

*Korea Ocean  
Research &  
Development  
Institute*

# 해양생물 **BIT** 융합 연구

2011. 10

# 해양생물 BIT융합 연구

2011. 10

## 제 출 문

한국해양연구원장 귀하

본 보고서를 “해양생물 BIT 융합 연구 기획”과제의 최종보고서로 제출합니다.

2011. 6

총괄연구 책임자 : 이정현

참 여 연 구 원 : 강성균, 권개경, 김상진  
김태완, 노재훈, 오현명  
이현숙, 임형순, 정재연  
차선신, 최동한





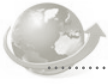
## 요 약 문

### 1. 추진 필요성 및 사업개요

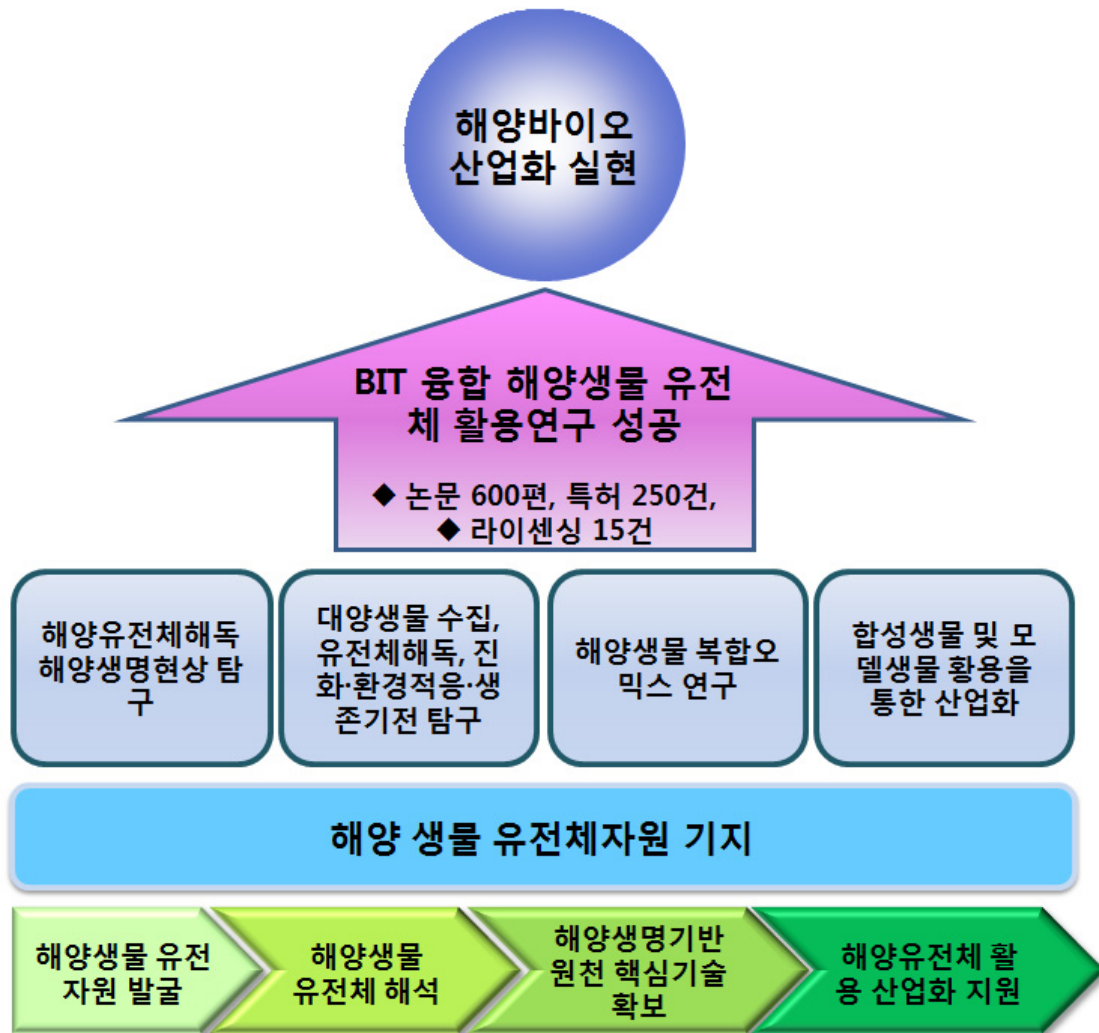
#### 가. 추진 필요성

- 가까운 미래의 방대한 유전체 정보를 처리하기 위해서는 생명공학(BT) 와 정보기술(IT) 분야의 융합 및 이에 근거한 다층적 연구(BIT)가 요구됨
- 차세대 유전체 분석기술이 초래한 새로운 생명과학의 패러다임에 적합한 해양유전체 연구와 응용연구는 BIT 융합을 거치지 않고서는 선진국과의 기술 격차를 줄일 수 없음
- 해양은 지구상의 생명체의 80%가 존재하고 있는 생물다양성의 보고로 육상생물에 없는 특이·유용 유전자가 다량존재
- 해양 BIT 융합연구를 통해 치열한 국제적 경쟁에서 우위를 차지함으로써 국가경제에 신성장동력 제공 및 녹색산업 창출
- 저탄소 녹색성장으로 대표되는 에너지·환경산업과 고부가가치 미래산업인 생물의약·신소재산업에 원천기술을 제공하는 해양생물유전체연구에 기반한 BIT 융합연구의 집중적인 육성이 필요

**2021년 해양바이오 산업의 선진국 수준의 경쟁력 확보**  
**(해양생물 BIT 융합 연구 사업 종료 후 3조 가치 창출)**



나. 사업개요





## 2. 국내 · 외 기술개발 동향 · 분석

연구현황 및 동향분석	
국외	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 2010년 나고야 의정서 체결로 생물자원보유국의 주권이 인정됨에 따라 국가간 생물자원 확보 및 특허 경쟁이 치열해지고, 생물다양성이 육상생물에 비해 월등히 높은 해양 유전자원의 가치가 급상승함</li> <li>- 전세계적으로 해양유전체 해독이 진행 중이거나 완료된 건수는 2010년 말 기준으로 전체생물유전체 해독의 6.1%에 불과하지만, 해독이 진행 중인 해양유전체 프로젝트는 전체생물유전체 프로젝트의 40%를 차지하고 있어 해양유전체 해독에 집중적인 투자가 시작되었음을 알 수 있음</li> <li>- 2005년 NGS (Next Generation Sequencing) 기술의 도입으로 기존 유전체해독기술의 1% 미만의 비용과 시간으로 유전체해독이 가능해짐에 따라 해양유전체 해독에 무한 경쟁이 시작되었음</li> <li>- NGS기술의 발전으로 정보생산과 분석기술의 대단위 변화가 예측되며, 유전체연구를 전사체, 단백질체 연구 등 오믹스 연구에 통합적으로 연계하여 생명현상을 이해하려는 생물학 패러다임의 변화가 가속화됨</li> <li>- 해양생물에 대한 유전체/오믹스 수준의 연구로 해양생물유전체 해독 (미국 등), 구조 유전체 해석 (미국, 일본, 유럽), 환경유전체 (메타게놈) 해독 (미국) 등의 대규모 연구가 진행 중임</li> <li>- 유전체해독을 위한 대규모 연구로서 국제공동연구인 "Genome 10K Project", 캐나다의 "The 1000 Plant Transcriptome Project (1KP)", 중국 BGI가 주관하는 "1000 Plant &amp; Animal Genomes Project"가 있음</li> <li>- 미국은 DOE-JGI를 중심으로 활발한 유전체해독을 진행 중이며, 최근 해양생물 오믹스 분석을 통한 IT/BT 융합기술 개발 및 해양신소재, 해양에너지 등 신성장분야에 투자를 확대하고 있음</li> <li>- J. Craig Venter Institute는 2004년 해양유전체 연구를 위해 Marine Microbial Genome Sequencing Project를 시작하여 해양표면에 서식하는 미생물 137종에 대한 유전체해독을 실시하였고, 바이오연료 생산을 위한 인공 게놈 합성을 추진</li> <li>- 일본은 "장기적 전망의 일본해양개발 기본구상 및 추진방안 ('03)" 에 따라 심해미생물사업에만 지난 10년간 5천억원을 지원함</li> <li>- 중국은 해양발전 863프로그램 ('96~'05)에 이어 중국해양사업발전계획요강을 발표하여 2020까지 해양환경변화와 해양생물자원의 이용, 대양 · 심해연구에 대한 지원을 강화할 예정임, 특히 해양생물의약산업의 경우 2007년 15.7억 위안, 2008년 58억 위안의 부가가치를 달성할 정도로 빠른 해양산업의 발전을 이루고 있음</li> </ul>
국내	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 한국은 미국, 중국, 영국에 이어 NGS 장비보유순위 7위를 차지하고 있으며, 일본보다 보유장비의 수에서 우위를 점하고 있고 생명공학기술 수준이 선진국 수준에 근접</li> <li>- "해양생명공학기술 개발사업", "극지연구사업" 등을 통한 해양 · 극한 생물자원 탐사 확보가 부분적으로 수행되었지만, 해양유전체/오믹스 연구는 활용단계로 진입 준비 중</li> <li>- 한국해양연구원에서는 고세균 <i>Thermococcus onnurineus</i> NA1을 비롯한 4종의 해양미생물 유전자 지도를 완성하여 <b>DNA 수식 효소 산업화 성공</b></li> <li>- 고세균 <i>Thermococcus onnurineus</i> NA1의 유전체 해독을 통하여 다수의 수소화효소가 존재함을 확인하였으며 특히 formate를 이용하는 수소생산은 심해 Thermococcales에 공통되는 현상임을 규명함</li> <li>- 한국생명공학연구원과 극지연구소는 제주도에서 분리한 <i>Hahella chejuensis</i>의 유전체 염기서열 해독을 통해 <b>유용 유전자 발굴</b></li> </ul>





### 3. 연구개발 목표

- ✓ **해양생물 유전체자원 기지 설립**
  - 해양생물 유전체 자원, 정보, 서비스 제공 기지 구축
  - 글로벌 네트워크 구축: 국제협력과 유전체자원 발굴을 선도
    - ⇒ 해양생체/해양생물유전체/환경유전체 시료 2,000건 미생물/동물/식물 유전체정보 500건
- ✓ **BIT 융합을 통한 해양생물 유전체 해석과 해양생명기반 원천핵심기술 확보**
  - 해양유전체 해독 프로젝트 (Marinomics Project)
  - 대양생명프로젝트 (Ocean Life Project)
  - 오믹스 활용기술
    - ⇒ 논문 600편, 특허 250건
- ✓ **해양유전체 기반 실용화 및 산업화**
  - 해양유전체 원천핵심기술의 실용화 지원 (제작, 검증, 평가)
  - 해양바이오 녹색강국 실현
    - ⇒ 원천해양유전자원 및 원천기술 라이선싱 및 창업 15건
    - ⇒ 2,000 명 고용창출

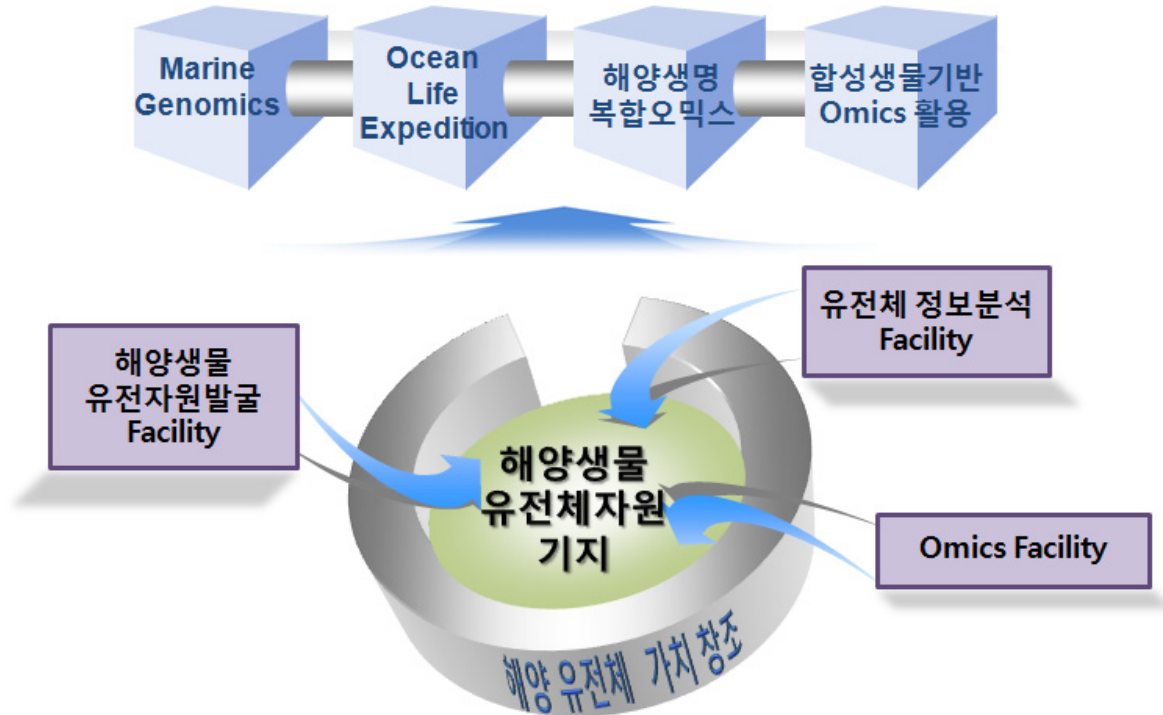
### 4. 연구내용 및 범위

연구 개발 내용	연구 범위
<b>해양생물 유전체자원 기지</b> ■ 해양생물 유전체 자원, 정보, 서비스 제공 기지 구축 ■ 글로벌 네트워크 구축	- 국내외 해양생물 유전다양성 조사, 생물 관리 및 계통분석 연구 - 해양 동·식물, 미생물 유전체 자원/정보 및 환경유전체 확보와 체계적 관리 - 해양 차세대 유전체 분석 정보의 관리시스템 구축: XML 및 웹 기반 DB - 해양유전체연구 글로벌 네트워크 구축
<b>해양생물 유전체 해석과 해양생명기반 원천핵심기술 확보</b> ■ 해양유전체 해독 프로젝트 ■ 대양생명프로젝트 ■ 오믹스 활용기술	- 해양유전체: 선도 <i>de novo</i> (신규) 게놈 해독 - 대양유전체: 선도 <i>de novo</i> (신규) 게놈 해독, 환경유전체 해독 (metagenomics), 단세포 유전체 해독 (single cell genomics) - 해양생물 유전체 기반의 다계층적 OMICS 연구: 생명현상 이해, 바이오에너지 개발, 유용 의약, 신기능소재 개발
<b>해양유전체 활용 산업화 지원</b> ■ 해양유전체 원천핵심기술의 실용화 지원 ■ 해양바이오 녹색강국 실현	- 창업/연구소기업 추진으로 실용화 실현 - 과제 수행 기관과 기업 연계사업 - 사업단내 특허 및 기술을 체계적으로 관리, 홍보, 영업하는 기술기업 추진





## 5. 연구개발 추진전략 및 체계



## 6. 기대성과 및 활용 방안

<p><b>기대성과</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 바이오에너지, 기능성 효소, 의약 소재 및 기능성 소재, 분자공정 개발을 통한 신규가치 창출 (3조원 규모)</li> <li>• 해양생물 그린 바이오에너지 개발 및 산업화로 에너지·식량자원 고갈에 대비</li> <li>• 단백질 기능 분석, 오믹스 기술, 이를 통한 해양생물 유래 산업소재 개발 등의 핵심 원천 기술 발전 및 연계성 강화로 아시아 해양생명공학 발전을 주도</li> <li>• 해양바이오 산업의 국제경쟁력 강화로 선진국 수준으로 향상</li> <li>• Spin-off 창업 및 국내 벤처 활성화를 통한 고용창출 극대화 (고용창출 1,000명)</li> </ul>
<p><b>활용방안</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 해양생물 유전체자원 기지를 주축으로 한 해양생명공학 연구의 활성화 및 DB의 뱅크화를 통한 국가자산화</li> <li>• 국내·국제 IT/BT 산업과의 연구교류를 통한 시너지효과 배가</li> <li>• 해양생물 유전체 및 오믹스 연구 결과를 기반으로 한 에너지산업, 의약산업, 신소재산업의 세계화</li> </ul>



## 7. 연구개발 소요자원의 규모 및 확보방안

### 가. 소요예산

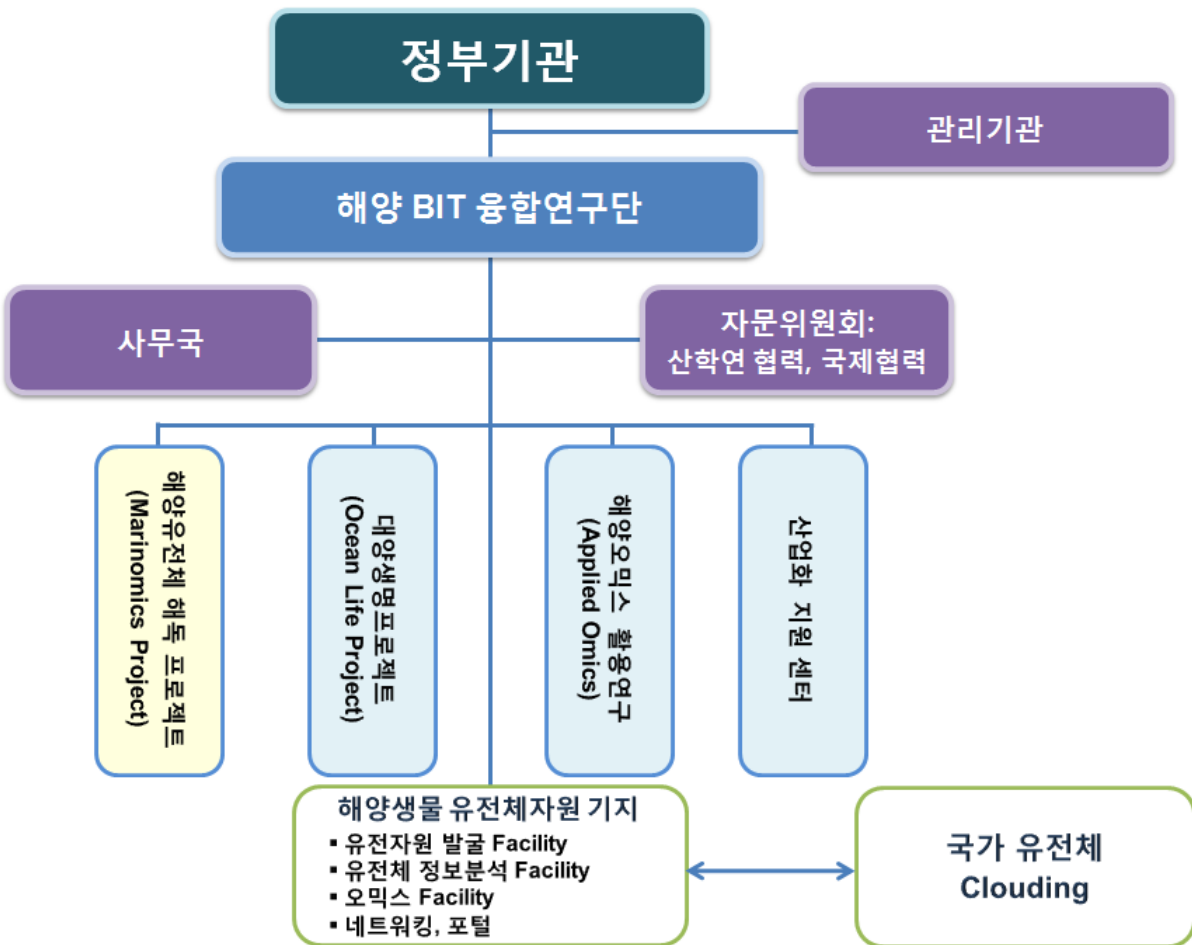
(단위: 억원)

단 계	1단계			2단계			3단계				합계	
	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021		
연 도												
해양생물 유전체자원기지	30	30	30	30	30	30	50	50	50	50	380	
대양생명체 프로젝트	60	60	60	60	60	60	30	30	30	30	480	
해양생물 복합오믹스 활용	70	70	70	70	70	70	140	140	140	140	980	
합 계	160	160	160	160	160	160	220	220	220	220	1,840	

### 나. 소요인력

단 계		박사급	석사급	연구조원급	합 계
1단계	2012	68	81	108	257
	2013	70	84	109	263
	2014	72	86	112	270
2단계 (3년)		222	270	351	843
3단계 (4년)		320	384	500	1204
합 계		752	905	1,180	2,837

## 8. 연구개발 추진 조직 및 구성



\* 해양유전체 해독 프로젝트는 국가 차원의 유전체해독 프로그램에서 추진



# 목 차



## ▣ 요약문

I. 추진배경 및 필요성 .....	1
1. 추진배경 .....	1
2. 현황 및 문제점 .....	4
3. 기획 연구의 필요성 및 목표 .....	7
II. 국내·외 동향 .....	8
1. 유전체 연구의 현황 및 전망 .....	8
2. 시장 전망 .....	25
3. 시사점 .....	31
4. 연구개발 투자 주체 : 정부지원의 타당성 .....	33
5. 기존 사업과의 차별성 검토 .....	34
6. 정책 제안 .....	36
III. 비전 및 추진전략 .....	37
1. 비전 및 목표 .....	37
2. 추진전략 .....	38
3. 중점추진분야 .....	38
IV. 추진 전략 .....	76
1. 추진 체계 .....	76
2. 사업단 구성/운영 .....	77
3. 사업 평가 방향 .....	77
4. 로드맵 .....	79
V. 소요예산 및 인력 .....	80
1. 소요예산 및 산출 근거 .....	80
2. 소요인력 및 확보 방안 .....	81
VI. 자문 위원 .....	83
VII. 부 록 .....	84





## I

## 추진배경 및 필요성

## 1. 추진배경

## 가. 추진근거

## □ 해양수산발전기본법

- 제14조 (해양생태계의 보전) 정부는 해양생물의 다양성을 보전하고, 해양생물의 서식처를 보호하는 등 해양생태계의 보전 및 복원을 위하여 노력하여야 한다.
- 제16조 (해양자원의 개발 등) 정부는 해양자원의 관리보전과 개발이용을 위하여 필요한 시책을 마련하고, 이를 시행하여야 한다.

