
합계	14	작성 불필요	작성 불필요	73,200

2) 신진연구인력 인건비

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
박사후 과정생	1	3,000	6	18,000
박사후 과정생 사업자부담금,퇴직금	1	3,500	1	3,500
합계	1	작성 불필요	작성 불필요	21,500

3) 산학협력 전담인력 인건비

(단위 : 천원)

구분	지원대상인원(A)	1인당 월지급액(B)	지급개월수(C)	산출액(A*B*C)
산학협력 전담인력				

4) 국제화 경비

(단위 : 천원)

구분	산출근거	금액
단기연수	▶ 대학원생 단기 (15일이내) 해외연수 경비 및 참가비 지원 - 3,000천원/인×5인 = 15,000	15,000
장기연수	▶ 대학원생 장기 (15일이상) 해외연수 경비 및 참가비지원 - 5,000천원/인×1인 = 5,000	5,000
해외석학초빙	▶ 해외 석학 초빙 항공료 및 체제비 지원 - 4,000천원/인×1인 = 4,000	4,000
기타국제화활동	▶ 대학원생 국제학술대회 참가비 지원 - 500천원/인×8인 = 4,000	4,000
합계		28,000

5) 교육연구팀 운영비

(단위 : 천원)

구분	산출근거	금액
교육연구팀 전담직원 인건비	▶ 교육연구팀 전담직원 1인 고용 - 1,000천원/인×6개월 = 6,000 ▶ 전담직원 사용자부담금, 퇴직금 1,300	7,300
성과급	▶ 논문 발표 성과급 - 1,000천원/인×3건 = 3,000	3,000
국내여비	▶ 국내여비	400
학술활동지원비	▶ 국내 학회 및 세미나 참가비 = 1,000 ▶ 전문가 초청 세미나 및 자문료 = 1,500	2,500
산업재산권 출원등록비		0
일반수용비	▶ 사무용품비, 인쇄비	500
회의 및 행사 개최비	▶ 회의비 및 사업팀 학술 행사비	940
각종 행사경비		0
기타		0
합 계		14,640

6) 교육과정 개발비

(단위 : 천원)

산출근거	금액
▶ - .	

7) 실험실습 및 산학협력활동 지원비

(단위 : 천원)

산출근거	금액
▶ 소모성 재료비 (대학원생 실험용)	1,740

8) 간접비 : 7,320천원

[첨부 1] 2020년도 대학원 학과(부) 소속 전체 교수 현황

기준일	소속대학원 학과(부)	성명		직급	연구자 등록번호	세부 전공분야	신임/기존	사범대/ 분교	임상/기초	외국인/ 내국인	사업 참여 여부	비고
		한글	영문						건축공학/건축학 인문사회계열			
2020.05.14	응용생물학과	김익수	Iksoo Kim	교수	10138617	동물분류/계 통	기존			내국인	참여	
2020.05.14	응용생물학과	한연수	Han, Yeonsoo	교수	10088334	세포생리	기존			내국인	참여	
2020.05.14	응용생물학과	김철수	Kim, Cheolsoo	교수	10103401	분자유전	기존			내국인	참여	
2020.05.14	응용생물학과	강훈승	Kang, Hunseung	교수	10103561	식물유전	기존			내국인	참여	
2020.05.14	응용생물학과	정래동	Rae-Dong Jeong	조교수	11004729	식물병리	기존			내국인	참여	
전체 교수 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 포함)			5	기존 교수 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 포함)			5	신임교수 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 포함)			0	
전체 교수 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 제외)			5	기존 교수 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 제외)			5	신임교수 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 제외)			0	
신임교수 실적 포함 여부		기타 업적물(저서, 특허, 기술이전, 창업 실적) /연구비/ 교육역량 대표실적				<input type="checkbox"/> 예			<input type="checkbox"/> 아니오			

