

식물과 상호작용하는 세균의 유전체 연구 동향

김지현 · 최수근 · 박승환

한국생명공학연구원 미생물유전체연구실

햇빛과 물만 먹고 자라는 듯이 보이는 식물도 실제로는 식물의 체내 및 표면과 뿌리 근처에서 사는 다양한 미생물과 관계를 맺으며 성장한다. 이들 미생물에는 바이러스, 세균, 원생생물, 난균, 진균과 선충 등 고등 동식물을 제외한 거의 모든 분류군이 포함된다.

미생물과 식물 간의 상호작용은 크게 세 가지로 나눌 수 있다. 첫째는 식물과 식물병원균의 관계로서 상호작용의 결과로 식물에 병을 일으키는 것이다(Agrios, 1996). 둘째로 미생물은 식물에서 이익을 얻지만 식물에는 이득도 해도 없는 편리공생을 들 수 있다. 마지막으로 식물과 식물생장 촉진 미생물(Bloemberg & Lugtenberg, 2001) 또는 콩과 식물과 질소고정균 rhizobia(Spaink *et al.*, 1998)의 관계와 같이 양쪽 모두 이익을 얻는 상호공생 관계가 있다. 한편, 미생물과 미생물의 상호작용도 식물에 영향을 미친다. 대표적인 예로 길항미생물은 병원균의 성장을 저해함으로써 병원균이 식물에 병을 일으키는 것을 방지한다.

식물과 상호작용하는 미생물은 농산물과 식품의 안정적 공급의 측면에서 뿐만 아니라 생태계의 균형을 유지하는 데 있어서도 매우 중요한 역할을 담당하고 있다. 만 여 종이 넘는 곰팡이와 바이러스가 식물에 병을 일으키는 것으로 알려져 있는데, 경제적으로도 해마다 약 2천억 불 이상의 손실을 가져오는 것으로 추산되고 있다.

뿐만 아니라 최근의 바이오테러 등은 식량 보안을 심각하게 위협하는 요소로 부각되고 있다(Schaad *et al.*, 1999; American Phytopathological Society ad hoc committee on Crop Bioterrorism, 2002; Committee on Biological Threats to Agricultural Plants and Animals, National Research Council, 2002). 1904년 경 유럽으로부터 미국에 전파되어 북미산 밤나무를 거의 전멸시킨 chestnut blight 병원균 *Cryphonectria parasitica* 는 외래 병원균의 잠재적 위협을 잘 대변해주고 있다.

미생물과 식물 간에 일어나는 상호작용의 기작을 이해함으로써 식물 병을 예방, 치료하고 식물의 성장을 촉진시켜 농산물의 수량과 품질을 향상시키는 데에 활용할 수 있다. 최근에는 이러한 상호작용의 기작을 연구하는 강력한 연구수단으로서 유전체 염기서열 해독과 유전체간 유전정보 비교, 기능 유전체학 등의 유전체학적 연구방법이 활발히 도입되고 있다. 식물관련 미생물의 유전체 해독 및 분석에 대해서는 최근에 여러 편의 총설이 출간되었다(Pierson III & Ishimaru, 2000; Walton, 2000, 2001;

Van Sluys *et al.*, 2002). 본 논문에서는 국내외의 식물관련 세균의 유전체 염기서열 해독 현황 및 전망을 집중적으로 조명하고자 한다.

브라질과 *Xylella fastidiosa* 게놈프로젝트

1995년 미국 유전체연구소(TIGR; <http://www.tigr.org>)에서 유전체 해독의 방법론에 획기적 전환을 가져온 shotgun genome sequencing 방법을 사용하여 최초로 *Haemophilus influenzae* 의 유전체 염기서열을 완전히 해독하는데 성공한 후 (Fleischmann *et al.*, 1995), 식물관련 세균에 대해서도 유전체 분석을 위한 움직임이 전개되기 시작하여 2000년 7월에 브라질의 연구그룹에 의해 식물병원세균인 *Xylella fastidiosa* 의 유전체가 완전 해독되어 Nature에 발표되었다(Simpson *et al.*, 2000).