## □ 생명연구자원의 확보·관리 및 활용에 관한 법률

- 제6조 (기본시책의 마련) 정부는 이 법의 목적을 효율적으로 달성하기 위하여 생명연구자원의 확보·관리 및 활용을 도모하기 위한 다음 각 호의 시책을 마련하여야 한다. 국토해양부장관은 해양 분야 생명연구자원의 확보관리 및 활용체제를 조성하고 이를 지원한다.

## □ 해양바이오 (Marine Biotechnology, MBT) 분야는 「선진일류국가를 향한 이명박 정부 과학기술기본계획 (577 Initiative)」의 “90개 국가중점과학기술”의 중점추진 과제로 선정

- 7대 R&D 중점분야 중『신산업 창출 (Green Ocean)』분야
- 중점육성기술 50개 중 “해양영토 관리 및 이용기술” 선정
- 중점과학기술 90개 중 ①유전체 응용기술 ②해양바이오기술 ③단백체·대사체 응용기술 ④바이오 칩 기술 등 유전체 연구 관련 기술이 다수 포함
- “신산업 창출을 위한 핵심기술개발 강화” 과제를 실현하는 핵심기술분야로 선정('08.8.12 국과위)





- 해양생명공학육성 기본계획 ('08.10.)
  - 7대 기본방향 중 하나 (유용유전자 활용을 통한 신기능 해양생물 개발)
  
- 해양바이오분야는 저탄소 녹색성장 (Green Growth)에 기여하는 환경보존 및 경제성장이 선순환되는 신성장동력 분야
  - 「녹색기술 연구개발 종합대책」 27개 중점육성기술 분야에 선정 ('09.1.13 국과위)
  - 「신성장동력비전 및 발전전략」에서 미래 성장의 바탕이 되고 융합을 통해 기존 산업고도화와 신산업 창출이 가능한 분야로 선정 ('09.1.13 국과위)
  
- 이명박 대통령은 「해양바이오산업 활성화를 위한 간담회」에서 첨단 연구산업인 해양바이오분야에 깊은 관심을 보이시고, 적극 육성 의지와 더불어 해양바이오 R&D 투자확대 후속조치 지시 ('09.2.10)
  - 「해양바이오 R&D 활성화 대책 수립(안)」을 보고 ('09.3.4 국과위 운영위)
  - 「2010년도 정부연구개발투자 방향(안)」 5대 중점투자분야에 포함 ('09.3.17. 국과위 운영위)
  
- 해양바이오 연구개발 활성화 대책 ('09.7. 국과위)
  - 중점 추진과제 중 핵심연구개발 역량의 확보를 위한 추진과제 '오믹스 기술을 활용한 해양생명기능 규명'이 포함

#### 나. 국가 차원의 추진 현황

- 국토해양부 '해양생명공학육성 기본계획' 마련 ('08.10)
  - 4대 기술개발 분야 중 해양생물기반기술(해양생물 유전자 활용기술, 해양생물체 오믹스 활용기술, 해양생물체 메커니즘 규명기술)에 포함
  
- '09.2 VIP '해양바이오연구개발 활성화 방안' 마련 지시
  
- 국토해양부 '해양생명공학육성 세부 실행계획수립을 위한 기획연구 실시 ('09.6)



◆ 주요 분야

- 해양생물 유전자 서열 고속발굴기술 (cDNA library 구축 등)
- 해양생물 유전자 발현시스템 구축기술 (벡터개발 등)
- 해양생물 유전자 기능분석기술 (유전자 돌연변이 활용 등)
- 해양생물 유전자 발현산물 이용기술 (유용유전자 과잉발현 등)
- 해양생물 생체 반응기전 규명기술 (환경인자 정보의 생명체 내부전달과정 연구 등)
- 해양생물 생리활성 물질 탐색기술 (특이 생리활성물질의 탐색 등)
- 해양생물 이차대사물질 생태적 기능분석 기술 (화학구조 규명 등)
- 해양생물 당체 분석 및 활용 기술 (기능성 당체와 상호 작용하는 단백질 규명 등)
- 해양생물 단백질 분석 및 활용기술 (기능성 단백질체의 개량 등)
- 해양생물 대사체 분석 및 활용기술 (대사체 네트워크 해석 등)

□ 국토부, 교과부, 지경부, 농림부가 공동으로 '해양바이오 연구개발 활성화 대책'을 마련하여 '09.7. 국과위를 거쳐 VIP 보고 ('09.8)

- 국내 해양바이오 연구개발비 비중을 BT의 10%로 높이기 위해 5년간 총 9,155억 원 투자 예정
- 교육과학기술부 극지해양 원천기술 개발사업 출범 (2010)

다. 해양 생명 자원의 중요성

□ 해양은 생명탄생과 진화의 장소로 해양생물은 육상생물에 앞서 10억년 이상의 진화 역사를 가지고 있어 생명진화 연구의 최적지임

□ 지구상 동식물 80%, 1,200만종의 생물이 해양에 서식하여 지구생물다양성의 대부분을 차지

- 지구상 동물종의 33개의 문 (phylum) 단위 분류군 중 32개가 해양생태계에 존재 하나 육상생태계에는 15개의 문만 존재 ('03년 해양생물센서스보고서)
- 지구상 생명 서식처의 90%를 차지하는 해양환경 중 99%는 탐사되지 않은 새로운 가능성을 지닌 미지의 영역임



- 해양생물은 다양성의 원천으로 육상생물에 비해 월등히 높은 새로운 생체구조 및 대사물질 (의약품질)의 보고임
  - 대양, 심해저, 열수구 및 냉용수 생태계 등에서 극한생명체와 특이한 생명현상들은 바이오산업의 원천소재 및 기초원천기술 제공 가능성이 큼
  - 해양조류는 지구적 규모의 이산화탄소 고정량의 45%를 차지하며, 바이오연료의 원료인 바이오매스의 주요 공급자로 각광 받고 있으며, 해양생물의 태양에너지 전환효율은 육상생물보다 우수함 (최고 10% 전환 미세조류)
- 생명과학이 해결해야 할 미래 과제는 식량, 에너지, 보건 (신약)이며 이 문제의 해결 실마리는 해양유전자원이 될 것임
- 21세기의 해양은 고갈되는 육상 자원을 대체할 수 있는 미래의 자산으로 인식되고 있으며 그 중 해양 생물자원의 근간은 유전체 정보라는 것이 최근 경향임

## 2. 현황 및 문제점

### 가. 외부환경 변화

- 국제 경제가 바이오 경제 체제에 돌입
  - 생명산업은 시장이 지속적으로 팽창하여 약 60조원 규모에 달하고, 인류의 삶의 질을 높일 수 있는 산업임과 동시에 고부가가치 산업으로 인정받고 있음
  - 최근의 바이오기술은 유전체학에 기반하여 생명체 내에 존재하는 모든 분자의 기능과 역할을 통합적으로 분석함으로써 생명현상을 이해하고 이를 이용하여 산업화 기술을 개발하려는 통합적 시스템연구로 발전 중
  - 미국 에너지청은 2020년 현재의 화학산업 중 20% 이상이 생촉매를 이용하는 green biotechnology로 변환될 것으로 예측
- 해양유전자원 개발 경쟁
  - 2010년 나고야의정서<sup>1)</sup> 체결로 생물자원에 대한 소유권 (생물주권)을 인정하는

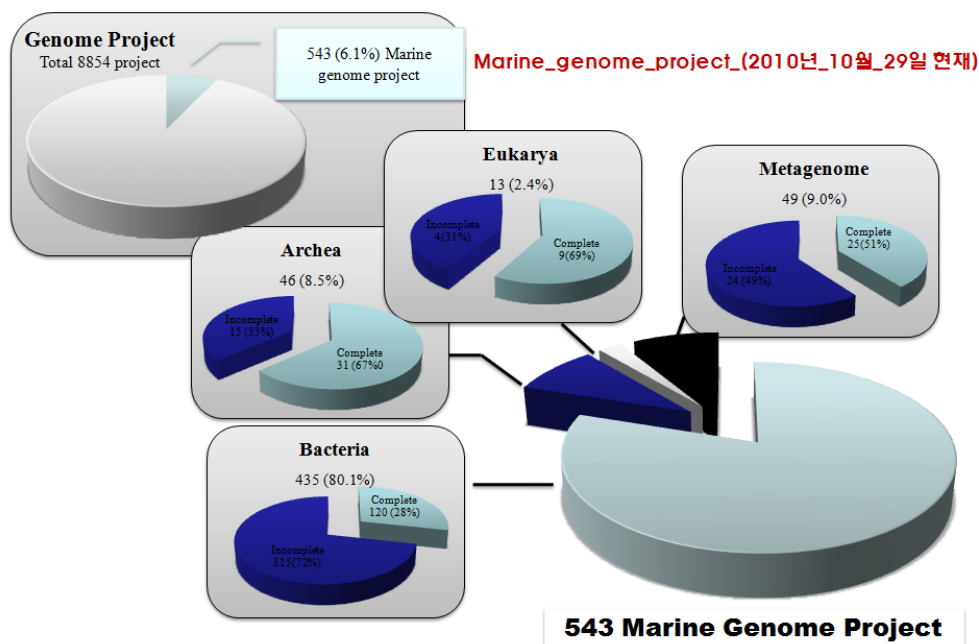
1) 나고야 의정서; 2010년 10월 일본 나고야에서 개최된 제10차 생물다양성협약(CBD) 당사국 총회에서 유전자원 접근 및 이익 공유 (ABS : Access to Genetic Resources and Benefit Sharing)에 관한 의정서 (일명 나고야 의정서)가 채택



것으로 국가간 생물자원 확보 및 특허 경쟁이 치열해질 것으로 예상됨

- 해양생물자원은 '10년 CBD 나고야협정에 따라 자원보유국의 주권이 인정되고, 바이오산업의 원천자원으로 육상생물에 비해 높은 해양유전자원 (genetic resources) 가치 상승

- 전 세계에서 해양유전체 해독이 진행 중이거나 완료된 건수는 543건으로 전체 8,854건의 6.1%를 차지 ('10. 10월 기준, <http://www.genomesonline.org/>) (그림 1-1)

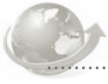


[그림 1-1] 해양유전체 해독 상황

- 유전체 분석 기술의 획기적 발전

- 현대 생물학은 유전체학에 기반하여 생명체 내에 존재하는 모든 분자의 기능과 역할을 통합적으로 분석함으로써 생명현상을 이해하려는 오믹스 기법을 이용한 시스템생물학으로 발전 중
- NGS<sup>2)</sup> 장비 발전으로 정보생산 및 정보저장기술 외에 분석기술의 대단위 변화가 예측됨 ; 바이오의 패러다임 변화
- 국제적으로는 중국, 미국, 유럽 등에서 개별국가 단위 또는 컨소시엄 형태로 대규모의 유전체 해독 사업이 진행되고 있는 것으로 파악됨

2) NGS (Next Generation Sequencing)은 2004년 HGP 시퀀싱에 비해 시간과 비용이 1%정도 밖에 소요되지 않음



## 나. 국내 환경

- 기후변화 협약, 실제적인 기후변화 및 '12년 이후 교토의정서 준수 의무국 전환에 능동적·체계적으로 대응할 수 있도록 지속적인 기술 개발 필요
- 국내의 해양생물 유전체 해독 규모는 국토해양부의 해양생물 유전체 해독 사업에 따라 '09년도 대비 100% 이상 증가한 것으로 추정되나, 타 국가의 유전체 해독 규모와 동일한 수준에 이르기 위해서는 더 많은 연구 투자가 필요함
- 국내에서는 '해양생명공학기술 개발 사업', '극지연구사업' 등을 통한 해양·극한 생물자원 탐사·확보가 부분적으로 수행되었지만, 해양유전체/오믹스 연구는 시작 단계임
  - 한국해양연구원에서는 고세균 *Thermococcus onnurineus* NA1을 비롯한 4종의 해양미생물 유전자 지도를 완성하여 **DNA 수식 효소 산업화 성공**
  - 고세균 *Thermococcus onnurineus* NA1의 유전체 해독을 통하여 다수의 수소화 효소가 존재함을 확인하였으며 특히 formate를 이용하는 수소생산은 심해 Thermococcales에 공통되는 현상임을 규명함
  - 한국생명공학연구원과 극지연구소는 제주도에서 분리한 *Hahella chejuensis*의 유전체 염기서열 해독을 통해 **유용 유전자 발굴**
- 해양생태계의 변화조짐에 따른 해양생물종 확보의 필요성
  - 지구 온난화에 의한 영향으로 해양 생태계가 변화 하고 있으며, 국내의 적조유발 식물플랑크톤의 우점 및 난류성 동물플랑크톤 출현 (와편모조류 출현증가: 10~30% → 40% 이상, 지구온난화의 영향으로 추정)이 증가하고 있으며 그 영역이 점점 넓어짐
  - 해양 생물종의 분포 변화에 대한 지속적인 모니터링 필요하며, 생태계 변화로 인한 해양종들의 유실을 막기 위해 더욱 많은 유전자원의 확보가 필요하며, 이를 통하여 다양한 유전자원을 수집하고 개발 할 수 있는 기반을 마련하여야 함



#### 다. 국내 해양 생명 유전체 분야의 문제점

- 예산 부족에 따른 단계적·분절적인 사업 수행으로 인해 시너지 효과를 거두지 못하고 제1기 유전체 사업이 마무리 단계에 도달
- 국내 해양유전체 해독건수는 미생물/동물/식물 각 수건에 불과
- 국내에서는 개별 생물의 유전체 해독 및 단백질체 해독 연구가 수행 중이지만 진화·적응의 측면에서 총체적 생명현상 분석 및 다양성 분석과 이에 수반한 근원적 형태에 대한 연구는 없음
- 세계 각국이 해양생물 자원의 가치 증가와 유전체기술 발전 속도에 부합된 새로운 연구 전략을 수립하고 이미 실행 중 임
- 2008년 NGS가 본격적으로 도입된 이후 국내에서는 인간 유전체 연구 관련된 의료 보건 분야이외에는, NGS를 바탕으로 한 전략적이고 구체적 기획이 수립되어 있지 않음

### 3. 기획 연구의 필요성 및 목표

- ◆ 상기한 대로 해양바이오 연구에 대한 학문적, 경제적 요구가 급증하고 있는 가운데 최근 매우 빠른 속도로 발전하고 있는 유전체분야와 접목하여 향후 연구 투자 방향을 정확히 설정할 필요가 있음.
- ◆ 지난 10년간 국내 해양바이오 및 생명 공학에서의 유전체연구의 입지 및 기여도를 검토하고 국내외 연구, 정책, 산업 현황 등을 조사, 분석하여 해양생물 유전체 분야가 향후 국가 성장 동력의 기반이 될 수 있도록 추진 전략, 추진 체계 및 세부실행 계획 및 과제별 제안서를 작성하고자 함.



II

국내·외 동향

1. 유전체 연구의 현황 및 전망

가. 유전체 해독 기술의 발전

□ 현재 생명과학의 패러다임은 NGS (Next Generation Sequencing)의 출현 전후로 나뉠 만큼 NGS는 생명과학의 현재와 미래를 좌우할 강력한 기술임

2004년 미국 국립보건원 (NIH)는 “10만달러 유전체 해독기 개발 사업” 개시  
이 후 Sanger Sequencing을 초월한 NGS의 급속한 발전

2005년 Roche사에서 GS 454-FLX 시스템을 개발, 상품화

2007년 Illumina사의 Solexa Genome analyzer 출시

Life Technology사의 SOLiD 시스템 출시

2008년 10만 달러 유전체 해독 달성

GS 454-FLX, Solexa, SOLiD가 시장을 주도

2010년 Illumina사가 HiSeq 2000을 개발, 상용화하여 인간 게놈을 약 30  
배수 이상으로 1만 달러로 해독

Solexa는 2009년 분기마다 해독량을 2배씩 증가시킴

2011년 PAC Bio 등에서 새로운 방식의 NGS system 출시 예정

□ NGS 기술의 도입에 의해 기존의 Sanger sequencing에 비해 1/100 이하의 가격으로도  
한 생물종의 전장 유전체 해독이 가능하며, 수개월 안에 유전체 정보의 지도화 가능

○ Sanger sequencing \$0.5/1Kbp 소요 vs. NGS \$5.8~\$84.39/1,000Kbp 소요 (2009  
년 기준)

○ 인간유전체 해독 비용: '03년 3조 9,000억원 → '08년 10억원 → '12년 100만원 (예상)

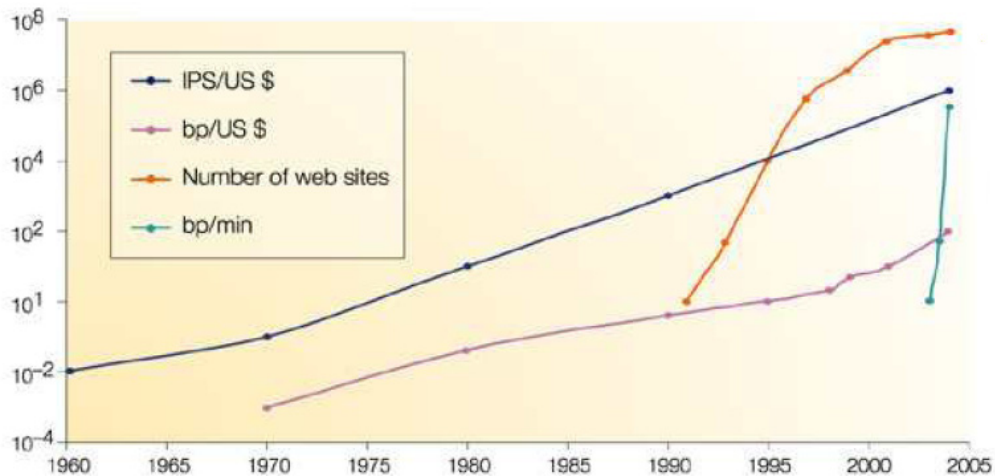
○ 속도와 비용 측면에서 획기적 발전 (그림 2-1)

□ 전세계적으로 NGS 유전체 해독 방식이 유전체 해독에 있어 가장 보편적이며, 빠  
르고 효율적인 유전체 해독기술로써 자리매김

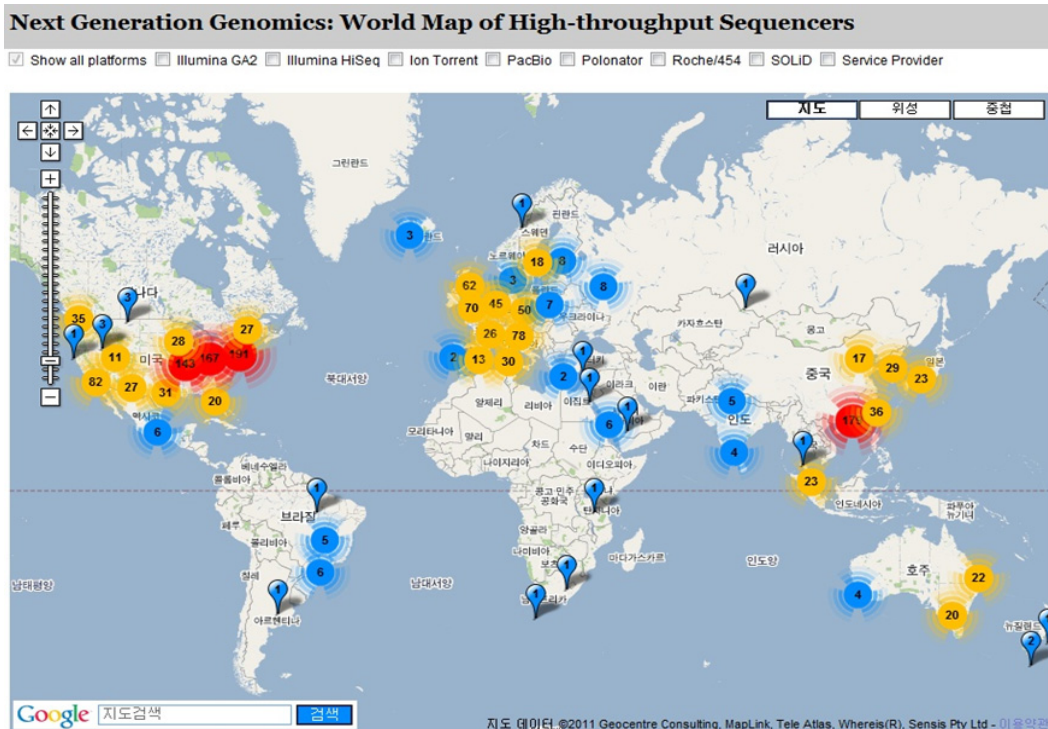




- NGS 시퀀싱 장비의 개수는 총 1,461개 (2011년 3월) (그림 2-2)
- NGS 장비 보유 센터의 수: 496개 (센터별 평균 2.9개) (표 2-1, 2-2)
- 미국 (최대 보유국) 653개, 중국 183개, 영국 132개 보유: 3개 국가가 900개 (전체의 66%)가 넘는 기기를 보유
- 한국은 26개의 기기 보유로 7위 차지: 일본보다 많이 보유 (25개)