[첨부 2] 2020년도 교육연구팀 참여교수의 지도학생 현황

기준일	소속대학원 학과(부)	성명		학번	생년 (YYYY)	외국인/ 내국인	자교/ 타교	지도교수 성명		학위과정		사업 참여 여부	비고 (임상구분)
		한글	영문					성명	임상/기초 초	과정	재학 학기수		
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	TRINH THI HUONG	Thi Huong Trinh	186987	1987	외국인	타교	강훈승		석사	4	미참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	김정인	JEONGIN KIM	196672	1997	내국인	자교	김철수		석사	3	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	SHOAIB YASIRA	SHOAIB YASIRA	196930	1995	외국인	타교	강훈승		석사	3	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	정휘원	HWIWON JEONG	196966	1996	내국인	자교	정래동		석사	3	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	정나라	NARA JEONG	197346	1996	내국인	자교	김익수		석사	3	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	이건희	KEON HEE LEE	197696	1994	내국인	자교	김익수		석사	2	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	이효정	HYOJEONG LEE	198457	1996	내국인	자교	정래동		석사	3	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	김나경	NAKYEONG KIM	207217	1997	내국인	자교	정래동		석사	1	참여	
2020.05.14	일반대학원 석사과정 응용생물학과	박초롱	CHORONG PARK	208929	1996	내국인	자교	김철수		석사	1	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 응용생물학과	CAI JING	Jing Cai	187427	1991	외국인	타교	강훈승		박사	4	참여	

기준일	소속대학원 학과(부)	성명		학번	생년 (YYYY)	외국인/ 내국인	자교/ 타교	지도교수 성명		학위과정		사업 참여 여부	비고 (임상구분)
		한글	영문					성명	임상/기초 초	과정	재학 학기수		
	융생물학과												
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	양성찬	SUNGCHAN YANG	187660	1985	내국인	타교	한연수		박사	4	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	MARYAM ALI MOHAMMADIE KOJOUR	MARYAM ALI MOHAMMADIE	196645	1989	외국인	타교	한연수		박사	2	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	UMME AMARA	UMME AMARA	197880	1994	외국인	타교	강훈승		박사	3	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	김남연	NAM-YEON KIM	197910	1991	내국인	자교	정래동		박사	2	미참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	박정선	JEONG SUN PARK	198422	1991	내국인	자교	김익수		박사	2	참여	
2020.05.14	일반대학원 석·박사통합 과정 융용생 물학과	김성연	SEONGYEON KIM	176732	1991	내국인	타교	한연수		석박사통합	6	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	1983	외국인	타교	김철수		박사	9	미참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융 용생물학과	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	1984	외국인	타교	강훈승		박사	8	미참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 융	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	1990	외국인	타교	한연수		박사	8	미참여	

기준일	소속대학원 학과(부)	성명		학번	생년 (YYYY)	외국인/ 내국인	자교/ 타교	지도교수 성명		학위과정		사업 참여 여부	비고 (임상구분)
		한글	영문					성명	임상/기초 초	과정	재학 학기수		
	용생물학과												
2020.05.14	일반대학원 박사과정 응용생물학과	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	1990	외국인	타교	강훈승		박사	7	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 응용생물학과	박기범	KI BEOM PARK	177031	1990	내국인	자교	한연수		박사	7	참여	
2020.05.14	일반대학원 박사과정 응용생물학과	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	1990	외국인	타교	강훈승		박사	7	참여	
2020.05.14	일반대학원 석·박사통합 과정 응용생물학과	정수연	SU YEON JEONG	156425	1992	내국인	자교	김익수		석박사통합	10	참여	

전체 대학원생 수 (명)	석사	9	참여 대학원생 수 (명)	석사	8	참여비율(%)	석사	88.89
	박사	12		박사	8		박사	66.67
	석·박사통합	2		석·박사통합	2		석·박사통합	100.00
	계	23		계	18		전체	78.26
자교 학사 전체 대학원생 수(명)	석사	7	자교 학사 참여 대학원생 수(명)	석사	7	자교학사 참여비율(%)	석사	100.00
	박사	3		박사	2		박사	66.67
	석·박사통합	1		석·박사통합	1		석·박사통합	100.00
	계	11		계	10		전체	90.91
외국인 전체 대학원생 수(명)	석사	2	외국인 참여 대학원생 수(명)	석사	1	외국인 참여비율(%)	석사	50.00
	박사	8		박사	5		박사	62.50
	석·박사통합	0		석·박사통합	0		석·박사통합	-
	계	10		계	6		전체	60.00