여기에서 주목해야 할 것은 식물병원균의 유전체를 최초로 해독한 나라가 미국, 영국, 프랑스, 일본 등 소위 당시의 게놈 강국이 아니라 남미의 농업국가인 브라질이었다는 것이다. 브라질은 분자생물학 분야에서도 한참 뒤지는 당시 자국의 생명과학 연구 수준을 선진국 수준으로 획기적으로 끌어올리고자 하던 중, 1997년에 가장 중요한 수출품목 중의 하나인 상파울루(São Paulo) 주의 오펜지 산업에 막대한 피해를 주는 병원균인 *Xylella fastidiosa* 를 선택하여 유전체를 해독하기로 하였다(Bonalume, 1997).

이 프로젝트의 주요 목표 중의 하나는 염기서열 해독 기술을 가능한 한 많은 실험실에 전파하여 과학자들이 유전체 연구에 눈을 뜨게 하는 것이었다. 그리하여 상파울루 주에 있는 30개 연구팀을 골라 여기에서 염기서열을 해독하여 University of Campinas에 있는 생물정보팀에 보내 분석하도록 하였다. 이 컨소시엄은 the Organisation for Nucleotide Sequencing and Analysis(ONSA) 라고 불리었는데, onça는 브라질 말로 TIGR 나 LION 보다는 작지만 날쌔 재규어를 뜻한다.

이 프로젝트의 연구 성과로 브라질은 세계적으로 인정받는 게놈강국이 되었으며, 최근에는 중요한 식물병원세균 그룹 중의 하나인 *Xanthomonas* 의 두 종에 대한 유전체 염기서열을 해독하여 Nature에 발표하였고 (da Silva *et al.* 2002), 현재 사탕수수에 ratoon stunting을 일으키는 *Leifsonia xyli* subsp. *xyli* 와 오펜지에 cancrrosis를 일으키는 *Xanthomonas aurantifolii* B와 C 두 균주, 그리고 포도에 Pierce's 병을 일으키는 *Xylella fastidiosa* Temecula1 균주에 대한 유전체 해독 프로젝트를 진행 중

표 1. 식물관련 세균의 유전체 해독 현황 (2002년 12월 현재)