[그림 2-1] 유전체 해독 속도와 비용의 변천



[그림 2-2] 전 세계 NGS 기기 분포



〈표 2-1-1〉 국가별 NGS 기기 수 (2개 이상의 시퀀싱 장비 보유 국가)

기기명(플랫폼)	장비 수	기기명(플랫폼)	장비 수
United States	653	Sweden	12
China	183	Brazil	11
United Kingdom	132	Russia	8
Canada	69	Malaysia	8
Germany	66	Saudi Arabia	7
Australia	46	Austria	7
South Korea	26	Mexico	6
Japan	25	Norway	6
Spain	24	India	5
France	24	Finland	5
Taiwan	21	Iceland	3
Italy	18	Denmark	3
Netherlands	16	Hungary	2
Belgium	16	Ireland	2
Singapore	15	Poland	2
Switzerland	13	Estonia	2
Hong Kong	13	Luxembourg	2

(출처 Genomics: High-throughput "Next-Generation" Sequencing Facilities Statistics)

〈표 2-2〉 NGS 플랫폼별 기기 수 및 보유센터 수

기기명(플랫폼)	장비 수	보유센터 수
Illumina Genome Analyser 2x	647	285
Illumina HiSeq 2000	279	192
ABI SOLiD	268	119
Roche 454	243	91
Pacific Biosciences	10	5
Polonator	9	4
Ion Torrent	5	1

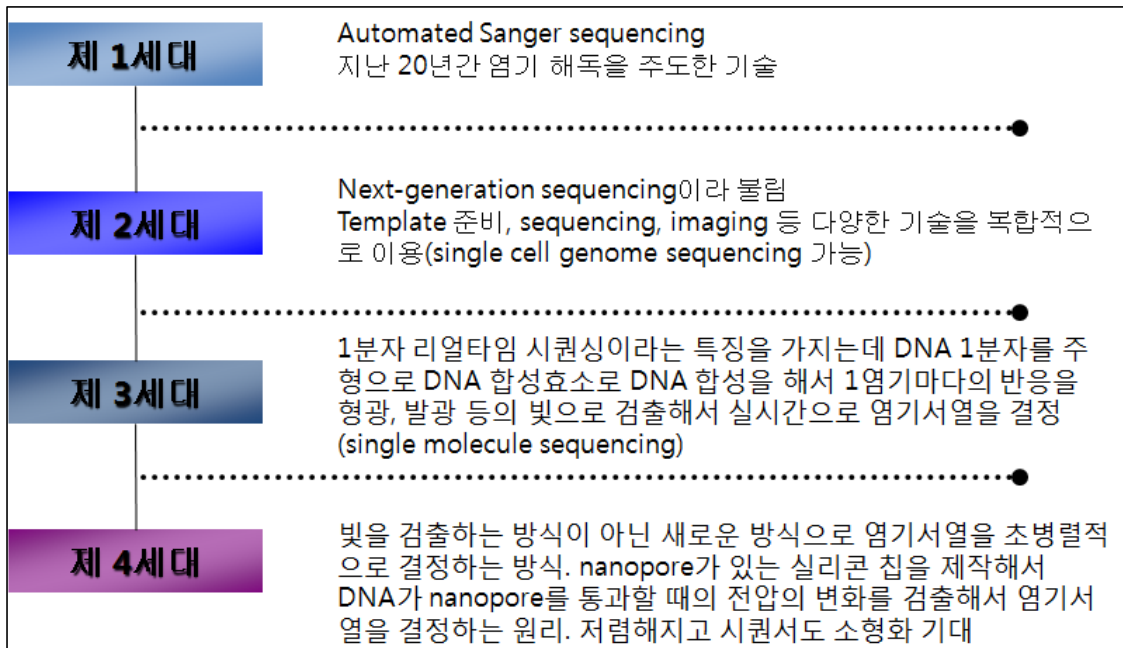
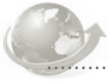
출처: Genomics: High-throughput "Next-Generation" Sequencing Facilities Statistics)

- 실제로 2010년 8월에 조사되었던 숫자 (1,088개)보다 30%가량 많아진 기기 수로 최근 (2011년 3월) 이러한 양상이 더욱 빠르게 진행 되고 있음



## 나. 기술 현황 및 전망

- NGS 기술의 적용 범위는 매우 다양하여 NGS의 도입은 그 영향이 생명과학 전 분야에 미칩.
  - 전체 유전체의 해독 (de novo, re-sequencing): 유전체 전체의 해독, 유전자 예측, 비교유전체학, 진화과정연구 등
  - exon 부위의 해독 (exome sequencing): 유전자 부위만을 해독, 의미있는 유전자 부위에 대한 빠른 파악이 가능, 전체 유전체 해독에 비해 저렴한 비용
  - 특정 유전자 부위의 해독 (target sequencing): 연구 목표에 필요한 부분만을 선택적으로 해독, 암, 질병, 마커 등의 활용에 적합한 부분적 유전체 연구
  - 전사체 시퀀싱 (RNA-seq, noncoding RNA sequencing): RNA로 발현된 부분 (전자조절 등)연구, 개체별 발현비교 및 암이나 질병 등의 조직별 발현 양상 비교 연구, small RNA의 유전자의 발현저해 연구 등
  - 메타지놈 시퀀싱 (metagenome sequencing): 장내 미생물, 특정 환경(주로 해양 생태계)에 분포하는 미생물 군집의 역할을 규명 (ex, 장내미생물의 분포에 따른 질병저항성 등)
  - 후성유전체 시퀀싱 (epigenetic sequencing, MeDIP-seq, ChIP-seq 등) 염기서열 상의 메틸레이션, 크로모솜의 히스톤단백질의 메틸레이션, small RNA의 작용에 의한 발현 저해 등 다양한 후성적 요건에 의한 유전자 조절을 파악
  
- NGS 기술은 빠르게 발전하고 있으며 이를 바탕으로 새로운 결과 도출
  - 몇 년 내로 4세대 시퀀스 기술까지 상용화를 기대하며 활발히 투자하고 연구가 이루어지고 있음
  - 한 개의 세포 (2세대), 한 개의 분자 (3세대)만 있어도 유전체 해독이 가능한 시기가 도래하여 이를 바탕으로 가능한 발전 정도 예측도 매우 힘들 (그림 2-3)



[그림 2-3] 시퀀싱 기술의 발전 예측

#### 다. 외국의 유전체 해독 및 유전체 연구 성과 활용 현황

##### 1) 국외 유전체 해독 현황

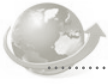
□ NGS 기술의 발달에 따라 전 세계적으로 유전체 해독방식이 바뀌기 시작

- NGS 기술의 적용으로 훨씬 빠른 결과를 도출하면서도 비용이 획기적으로 감소함에 따라 단일 연구기관에서도 대규모의 생물유전체 해독 프로젝트를 진행 (표 2-3)
- 유전정보에 대한 지적 재산권이 강화됨에 따라 이러한 현상이 심화 되고 있고, 경쟁적인 유전체 해독 연구가 진행되고 있음
- 대표적인 생물종 국제공동연구로는 ‘Genome 10K Project’, Albata 주의 연구 기관에서 주최한 ‘The 1000 plant transcriptome Project (1KP)’, 중국 BGI에서 진행 하는 1000 Plant & animal genomes project가 있음

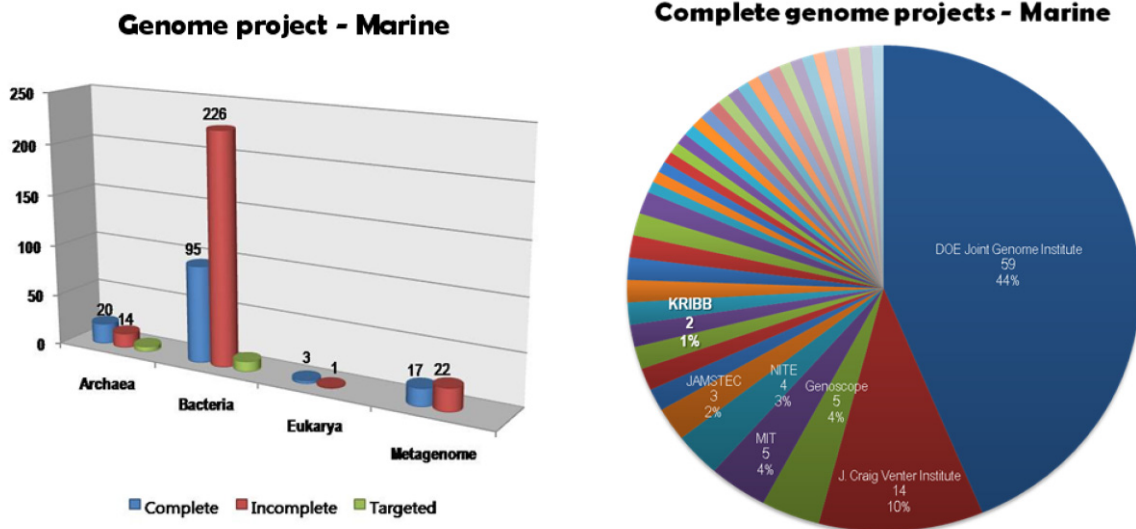


〈표 2-3〉 전 세계 주요 대형 게놈 프로젝트 현황

프로젝트 이름	연구내용
G10K project	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 10,000종의 척추동물의 참조유전체를 구축하기 위한 프로젝트</li> <li>· 샌디에고 대학과 다양한 분야의 연구진이 참여한 국제적 연구</li> <li>· BGI는 시퀀싱과 유전체 정보의 분석을 진행함</li> <li>· 2년간 유전체 해독을 진행할 102종을 발표함</li> </ul>
1000 Plant & animal genomes project	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 1,000종의 동식물의 신규 유전체를 해독하는 프로젝트</li> <li>· 중국 BGI에서 진행하고 있으며 참여형의 유전체 해독 진행</li> <li>· 판다의 유전체를 참조서열 없이 해독완료 한 기술을 보유</li> <li>· de novo (선도)유전체 해독기술의 적용</li> </ul>
1000 Genome project	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 생어 연구소, BGI, 브로드 연구소 등이 참여</li> <li>· 27 개 집단, 2,500명의 전체 염기 서열지도 완성</li> </ul>
The 1000 plant transcriptome Project (1KP)	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 식물의 경우 유전체 복잡도가 높아 전장유전체의 해독이 어려운 경우가 존재</li> <li>· 1,000종의 식물의 전사체 (cDNA) 해독을 통한 유전자수준의 총체적 해독 작업으로, 중간 유전자의 손실 및 습득을 비교하여 진화과정의 비교적 연구가 가능</li> <li>· 캐나다 알버타주농업연구소 및 알버타주립대학 등에서 400만달러를 투자하여 진행되고 있으며 BGI도 참여</li> </ul>
1001 Genome project	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 애기장대의 다양한 표현형을 수집하고 각각의 게놈의 해독을 목표로 하여, 애기장대의 유전적 다양성을 수집하는 프로젝트</li> <li>· 식물의 대표적 모델종인 애기장대의 표준유전체의 확립</li> </ul>
ICGC	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 매우 다양한 국가에서 참여한 프로젝트</li> <li>· 50종류 암에 대해 총 25,000 암 조직에 대한 엑솜 시퀀싱, 전사체 시퀀싱, 에피지놈 등을 조사함</li> </ul>
SGSC	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 돼지 유전체 해독 컨소시엄</li> <li>· 미국 농무성뿐만 아니라, 네덜란드, 프랑스 등 유럽, 영국, 한국, 중국 일본 등 매우 다양한 국가에서 참여함</li> <li>· 시퀀싱 전략 및 분석을 각 연구센터별로 분배하여 연구 수행</li> </ul>
기타 생물 종별 컨소시엄	<ul style="list-style-type: none"> <li>· The International Rice Genome Sequencing Project (IRGSP)</li> <li>· Mouse Genome Sequencing Consortium</li> <li>· The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium 등 매우 다양한 생물종별 컨소시엄이 형성됨</li> </ul>



□ 해양생명자원에 대한 유전체/오믹스 수준의 연구는 다른 바이오 분야에 비해 상대적으로 뒤늦게 착수하였지만, 최근 들어 해양생물 유전체 해독 (미국 등), 구조 유전체 해석 (일본 Protein 3000 등), 환경유전체 (메타게놈) 해독 (미국) 등에서 대규모 연구가 진행 중임 (그림 2-4)



[그림 2-4] 해양 유전체 분석 해양미생물 현황

(출처: 2009, 해양생물기반기술 [www.bioin.go.kr](http://www.bioin.go.kr))

- 생물 다양성 협약에서 생물자원에 대한 국가주권을 인정함에 따라 미국, 일본, EU, 영국, 러시아, 중국 등은 체계적인 해양생물자원 탐색과 대량 수집 및 유전체기반 대규모 오믹스 연구개발을 추진 중
- 생물종의 유전체 해독 프로젝트의 40%이상을 차지하고 있으며 점차적으로 확대 되는 추세이며 세계적으로도 대형 프로젝트가 진행 되어 해양생물종에 대한 유전체 해독량 증가

## 2) 국외 주요 유전체 연구 기관

□ 미국은 해양정책 ('69), 신국가해양정책 ('99), 21세기 해양청사진 ('04) 등 해양에 대한 지속적인 정책을 선언하고 7개 중점기술개발 분야에 대한 지원을 확대하는 등 해양바이오 연구를 주도하고 있으며, 최근에는 해양생물 오믹스 분석을 통한





IT/BT 융합기술 개발 및 해양신소재, 해양에너지 등 신성장 분야에 투자를 확대하고 있음

○ Department of Energy - Joint of Genome Institute (DOE-JGI)

- 국가적 기관으로서 가장 활발한 유전체 해독 연구가 이루어짐 (2011년 779억 원 예산)
- 특히 바이오에너지의 개발을 위한 다양한 생물종의 유전체 해독을 진행 하고 있으며, 바이오 연료 개발 대한 다양한 보고들이 이루어짐
- 진행 되고 있는 유전체 해독 프로젝트는 총 3,057개. 그 중 해양생물종의 유전체 해독 프로젝트는 65개 조류 (alga)와 동물 중 중 36개체이며, 해양미생물을 포함 한다면 더욱 많은 수의 유전체 프로젝트가 진행 중

○ J. Craig Venter Institute (JCVI)

- 2004년 해양 생물종의 유전체 연구를 위해 The Gordon and Betty Moore Foundation Marine Microbial Genome Sequencing Project를 시작
- 프로젝트를 통해 해양 표면에 서식하는 미생물 137종에 대한 유전체 해독을 실시하였으며, 그 결과 76개의 논문 발표
- 해양샘플링활동을 확장하여 최근 Global Ocean Sampling Expedition을 진행 하여, 보다 다양한 연구기관 (The San Diego Foundation, Life Technologies Foundation)의 지원을 받고, 해양 샘플 수집활동 및 해양 생물종에 대한 유전체 연구를 매우 활발히 진행 중
- 인공적으로 바이러스, 박테리아 게놈 합성에 성공하였고, 이후 바이오연료 생산을 위한 합성게놈 개발 진행

□ 일본은 「장기적 전망의 일본 해양개발 기본구상 및 추진방안('03)」 수립과 더불어 문부과학성, 국토 교통성 등 부처 공동으로 지원을 확대

- 게놈 연구 투자액은 2005년부터 2008년까지 총 762.4백만 엔을 지원
- 해양과학기술연구센터 (JAMSTEC)와 해양생명공학연구소 (MBI), 수산총합연구센터 (FRA) 등을 중심으로 산·학·연 협력 활성화
- 대양 및 관련분야 기술개발에 4천억 원 규모의 연구를 수행, 특히 프론티어 분야인 심해미생물사업의 경우 지난 10년간 5천억 원을 지원. 일본 JAMSTEC 산하 “극한환경생물권 연구센터”는 “해양생태 환경 연구 프로그램”, “극한 환경





생물전개 연구 프로그램”, “지각 미생물 연구 프로그램” 등을 통해 해양·극한 생명자원 탐사

□ 중국은 해양발전 863프로그램(‘96~’05)에 이어 중국 해양사업발전계획요강은 발표하여 ‘20년까지 해양환경변화와 해양생물자원의 지속가능한 이용, 대양·심해 연구에 대한 지원을 강화할 예정임

- 해양생물의약산업의 경우 2007년 15.71억 위안, 2008년 58억 위안의 부가가치를 달성할 정도로 지속적이고 빠른 해양산업의 발전을 이루고 있음

○ BGI (Beijing Genomics Institute)

- 대량의 NGS시퀀싱 기기를 보유 (150여대, 단일 기관 최다).

- BGI는 현재 중국 전역에 약 5,000명 규모의 연구 인력을 보유

- 자체적 유전정보 분석 알고리즘을 개발 (SOAPdenovo등)

- De novo sequencing 이라 불리는 방식의 유전체 해독으로 차세대 유전체 시퀀싱 방법만을 이용하여 자이언트 판다의 유전체를 해독.