[첨부 3] 최근 3년간 참여교수의 지도학생 확보 실적

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	1	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	3	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	외국인	1984	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	2	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	외국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	4	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	5	NAWAZ GHAZALA	NAWAZ GHAZALA	146218	외국인	1982	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	6	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	외국인	1983	김철수	박사
2020.05.14	4월 1일	7	고혜진	HYEJIN KO	168498	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	8	김종석	JONGSEOK KIM	167396	내국인	1991	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	9	김창은	CHANG-EUN KIM	176128	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	10	민지희	JI-HEE MIN,	146771	내국인	1991	김철수	박사
2020.05.14	4월 1일	11	박기범	KI BEOM PARK	177031	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	12	박승현	Seung Hyeon Park	157432	내국인	1991	김철수	석사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	13	왕아라	AH RHA WANG	178591	내국인	1990	김익수	박사
2020.05.14	4월 1일	15	이진실	JINSIL LEE	176270	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	14	이유범	YUBEOM I	168479	내국인	1976	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	16	정수연	SU YEON JEONG	156425	내국인	1992	김익수	석박사통합
2020.05.14	4월 1일	17	정준성	JUN SEONG JEONG	178369	내국인	1992	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	18	조준호	JUNHO CHO	166131	내국인	1991	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	1	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	22	황은주	EUNJU HWANG	176986	내국인	1988	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	2	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	외국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	3	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	외국인	1984	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	4	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	5	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	외국인	1983	김철수	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	10월 1일	6	TARIKUTESFAYE EDOSA	TARIKU TESFAYE EDOSA	177878	외국인	1986	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	7	ZHUPANPAN	PANPAN ZHU	176357	외국인	1986	강훈승	석사
2020.05.14	10월 1일	8	고혜진	HYEJIN KO	168498	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	9	김남연	NAMYeon KIM	176358	내국인	1991	정래동	석사
2020.05.14	10월 1일	10	김성연	SEONGYEON KIM	176732	내국인	1991	한연수	석박사통합
2020.05.14	10월 1일	11	김인우	IN WOO KIM	147720	내국인	1980	김익수	박사
2020.05.14	10월 1일	12	김종석	JONGSEOK KIM	167396	내국인	1991	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	13	김창은	CHANG-EUN KIM	176128	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	14	민지희	JI-HEE MIN,	146771	내국인	1991	김철수	박사
2020.05.14	10월 1일	15	박기범	KI BEOM PARK	177031	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	16	왕아라	AH RHA WANG	178591	내국인	1990	김익수	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	10월 1일	17	이유범	YUBEOM I	168479	내국인	1976	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	18	이진실	JINSIL LEE	176270	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	19	정수연	SU YEON JEONG	156425	내국인	1992	김익수	석박사통합