균주	분류상 위치	크기(Mb)	기주 식물	증상/용도	현황	출처
<i>Agrobacterium tumefaciens</i> C58	α-Proteobacteria	2.84 +2.07 [+0.54 +0.21]	tobacco	crown gall	해독 완료 (Wood <i>et al.</i> 2001; Goodner <i>et al.</i> 2001)	www.agrobacterium.org
<i>Mesorhizobium loti</i> MAFF303099	α-Proteobacteria	7.04 [+0.35 +0.21]	Lotus	nodule (nitrogen fixation)	해독 완료 (Kaneko <i>et al.</i> 2000)	www.kazusa.or.jp/rhizobase/
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1	γ-Proteobacteria	6.26	Arabidopsis	(soft rot-like)	해독 완료 (Stover <i>et al.</i> 2000)	www.pseudomonas.com/
<i>Pseudomonas putida</i> KT2440	γ-Proteobacteria	6.1	various	promotion of plant growth	해독 완료 (Nelson <i>et al.</i> 2002)	www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/ GenomePage3.spl?database=gpp
<i>Ralstonia solanacearum</i> GM11000	β-Proteobacteria	3.72 +2.09	tomato	vascular wilt	해독 완료 (Salanoubat <i>et al.</i> 2002)	sequence.toulouse.inra.fr/ R.solanacearum
<i>Sinorhizobium meliloti</i> 1021	α-Proteobacteria	3.65 [+1.35 +1.68]	alfalfa	nodule(nitrogen fixation)	해독 완료 (Galibert <i>et al.</i> 2001)	sequence.toulouse.inra.fr/ meliloti.html
<i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>citri</i> 306	γ-Proteobacteria	5.18 [+0.03 +0.06]	citrus	canker	해독 완료 (da Silva <i>et al.</i> 2002)	cancer.ibi.ic.unicamp.br/ xanthomonas/
<i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i> ATCC33913	γ-Proteobacteria	5.08	crucifers	black rot	해독 완료 (da Silva <i>et al.</i> 2002)	cancer.ibi.ic.unicamp.br/ xanthomonas/
<i>Xylella fastidiosa</i> 9a5c	γ-Proteobacteria	2.68	citrus	citrus variegated chlorosis (CVC)	해독 완료 (Simpson <i>et al.</i> 2000)	aeg.ibi.ic.unicamp.br/xf/
<i>Xylella fastidiosa</i> Temecula1	γ-Proteobacteria	2.52	grapevine	Pierce's disease	해독 완료 (Van Sluys <i>et al.</i> 2002)	www.ibi.ic.unicamp.br/world /xf-grape/
<i>Xylella fastidiosa</i> pv. <i>oleander</i> Ann-1	γ-Proteobacteria	2.63	oleander	leaf scorch	초안 완료 (Bhattacharya <i>et al.</i> 2002)	www.jgi.doc.gov/jgi_microbial/ html/xylella_oleander /xyle_olean_homepage.html
<i>Xylella fastidiosa</i> pv. <i>almond</i> Dixon	γ-Proteobacteria	2.43	almond	leaf scorch	초안 완료 (Bhattacharya <i>et al.</i> 2002)	www.jgi.doc.gov/jgi_microbial/ html/xylella_almond/ xyle_almnd_homepage.html
<i>Burkholderia cepacia</i> J2315	β-Proteobacteria	3.7 +3.1 +0.8	onion; various	bacterial rot; promotion of plant growth	해독 중 (초안 완료)	www.sanger.ac.uk/Projects/ B_cepacia/

표 1. 계속

균주	분류상 위치	크기(Mb)	기주 식물	증상/용도	현황	홈페이지
<i>Burkholderia fungorum</i> LB400	β -Proteobacteria	8.1		(promotion of plant growth)	해독 중 (초안 완료)	www.jgi.doe.gov/JGI_microbial/html/burkholderia/burk_homepage.html
<i>Clavibacter michiganensis</i> subsp. <i>sepedonicus</i>	High G+C Gram ⁺ bacteria	2.5	potato	ring rot	해독 중	www.sanger.ac.uk/Projects/C_michiganensis/
<i>Erwinia(Pectobacterium) carotovora</i> subsp. <i>atroseptica</i>	γ -Proteobacteria	5.0	potato	black leg (초안 완료)	해독 중	www.sanger.ac.uk/Projects/E_carotovora/
<i>Erwinia(Pectobacterium) chrysanthemi</i> 3937	γ -Proteobacteria	3.7	various	soft rot	해독 중	www.ahabs.wisc.edu:16080/%7Epermalab/erwinia/index.html
<i>Leifsonia xyli</i> subsp. <i>xyli</i>	High G+C Gram ⁺ bacteria	3.0	sugarcane	ratoon stunting	해독 중	aeg.lbi.ic.unicamp.br/
<i>Pseudomonas fluorescens</i> Pf-5	γ -Proteobacteria	6.5	various	biocontrol of plant diseases	해독 중	tigrblast.tigr.org/ufmg/index.cgi?database=p_fluorescenseq
<i>Pseudomonas fluorescens</i> Pf0-1	γ -Proteobacteria	5.5		(biocontrol of plant diseases)	해독 중 (초안 완료)	www.jgi.doe.gov/JGI_microbial/html/pseudomonas/pseudo_homepage.html
<i>Pseudomonas fluorescens</i> SBW25	γ -Proteobacteria	6.6	various	promotion of plant growth	해독 중 (초안 완료)	www.sanger.ac.uk/Projects/P_fluorescens/
<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>tomato</i> DC3000	γ -Proteobacteria	6.0	tomato	bacterial speck	해독 중 (초안 완료)	tigrblast.tigr.org/ufmg/index.cgi?database=p_syringaeiseq
<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>syringae</i> B728a	γ -Proteobacteria	5.6	snap bean	bacterial brown spot	해독 중 (초안 완료)	www.jgi.doe.gov/JGI_microbial/html/pseudomonas_syr/pseudo_syr_homepage.html
<i>Rhizobium leguminosarum</i> bv. <i>viciae</i> 3841	α -Proteobacteria	~7.7	Viciae	nodule (nitrogen fixation)	해독 중 (초안 완료)	www.sanger.ac.uk/Projects/R_leguminosarum/
<i>Spiroplasma kunkelii</i> CR2-3x	Low G+C Gram ⁺ bacteria	1.6	corn	stunt	해독 중	www.genome.ou.edu/spiro.html
<i>Xanthomonas aurantifolii</i> B	γ -Proteobacteria	~5.0	citrus	cancrosis B	해독 중	www.lbm.fcav.unesp.br/
<i>Xanthomonas aurantifolii</i> C	γ -Proteobacteria	~5.0	citrus	cancrosis C	해독 중	www.lbm.fcav.unesp.br/
<i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i>	γ -Proteobacteria	~5.0	crucifers	black rot	해독 완료	www.chgc.sh.cn/ www.chgb.org.cn/en_ke.htm