- 인간과 포유류, 식물, 미생물 등 다양한 생물의 유전체 지도를 완성하여 연간 Nature급의 논문을 발표

- 자체적인 프로젝트로 대단위 생물종의 게놈 프로젝트인 1000 Plant and Animal genomes project를 진행

- 기타 질병관련 유전체 프로젝트, 100 양후안밍 프로젝트 (중국인 100명), 1000 식물전사체 해독프로젝트, 10,000 미생물 게놈 프로젝트 등 다양한 대형 프로젝트 진행

- NGS기기를 이용한 유전체연구를 세계적으로 선도하면서 국제공동연구인 G10K (vertebrate 10,000 genome project) 등에 참여하여 2년간 100여 종이 넘는 생물종의 유전체 시퀀싱을 진행 예정

□ 캐나다는 DFO를 중심으로 해양생명공학 분야의 유전체학 및 생명공학을 주도적으로 발전시키는 계획을 수립하였고 대서양 연어의 유전자지도 작성 및 연어 질병에 관한 유전체 연구를 수행함

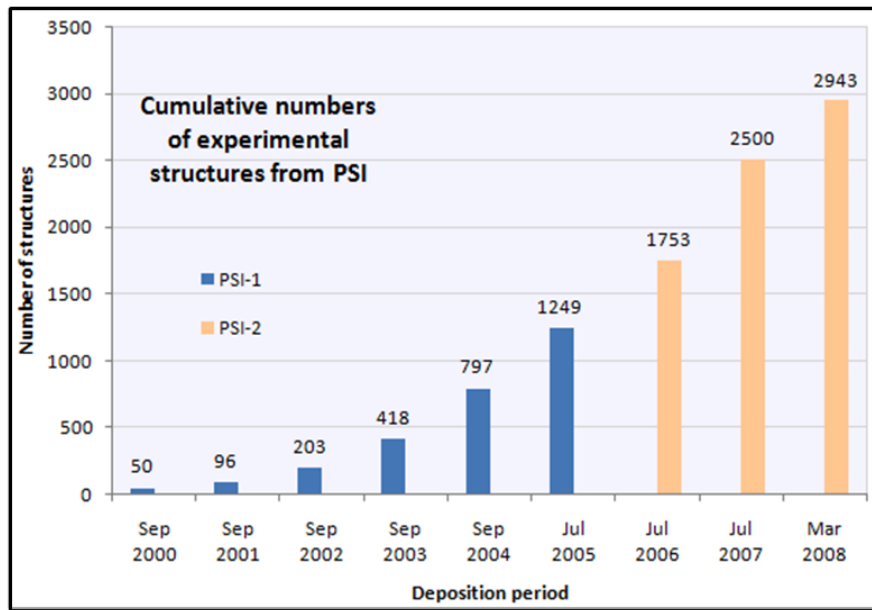


- 영국은 미국 다음으로 게놈 연구에 대한 투자하여, 2006년 투자액은 약 3억7천만 달러로 전 세계 투자액의 12%에 달함
  - BBSRC (Biotechnology and Biological Sciences Research Council)와 Cancer Research UK를 중심으로 게놈 연구에 투자
  - 현재 여러 개의 게놈 해독 센터를 보유하고 있음
- Wellcome Trust Sanger Institute
  - Wellcome Trust는 영국의 자선 재단으로 Sanger 연구소를 지원
  - Sanger 연구소는 세계 최대의 유전체 연구소로, 생어 시퀀싱 방법을 이용한 다양한 유전체 해독과 기능 규명 등 전 세계의 유전체 해독을 이끔
  - 인간게놈프로젝트에 가장 큰 기여를 하였고, 특히 유전체 정보의 생산과 분석에 필요한 생물정보학 S/W와 DB 개발에 크게 기여
  - 현재 암 유전체, 게놈 연관분석 및 1000 게놈 프로젝트 등의 대규모 유전체 프로젝트들을 진행하고 있음
- 프랑스는 로스콧해양연구소와 Genoscope ([http://www.cns.fr/externe/English/corps\\_anglais.html](http://www.cns.fr/externe/English/corps_anglais.html))이 중심이 되어 해양 해조류의 유전체 분석을 진행하고 있음 (갈조류 솜털말, 다시마, 홍조류 진두발)

### 3) 유전체 연구 성과 활용 현황

#### 가) 기능 유전체 연구 현황

- 미국은 **Protein Structure Initiative**의 1단계 사업 (PSI-1)은 5년간의 연구 기간 동안 9개의 연구 센터가 운영 되었으며 1,200여 단백질 구조를 규명 (그림 2-5)
- PSI의 2단계 사업 (PSI-2)은 5년간 진행되었으며 PSI-1에서 축적된 기술력을 바탕으로 새로운 종류의 단백질 및 질병과 관련된 막단백질의 구조 해석을 수행. 2008년 11월 1일 기준으로 PSI 프로젝트 (PSI-1, PSI2)는 3,400여 가지 단백질 구조를 규명하였고 이들 중 1,900여 가지는 독특한 구조임

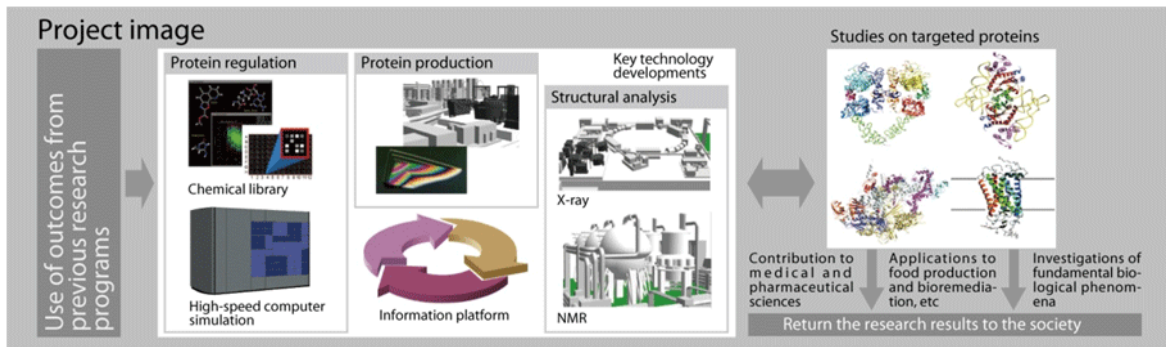


[그림 2-5] Protein data bank에 올린 연도별 PSI 구조 규명 편수  
(출처: wikipedia ([http://en.wikipedia.org/wiki/Protein\\_Structure\\_Initiative](http://en.wikipedia.org/wiki/Protein_Structure_Initiative)))

- 유럽의 SPINE (Structural Proteomics IN Europe) 사업은 3년간 진행 됐으며 하등 및 고등 생명체의 단백질 복합체를 대량으로 규명하기 위한 HTP (High-Throughput) 기술을 개발. 또한 이 사업을 통해 단백질 구조 결정에 필요한 파이프라인과 X-선 결정학을 위한 단백질 결정 핸들링이 유럽 내 표준 지침의 개발, 308개의 구조 (252개의 Crystal 구조, 56개의 NMR 구조) 및 연관성 있는 61개 단백질들의 구조를 규명
  - 프랑스에서는 Ministry of Research to Structural genomics에서 지원을 받아 pathogens, eukaryote, yeast 분야로 나누어 연구함
  - 독일 베를린에서는 Protein Structure Factory 연구 사업을 통해 인간 단백질과 신규 단백질 구조 분석에 초점을 맞춤
  - SGC (Structural Genomics Consortium) 사업은 말라리아를 야기하는 인간 기생 단백질뿐만 아니라 유전병, 후생학적병, 염증, 당뇨, 암과 관련 있는 약 2000여 표적 휴먼 단백질을 연구함. 그 결과로 2005년부터 2009년까지 240여 편의 논문을 보고하였으며, 2010년 4월 기준 1061개의 의학 관련 단백질 구조를 Protein Data Bank에 등록



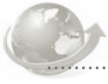
- 일본은 극한 고세균인 *Thermus thermophilus*에 존재하는 3,000여개의 단백질 3차 구조를 모두 규명하는 것을 목적으로 이화학연구소를 중심으로 ‘Protein 3000 (2002~2006년)’ 프로젝트에 9,000억원 이상의 예산 투입
  - ‘Protein 3000’의 후속 연구사업으로 생명현상의 근원에 관련된 단백질, 신약 개발 표적 단백질, 산업적 응용성이 높은 단백질 등에 대한 구조해석 및 특성 규명을 목적으로 ‘Targeted Proteins Research Program (2007~2011)’이 2007년부터 수행 (그림 2-6)



[그림 2-6] “Targeted Proteins Research Program”의 개요. 생명현상의 근원에 관련된 단백질, 신약 개발 표적 단백질, 환경과 식량문제 해결과 같은 산업적 응용성이 높은 단백질에 집중하는 선택적 연구를 수행

### 나) 오믹스 연구 및 활용 현황

- 모델생물을 이용한 오믹스 연구 및 활용 현황
  - 오믹스 (Omics) : 생물체의 유전자, 단백질, 대사물질 등을 분석하는 연구방법으로 “~ome (어떤 것 전체 세트) + ~ics (학)”가 합성된 접미어
  - 대장균 *E. coli*의 *in silico* 대사 네트워크 모델 (2000년): 최적 성장률과 acetate, succinate, 산소간의 섭취량간의 상관관계를 분석하고 있는데, 이는 결국 아세테이트와 숙신산 탄소(succinate carbon) 제한이 대사경로를 제어하는 결정요소 중 하나임을 보여 줌
  - 효모 *S. cerevisiae*의 유전자 차원 대사경로 모델 (2003년): 유전자 분석 결과, 대사경로 데이터베이스 등의 결과 얻음. 성장표현형의 80%를 성공적으로 예측할 수 있게 만들었으며, 그 결과 세포간 반응행태 역시 예측할 수 있게 됨. 마이크로 호기성 조건하에서 에탄올의 최적 성장 및 최적 생산을 목표로 함



- **Transcriptomics 활용 대사경로 재설계 기술:** *S. cerevisiae*가 다양한 탄소물질과 중개구성물질에 대해 일으키는 반응의 기초값을 찾아낸 후 이를 이용해서 대사재설계를 시도하는 것. 최근 들어서는 단순히 Transcript 데이터만이 아니라 유체흐름이나 대사체학 등으로부터 얻어진 정보와 통합되어 사용되는 추세
- **Proteomics 기술 활용:** *E. coli*를 개량함으로써 바이오분해, 바이오호환성이 강화된 thermoplastic polymer를 생산하는데 활용하거나 Hydroxybutyrate와 같은 순수화합물의 합성에 필요한 원재료를 생산하는데 사용
- **Metabolomics 기술 활용:** 산업바이오 영역에서도 효소기작이 유체흐름에 미치는 영향이나 그 작동동력이 무엇인지를 밝히는데 큰 도움을 주고 있음. 포유류의 위장으로부터 분리된 박테리아인 *M. succiniciproducens*을 이용하여 혐기성 조건 하에서 대량의 숙신산을 생산
- **대사공학(Metabolic engineering):** 말라리아 치료물질 아테미시닌(Artemisinin) 생산을 위한 개발과정에서 대량의 핵심원료 (Active Pharmaceutical Ingredient, API)를 얻기 위해 박테리아 및 효모, *Artemisia annua* 식물에서의 각각에 대한 대사 경로를 *S. cerevisiae* 효모 게놈 (Genome)에 공학적으로 혼합·사용하였으며, 그 결과 향상된 전체 효율은 200배에 가까웠음

□ 해양생물에서의 오믹스 연구 및 활용 현황

- 오믹스 연구에 활용되는 해양진핵생물 중 대부분은 동물 [예, 성게, 우렁챙이, 칠성장어, 다모류 (갯지렁이), 플라티네레이스 (갯지렁이와 유사한 다모류 동물)]이고 일부 대형조류와 미세조류, 그리고 몇몇 남조류와 고세균 1종이 있음
- 해양 미생물에 대한 메타게노믹스 연구는 2008년 Global Ocean Sampling Expedition을 통해 지속되고 있으며, mesocosm을 대상으로 한 발현체 연구 등 오믹스 수준으로 발전
- J. Craig Venter가 창업하고 CEO로 있는 신세틱 제노믹스 (Synthetic Genomics, 미국 메릴랜드주 Rockville시 소재)는 2009년 메이저 석유회사인 엑스모빌하고 6억불 (약 7,000억원) 지원받는 연구협력계약 체결했음. 현재 주로 녹조로부터 450개 유전자를 수집하여 바이오연료 생산에 가장 적합한 미생물을 개발 중임.



- EU는 유전체학, 프로테오믹스, 바이오인포매틱스 분야 **전문가 네트워크** 구성을 통해 해양생태계 기능과 해양생물학 연구 수행 (BIODEEP, EuroDeep Project)
  - 미국 NIH와 싱가포르 분자세포생물학 연구소는 공동연구를 통해 복어, 상어의 유전자 지도 등을 완성하여 **인간 유전자 지도 해석의 모델 시스템을 구축**
- 오믹스 분석을 기반으로 한 합성생물학
- 합성생물학은 오믹스 분석 등을 기반으로 얻어진 생물학적 이해를 바탕으로 세포막과 DNA, RNA 등을 재조합하여 특정 기능을 나타내도록 새로운 세포를 합성하는 융합학문임. 유전적 회로 (genetic circuit), 대사 공학 (metabolic engineering), 신호 전달 (signal transduction)체계의 재구성이 핵심기술임
  - **프로토셀 (Protocell)**: 유전체의 잉여부분을 제거하고 재생산과 자기보전, 그리고 진화가 일어날 수 있는 최소의 구성요소만을 가진 최소화된 생체세포인데 효율과 비용절감의 효과를 달성할 수 있음. lipid에서 확보한 멤브레인과 정보전달 물질인 DNA나 RNA과 같은 분자복제, 그리고 소분자들로 구성된 셀룰라 구조를 형성하기 위한 화학적에너지 (멤브레인을 관통할 수 있는)들로 구성되어 있는데, lipids, phospholipids, 그리고 fatty acid 등을 이용한 리포솜 생산과 이렇게 생산된 리포솜을 통해 유전자와 분자 구성물들을 투입하여 RNA와 단백질을 생산하게 됨
  - **최소유전체 (Minimal genome)**: 특정한 환경 하에서 보다 높은 성장속도와 특정 대사작용에 보다 효율이 높아지도록 최소한의 유전자 세트 구성. 대표적인 사례로는 일본의 Minimum Genome Factory와 Venter그룹이 있음. J. Craig Venter 연구팀은 2006년 비뇨기관 감염균의 일종인 미코플라스마 제니틸리움(Mycoplasma genitalium)이라는 미생물에 존재하는 525개 유전자 가운데 387개의 단백질 유전자와 43개의 RNA를 최소유전자로 골라내고 2007년 '최소세균유전체 (Minimal bacterial genome)'라는 제목으로 미국 특허청과 세계지적재산권기구에 특허를 신청했음. 또한 2007년 8월 3일 미국 과학저널 사이언스 (Science)에 미코플라스마 마이코이데스 (Mycoplasma mycoides)라는 미생물의 유전체를 분리하고 이를 미코플라스마 캐프리카롤럼 (Mycoplasma capricolum)에 이식해 종 변환에 성공했다는 연구 결과를 발표





함. 또한 하버드 의대 연구진들은 2007년 효모세포에서 DNA를 기초로 한 기억 회로 (memory loop)을 합성하여 Genes and Development 지에 연구결과를 발표함

- 합성생물학은 기존 생명시스템으로는 해결하기 힘든 환경문제, 식량문제, 에너지문제를 해결할 수 있는 미래 학문으로서 최근 많은 주목을 받고 있음

## 라. 국내 해양유전체 연구 현황

### 1) 국내 해양 유전체 연구 현황

- 지난 10년간의 전 세계 바다 25곳의 생물다양성 조사결과에 따르면 한국 해양에는 단위면적 (10km<sup>2</sup>)당 32.3종의 생물이 서식 하여 한국은 바다의 단위 면적당 생물종수가 가장 많다고 알려짐
- 서해 해양생태계 기본조사 (2006~2008) 결과 2,218종의 생물이 출현 하였으며 9종의 신종을 발표하였으며 최근 3년간 국내 바다에서 해양생물 신종 10종과 미기록종 11종을 발굴하는 등 한국해양에서 다양한 신규 생물종이 발견되고 있어 한국의 해양의 환경적 조건이 매우 풍부하며, 자원적 활용 가능성이 무한함
- 독도의 미생물 '동해아나 독도넨시스 (Donghaeana dokdonensis)'의 전장 유전체가 해독 되는 등의 유전체 연구 결과가 발표됨
- 해양 연구원에서는 Kordia algicida OT-1 등의 해양 미생물 뿐 아니라 국내 해양 생물 종인 윤충류 및 까막 전복, 녹조류 참깃털말 등의 유전체 해독진행
- 제주하이테크 진흥원에서 진행하고 있는 옥돔의 유전체 분석의 경우 전체 유전체 해독이 아닌 미토콘드리아 수준으로 옥돔으로 오인되는 옥두어와의 개체 구분을 위한 마커 개발
- 국내의 심해 열수생태계 연구는 한국해양연구원 기관고유사업 및 국토해양부 R&D 사업으로 1998년 이후 현재까지 Yap Trench, Manus Basin, Woodlark Basin, Tofua Arc. 등에서 실패역 탐사를 통해 심해 열수환경을 간접적으로 확인하고 유화광물과 열수환경으로 추정되는 퇴적물 시료를 확보함
- 현재 진행 중인 대부분의 연구과제는 광물자원개발 확보를 위한 해저열수광상 탐사 및 개발 분야에 편중되어 있기 때문에 심해 열수생태계와 구성 생물에 대한 전반적이고 체계적인 연구를 수행하지 못하고 있는 실정임



- 심해 열수환경연구에 필수적인 최첨단 정밀 탐사·채취 장비 (예, 심해견인 측면 주사 음탐기, 심해잠수정, 심해카메라 부착 채취장비)가 선진국에 비해 미비하고 장비의 운용 기술이 초기 단계임
- 한국해양연구원에서 북서태평양에서 대한해협에 이르는 구간을 탐사하였으나 기후변화 연구에 초점이 맞추어졌으며 쇄빙선 아라온호를 활용한 태평양 남부의 중앙해령에 대한 연구 추진 중
- "해양·극한생물 분자유전체연구단"에서는 고세균 등을 비롯한 4종의 해양미생물 유전자 지도를 완성해 유전자 수식 효소를 산업화하는 데 성공
- 열수구에서 분리한 해양미생물 썬모코커스 온누리누스 (*Thermococcus onnurineus* NA1)의 유전체 해독을 통해 수소를 생성하는 기능 유전자를 발견하여, 해당종의 유전 정보를 활용한 바이오 수소 연구개발 진행
- 미생물유전체활용사업은 많은 신규 미생물을 확보하는 성과를 가져 왔으나 대상 생태계가 해양의 경우 표층에만 한정되고, 종속영양생물에 국한됨
- 종합적으로 국내에서 대양환경에서 생물의 배양 및 생체시료의 확보에 중심을 둔 연구는 체계적으로 수행되지 않아, 해양환경에 대한 체계적 분석 및 생명공학 원천시료 제공이라는 주요목적을 달성하는 데 미흡한 실정임

## 2) 국내 유전체 해독 후속 연구 성과 및 활용 현황

- 국내 단백질 연구는 개별 단백질 중심으로 이루어지거나 혹은 개별 생물체의 총체적 단백질 (단백체)에 대한 연구만이 이루어져 단백질 적응/진화에 대한 체계적인 연구가 수행된 적이 없음
  - 대표적 예로서 프론티어사업으로 추진 중인 “프로테오믹스이용기술개발사업단”의 경우 인간유전체 해독 결과를 활용하여 기능 단백질학에 중점을 두고 연구사업 수행 중
  - 일부 유전체 해독 미생물 (초고온성 고세균, 방향족 탄화수소 분해 미생물, 빈영양해양세균 등)에 대한 프로테오믹스 해석연구가 수행되고 있음
- 과학 선진국에 의해 기능이 규명된 단백질에 대한 후속 연구가 주로 이루어지고 있으며 미지의 단백질 기능을 규명하고 신기능 단백질을 발굴하기 위한 선도적 연구는 최근 들어 시작됨





- 현재 연구되는 해양생물은 그 숫자가 제한적이며, 진핵생물 중 연구되는 동물, 대형조류와 미세조류는 대부분 분자진화연구가 주류를 이룸
- 생명현상을 이해하고 활용하기 위한 연구는 해양미생물과 고세균에 국한되어 있으며 해양 미생물에 대한 메타게노믹스 연구는 해양연구원에서 일부 진행 중
- 오믹스분석을 활용한 시스템 생물학연구는 태동단계임
- 난분해성 유기물질 분해 미생물의 분해 기작과 관련된 유전자 정보 및 배양된 미생물에서 추출한 분해효소들의 특성에 대한 연구는 많으나, 게놈 염기서열이 알려진 유기물질분해 미생물들의 분해 효소를 이용한 바이오촉매 제작 기술 및 토양을 비롯한 환경정화에 응용하는 연구는 아직까지 개념 정립 단계
- 유전체 염기서열이 알려진 유기오염물 분해 미생물들의 경우, transcriptome 혹은 proteome 발현 연구를 거치면서 분해에 관여하는 유전자들과 효소들의 발현에 필요한 유전자 정보가 실험적으로 검증됨
- 국내의 경우 난분해성 유기물질 분해 미생물의 분리와 동정에는 많은 연구가 있지만, 유전체 염기서열 정보까지 획득한 상태에서 분해 효소 발현이나 효소 구조 규명에 대한 연구는 매우 미미함
- 우리나라는 삼면이 바다임에도 불구하고, 매년 생산하는 수산물의 10%를 점유하는 해조류는 대부분 생체로 이용하는 등 해조류를 이용한 바이오연료 개발 연구는 아직 초보단계에 머물고 있음. 최근 해양바이오에너지를 위해, 해조류와 미세조류를 이용해 바이오연료를 생산하는 미래 에너지 기술이 현재 정부의 신성장동력사업으로 추진 중. 한국생산기술연구원의 김경수 박사팀이 우뚝가사리에서 바이오에탄올을 추출하는데 성공한데 이어 이를 실용화를 위한 연구활동이 활발히 진행 중
- 최근 해양 고세균 이용 바이오수소 생산기술 개발 사업, 이산화탄소 저감 또는 탄소 격리를 위한 고효율 미세조류 배양공정 개발 사업 등이 시작 됨
- 최근 약 10년간의 바다미생물을 이용한 국내기술 연구 현황을 살펴보면, 관련분야의 연구 중 발효 균주 개발 영역의 기초 기술 수준은 높은 편으로, 미세조류를 이용한 축산폐기물 분해, 폐수공정 처리 및 methanol 등 유기물 발효에 대한 연구가 대부분임 (농생명과학연구정보센터의 문헌 DB에 따름).
- 해양생물 개량과 관련된 직접적인 연구, 즉 미세조류에 외부 유전자 도입방법, 도입된 외부 유전자의 과발현 기술 등에 관하여는 10년간 몇 편의 논문만이 국내 학회지에 발표됨



- 이는 연구 수준이 낮아서 보다는 연구성과를 객관적으로 가시화 하고 기술수준을 축적하여 산업화 하려는 인식 및 공감대가 부족했었기 때문임

## 2. 시장 전망

### 가. 최근의 해양생명공학 생산물 시장현황

- 2003년에는 전세계 생산액 2,480.02백만 달러에서 한국이 점유하는 생산 비중은 1.3% 정도에 불과하였고, 금액도 22.78백만 달러로 낮은 수준. 미국은 전체 생산액의 1/3 이상을 차지하고 있는 반면 한국은 1~2% 수준에서 머물러 있는 것으로 분석. 2008년 전체 생산액은 3,207.25백만 달러로서 미국이 약 31%인 1,025.90백만 달러를 차지하는 반면 한국은 1.6% 수준인 52.92백만 달러로 추정 (표 2-4)