2020.05.14	10월 1일	20	정준성	JUN SEONG JEONG	178369	내국인	1992	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	21	조준호	JUNHO CHO	166131	내국인	1991	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	1	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	2	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	외국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	3	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	외국인	1984	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	4	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	5	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	외국인	1983	김철수	박사
2020.05.14	4월 1일	6	TARIKUTESFAYE EDOSA	TARIKU TESFAYE EDOSA	177878	외국인	1986	한연수	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	7	ZHUPANPAN	PANPAN ZHU	176357	외국인	1986	강훈승	석사
2020.05.14	4월 1일	8	고혜진	HYEJIN KO	168498	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	9	김남연	NAMYeon KIM	176358	내국인	1991	정래동	석사
2020.05.14	4월 1일	10	김보배	BOBAE KIM	186701	내국인	1994	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	11	김성연	SEONGYEON KIM	176732	내국인	1991	한연수	석박사통합
2020.05.14	4월 1일	12	김수배	SU BAE KIM	156552	내국인	1986	김익수	박사
2020.05.14	4월 1일	13	김인우	IN WOO KIM	147720	내국인	1980	김익수	박사
2020.05.14	4월 1일	14	김창은	CHANG-EUN KIM	176128	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	16	박기범	KI BEOM PARK	177031	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	17	배영민	YOUNG MIN BAE	186600	내국인	1993	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	15	민지희	JI-HEE MIN,	146771	내국인	1991	김철수	박사
2020.05.14	4월 1일	18	왕아라	AH RHA WANG	178591	내국인	1990	김익수	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	19	이유범	YUBEOM I	168479	내국인	1976	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	20	이진실	JINSIL LEE	176270	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	21	정수연	SU YEON JEONG	156425	내국인	1992	김익수	석박사통합
2020.05.14	4월 1일	22	정준성	JUN SEONG JEONG	178369	내국인	1992	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	23	조준호	JUN HO CHO	188697	내국인	1991	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	24	황은주	EUNJU HWANG	176986	내국인	1988	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	1	민지희	JI-HEE MIN,	146771	내국인	1991	김철수	박사
2020.05.14	10월 1일	2	김수배	SU BAE KIM	156552	내국인	1986	김익수	박사
2020.05.14	10월 1일	3	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	외국인	1983	김철수	박사
2020.05.14	10월 1일	4	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	외국인	1984	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	5	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	외국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	6	이진실	JINSIL LEE	176270	내국인	1990	한연수	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	10월 1일	7	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	8	박기범	KI BEOM PARK	177031	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	9	TARIKUTESFAYE EDOSA	TARIKU TESFAYE EDOSA	177878	외국인	1986	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	10	왕아라	AH RHA WANG	178591	내국인	1990	김익수	박사
2020.05.14	10월 1일	11	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	12	CAI JING	Jing Cai	187427	외국인	1991	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	13	김만일	MANIL KIM	187613	내국인	1982	김익수	박사
2020.05.14	10월 1일	14	고혜진	HYEJIN KO	187652	내국인	1992	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	15	양성찬	SUNGCHAN YANG	187660	내국인	1985	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	16	조준호	JUN HO CHO	188697	내국인	1991	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	17	정수연	SU YEON JEONG	156425	내국인	1992	김익수	석박사통합