표 2. 식물관련 세균의 국내 유전체 해독 프로젝트 현황 (2002년 12월 현재)

균주	분류상 위치	크기	특징(Mb)	연구기관	자금지원	현황
<i>Xanthomonas oryzae</i>	γ -Proteobacteria	$\geq 4.5?$	벼 흰잎마름병균	농과원/(주)마크로젠	농촌진흥청 농업과학기술원	초안 완료 (2002)
<i>Paenibacillus polymyxa</i>	Low G+C Gram+ bacteria	$\geq 5?$	식물 유용균 (PGPR)	생명(연)/(주)제노텍/경상대	생명(연)/(주)제노텍	초안 완료 (2002)
<i>Burkholderia glumae</i>	β -Proteobacteria	$\geq 6?$	벼 알마름병균	서울대/(주)마크로젠/ (주)그린진바이오텍/(주)바이오니아/ (주)유진텍	작물유전체기능 연구사업단 (과기부 21C 프론티어)	해독 중

이다 (표 1).

식물병원 세균

식물병원 세균은 분류학적으로 주로 *Proteobacteria*와 그람양성균에 분포하고 있다. 현재 전 세계적으로 유전체 해독이 완료되었거나 수행되고 있는 균주는 20 종류에 이른다(표 1).

*Xylella fastidiosa*는 *Xanthomonas*와 유사하며 γ -*Proteobacteria*에 속한다. 주로 목본식물의 물관부에서 서식하는 난배양 세균이며, 따라서 유전체 크기도 2.5 Mb 정도로 비교적 작은 편이다. 위에서 밝혔듯이 브라질에서 최초로 CVC 균주에 대한 유전체 해독을 이미 완료하였고 (Simpson et al., 2000), 최근에는 미국 캘리포니아 주에서 많은 문제가 되고 있는 포도 Pierce's 병을 일으키는 균주와 아몬드와 협죽도(oleander)에 병을 일으키는 두 균주에 대한 유전체 해독이 진행 중이다.

Xanthomonas 속의 균주들은 거의 모두가 식물병원균으로 기주 특이성이 높은 여러 개의 종과 병원형(pathovar)으로 나뉜다. 브라질 그룹에 의해 올해 *Xanthomonas axonopodis* pv. *citri*와 *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 두 종에 대한 유전체가 분석되어 논문으로 발표되었고(da Silva et al., 2002), 중국에서도 *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*의 유전체 해독을 완료하였다고 언론에 발표한 바 있다. 한편, 일본에서 벼 흰잎마름병을 일으키는 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*의 유전체 해독 프로젝트가 진행 중이라고 하나 자세한 정보는 없다.