〈표 2-4〉 해양생명공학 관련 생산물 시장금액 현황

(단위: \$ million)

구분	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012
미국	819.15	864.98	907.53	947.85	987	1,025.90	1,064.35	1,102.25	1,138.95	1,175.40
세계	1,339.30	1,745.93	1,850.07	1,979.42	2,054.00	2,154.41	2,256.53	2,361.68	2,466.93	2,575.07
한국 (비중%)	32.24 (1.3%)	35.55 (1.3%)	38.95 (1.4%)	44.29 (1.5%)	49.07 (1.6%)	52.92 (1.6%)	56.93 (1.7%)	62.87 (1.8%)	69.07 (1.9%)	73.73 (1.95%)
합계	2480.02	2633.69	2781.80	2952.36	3066.76	3207.25	3348.67	3492.57	3635.31	3781.10

주: 우리나라는 선진국의 바이오산업에 관한 자료와 비교하여 한국 바이오산업에 관한 비율을 구하고, 그 비율에 따라 해양생명공학관련 선진국 시장 증감현황을 비교하여 비율을 산정하여 추정함

(출처: Marine Biotechnology, A Global Strategic Business Report, March 2008, Mcp-1612)

- 해양바이오 제품의 생산은 전 세계적으로 연평균 4.8% 이상의 지속적인 증가추세를 보여 2012년에는 3,781.10백만 달러 규모로 증가할 것으로 추정되고 있다. 이 중에서 미국이 전체의 31.1%를 차지하는 1,175.40백만 달러로 추정되며, 우리나라는 73.73백만 달러로 전체 생산금액의 2% 정도 불과할 것으로 추정된다. 한국은



2003년 32.24백만 달러에서 2008년 73.73백만 달러로 2배 정도 증가하여 전세계 평균증가율(29.3%)보다는 높을 것으로 전망되지만, 전 세계 시장에서 점유하는 비중은 여전히 2%에도 미치지 못할 것으로 추정

- 바이오에너지 개발은 석유수입 대체효과를 나타내 수송연료의 20%를 바이오에탄올로 대체할 경우 7천억원의 원유 수입비용과 3천억원의 이산화탄소 감축비용을 합쳐 연간 1조원 가량을 절감할 수 있음.
- 대체에너지 중 특히 수소는 화석연료 대체 효과 뿐만 아니라 석탄, 바이오매스에서 방출되는 온실가스의 발생도 없으므로 지구온난화 억제에도 기여하는 청정 재생에너지로서 세계 각국에서 전략적으로 개발 중임. 수소 연료전지 세계 시장 규모는 2018년 600억달러로 급성장하며, 수소 연료전지 분야에서 한국의 수소수출규모는 229억달러로 예상됨 (그림 2-7). 또한 수소 연료전지 세계시장은 2030년에는 연간 1,500억 달러 (약 142조원)에 이르고, 2040년에는 1일 1,100만 배럴가량의 석유 수요를 대체할 것으로 예상됨. 특히 기존의 가스시장 인프라를 활용한 가정용 연료전지 산업은 각 가정에서 도시가스로 전기와 열을 생산하는 새로운 발전방식을 제시하고 있으며, 미래를 이끌고 갈 핵심 연료기술의 하나로 주목받고 있음



[그림 2-7] 국내 수소연료 전지 시장 전망

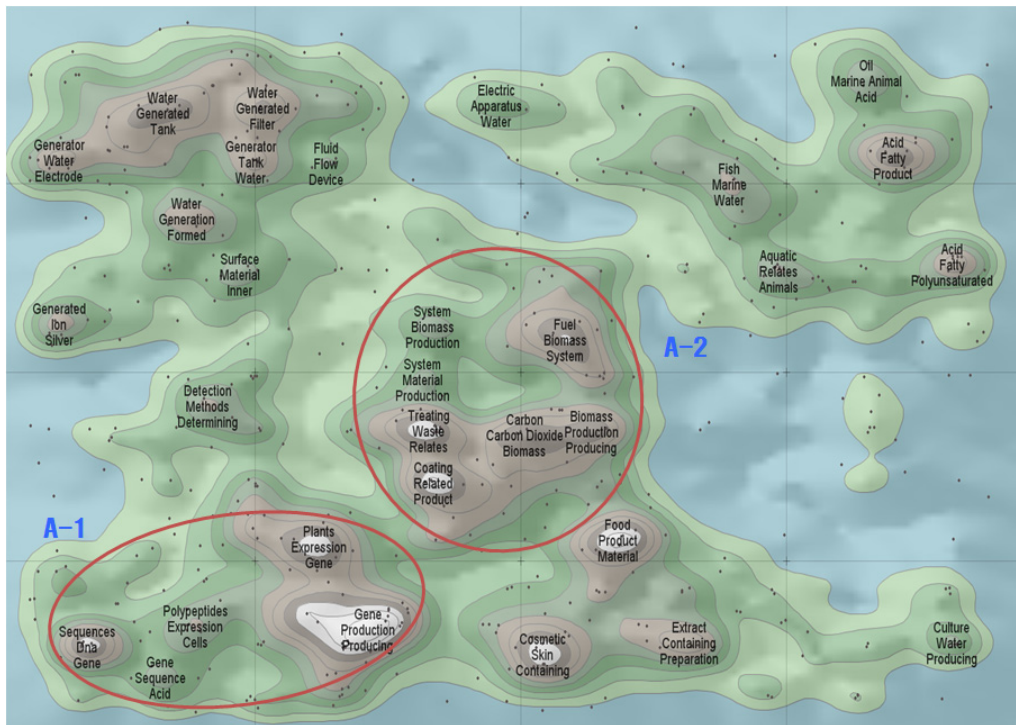
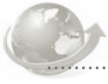


(출처: 에너지 경제 연구원)

- 세계 제약시장 규모는 2004년 말 기준으로 5,000억 달러 (500조 원)에 달함. 현재 까지 개발된 약물의 70% 이상이 천연물에서 유래한 것으로, 주로 육상식물이나 토양 미생물에서 유래되었으나 육상생물 유래 천연물 발굴이 포화상태에 이르게 됨에 따라, 아직 미개척분야로 남아있는 해양생물유래 천연물의 중요성이 점차 부각되고 있음. 해양생물은 거대한 생태적·물리적·화학적 다양성을 지니고 있으므로 육상생물과는 전적으로 다른 특이한 신약을 개발할 가능성이 매우 높으며, 세계 신약시장규모의 증대에 크게 기여할 것으로 전망됨
- 아일랜드 Elan사는 바다달팽이 (*Conus magus*)의 독성분을 이용하여 Prialt 라는 만성 통증환자 치료용 진통제를 개발. 2005년 첫 분기에 6,000만 달러의 매출을 올렸으며, 2006년 2월 일본의 다국적 제약사 에이자이사에 1억 달러에 유럽 판매권을 넘겼음
- 미국 스크립스해양연구소가 개발하였으며 캘리포니아 주립대학 5대 최고 로얄티 품목 중 하나인 Pseudoteropsin은 연산호 (*Pseudopterogorgia elisabethae*)에서 개발된 소염물질로 Estee Lauder사가 이를 이용한 기능성 화장품 (Resilence)을 개발하여 시판하고 있음
- 스페인의 PharMar사는 우렁쟁이 (*Ecteinascidia turbinata*)로부터 Yondelis라는 항암제를 개발하여 2008년 한해에만 4,100만 달러의 매출을 올림. 현재 미국 항암연구소에서 임상실험 진행 중인 항암신약의 1/2 이상이 해양천연물임. 또한 전세계적으로 임상시험이 진행 중인 해양천연물은 30여종에 이룸

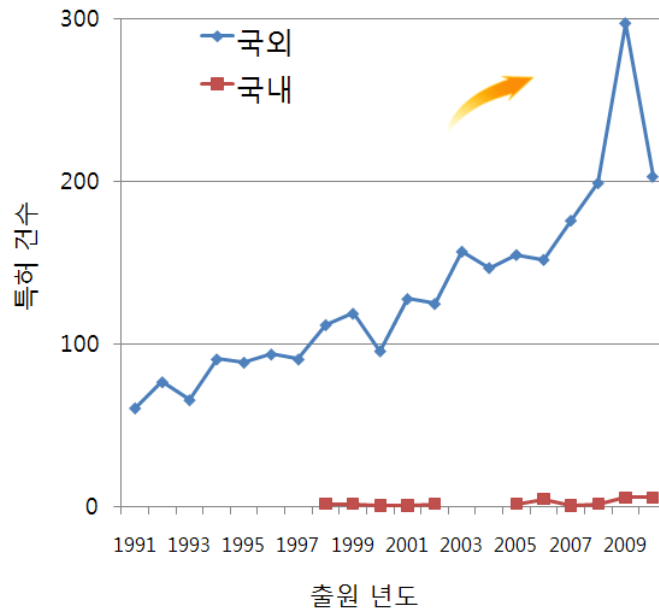
## 나. 국내·외 특허 분석

- 특허 등고선을 통한 국내외 기존 해양생물 유전체 분야의 기술현황 분석에서 주요 연구와 기술 동향을 파악함 (그림 2-8)



[그림 2-8] 해양생물 유전체 분야 특허 분석 (AUREKA)

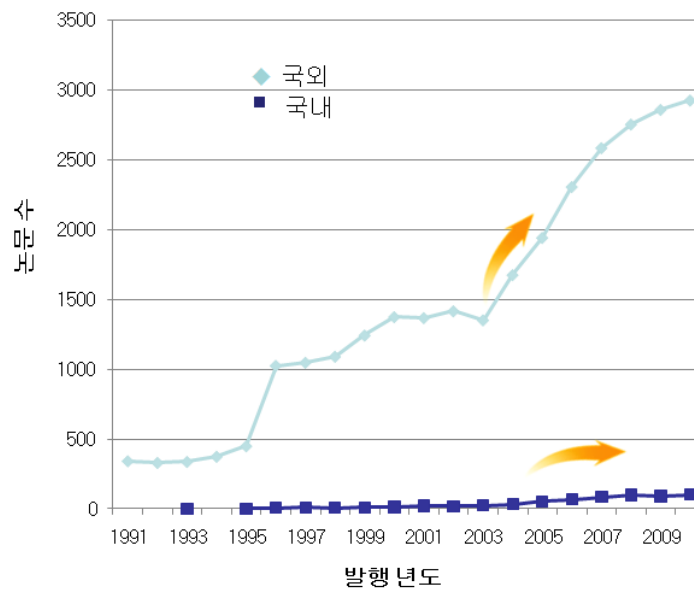
- A-1: 개별 유전자 분석 및 발현에 대해 연구가 주로 진행되었으며 유전체를 종합적으로 연구하고 이용한 내용은 일부에 해당함
- A-2: 최근 바이오에너지가 활발히 연구되는 추세에 따라 조류같은 해양 바이오매스의 대량 생산 및 바이오매스로부터 바이오 에너지 생산기술에 해당하는 특허가 출원되고 있음
- 현재까지는 해양생물 유전체를 이용한 심도 있는 기술 개발이 이루지고 있지 않은 상태
- 외국 특허 건수는 2000년대 중반을 넘어 서면서 급격한 증가세를 보이는 반면 국내에서는 별 다른 변화를 보이고 있지 않음 (그림 2-9, 특허공개는 통상 18개월이 소요되어 최근 2~3년 감소추세 보일 수 있음)



[그림 2-9] 연도별 국내외 해양생물 유전체 분야 특허 건수

#### 다. 국내·외 논문 분석

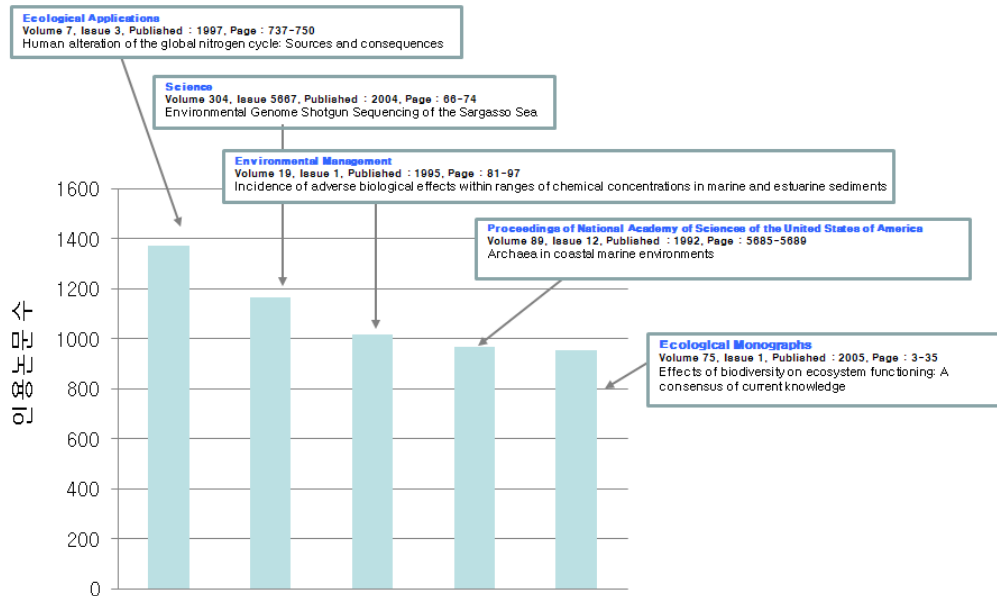
□ 특허 등록 건수가 급격히 증가한 2000년 중반에 국외 발표 논문의 건수도 함께 증가 추세 (그림 2-10)



[그림 2-10] 해양 생물 분야 국내외 연도별 연구 논문 발행 건수



- 최근 20년간 발표된 논문 중 최다 인용 논문 중에 2004년 Science지에 발표된 내용은 해양생물 유전체를 주제로 한 논문으로 짧은 기간에도 불구하고 인용빈도가 높아서 이 분야가 최근에 활성화되고 있음을 나타냄 (그림 2-11)



[그림 2-11] 해양생물분야 최다 피인용 논문

### 라. 국가별 투자 분석

- 미국의 경우에는 해양과학기술에 '08년말 기준으로 391,490억원이 투자되었고, 일본은 해양생명공학에 616.2억원, 중국의 경우에는 01~05년 기간 동안 2억 위안이 투자된 것으로 조사. 반면 한국은 해양생명공학에 2008년 349.6억원이 투자 (표 2-5)

<표 2-5> 해양생명공학 관련 국가별 투자금액 (단위: 억원, %)

구 분	미 국	일 본	중 국	한 국
금 액	391,490	616.2	364.1	349.6
한국 대 비중	1119.8	176.3	104.1	100
투자연도	2008	2008	2001~5	2008

주: 환율산정시 엔화는 100엔에 1,420원, 달러는 1,261원, 위안화는 182원으로 환산하여 투자 금액을 재추정함

(출처: 생명공학연구센터, BT기술동향보고서, 해양 생명공학, 총서 제82권)





### 3. 시사점

〈표 2-6〉 SWOT 분석

강점(Strength)		약점(Weakness)	
<ul style="list-style-type: none"> <li>- 한국의 삼면의 바다와 지역별 다양한 환경에 따른 풍부한 해양생물종 분포</li> <li>- 전 세계 1위 수준의 해양생물 다양성을 가져, 해양에서 발굴 할 수 있는 유전자원의 가능성이 무한함</li> <li>- 국내 해양종에서 매우 다양한 생물종이 발견되고 있으며, 자생종에서 발견되는 항암물질 및 바이오 에너지로의 활용가능성이 제기됨</li> </ul>		<ul style="list-style-type: none"> <li>- 유전체 해독 및 분석 기반 부족으로 타 국가에 비해 유전체 해독 작업이 더디게 이루어짐</li> <li>- 유전체 분석에 필요한 시스템의 부족으로 유전체 분석과정의 문제점 가짐</li> <li>- 한국연안의 다양한 유전자원으로써 대량의 미기록종 및 기능성 산물 생산 가능성의 확보 부족</li> </ul>	
기회요인(Opportunity)		위협요인(Threat)	
<ul style="list-style-type: none"> <li>- 해양생물종의 유전체 해독을 통하여 기능성 유전자의 대량발굴이 가능하다면, 이를 이용하여 더욱 산업적 가치가 큰 자원으로 개량 가능</li> <li>- 한국의 IT기반을 활용한 유전정보 분석에 대한 비전이 밝으며, 유전체 해독 뿐만 아닌 분석을 통한 고부가가치의 유전정보의 발굴이 가능</li> </ul>		<ul style="list-style-type: none"> <li>- 미국 및 다양한 국가에서 전 세계 해양생물종 수집 작업을 통한 생물자원확보와 유전체 해독을 통한 지적재산권 확보가 활발히 이루어짐</li> <li>- 중국, 일본 등 우리나라와 환경이 비슷한 국가들에서 대단위 생물종에 대한 유전체 해독 작업을 통해 해양자원의 선점이 시급함</li> </ul>	
대응전략			
SO 전략	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 해양생물종에서 다양한 기능성 신소재들이 발굴되고 그 산업적 가치가 주목받고 있어, 이러한 유전자원의 유전체 해독을 통해 해당 기능성 유전자들을 발굴하며, 이에 대한 지적 재산을 확보해야 함</li> <li>- 발달된 IT기술을 BT에 접목하여 유전체 해독과 유전정보의 분석을 통한 기능성 유전자의 발굴은 해당종의 품종개량과 대량생산 시스템의 개발을 통해 무한한 산업적 가치를 발굴 가능</li> </ul>		





ST 전략	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 한국의 생물자원이 매우 풍부함에도 불구하고, 중국 일본등과 그 연안을 함께 공유 하고 있어, 생물자원에 대한 확보가 부족하다면, 지적 재산권의 선점에 의해 자생생물종의 활용마저도 어려워질 가능성이 있음</li> <li>- 전 세계적인 해양생물종의 확보 활동이 활발한 만큼 보다 신속하고 전략적인 접근을 통해 우리의 해양생물 자원을 확보하는 활동을 진행하여야 함</li> </ul>
WO 전략	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 국내에서는 최근 유전체 해독과 분석 연구의 도입기로, 일부 유전체 해독이 진행 됨</li> <li>- 해양생물의 유전체 해독역시 점차 많아지는 추세(전복, 물벼룩, 참깃털말 등)로 전략적인 유전체 해독 파이프 라인을 구축하여 100여종 이상의 유전체 해독과 분석을 진행할 기반과 시스템 확보가 필요</li> <li>- 앞선 IT기술을 기반으로 유전정보의 분석분야에 강점을 가져, 유전체 해독의 기반과 시스템이 구축을 통해 빠른 시간 안에 양적, 질적으로 해외의 유전체 연구 수준에 도달 가능</li> <li>- 유전체 해독 기반 및 분석 알고리즘의 자체적 개발이 진행 된다면 국내 자생종의 유전체 해독과 분석이 활발히 이루어 질 수 있음</li> </ul>
WT 전략	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 전 세계적인 해양생물의 유전체 연구가 매우 활발하며 중국과 일본의 해양유전체 해독연구 대상이 국내 자생종이 포함되어 있어, 빠른 시일 내에 한국의 자체적인 해양생물의 유전체 해독 연구가 필요</li> <li>- 해당 연구 분야에 적합한 독자적이며 전략적인 알고리즘 개발을 통한 유전체 정보의 분석으로써 고부가가치의 유전정보의 발굴이 가능</li> <li>- 한국은 IT기반을 통해 유전적 분석 알고리즘개발 활동을 통해 고부가가치를 창출할 수 있는 충분한 자원을 가지고 있으나 유전체 해독 연구가 활발하지 못하여, 이러한 장점을 살리고 있지 못함</li> <li>- 한국 해양생물의 샘플을 확보하고, 이에 대한 유전체 해독을 진행함으로써 다양한 유전체 분석 작업을 진행하여 해양생물의 유전자로 부터 풍부한 신소재 발굴 및 기능유전자를 대량 발굴하여 해양유전자원에 대한 지적 재산권을 확보하여야 함</li> </ul>