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	10월 1일	18	김성연	SEONGYEON KIM	176732	내국인	1991	한연수	석박사통합
2020.05.14	10월 1일	19	김창은	CHANG-EUN KIM	176128	내국인	1992	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	20	ZHUPANPAN	PANPAN ZHU	176357	외국인	1986	강훈승	석사
2020.05.14	10월 1일	21	김남연	NAMYeon KIM	176358	내국인	1991	정래동	석사
2020.05.14	10월 1일	22	황은주	EUNJU HWANG	176986	내국인	1988	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	23	정준성	JUN SEONG JEONG	178369	내국인	1992	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	24	배영민	YOUNG MIN BAE	186600	내국인	1993	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	25	김보배	BOBAE KIM	186701	내국인	1994	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	26	TRINH THI HUONG	Thi Huong Trinh	186987	외국인	1987	강훈승	석사
2020.05.14	4월 1일	1	김수배	SU BAE KIM	156552	내국인	1986	김익수	박사
2020.05.14	4월 1일	2	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	외국인	1983	김철수	박사
2020.05.14	4월 1일	3	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	외국인	1984	강훈승	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	4	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	외국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	5	이진실	JINSIL LEE	176270	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	6	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	7	박기범	KI BEOM PARK	177031	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	8	TARIKUTESFAYE EDOSA	TARIKU TESFAYE EDOSA	177878	외국인	1986	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	9	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	10	CAI JING	Jing Cai	187427	외국인	1991	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	11	김만일	MANIL KIM	187613	내국인	1982	김익수	박사
2020.05.14	4월 1일	12	고혜진	HYEJIN KO	187652	내국인	1992	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	13	양성찬	SUNGCHAN YANG	187660	내국인	1985	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	14	조준호	JUN HO CHO	188697	내국인	1991	한연수	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	15	김창은	CHANG EUN KIM	197738	내국인	1992	한연수	박사
2020.05.14	4월 1일	16	UMME AMARA	UMME AMARA	197880	외국인	1994	강훈승	박사
2020.05.14	4월 1일	17	정수연	SU YEON JEONG	156425	내국인	1992	김익수	석박사통합
2020.05.14	4월 1일	18	김성연	SEONGYEON KIM	176732	내국인	1991	한연수	석박사통합
2020.05.14	4월 1일	19	ZHUPANPAN	PANPAN ZHU	176357	외국인	1986	강훈승	석사
2020.05.14	4월 1일	20	김남연	NAMYeon KIM	176358	내국인	1991	정래동	석사
2020.05.14	4월 1일	21	황은주	EUNJU HWANG	176986	내국인	1988	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	22	배영민	YOUNG MIN BAE	186600	내국인	1993	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	23	김보배	BOBAE KIM	186701	내국인	1994	한연수	석사
2020.05.14	4월 1일	24	TRINH THI HUONG	Thi Huong Trinh	186987	외국인	1987	강훈승	석사
2020.05.14	4월 1일	25	김정인	JEONGIN KIM	196672	내국인	1997	김철수	석사
2020.05.14	4월 1일	26	SHOAIB YASIRA	SHOAIB YASIRA	196930	외국인	1995	강훈승	석사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	4월 1일	27	정휘원	HWIWON JEONG	196966	내국인	1996	정래동	석사
2020.05.14	4월 1일	28	정나라	NARA JEONG	197346	내국인	1996	김익수	석사
2020.05.14	4월 1일	29	이효정	HYOJEONG LEE	198457	내국인	1996	정래동	석사
2020.05.14	10월 1일	1	NGUYEN VAN TINH	Van Tinh Nguyen	166329	외국인	1983	김철수	박사
2020.05.14	10월 1일	2	LE NGUYEN TIEU NGOC	NGUYEN TIEU NGOC LE	167916	외국인	1984	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	3	KESHAVARZ MARYAM	MARYAM KESHAVARZ	168662	외국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	4	HU JIANZHONG	JIANZHONG HU	176396	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	5	박기범	KI BEOM PARK	177031	내국인	1990	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	6	TARIKUTESFAYE EDOSA	TARIKU TESFAYE EDOSA	177878	외국인	1986	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	7	MANDUZIO STEFANO	Stefano Manduzio	178592	외국인	1990	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	8	CAI JING	Jing Cai	187427	외국인	1991	강훈승	박사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	10월 1일	9	고혜진	HYEJIN KO	187652	내국인	1992	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	10	양성찬	SUNGCHAN YANG	187660	내국인	1985	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	11	조준호	JUN HO CHO	188697	내국인	1991	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	12	MARYAMALIMOHA MMADIEKOJOUR	MARYAM ALI MOHAMMADIE	196645	외국인	1989	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	13	김창은	CHANG EUN KIM	197738	내국인	1992	한연수	박사
2020.05.14	10월 1일	14	UMME AMARA	UMME AMARA	197880	외국인	1994	강훈승	박사
2020.05.14	10월 1일	15	김남연	NAM-YEON KIM	197910	내국인	1991	정래동	박사
2020.05.14	10월 1일	16	박정선	JEONG SUN PARK	198422	내국인	1991	김익수	박사
2020.05.14	10월 1일	17	정수연	SU YEON JEONG	156425	내국인	1992	김익수	석박사통합
2020.05.14	10월 1일	18	김성연	SEONGYEON KIM	176732	내국인	1991	한연수	석박사통합
2020.05.14	10월 1일	19	배영민	YOUNG MIN BAE	186600	내국인	1993	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	20	김보배	BOBAE KIM	186701	내국인	1994	한연수	석사

