

# 이규민 (Gyu Min Lee)

다중 오믹스 통합 분석으로 미생물 적응 메커니즘을 규명하는 시스템 생물학 연구자

소속 | 한국생명공학연구원 (KRIBB) C1 리파이너리 연구센터, 이혜원 박사님 lab, Post-doctoral Researcher 이메일 | sysbio.gyumin@gmail.com 작성일 | 2026년 5월

## 학력

기간	학위	기관
2019.03 ~ 2026.02	박사 (화학공학)	울산과학기술원 (UNIST), 지도교수 김동혁 교수님
2010.03 ~ 2017.02	학사 (유전공학)	경희대학교

박사 학위 논문: *Methylorubrum extorquens*의 메탄올 스트레스 적응 메커니즘 다중 오믹스 기반 시스템 수준 규명 (Systems-level characterization of adaptive responses to methanol stress in *Methylorubrum extorquens*)

## 연구 경력

기간	직위	기관
2026.03 ~ 현재	Post-doctoral Researcher	한국생명공학연구원 (KRIBB), C1 리파이너리 연구센터, 이혜원 박사님 lab
2019.03 ~ 2026.02	박사과정 연구원	UNIST 화학공학과, 시스템 생물학 연구실 (김동혁 교수님)

## 연구 관심 분야

- 시스템 대사공학 (Systems metabolic engineering)
- 적응 진화 (Adaptive Laboratory Evolution, ALE) 기반 균주 개량
- C1 (메탄, 메탄올) 자원 대사 및 활용
- 멀티오믹스 통합 분석 (genomics, transcriptomics)
- AI, 구조 예측 기반 단백질 기능 분석

## 박사 학위 연구

*Methylorubrum extorquens*의 메탄올 스트레스 적응 기작을 시스템 수준에서 규명한 연구다. 700세대 이상의 ALE 실험으로 메탄올 내성이 향상된 균주를 확보하고, WGS와 RNA-seq를 통합하여 반복 진화에서 수렴적으로 나타나는 핵심 적응 돌연변이를 발굴했다. AlphaFold3 기반 단백질 구조 예측으로 돌연변이의 기능적 의미를 해석하여, C1 대사 흐름 재편성과 스트레스 응답 네트워크의 연결 고리를 시스템 수준에서 제시했다.

## 주요 연구 프로젝트

### 1. C1 활용 메틸영양균의 메탄올 적응 메커니즘 규명 (박사 학위 연구)

- 방법: ALE 700+ 세대 진화, WGS + RNA-seq 통합 분석, AlphaFold3 기반 돌연변이 구조 해석
- 성과: 메탄올 내성 향상 균주 확보, 수렴적 핵심 적응 돌연변이 발굴 및 기능 규명
- 기여도: 제1저자 (실험 설계, 분석, 작성 주도)
- 출판 상태: IF 6 대 저널 submit, 후속 논문 준비 중

### 2. 메틸영양균 Pan-genome 기반 C1 대사 경로 비교 분석

- 방법: Pan-genome 기반 중심 대사 네트워크 비교, 종 내 대사 다양성 정량화
- 성과: 균주 간 유전체적 차이와 활용 가능 대사 경로 도출
- 기여도: 제1저자 (분석 설계, 데이터 처리 및 작성 주도)
- 출판: Biotechnol. Bioprocess Eng. 2022 (IF 3.0 / Q2)

### 3. 항생제 대체 박테리오파지 특성화

- 방법: Staphylococcus aureus 표적 신규 파지 3종 유전체 분석 및 host range 특성화
- 성과: 치료 적용 가능성 확인
- 기여도: 공동 제1저자 (데이터 분석 및 작성 공동 주도)
- 출판: J. Virol. 2025 (IF 3.8 / Q2)

### 4. 식물 병원균 유전체 비교 분석

- 방법: Erwinia pyrifoliae 균주 유전체 비교
- 성과: 병원성 관련 유전자의 보존성 및 자연 변이 특성 규명
- 기여도: 제1저자 (분석 및 작성 주도)
- 출판: Plant Pathol. J. 2020 (IF 2.5 / Q2)

### 5. Clostridium drakei 자가 영양 성장 경로 분석 (공동 연구)

- 기여: 데이터 분석 협력
- 출판: PNAS 2020 (IF 9.1 / Q1) 공저자

## 주요 논문 (Selected Publications)

총 SCI 저널 8편 게재, 제1저자 4편. 본인 표기는 굵게.

1. **Lee G.M. et al. (공동 제1저자)**, J. Virol. 2025 (IF 3.8 / Q2): Staphylococcus 표적 박테리오파지 3종 특성화
2. **Lee G.M. et al. (제1저자)**, Biotechnol. Bioprocess Eng. 2022 (IF 3.0 / Q2): 메틸영양균 pan-genome 및 중심 대사 경로 분석
3. **Lee G.M. et al. (제1저자)**, Plant Pathol. J. 2020 (IF 2.5 / Q2): 식물 병원균의 자연적 유전체 변이 비교
4. Bae J. et al. (공저자), PNAS 2020 (IF 9.1 / Q1): Clostridium drakei 자가 영양 성장 경로 분석
5. **Lee G.M. et al. (제1저자, in submission)**: Methylobacterium extorquens 메탄올 적응 메커니즘 통합 분석

## 기술 역량

**실험 적응 진화 실험 (ALE), 생장 분석, 유전자 편집 및 돌연변이 재현 (allelic exchange), RNA-seq 라이브러리 제작, 박테리아 배양**

**오믹스 분석** WGS, Pan-genome 분석, RNA-seq, 차등 발현 유전자 (DEG) 분석, 기능적 유전자군 분석, AlphaFold3 기반 단백질 구조 예측, COBRAPy 기반 GEM (Genome-scale Metabolic Model) 분석

**프로그래밍, 자동화** Python, R 기반 대규모 오믹스 분석 파이프라인 구축 및 시각화 자동화 Claude Code 기반 합성생물학 데이터 워크플로우 자동화 (시스템 생물학 연구에 AI 코드 에이전트를 통합한 사례 구축)

## 차별화 역량

- **실험·분석 통합:** ALE 실험 설계부터 멀티오믹스 통합 해석까지 전 과정을 단독 수행
- **시스템 수준 해석:** 단일 오믹스가 아닌 유전체, 전사체, 단백질 구조 데이터를 통합한 기작 규명
- **AI 통합 워크플로우:** 합성생물학 연구에 AI 코드 에이전트를 통합하여 분석 속도와 재현성을 동시에 확보