*Ralstonia solanacearum*은 가지과 작물을 비롯한 다양한 식물을 공격하여 물관을 막아버림으로써 시들음병을 유발한다. 올해 프랑스 INRA-CNRS의 Christian Boucher와 Genoscope가 주도하여 GM11000 균주의 유전체를 해독하여 발표하였다(Salanoubat et al., 2002). 이 균주의 유전체는 3.7 Mb와 2.1 Mb의 두 염색체로 구성되어 있는데, 2.1 Mb 염색체의 경우 megaplasmid라고도 불리며 식물에 병을 일으키는 데에 필수적인 hrp 유전자가 위치해있다.

Pseudomonas 그룹은 인간·동물 병원균과 식물병원균 그리고 다양한 환경미생물을 포함하고 있다. 이 중 *Pseudomonas syringae*는 식물 병원균으로서 기주 특이성을 가진 여러 병원형으로 나뉘며 식물 병원성에 분자유전학적 연구가 가장 많이 수행된 종이다. 하지만 *P. syringae*의 유전체 해독은 다른 식물

세균에 비해 비교적 늦게 시작되어 현재 Cornell University의 Alan Collmer 팀과 TIGR에 의해 해독된 유전정보를 분석하는 작업이 진행 중이다 (Collmer et al., 2002).

Erwinia 속은 *Escherichia*, *Salmonella*, *Yersinia* 등과 같이 대장균과에 속하며 식물병원균으로 이루어져 있다. *Erwinia* 속의 종들을 *Erwinia*, *Pantoea*, *Pectobacterium* 등의 속으로 다시 나누어야 한다는 제안이 있지만 아직은 *Erwinia*가 통용되고 있다. 이 속에는 *E. carotovora*, *E. chrysanthemi*, *E. amylovora* 등 중요한 식물병원균이 포함되어 있고, 무름병균인 *E. carotovora*, *E. chrysanthemi*에 대해서는 계놈 프로젝트가 진행 중이다.

agrobacteria와 rhizobia

*Agrobacterium tumefaciens*는 가장 유명한 식물병원세균 중의 하나로 다양한 쌍떡잎식물에 혹을 형성한다. *A. tumefaciens*는 식물에 자신의 DNA를 주입하여 형질전환을 유도하는데 이 현상을 활용하여 지난 20여 년 간 식물 분자생물학과 유전공학이 꽃을 피우게 되었다. 그 동안 분자유전학적 연구에 주로 사용된 C58 균주를 University of Washington의 Eugene Nester와 DuPont, 그리고 Cereon의 두 그룹에서 각각 유전체를 해독하였다(Wood et al., 2001; Goodner et al., 2001). 이 균주의 유전체는 2.8 Mb와 2.1 Mb의 주 염색체와 0.5 Mb와 0.2 Mb의 plasmid로 이루어져 있는데, 특이하게도 2.1 Mb 염색체는 세균에서는 actinomycetes를 제외하고는 드물게 존재하는 선형 염색체이다. 한편 0.2 Mb plasmid는 T-DNA를 전달하여 식물 형질전환을 유도하는 Ti plasmid이다.

식물과 공생하는 rhizobia는 α -*Proteobacteria*에 속하며 azorhizobia, bradyrhizobia, mesorhizobia, rhizobia, sinorhizobia 등 다양한 분류군으로 나뉘어진다. 지난 1997년에 *Rhizobium* sp. NGR234 균주에 대해서 약 500 kb가 넘는 Sym plasmid의 염기서열이 이미 해독되었고(Freiberg et al., 1997), 2000년에는 일본의 Kazusa DNA 연구소에 의해 *Mesorhizobium loti*의 유전체가, 2001년에는 미국, 캐나다, 독일과 유럽연합의 다국적 연구팀에 의해 *Sinorhizobium meliloti*의 유전체가 완전히 해독되었다(Kaneko et al., 2000; Galibert et al., 2001). 이외에도 현재 영국의 Sanger 연구소에서 *Rhizobium leguminosarum*의 유전체 초안을 완성한 상태이다.