연도	기준일자	연번	성명		학번	외국인/내국인	생년 (YYYY)	지도교수 성명	학위과정
			한글	영문					
2020.05.14	10월 1일	21	TRINH THI HUONG	Thi Huong Trinh	186987	외국인	1987	강훈승	석사
2020.05.14	10월 1일	22	김정인	JEONGIN KIM	196672	내국인	1997	김철수	석사
2020.05.14	10월 1일	23	SHOAIB YASIRA	SHOAIB YASIRA	196930	외국인	1995	강훈승	석사
2020.05.14	10월 1일	24	정휘원	HWIWON JEONG	196966	내국인	1996	정래동	석사
2020.05.14	10월 1일	25	정나라	NARA JEONG	197346	내국인	1996	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	26	이건희	KEON HEE LEE	197696	내국인	1994	김익수	석사
2020.05.14	10월 1일	27	김재호	JAEHO KIM	197706	내국인	1971	한연수	석사
2020.05.14	10월 1일	28	이효정	HYOJEONG LEE	198457	내국인	1996	정래동	석사

대학원생 수(명)	석사	2017년	8.00	석박사통합	2017년	1.50	외국인 학생 수	2017년	6.50
		2018년	8.50		2018년	2.00		2018년	8.00
		2019년	10.50		2019년	2.00			
		전체	27.00		전체	5.50			
	박사	2017년	10.50	총계	2017년	20.00		2019년	11.00
		2018년	14.50		2018년	25.00		전체	25.50
		2019년	16.00		2019년	28.50			
		전체	41.00		전체	73.50			

[첨부 4] 최근 3년간 대학원생 배출 실적 (졸업 및 취(창)업 실적)

연도	기준월	연번	성명		학번	생년 (YYYY)	지도교수 성명	임상/기초	취득 학위	입학 년월	취(창) 업구분	취(창)업정보		
			건축학/건축공학 인문사회계열	회사명				취(창)업 구분				근무 지역		
2017년	2월	1	박기범	Park Ki Boem	157906	1990	한연수		석사	201509	국내진학			
2017년	2월	2	이관욱	Lee Kwanuk	138228	1985	강훈승		박사	201309				
2017년	2월	3	이진실	LEE JINSIL	157060	1990	한연수		석사	201503				
2017년	2월	4	최명효	CHOI MYNGHYO	157438	1990	한연수		석사	201503				
2017년	2월	5	NGUYEN DINH SY	NGUYEN DINH SY	137696	1980	강훈승		박사	201303				
2017년	8월	1	박승현	PARK SEUNGHYEON	157432	1991	김철수		석사	201503				
2018년	2월	1	김종석	KIM JONGSEOK	167396	1991	김익수		석사	201603				
2018년	2월	2	조준호	CHO JUNHO	166131	1991	한연수		석사	201603				
2018년	8월	1	고혜진	KO HYEJIN	187652	1992	한연수		석사	201609				
2018년	8월	2	NAWAZ GHAZALA	NAWAZ GHAZALA	146218	1982	강훈승		박사	201409				
2019년	2월	1	김창은	KIM CHANG EUN	176128	1922	한연수		석사	201703	취업	경농	정규직	전남 나주
2019년	2월	2	민지희	MIN JI-HEE	146771	1991	김철수		박사	201408	취업	Texas A&M Univerisy	비정규직	해외

연도	기준월	연번	성명		학번	생년 (YYYY)	지도교수 성명	임상/기초	취득 학위	입학 년월	취(창) 업구분	취(창)업정보		
			건축학/건축공학	회사명				취(창)업 구분				근무 지역		
			인문사회계열											
2019년	2월	3	정준성	JEONG JUN SEONG	178369	1992	김익수		석사	201703	취업	국립생태 원	비정규직	충남 서천
2019년	8월	1	김남연	KIM NAMYEON	176358	1991	정래동		석사	201709	취업	인바이러 스텍	정규직	광주광역시
2019년	8월	2	김태복	KIM TAEBOK	136004	1980	김철수		석사	201303	취업	농촌진흥 청 원예특 작과학원	정규직	전북 완주
2019년	8월	3	황은주	HWANG EUNJU	176986	1988	김익수		석사	201709	기타			
2019년	8월	4	ZHUPANPAN	ZHUPANPAN	176357	1986	강훈승		석사	201709	취업	Jiangsu Normal Universit y	정규직	해외

졸업생	2017년	전체	석사	4	2018년	전체	석사	3	2019년	전체	석사	6	전체기간	전체	석사	13
			박사	2			박사	1			박사	1			박사	4
			계	6			계	4			계	7			계	17
	임상 제외	석사	4	임상 제외	석사	3	임상 제외	석사	6	임상 제외	석사	13				
		박사	2		박사	1		박사	1		박사	4				
		계	6		계	4		계	7		계	17				
취(창)업	2019년 2월 졸업자	석사	2	국내 진학자 소계	0	2019년 8월 졸업자	석사	4	국내 진학자 소계	0						
				국외 진학자 소계	0				국외 진학자 소계	0						
				입대자 소계	0				입대자 소계	0						
				취(창)업자 소계	2				취(창)업자 소계	3						
		박사	1	입대자 소계	0	박사	1	입대자 소계	0							
				취(창)업자 소계	0			취(창)업자 소계	0							
전체 환산 졸업생 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 포함)			석사	7				전체 환산 졸업생 수 (임상, 건축학, 인문사회계열 제외)	석사	7						
			박사	4					박사	4						
			계	11					계	11						