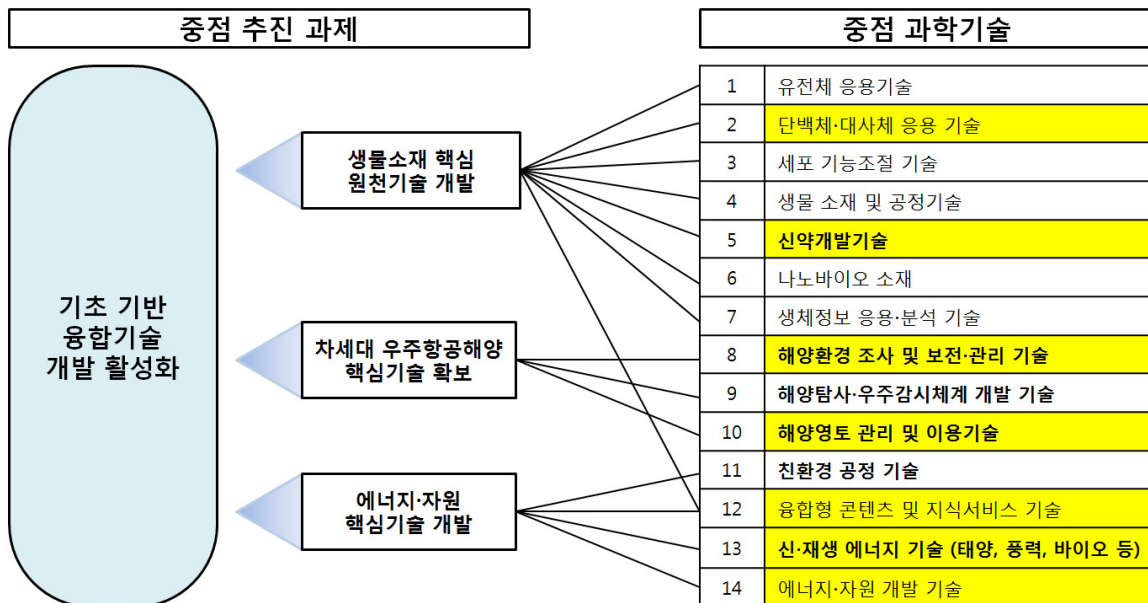
#### 4. 연구개발 투자 주체 : 공공기반연구로서 정부지원의 타당성

□ 공공적 성격이 강한 연구사업

- 본 연구사업은 지구상에서 기능적 다양성이 극히 높은 해양생명체를 대상으로 장기적으로 파급효과가 클 것으로 예상되는 생명현상의 근본 원리와 생명기원·진화에 대한 원리를 규명하는 기초·원천 연구
- 본 연구사업은 민간이 투자하기에는 현재의 시장규모에 비해 투자 규모가 크며 연구개발 결과가 소수에게 돌아가는 것이 아니라 생명공학산업 전반에 영향을 미친다는 점에서 공공적 성격이 강함

□ 상위계획과의 부합성

- 국가 과학기술 개발 상위계획과의 관계에 있어 과학기술예측조사(2005~2030), 미래국가유망기술21, 국가과학기술지도 반영 (그림 2-12)



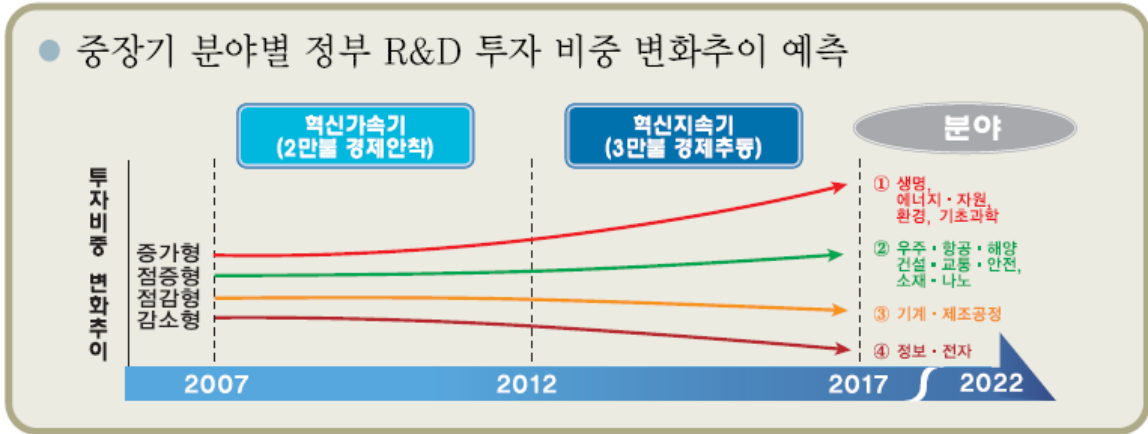
\* 중점육성기술 (노란 바탕) 및 후보기술 (흰 바탕)

[그림 2-12] MB정부 과학기술기본계획의 중점추진과제



□ Total Roadmap과의 연관

- 국가 R&D사업 Total Roadmap에서 생명, 에너지·자원, 환경, 기초과학 분야는 투자비중 증가형, 우주·항공·해양분야는 점증형으로 구분 (그림 2-13)



[그림 2-13] 중장기 분야별 정부 R&D 투자 비중 변화 추이

### 5. 기존 사업과의 차별성 검토

□ 차별성 분석 대상사업

〈표 2-7〉 차별성 분석 대상사업

주관부처	사업명 및 기간	사업내용	R&D 단계	비고
교과부	21세기프론티어 미생물 유전체 활용사업단('03-'12)	· 미생물자원 수집 및 동정 · 선발 미생물 유전체 해독 · 생명공학 제품 개발	응용	연안 갯벌 및 표층 해수 중 미생물 분리
국토부	해양·극한생물 분자유전체 연구단 ('04-'13)	· 해양생물자원 확보 및 관리 · 선별 세균 유전체 해독 · 효소자원 개발	기초	탐사프로그램 외부 의존

□ 해양생태계 기능 이해 및 신 해양생명체 발굴

- 국토부 주관의 '해양·극한 생물 분자유전체연구'는 응용성을 전제로 한 목적 지향적 연구사업으로 특정 기능을 지닌 생물자원 확보에 집중하며, 교과부 주관의 '21세기 프론티어 미생물 유전체 활용연구'는 주로 육상 미생물을 대상으로 하는



연구로 일부 해양미생물에 대한 연구를 수행하고 있으나 **연안에 서식하는 미생물로 한정**

- 반면 본 연구사업에서는 생명기원 및 환경 적응에 주안점을 두고 환경·생태적으로 독특한 기능을 지닌 **대양의 Bio-hotspot<sup>3)</sup>**에 서식하는 생명체의 발굴에 주력

□ 신 해양생명 기능 규명 및 이해

- 기존의 두 연구사업의 경우 **유전체 해독이 완료된 개별 생물체**에 대해 다양한 추가 연구를 통해 기능 규명 및 활용에 접근
- 반면 본 연구사업에서는 개별 생물체보다는 **메타오믹스 (metaomics)** 즉, 특정 환경시료에 존재하는 군집 차원의 기능 규명과 생태학적으로 독특한 기능을 지닌 신 생명체를 대상으로 연구 수행 목표

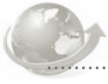
□ 해양 생체물질 진화·적응 이해

- 기존의 두 연구사업이 **유전체 해독이 완료된 개별 생물체**의 단백질·대사체 분석을 통해 호열성, 저온성, 적조생물 제어기능 등의 생명기능 규명과 활용이라는 목표에 접근
- 반면 본 연구사업에서는 특정 생물종이 아니라 다양한 **유전정보** (배양 생물체, 환경유전체 등)로부터 특정 기능을 보이는 광범위한 단백질들<sup>4)</sup>을 대상으로 개별 단백질간의 차이를 분석함으로써 **단백질의 근원적인 형태 및 작용 메커니즘을 이해하는 것이 목표**

□ 본 연구사업은 지구상에서 기능적 다양성이 높은 해양생명체를 대상으로 장기적 과급효과가 큰 생명현상의 근본 원리와 생명기원·진화에 대한 연구로서 기존의 사업들과는 기본 철학, 접근 방법 등에서 근본적인 차이를 보임

3) Bio-hotspot : 열수/냉용수 생태계, 해저 침강 고래 사체 등 다른 지역에 비해 특별히 생물다양성이 높은 생태계

4) 사례: 光감지단백질의 경우 rhodopsin, proteorhodopsin, bacteriorhodopsin 등 다양한 종류가 있으며 같은 종류도 생물체에 따라 유전자 서열 차이 극명



## 6. 정책 제안

### □ 해양 바이오 미래가치 창출을 위한 기초원천 및 활용 연구사업

- 본 연구사업은 기능적 다양성이 극히 높은 해양생명체를 대상으로 전 세계적으로 바이오연구분야의 파급효과가 클 것으로 예상되는 차세대 유전체 연구를 통해 해양생명현상의 근본 원리와 생명기원·진화에 대한 원리를 규명하는 기초·원천 연구 뿐 아니라, 이를 활용한 에너지, 환경, 소재의 활용연구

### □ 융합, 녹색성장 미래형 국가 비전과 부합

- 과학기술예측조사 (2005-2030), 미래국가유망기술21, 국가과학기술지도 반영 및 국가생명과학육성법, bluebio 2016 등 국가 비전과 부합
- 해양, 바이오, 에너지·자원, 환경 등 다분야가 융합된 융합연구분야

### □ 기존 해양생명공학 사업의 연구결과 계승 발전

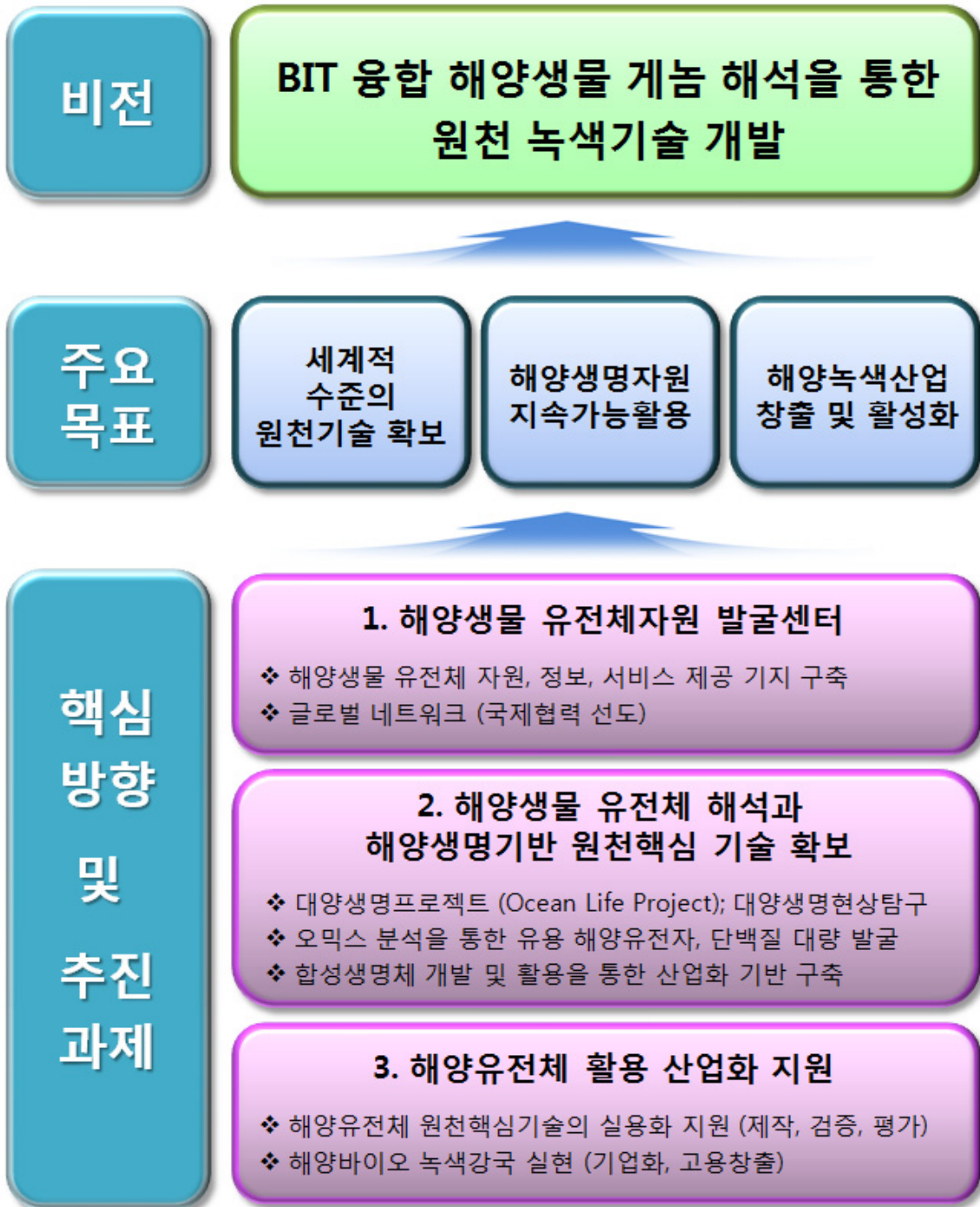
- 국토부 주관의 해양생명공학사업의 일환으로 진행되고 있는 ‘해양·극한 생물 분자유전체연구단’은 해양극한환경 유래 소수 미생물의 유전체 분석 및 극소수 해양동식물의 발현유전체 분석을 바탕으로 활용기술을 개발해오고 있음. 본 기획과제는 차세대 유전체기술을 적용하여 해양모델 생물, 대양유래의 메타지놈 및 다양한 생물유전체 연구를 통해 본격적인 육상과 비교할 수 없는 다양한 해양생물자원에 대한 유전체 연구과제라 할 수 있음
- 본 연구사업에서는 또한 기능유전체 및 활용연구를 통해 ‘해양바이오기술개발 통한 고부가가치 창출’이라는 해양생명공학사업 특히 ‘해양·극한 생물 분자유전체연구단’의 정신을 계승 발전할 것으로 기대됨

### □ 결론적으로 본 연구사업은 지구상에서 기능적 다양성이 높은 해양생명체를 장기적 파급효과가 큰 차세대 유전체 기술을 적용하여 생명현상의 근본 원리와 생명기원·진화에 대한 연구와 기능유전체, 활용연구를 통해 다양한 고부가가치 기초원천, 활용기술개발을 목표로 기존사업과 근본적인 차이가 있고, 미래성장 동력을 확보하기 위해 꼭 필요한 연구개발 분야라고 사료됨



Ⅲ 비전 및 추진전략

1. 비전 및 목표





## 2. 추진전략

### 추진전략 1.

#### 원천에서 실용화까지 연결되는 전주기적 사업 관리

- 원천기술과 활용기술간의 시스템적 연결로 전주기적 연구사업
- 성과목표 객관적·계량화 설정 평가

### 추진전략 2.

#### 융·복합 기술을 이용한 협력형 연구 개발추구

- MT, BT, IT, GT분야 융합기술협력체계 구축·가동
- 산·학·연의 다학제간 협력

### 추진전략 3.

#### 국내외 개방형 연구사업 구성

- 국제협동연구 활성화를 통한 국제리더십 제고
- 프로세스·콘텐츠·인프라 국제적 수준 달성

### 추진전략 4.

#### 원천기술·지식 확보 가능한 연구 사업 지원

- 선진국 추종형 연구가 아닌 개념 창출형 선도 연구 강화
- 통합적 연구를 통해 보편적·근원적 생명현상 원리 규명

## 3. 중점추진분야

### 가. 해양생물 유전체자원 기지

#### 1) 연구정의 및 연구범위

##### 정의

- 해양유전체연구를 위한 전지구적 해양생물, 유전자원 확보·보존·관리, 해양생체 metadata, 차세대 초고속 고효율 유전체 서열분석, 해양생물유전체 정보 효





유효적 관리, 해양생물기능이해 특수연구시설, 상용화 기반제공을 통한 해양생명 유전체 기초원천 연구를 지원하며 이를 통한 상용화 활용 연구 지원

## □ 연구 범위

- 해양생물 차세대 유전체 서열분석 기반 구축
  - 해양모델생물 및 대양환경에서 확보된 생물자원의 초고속, 고효율 차세대 유전체 서열분석을 위한 서열 분석 기반, 대용량 차세대 유전체 데이터를 처리하고 관리하기 위한 시스템 구축 및 **해양 생물 차세대 유전체 데이터 관리 시스템 구축을 포함**
  - 서열분석 기반은 생물탐사로 확보된 1) 고세균, 원핵미생물, 진핵미생물, 동물 및 식물을 포함하는 대양 생명자원, 2) 생명자원유래의 유전자, RNA, 단백질, 생체물질을 포함하는 대양분자생체소재 및 , 3) 효소, 신소재 등 대양생물유래 가공소재를 통합적으로 관리하고 활용하기 위한 기반을 포함함
- 해양생물 차세대 유전체 정보분석 기반 구축
  - 해양의 모델생물 및 대양환경에서 확보된 생물자원의 환경 및 다양성 정보의 효율적인 관리를 통해 새로운 생명현상 규명하고 해양 환경의 감시 및 관리를 수행하기 위한 인프라로서 1) 생명자원, 유전다양성, 생물지리 metadata 포함 통합데이터베이스, 2) 통합데이터베이스 분석기반 및 3) 대양생태계의 시스템생물학 기반을 포함함
  - 해양생물 차세대 유전체 정보 분석 기반으로 차세대 유전체 분석 파이프라인 개발을 위해 **Web 기반 응용시스템 개발, Web 기반 분석툴 개발, 선도 전사체 (de novo Transcriptome) 분석툴 개발, 선도 미생물 유전체 (de novo Microbial Genome) 분석 툴 개발, 메타게놈 (Metagenome Sequencing) 분석 툴을 포함**
  - 해양통합데이터베이스 분석기반은 1) 해양차세대유전체 정보 분석기법 개발, 2) 환경, 지리연계 생명자원 분석기법 개발등 해양유래 생명자원의 차세대 유전체 연구를 위해 통합 분석 기법을 개발하여 연구수행을 지원하기 위한 기반임
- 해양생물 활용기반 구축
  - 해양유전체 정보분석을 통해 신기능 발굴 및 기초원천기술 개발에 필요한 해양특수 연구시설 제공 (Key Facility)





- 해양유전체 연구를 통해 개발된 기초원천기술의 활용을 위한 특허화지원 및 제도지원 개선, 맞춤형 지식재산권 대응방안 수립, 특허관련 인력기반 강화 포함
- 해양생명자원 및 생명현상을 활용하는 벤처·중소기업의 네트워크 활성화 및 해외시장개척 지원
- 해양유전자정보, 단백질 정보분석을 통한 해양유전자, 단백질의 에너지, 환경분야 효용별 리스트 제공
- 해양생물 환경유전체, 유전체, 유전자정보의 *in silico* 분석을 통한 생물별 에너지, 환경분야별 대사능 리스트 제공
- 글로벌 네트워크 구축
  - 해양 생명 유전체 사업을 수행하고 있는 기관과 네트워크 구축하여 정보를 공유, 교환하며 함께 유전체 해석 및 분석에 참여

## 2) 연구 필요성

- 태평양 종단 탐사, 열수구 및 냉용수 생태계, 특이/희귀 생태계 등 대양생태계탐사를 통하여 발굴될 신생명체, 신생명분자생체소재, 생명현상들은 해양생명과학과 바이오산업에서 무한한 가치를 지닌 자원
- 이들 해양생물자원과 유전정보를 효율적으로 관리하고 활용하기 위한 기반구축은 미래과학과 산업 발전을 위해서 필수적임
- 현대 생물학은 개별 분자의 기능을 이해함으로써 생명현상을 규명하는 연구방법에서 탈피하여 생명체 내에 존재하는 모든 분자의 기능과 역할을 통합적으로 분석함으로써 생명현상을 이해하려는 시스템생물학으로 발전
- 최근에는 해양환경내 생물들을 배양하지 않고 그들의 유전체를 직접 조사하는 metagenomics가 BT, IT, 해양과학의 융합분야에서 새롭게 떠오름. 이러한 인간의 유전체 분석이후 염기서열결정 가격과 속도가 놀랍게 발전하고 있음. 이러한 연구를 통해 수많은 미생물의 환경 내에서 interaction을 이해함
- 특히 대양과 같은 거시적환경의 생물을 이해하기 위해서는 물리·화학적 환경요소, 생물다양성, 환경유전체, 환경단백질체, 환경대사체에 관한 정보를 종합적으로 분석함으로써 생태계를 종합적으로 이해하려는 시도인 환경시스템생물학 분야가 태동하고 있음



- 이러한 환경시스템생물학연구는 환경유전체, 해양생명유전체, 환경, 지리 등 기존의 연구 및 관리방식에 의해서 관리할 수 없는 막대한 양의 생명, 정보가 양산되고 있음
- 해양바이오분야에서 세계적인 선도그룹으로 발전하고 바이오산업의 신성장동력을 확보하기 위해서는 미답지인 특수한 해양환경을 탐사하고, 확보된 대양생물 및 모든 연구결과물을 통합관리하고 이로부터 새로운 연구분야를 창출하는 연구가 필요하며 이를 위한 인프라 구축 필요
- 21세기 들어 세계적으로 생물자원 확보 및 특히 경쟁이 치열해지고 있으며, 산업 paradigm이 대량생산에서 신지식기반 지속가능 저탄소 녹색성장으로 변화 중. 미국, 일본, EU등은 해양생명현상 및 기능에 대한 신지식을 바탕으로 대체에너지, 친환경오손처리, 이산화탄소고정 등 에너지, 환경 문제 해결 연구가 진행 중
- NGS 방식의 유전체 해독은 기존의 유전체 해독 방식에 비해 대량의 염기서열을 생성 후, 조합과정을 거치면서 방대한량의 정보를 처리하므로 다양한 차세대 유전체 정보 분석 프로그램을 적용하기 위한 대용량의 컴퓨터 분석 방법이 필요
- 2차 분석 작업을 통한 대량으로 유용 유전자의 예측 및 발굴이 가능해지며 알고리즘의 개발을 통해 더욱 많은 정보의 생산이 가능함에 따라, 더 활발한 NGS기술의 적용이 전 세계의 생물종을 대상으로 진행 되고 있는 양상
- 따라서 2,000만종 이상이 예측되는 다양하고 유용한 해양생물의 차세대 유전체 연구를 통해 연구의 수월성을 추구하고, 부가가치를 창출하고자 차세대 유전체 서열분석과 정보분석, 활용화의 통합적인 연구기반을 제공하기 위한 해양유전체 자원 기지의 구축과 관리가 필수적임
- 현재는 연구 주체가 확보한 유전 정보를 세계적으로 공유하는 것이 일반적이지만 앞으로는 학문적, 경제적 가치가 있는 유전 정보는 공개하지 않는 추세. 따라서 세계적인 유전체 연구기관과 네트워크 형성하여 정보 및 기술을 공유하여야 함