식물유용세균

식물병원균과 rhizobia 외에도 식물의 체내 또는 표면에 서식하면서 식물의 생육을 촉진하고 병원균의 공격으로부터 식물을 보호하여 식물병의 생물학적 방제에 이용되며 일부는 종종 plant growth-promoting rhizobacteria(PGPR)라고 불리는 미생물의 유전체 연구도 활발히 진행 중이다. 대표적인 예로 최근에 TIGR와 독일의 연구팀에 의해 *Pseudomonas putida* KT2440의 유전체가 해독되었고(Nelson *et al.*, 2002), *Pseudomonas fluorescens*와 *Burkholderia* 속 균에 대한 유전체 분석도 진행 중이다.

미국의 식물관련 미생물 유전체 연구 동향

미국의 식물병리학자들은 식물병원균 유전체 연구 분야에서 브라질과 유럽 등의 활발한 연구로 선수를 빼앗겨 상당한 위기감을 느끼고 있는 듯하다. 이에 올해 4월에 미국 식물병리학회(American Phytopathological Society, APS; <http://www.apsnet.org>)에서는 미국의 농업에 중요한 식물 바이러스, 세균, 난균, 진균, 선충의 리스트를 작성하였고, 10월에는 Plant-Associated Microbe Genome Initiative를 구성하여 백서를 발간하였다(http://www.ismpminet.org/Final_Plant_Associated_Microbe_Genome_Initiative.pdf). 백서에 따르면 학회는 미국정부에 식물관련 미생물의 유전체에 대한 국제공동 연구를 위해 앞으로 5년 간 오천 억 원 이상(US\$ 500 million)을 요청하기로 하였다.

국내의 식물관련 세균 유전체 연구

국내에서의 식물관련 미생물의 유전체 연구는 아직 초기 단계에 지나지 않는다. 농촌진흥청에서 벼 흰잎마름병균인 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*의 유전체 해독을 최초로 시작하여 현재 초안이 완성된 상태이고, 한국생명공학연구원에서는 식물유용세균인 *Paenibacillus polymyxa* E681 균주에 대해서 서울대학교에서는 벼 세균성 잎마름병균인 *Burkholderia glumae*에 대해서 각각 유전체 해독 프로젝트를 진행 중이다 (표 2).

결 어

바야흐로 생명과학의 다른 분야와 마찬가지로 식물세균학의 분야도 연구의 기본 틀이 기존의 분자생물학에서 유전체학으로 quantum jump를 하고있다. 즉 식물세균의 유전체가 해독되고 기주 식물의 유전체도 빠른 속도로 해독되어 유전체 수준에서 미생물과 식물의 상호작용을 조망하고 그 기작을 연구할 수 있게 된 것이다. 따라서 이러한 연구 패러다임의 획기적 전환을 우리나라의 식물병리학자도 빨리 수용하여야 한다. 우리가 브라질과 같이 식물관련 미생물의 유전체 연구 초기에 기선을 잡지는 못했지만 지금이라도 서둘러 식물미생물의 연구에 있어서 버스를 떠난 뒤에 홀로 먼지 속에 남겨지는 불운을 겪어서는 안될 일이다.

감사의 글

본 논문의 저자는 과학기술부 21C 프론티어 미생물유전체활용기술개발사업(과제번호 MG02-0402-001-0-0 및 MG02-0201-001-2-2-0)과 작물유전체기능연구사업(과제번호 CG1412)의 지원으로 연구과제를 수행하고 있습니다. 본 논문에 서술된 내용의 일부는 상기 사업에서 연구비를 지원받아 수행한 연구결과이며 이에 감사 드립니다.