### 3) 목표 및 내용

#### □ 목표

- 해양생물 차세대 유전체 서열분석 기반 구축
- 해양생물 차세대 유전체 정보분석 기반 구축



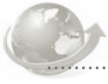
- 해양생물 활용기반 구축
- 국제적인 유전체 연구기관과 유기적인 네트워크 형성

## □ 연구 내용

- 해양생물 차세대 유전체 서열분석 기반 구축
  - 가) 분석대상 생물자원 관리 기반
    - 전지구적 해양유래 동물, 식물, 미생물 생명관리 센터
    - 원핵생물
    - 단세포 진핵생물
    - 동식물
    - 신생명생체분자소재
  - 나) 서열분석 기반
    - 해양 차세대 유전체 분석 기반구축 (genome center)
      - 차세대 NGS sequencing team
      - metagenome sequencing team
    - 차세대 유전체 데이터를 처리하기 위한 시스템 구축
    - 차세대 유전체 데이터 통합관리 시스템 구축
- 해양생물 차세대 유전체 정보분석 기반 구축
  - 가) Web 기반 응용시스템 개발
    - (1) 대용량 차세대 유전체 데이터를 처리하기 위한 시스템 구축
      - 대용량 데이터 전처리 자동화 시스템 개발
      - 선도 게놈 어셈블리 (de novo assembly) 자동화 시스템 구축
      - 메타게놈 및 전사체 어셈블리 자동화 시스템 구축
      - 유전자 아노테이션 (Annotation) 시스템 구축
    - (2) 비교 유전체 및 오믹스 분석 시스템 구축
      - 계통트리 분석 시스템 구축
      - 비교 및 집단 데이터로부터 진화적인 선택압을 계산하는 시스템
  - 나) Web 기반 분석툴 개발: 차세대 유전체 분석 파이프라인 개발
    - (1) 선도 게놈 (de novo Genome) 분석



- 게놈 복잡도를 계산하는 툴 개발
  - 시퀀싱 데이터 분포 및 통계 결과 생성 툴 개발
  - 어셈블 된 게놈 결과 평가 툴 개발
  - 유전자 아노테이션 툴 개발
  - 유전자 예측
  - 반복서열 해석
  - 유전자 기능 해석
  - ncRNA 기능 해석
  - 진화 분석 툴 개발
  - 오쏘로고스 유전자 클러스터링
  - 계통학적 분석
  - 유전체 재배열 분석
- (2) 선도 전사체 (de novo Transcriptome) 분석 툴 개발
- 대용량 전사체 데이터 평가 및 통계 분석
  - 컨티그 어셈블리
  - Scaffold 어셈블리
  - 유니진 구축
  - 유니진 기능 해석
  - 유니진 기능 카테고리(GO) 분류
  - 단백질 코딩 영역(CDS) 예측
  - 대사경로 분석 및 해석
  - 발현량 차이를 보이는 유전자 간 GO 및 대사경로 분석 및 해석
- (3) 선도 미생물 유전체 (de novo Microbial Genome) 분석 툴 개발
- 기초 데이터 필터링
  - 시퀀스 데이터 생산 및 퀄리티 컨트롤
  - 초기 어셈블리 결과 생성
  - 어셈블리 퀄리티 평가 (GC 콘텐츠 및 시퀀싱 depth 분석)
  - Heterogenous 서열 정도 분석
  - 박테리아 초벌 게놈 어셈블리
  - ab initio 유전자 예측



- 상동성 유전자 예측
- 유전자 기능 해석 (COG, KEGG, SwissProt 해석)
- 유전적 다양성 마커 발굴 (레퍼런스 게놈 있는 경우)
- 진화계통학적 분석 (계통수, 선택압 계산)

(4) 메타게놈 (Metagenome Sequencing)

- 데이터 필터링
- 상동성 검색을 통해 종 분류 및 OTU 분석
- 미생물 군집의 개체수 분포 분석
- 미생물 군집에 대한 계통학적 분석
- 클러스터링 분석 방법을 이용한 비교 유전체 분석
- 샘플 그룹간 의미 있는 요소들 스크리닝
- 컨티그 어셈블리 및 기능 해석

다) 해양 생물 유전체 데이터 관리 시스템 구축

(1) Raw data

(2) 1차 분석

(3) 2차 분석

(4) 해양 환경, 지리 metadata 통합데이터베이스 관리구축

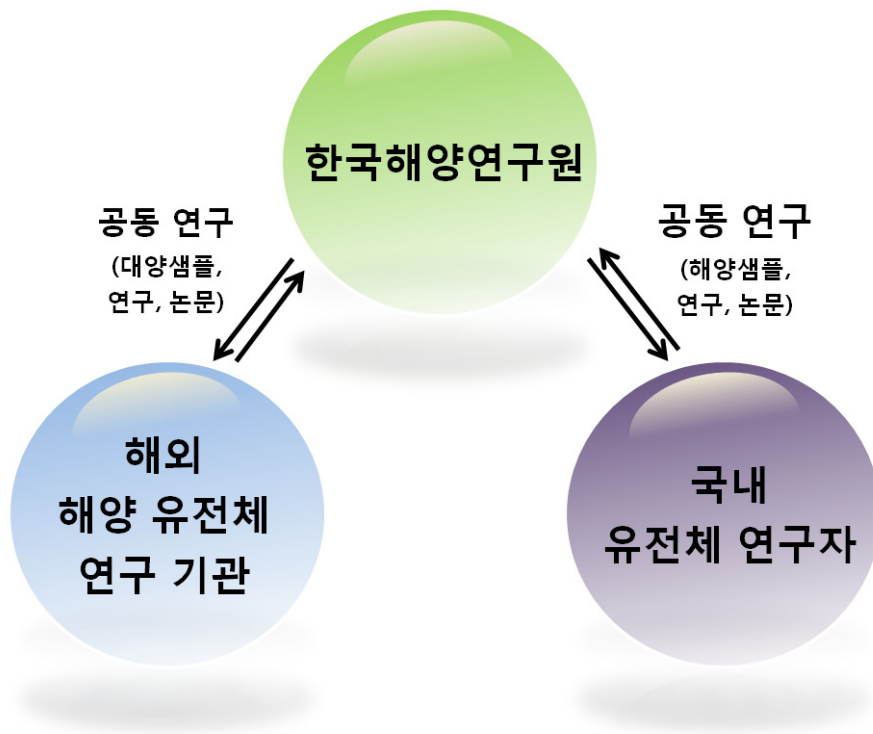
- 유전자, 단백질 및 대사물질 DB
- 16S rDNA 염기서열 DB 구축
- LSU rDNA 염기서열 DB 구축
- COI 염기서열 DB 구축

라) 연구자 네트워크 구축

- 현재 미국과 중국, 일본 등에서 1000 Genome Project나 1000 Plants and Animals Project 등 유전체를 연구하는 다양한 프로젝트가 진행 중
- 유전체 연구가 완료된 해양 동물종이 24종, 진행 중인 것도 30종으로 그 진행의 초기 단계
- 한국이 해양 생물 유전체 연구를 선도하기위해, 다양한 종의 유전체를 연구함과 동시에 다양한 연구 기관, 연구자와 협력하여 샘플 수집 과정부터 해독, 분석, 논문, 산업화 및 활용 방안까지 모든 과정을 시스템화하고, 세계의 연구 기관과 연구자 네트워크를 구축해야 함



- 해양생물 활용기반 구축
  - 해양 특수기능 연구를 위한 Key facility 구축 및 연구기반 제공
    - 사용자 편의성을 극대화한 목적지향적 해양극한 생물 연구 시스템 구축
    - 세계적 수월성 센터 지향
    - 요소간 상관관계 및 활용성 분석 시스템 구축
  - 맞춤형 지식재산권 서비스 기반구축
  - 벤처·중소기업의 네트워크
  - 대양유전자, 대양단백질 효용별 리스트제작
  - 대양생물, 환경유전체, 유전체, 유전자정보의 in silico 대사능 목록 작성
  - 환경 유전자와 연관된 유전자의 발굴 및 기능 목록 작성
  
- 국제적인 유전체 연구기관과 유기적인 네트워크 형성
  - 유전체 정보를 교환 및 공유하고 주요 유전체 연구에 대해서는 컨소시엄형태로 진행 (그림 3-1)
  - 협력 대상 기관
    - Department of Energy-Joint Genome Institute (DOE-JGI, 미국)
    - J. Crag Venter Institute (JCVI, 미국)
    - Beijing Genomics Institute (BGI, 중국)
    - European Marine Biological Resources Centre (EMBRC, EU)
    - Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology (JAMSTEC, 일본)
    - National Center for Biotechnology Information (NCBI, 미국)
    - Wellcome Trust Sanger Institute (영국)

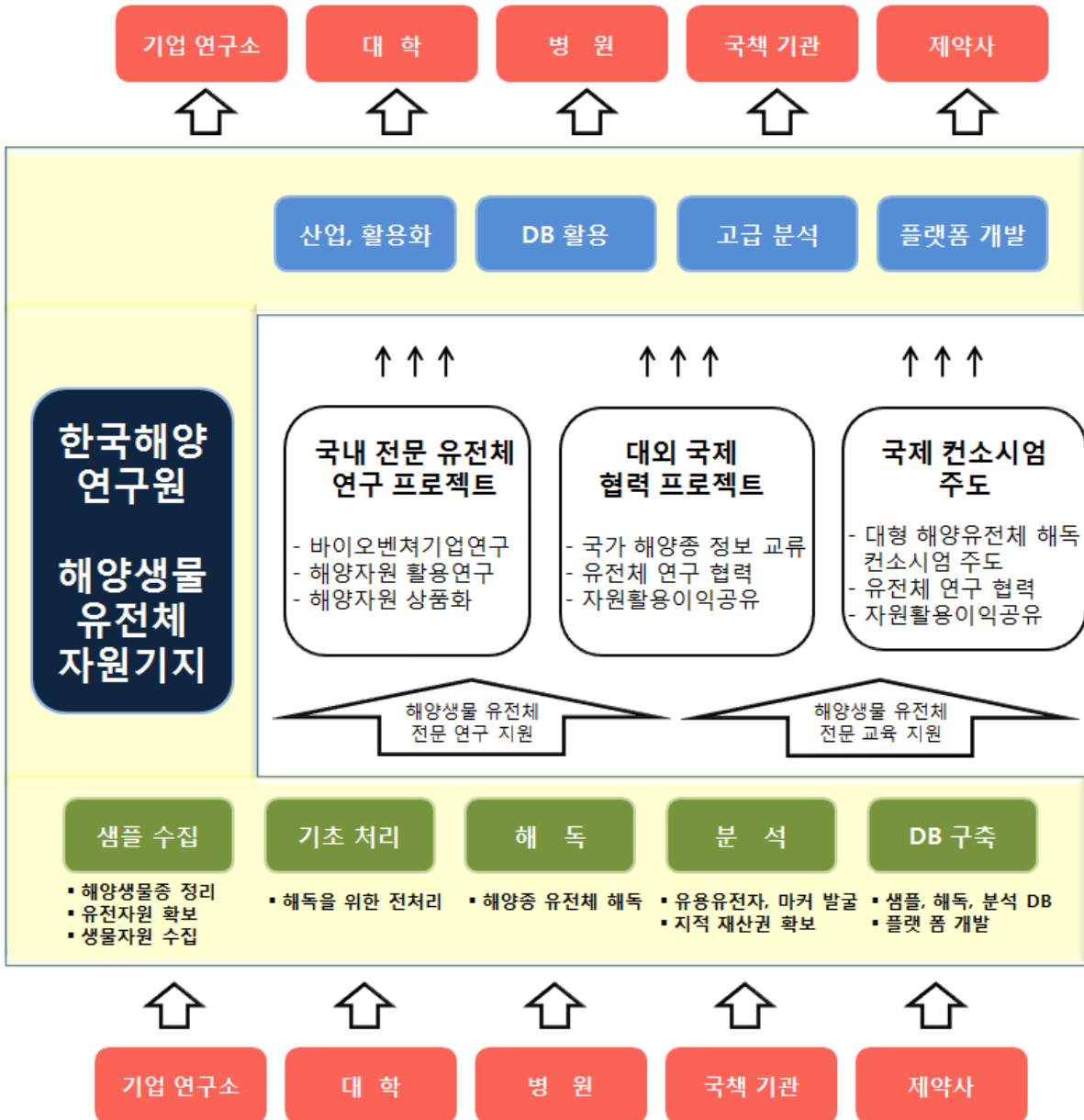


[그림 3-1] 국내외 연구자 네트워크 구축



4) 추진전략 및 체계

□ 연구개발의 추진전략







## □ 연구개발의 추진방법

### ○ 해양생물 유전체 자원기지 역할

- 해양유전자원 은행구축(생체자원, gDNA, 유전정보, 오믹스정보)
- 해양유전자원 유전체 해독 센터 운영
- 해양유전자원 유전체 분석 센터 운영
- 유전체 정보 활용을 위한 소프트웨어 및 시스템 구축
- 해양생물 유전체 연구 및 교육 지원

### ○ 해양유전자원 연구 지원

- 국내외 샘플 수집, 교류 및 지원 활동
- 국내외 해양생물 유전체 해독 지원
- 국내외 해양생물 유전체 분석 지원
- 국내외 해양생물 유전체 기반 연구(교육) 지원

### ○ 해양유전자원의 수집과 연구의 허브 구축

- 유전체 해독기반 구축을 통해 해양생물종의 유전정보집적(생체자원, gDNA, 유전정보, 오믹스정보)
- 해양유전체 정보의 제공과, 제공정보의 활용정보를 재수집하여 유전체, 오믹스 연구결과의 총체적 DB를 구축
- 해독기반과 분석결과, 오믹스 연구결과의 집적을 통한 해양생물 유전체연구의 허브로 자리매김
- 국내외 해외 연구기관의 해양생물 유전정보 연구를 지원(지원 되는 유전자원 및 정보를 활용한 연구결과의 최종 수집)
- 국내외 해외 연구기관 및 국제적 컨소시엄의 해양생물 유전정보 교류를 통한 유전체 연구결과의 제공 및 수집으로 해양연구기반 인프라의 확장

## □ 연구개발 추진체계

### ○ 해양생물 유전체 자원 및 유전정보 허브 구축

: 국내외 해양 유전체 정보 기반구축



- 해양생명연구의 중심이 되기 위한 해양생물종의 수집과 유전체 연구 및 후속 오믹스 연구의 기반을 제공하기 위한 시스템 구축
- 샘플의 수집과 연구결과에 이르는 해양연구의 총체적 기반을 구축함으로써 다양한 해양연구기관(대학, 연구소, 국제 컨소시엄 등)의 유전체 연구를 활성화하기 위한 기반을 확립 하여야 함
- 해양생물 유전체 자원기지는 해양 생물종의 유전자원 확보 및 지원, 해양생물 종 유전체 해독 수행 및 해독 지원, 해양생물종 유전체 분석 작업 수행 및 분석 지원, 해양 생물종 유전정보의 수집 및 DB화를 통한 총체적 해양생물 유전정보의 관리로써 보다 효율적인 해양생물 유전체 연구 시스템 구축
- 국내외 해양연구자 들의 유전체 해독 및 분석, 오믹스 연구 등 총체적 해양생물 유전체 연구 기반을 확충하고 해양생물 유전체 연구를 수행, 연구자 들이 해양 유전자원의 연구를 위한 지원 활동, 국내외 다양한 연구기관들과의 유전체 해독을 수행함으로써 보다 다양한 유전체 연구 결과를 수집
- 이를 통해 국내외 연구자들의 유전체 해독 및 분석을 위한 준비과정 및 자금의 소모를 줄이고 효율적으로 유전체 해독결과를 얻으며, 보다 다양한 유전적 연구를 지원함으로써 전 세계 해양생물 연구를 활성화 하는 중심적 역할 수행 가능

○ 해양생물 유전체 자원기지 시스템 구축 및 운영

가) 해양유전자원 수집

(1) 국내 연안의 해양유전자원 수집

- 국내 연안해의 유전자원을 직접 샘플링, 수집 작업 진행
- 국내외 해양연구자들의 유전자원 기부 및 기탁
- 국제적 유전자원 교환활동을 통한 유전자원의 확보

(2) 전세계 대양 해양유전자원 수집

- 대양의 유전자원을 직접 샘플링, 수집 작업 진행
- 국내외 해양연구자들의 유전자원 기부 및 기탁
- 국제적 유전자원 교환활동을 통한 유전자원의 확보

(3) 특수 환경 해양유전자원 수집

- 해양 특수 환경의 유전자원을 직접 샘플링, 수집 작업 진행



- 국내외 해양연구자들의 유전자원 기부 및 기탁
- 국제적 유전자원 교환활동을 통한 유전자원의 확보

**나) 해양유전자원 유전체 해독**

- 차세대 유전체 해독기술 기반의 대용량 유전체 해독 시스템 구축
- 해양 유전자원 수집 기반을 통한 해양생물 유전체 해독 진행
- 해양유전체의 특성별 유전체 해독의 적용(유전체 복잡도 고려)
- 유전체 해독의 시스템화를 통해 대량의 생물종 해독 파이프라인 구축
- 국내외 해양생물의 유전체 해독 연구 지원 시스템 구축

**다) 해양유전자원 유전체 분석**

**(1) 1차 분석**

- 유전체 해독 완료된 염기서열의 조합 작업을 통한 표준유전체 지도 구축
- 유전체 분석 알고리즘 개발
- 유전체 해독 자동화 파이프라인의 구축

**(2) 2차 분석**

- 표준 유전체/ 유니진 맵 정보를 이용한 유전자 대량발굴 파이프라인 구축
- 표준 유전체/ 유니진 맵 정보를 이용한 유전자의 기능예측 및 유용유전자 선발 파이프라인 구축
- 해양유전자 연구목적에 최적화된 유전체 분석 알고리즘의 개발

**라) 해양유전정보 DB 구축**

**(1) 해양 생물종 유전자원 DB구축**

- 해양 생물종 샘플 수집 결과의 데이터화를 통한
- 해양 생물종 샘플 관리 시스템
- 해양 생물종별 최종 연구정보의 DB화

**(2) 해양 생물 유전체 DB구축**

- 해양 생물종 유전체 해독결과 데이터 DB 구축
- 해양 생물종 유전체 분석결과 데이터 DB 구축
- 해양 생물종별 최종 연구정보의 DB화

**(3) 해양 생물 오믹스 DB구축**

- 연구자들이 샘플 활용, 유전체 해독, 분석 정보의 활용을 통한 3차 분석 내용, 오믹스 연구 결과의 수집 및 데이터화



- 해양 생물종별 최종 연구정보의 DB화

**마) 소프트웨어 및 시스템 구축**

- 다수의 이용자 (대학, 연구소, 기업, 국제적 컨소시엄 일반인 등) 들의 활용이 용이한 web 기반 등의 응용 시스템 구축
- 샘플정보, 유전체 해독정보, 유전체 분석 정보, 연구자들의 3차 분석정보를 통합하여 해양생물유전체 DB 정보 및 외부정보와의 교류 인터페이스 구축

**○ 해양생물 유전체 자원기지 연구지원 활동**

**가) 샘플 지원 활동**

- 샘플 확보 활동을 통해 수집한 유전자원을 해양생물 연구를 목표로 하는 대학, 연구소, 기업 등에 지원
- 샘플을 활용한 유전자원 연구 결과내역의 재 수집을 통한 해양생물종 연구정보의 최종 수집으로써 해양생물종정보의 허브역할 수행

**나) 해양생물 유전체 해독 지원**

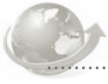
- 차세대 유전체 해독 기반을 구축하여 대용량 해양유전체 해독 프로세스 구축
- 해양생물 유전체의 해독을 지원하여 해양생물 유전체 해독을 통한 연구를 목표로 하는 대학, 연구소, 기업 등에 지원
- 유전체 해독결과의 활용 내역 및 최종연구결과의 재 수집을 통한 해양생물종 연구정보의 최종 수집으로써 해양생물종정보의 허브역할 수행

**다) 해양생물 유전체 분석 지원**

- 차세대 유전체 해독 기반을 구축하여 대용량 해양유전체 해독 프로세스 구축
- 해양생물 유전체의 해독을 지원하여 해양생물 유전체 해독을 통한 연구를 목표로 하는 대학, 연구소, 기업 등에 지원
- 유전체 해독결과의 활용 내역 및 최종연구결과의 재 수집을 통한 해양생물종 연구정보의 최종 수집으로써 해양생물종정보의 허브역할 수행