참고문헌

- Agrios, G. N. 1996. Plant Pathology, 4th ed. Academic Press. 656 pp.
- American Phytopathological Society ad hoc committee on Crop Bioterrorism (Beale, J., B. Brown, M. Cline, J. Cook, A. Desjardins, J. Fletcher, J. Leach, A. Lévesque, L. Madden, N. Schaad). 2002. Crop biosecurity and countering agricultural bioterrorism: responses of the American Phytopathological Society. APSnet Feature, October 2002. <http://www.apsnet.org/online/feature/bioterrorism/>
- Bhattacharyya, A., S. Stilwagen, G. Reznik, H. Feil, W. S. Feil, I. Anderson, A. Bernal, M. D' Souza, N. Ivanova, V. Kapratl, et al. 2002. Draft sequencing and comparative genomics of *Xylella fastidiosa* strains reveal novel biological insights. *Genome Res.* 12:1556-1563.
- Bloemberg, G. V. and B. J. Lugtenberg. 2001. Molecular basis of plant growth promotion and biocontrol by rhizobacteria. *Curr. Opin. Plant Biol.* 4:343-350.
- Bonalume R. 1997. Brazil to sequence 'first plant pathogen'. *Nature* 389:654.
- Collmer, A., M. Lindeberg, T. Petnicki-Ocwieja, D. J. Schneider, J. R. Alfano. 2002. Genomic mining type III secretion system effectors in *Pseudomonas syringae* yields new picks for all TTSS prospectors. *Trends Microbiol.* 10:462-469.
- Committee on Biological Threats to Agricultural Plants and Animals, National Research Council (Moon, H. W., M. Ascher, R. J. Cook, D. R. Franz, M. Hoy, D. F. Husnik, H. H. Jensen, K. H. Keller, J. Lederberg, L. V. Madden, L. S. Powers, A. D. Steinberg, J. Kuzma). 2002. Countering Agricultural Bioterrorism. National Academy Press. 194 pp. <http://www.nap.edu/catalog/10505.html>
- da Silva, A. C. R., J. A. Ferro, F. C. Reinach, C. S. Farah, L. R. Furlan, R. B. Quaggio, C. B. Monteiro-Vitorello, M. A. Van Sluys, N. F. Almeida Jr., L. M. C. Alves, et al. 2002. Comparison of the genomes of two *Xanthomonas* pathogens with differing host specificities. *Nature* 417:459-463.
- Fleischmann, R. D., M. D. Adams, O. White, R. A. Clayton, E. F. Kirkness, A. R. Kerlavage, C. J. Bult, J.-F. Tomb, B. A. Dougherty, J. M. Merrick, et al. 1995. Whole-genome random

- sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. *Science* 269:496-512.
- Freiberg, C., R. Fellay, A. Bairoch, W. J. Broughton, A. Rosenthal, and X. Perret. 1997. Molecular basis of symbiosis between *Rhizobium* and legumes. *Nature* 387:394-401.
- Galibert, F., T. M. Finan, S. R. Long, A. Puhler, P. Abola, F. Ampe, F. Barloy-Hubler, M. J. Barnett, A. Becker, P. Boistard, et al. 2001. The composite genome of the legume symbiont *Sinorhizobium meliloti*. *Science* 293:668-672.
- Goodner, B., G. Hinkle, S. Gattung, N. Miller, M. Blanchard, B. Quorllo, B. S. Goldman, Y. Cao, M. Askenazi, C. Halling, et al. 2001. Genome sequence of the plant pathogen and biotechnology agent *Agrobacterium tumefaciens* C58. *Science* 294:2323-2328.
- Kaneko, T., Y. Nakamura, S. Sato, E. Asamizu, T. Kato, S. Sasamoto, A. Watanabe, K. Idesawa, A. Ishikawa, K. Kawashima, et al. 2000. Complete genome structure of the nitrogen-fixing symbiotic bacterium *Mesorhizobium loti*. *DNA Res.* 7:331-338.
- Nelson, K.E., C. Weinel, I.T. Paulson, R.J. Dodson, H. Hilbert, V.A.P. Martins dos Santos, D.E. Fouts, S.R. Gill, M. Pop, M. Holms, et al. 2002. Complete genome sequence and comparative analysis of the metabolically versatile *Pseudomonas putida* KT2440. *Environ. Microbiol.* 4:799-808.
- Pierson III, L. S. and C. A. 2000. Ishimaru. Genomics of plant-associated bacteria: a glimpse of the future that has become reality. APSnet Feature, August 1 through August 31, 2000. <http://www.apsnet.org/online/feature/Genomics/Top.html>
- Salanoubat, M., S. Genin, F. Artiguenave, J. Gouzy, S. Mangenot, M. Arlat, A. Billault, P. Brottier, J. C. Camus, L. Cattolico, et al. 2002. Genome sequence of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum*. *Nature* 415:497-502.
- Schaad, N. W., J. J. Shaw, A. Vidaver, J. Leach, and B. J. Erlick. 1999. Crop biosecurity. APSnet Feature, September 15 through October 31, 1999. <http://www.apsnet.org/online/feature/BioSecurity/Top.html>
- Simpson, A. J. G., F. C. Reinach, P. Arruda, F. A. Abreu, M. Acencio, R. Alvarenga, L. M. C. Alves, J. E. Araya, G. S. Baia, C. S. Baptista, et al. 2000. The genome sequence of the plant pathogen *Xylella fastidiosa*. The *Xylella fastidiosa* Consortium of the Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis. *Nature* 406:151-157.
- Spaink, H. P., A. Kondorosi, P. J. J. Hooykaas (eds). 1998. *The Rhizobiaceae*. Molecular Biology of Model Plant-Associated Bacteria. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. 566 pp.
- Stover, C. K., X.-Q. T. Pham, A. L. Erwin, S. D. Mizoguchi, P. Warrenner, M. J. Hickey, F. S. L. Brinkman, W. O. Hufnagle, D. J. Kowalik, M. Lagrou, et al. 2000. Complete genome sequence of *Pseudomonas aeruginosa* PA01, an opportunistic pathogen. *Nature* 406:959-964.
- Walton, J. D. 2000. Plant-associated microbes enter the genomics age. IS-MPMI Reporter. December 2000. <http://www.ismpminet.org/pubs/00dec.htm>
- Walton, J. D. 2001. Genomics of plant associated microbes, part II: fungi and Oomycetes. IS-MPMI Reporter. April 2000. <http://www.ismpminet.org/pubs/2001/apr.htm>
- Van Sluys, M. A., C. B. Monteiro-Vitorello, L. E. Camargo, C. F. Menck, A. C. Da Silva, J. A. Ferro, M. C. Oliveira, J. C. Setubal, J. P. Kitajima, and A. J. Simpson. 2002. Comparative genomic analysis of plant-associated bacteria. *Annu. Rev. Phytopathol.* 40:169-189.
- Wood, D. W., J. C. Setubal, R. Kaul, D. Monks, L. Chen, G. E. Wood, Y. Chen, L. Woo, J. P. Kitajima, V. K. Okura, et al. 2001. The genome of the natural genetic engineer *Agrobacterium tumefaciens* C58. *Science* 294:2317-2323.



김 지 현

- 1985.3-1989.2 서울대학교 농생물학과 (학사, 식물병리학)
- 1989.3-1991.2 서울대학교 대학원 농생물학과 식물병리학전공 (석사, 식물세균병학)
- 1992.7-1993.7 농촌진흥청 농업연구사
- 1993.8-1997.8 Department of Plant Pathology, Cornell University (Ph.D Molecular Phytobacteriology /Microbiology)
- 1997.9-2000.7 Postdoctoral Associate, Department of Plant Pathology
- 2000.7-현재 한국생명공학연구원 유전체연구부 미생물유전체연구실 선임연구원