**라) 해양생물 연구(교육) 지원**

- 극한환경 생물종 및 대양생물종의 샘플링 참여 지원
- 해양 생물 유전체 해독 과정과 해독결과의 활용에 대한 교육 지원
- 유전체 분석 과정과 대용량컴퓨팅 분석의 기초 개념과 유전체 분석연구에 대한 교육 지원



- 유용유전자 정보의 제공을 통한 유전자 발현 및 기능 연구 및 해양생물유래 유전자 마커 개발 등의 연구 지원
- 유전체기반의 오믹스 연구 지원

### 5) 활용 방안

- 해양생물의 차세대 유전체 연구를 통한 기초원천기술개발 및 활용연구를 통해 부가가치 창출을 위한 연구의 수월성을 제고하기 위한 핵심연구센터로서 차세대 서열분석, 유전체 대상생물 관리, 정보분석 기반, 기능분석 key facility 제공 및 상용화 기반분석을 통해 중·장기적 관점의 해양유전체 산업 기초·원천 기술의 기반제공
  - 해양생물의 고속, 고효율 유전체 정보분석 및 기능연구의 인프라구축을 통해 이후 다양한 해양 신생명체의 유전체 연구에 해양유전체 핵심연구센터 기능 제공
  - 기존의 방식으로 연구가 어려운 해양 신생명체 자원의 연구를 조직적이며 국가적인 핵심센터의 해양특수 key facility를 이용하여 해양에서 유래되는 생명소재 및 기능연구를 수행함으로써 기존 산업의 틀을 바꿀 수 있는 신산업 창출을 가능하게 함
  - 본 사업의 성과는 생명현상이해와 환경, 에너지, 인간복지증진을 위한 중요한 정보들을 제공할 것
    - 유전정보의 발굴을 통한 우수 영양성분 생산 해양종 발굴 및 육상식량자원 대체 자원확보
    - 해양생물종에서 생산되는 강력한 항생 항암 작용물질 발굴 및 신약타겟발굴
    - 적조현상 억제, 대기 중 이산화탄소 제거능력 등 해양 항상성 유지 특성 발굴 및 환경소재의 발굴
    - 최근 많은 연구가 이루어지는 바이오 에너지 소재 발굴
    - 기타 기능성 신소재 발굴
  - 새로운 유전자, 유전자 family, 보조 metadata, 분석정보들은 해당분야 과학 수행에 중요한 정보 제공



## 나. Ocean Life Project

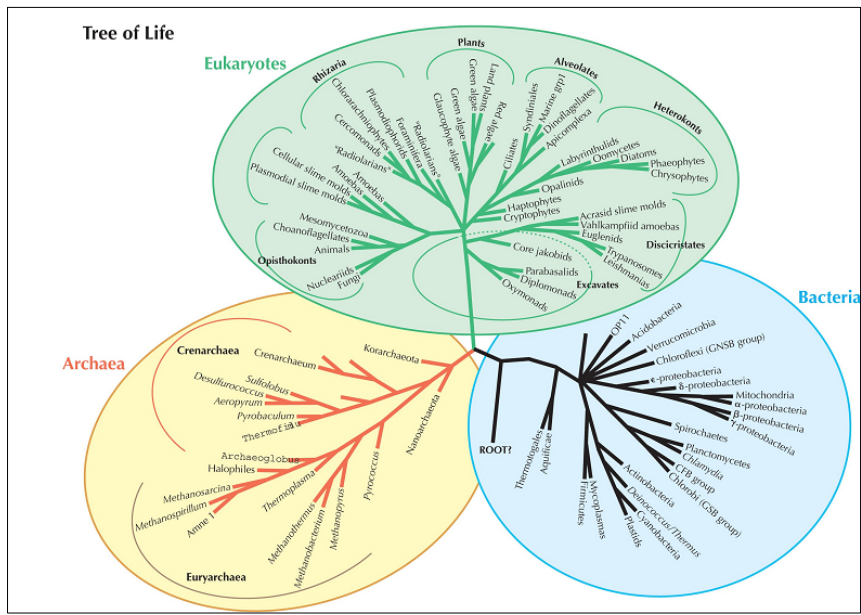
### 1) 연구 정의 및 연구범위

#### □ 정의

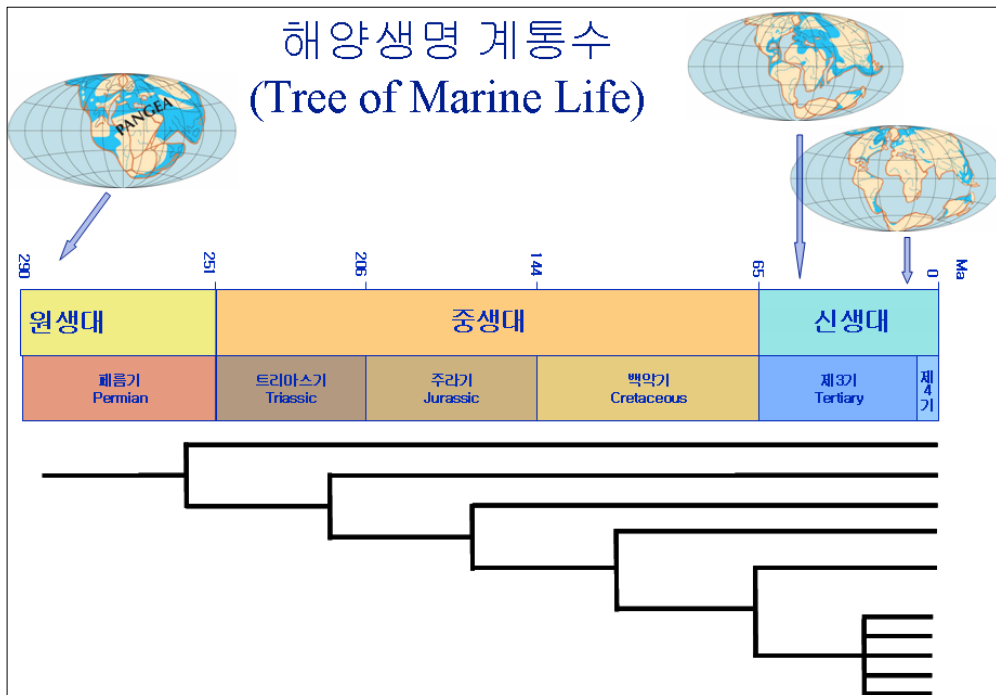
- 본 연구에서는 국내 연안생태계를 포함한 전 지구적 해양 생태계와 심해 등의 Bio-hotspot 생태계의 metagenome 및 해양생명체의 유전체 서열정보 분석을 조사하고 이들의 환경 및 진화유전학적 상관관계, 진화경로 및 유전자흐름, 시·공간적 분포를 규명하고, 최종적으로 한국형 해양생물정보 DB를 개발하고, 고성능 고효율 유전체 확보 및 분석, 신 생명기능 유전자 발굴 기술 등 산업화를 위한 신기능 신물질 개발의 기초원천 지식으로 활용함

#### □ 연구 범위

- 대양의 대표적 생태계와 해양 Bio-hotspot 생태계 등에 서식하는 해양 생물분류군에 대한 생물시료 확보 및 계통분류, 계통진화, 계통지리 정보 분석
- 확보된 해양 생태계와 Bio-hotspot 생태시료의 metagenome 분석
- 계통지리적 연구를 통한 주요 생물종의 시·공간 분포 양상 파악 및 생물종 분포의 1차적 원인이 되는 지구적 차원의 해양환경 요인들을 종합적 규명함
- 산업적 활용에 효율적 연계를 위해, 기초원천 지식구축에 핵심이 되는 주요 해양 생물군을 중심으로 한 종합적 해양생물 DB구축
- 생명기원 및 계통진화 연구는 지구상에 존재하는 생명체들이 자신의 고유한 환경에 적응 진화하며 다양화한 생명나무를 연구하는 일로서, 세계적으로 육상생태계 생물들을 넘어 아직까지 미지의 영역인 해양권으로 점차 확대되는 시대를 맞이하고 있음. 이러한 현실에 대응하여, 대양 생태계, 해양 Bio-hotspot 생태계 등에 서식하는 해양생명체의 다양성을 metagenome 및 분자마커 분석을 통해 조사하고 이들의 진화유전학적 상관관계, 진화경로 및 유전자흐름, 즉 시·공간적 분포를 규명하여 해양 생물들이 장구한 세월 동안 해저지형, 대양순환, 지구물리·화학적 요소들뿐만 아니라, 최근래 현상인 빙하기와 같은 기후변화 등의 영향에 어떤 적응과 반응을 나타냈는지를 포괄적으로 관측할 수 있는 기초기반 기술을 개발하려고 함 (그림 3-2, 3-3)



[그림 3-2] 세 도메인으로 구성된 지구 생명체의 생명나무 (Tree of Life)



[그림 3-3] 해양생명 계통수 (Tree of Marine Life)

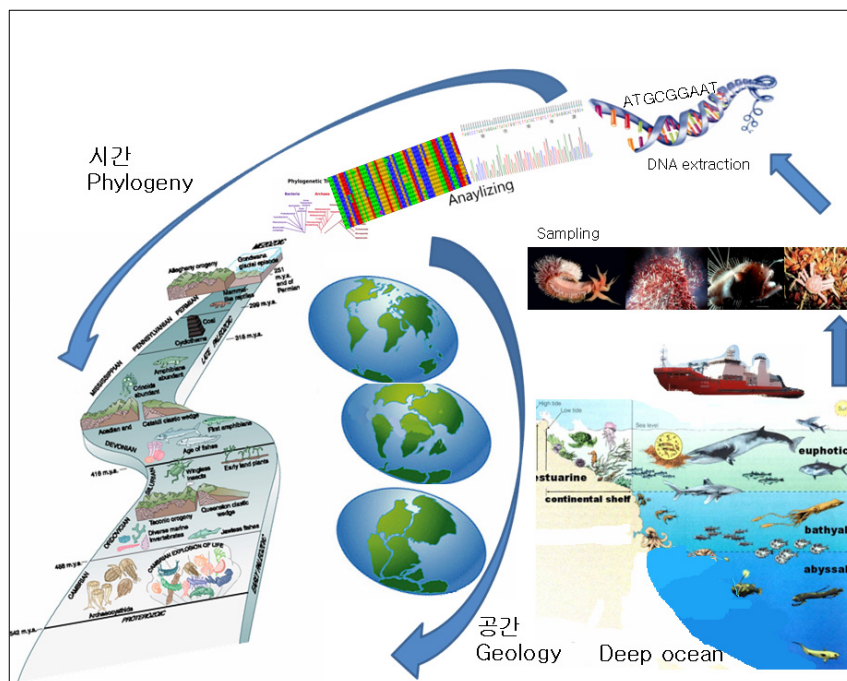
- 이러한 목표 달성을 위해서는 Bio-hotspot 및 대양, 해저에 분포하는 생물시료 채집기술, 생물시료 장기보존, 계통분류군 동정 및 진화 역사를 파악해내는 분자계통분석이 이 과제의 핵심 기술이며 이는 국가 R&D 범주에선 기초원천기





술에 해당. 이러한 기초원천기술을 비롯하여 본 과제의 최종 결과물들인 생물 정보, 해양환경정보, 유전자서열정보들을 종합하여 산업화의 기반이 될 수 있게 해주는 해양생물정보 DB 개발과 그 핵심 기술인 생물정보학의 적용 및 응용 제반 연구 포함

- 지금까지 170만여 종의 생물이 기록되었지만 해양 환경에 지구상에 존재하는 생물의 약 80%가 존재하고 있을 것으로 추정되며 이들 중 약 1%만이 이용되고 있어서 해양생명자원은 엄청난 잠재적 가치를 지닌 자원의 보고로서, 대양 생물탐사를 통해 발견한 신 생명체와 다양한 해양생물 분류군들의 체계적 조사가 해양바이오 발전을 위한 1차적인 선결 과제가 됨
- 해양생물은 진화과정을 통해 바다라는 고유의 서식지에 적응된 다양한 형태와 생명현상 기능을 갖는 수많은 생물들을 포함하고 있음. 이러한 서식지 적응과 함께 해저 지형과 해류의 영향을 받으며 격리와 이동의 정도가 다양화되며, 지역에 따라 다른 분포를 나타내기 때문에 대양 간 그리고 동일 대양 안에서도 유전적으로 다양한 분포를 가질 수 있으므로 지역에 따라 유전적 구성 및 정보에 상당한 차이가 나타날 수 있음 (그림 3-4)



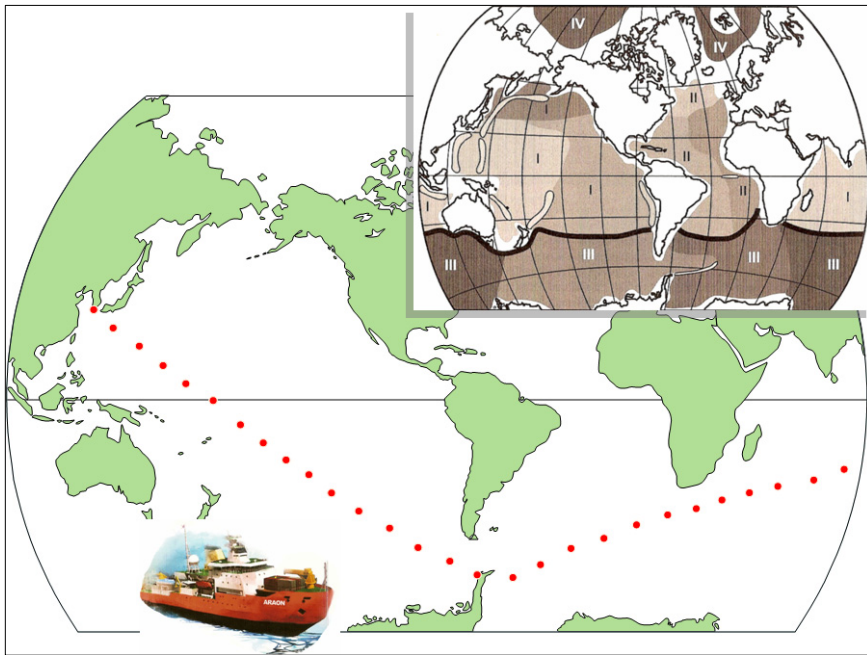
[그림 3-4] 대양 해양생물의 유전자 정보 활용 계통지리와 계통진화 연구의 시·공간 개념도



- 지구 온난화 및 해양 산성화는 기후 변화와 같은 전 지구적 환경 변화와 밀접히 연관되어 있으며, 해양 생태계의 반응은 이러한 지구환경의 변화를 피드백함으로써 미래 기후 환경에 영향을 미칠 것으로 판단됨. 따라서, metagenome 및 metatranscriptome 연구를 통해 군집 수준에서 해양 생태계의 변동을 예측하는 기술을 개발 하고자 함

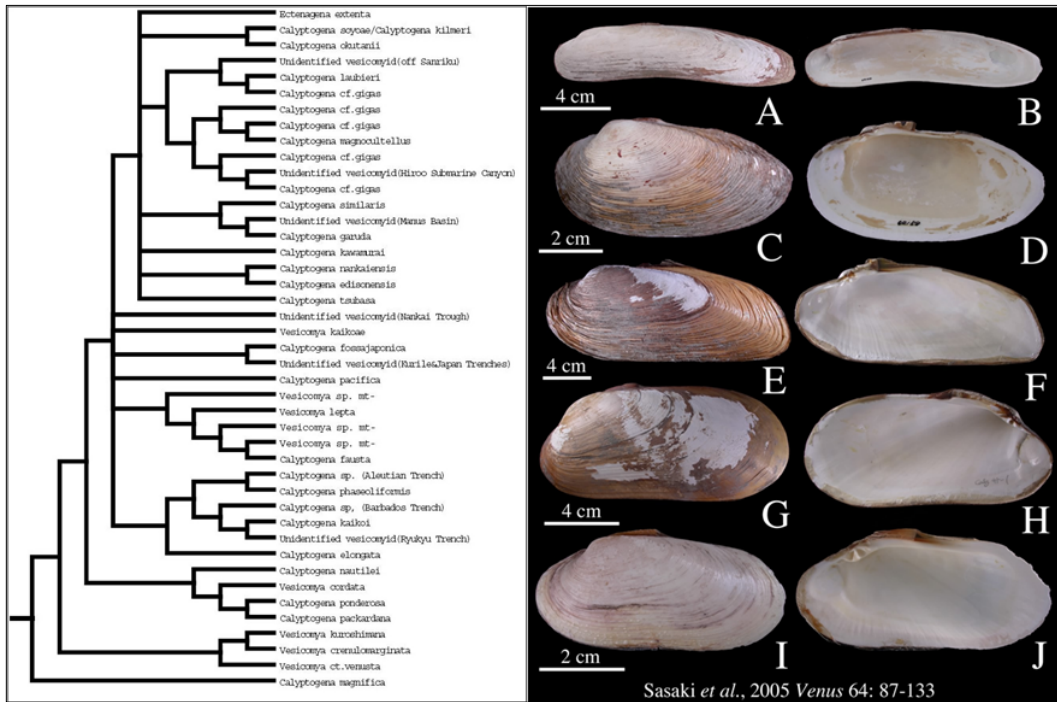
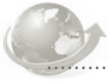
## 2) 연구 필요성

- 21세기 들어 세계적으로 생물자원 확보 및 특히 경쟁이 치열해지고 있어, 미지의 생물자원에 대한 확보와 유전정보확보에 대한 경쟁이 치열
- 특히 최근 들어 GS 454-FLX 시스템, 일루미나사의 솔렉사 Genome Analyzer 해독기, Life Technology사에서 SOLiD 시스템 등 차세대 유전체 NGS기술의 도입에 의해 metagenome 등 환경유전정보의 분석이 수월해짐
- 해양은 지구상에서 최초의 생명체가 발생한 곳으로 위도와 경도, 깊이에 따라 매우 다양하고 이질적인 환경 특성을 보유하기 때문에 지구상 대부분의 생물 분류군이 서식하는 거대 생태계임. 해양에만 서식하는 분류군이 많고, 원시 생물 분류군 대다수가 해양에 분포하므로 해양생물의 진화유전적 계통을 분석하는 것은 보다 폭넓은 생물진화 연구를 위한 필수적이고도 근본적인 기초연구 분야임 (그림 3-5)



[그림 3-5] 계통지리적 가설로서 비노그라도바 박사의 심해저 동물상지리 구획의 존재와 구획별 경계에 대한 검증 가능. 지도의 빨간 점은 대양조사 선을 이용하여 태평양과 인도양 중횡하는 항해를 통해 표본 조사가 이루어지는 가상의 지점. 각 지점으로부터는 표층수, 중층수, 퇴적토에 서식하는 생물들의 체계적 채집을 통해 입체적인 해양생물들의 분포 패턴 파악과 생명자원 확보. 오른쪽 지도의 구역 I: 인도-태평양권; II: 대서양권; III: 남극권; IV: 북극권; 같은 권역 내에서도 색상의 진하기 차이는 동물상이 구별되는 영역표현

- 지표의 71%를 차지하는 바다를 3차원 공간으로 볼 때는 그 범위가 더욱 확대되어, 지구상에 존재하는 생물서식지의 99%를 차지함. 그러므로 가장 큰 종 다양성이 존재하는 서식지이며, 동물의 경우 상위 분류군인 문(극피, 성구, 악구, 구류, 중생, 의충, 유즐동물) 수준에서 바다에만 서식하는 생물들이 존재함. 해양생태계 중 조사되지 않은 영역이 조사 영역보다 훨씬 넓으며 환경의 다양성 및 특수성이 매우 높다는 점을 감안할 때 지금까지 알려지지 않은 기능을 지닌 새로운 상위분류군의 생명체가 발견될 가능성이 매우 높음
- 전 지구적 해양환경의 해양생물 계통진화 분석을 통해 생물 분류군 사이의 유연관계를 파악할 수 있고 진화의 과정을 이해하는 발판으로 삼을 수 있음 (그림 3-6)



[그림 3-6] 미토콘드리아 DNA의 COI 염기서열에 기초한 분자계통해석을 통해 명확해진 Vesicomysid류 심해 조개의 계통관계

- 새롭게 발굴된 해양생물체들은 차세대 유전체적 분석과 최신 IT 기술을 활용하여 누구나 접속하여 지식정보를 얻을 수 있는 해양생물유전체 DB로 전환될 필요가 있음. 그리고 이러한 DB는 기존의 국제적 콘소시엄을 통해 구축되어가고 있는 전 세계 생물종과 지리정보 DB에 연계될 필요가 있음. 이러한 BT-IT 융합 연구를 통해 전세계 해양생물정보 DB 구축의 일원으로 한국이 당당히 참여하고, 이를 통해 21세기 해양과학분야에서 한국의 위상을 한층 더 높일 수 있음
- 새로운 생태 기능과 생명 기능에 대한 기초-원천지식의 확보
  - 국내 BT 분야의 눈부신 발전에 비해, 새로운 생명의 기능에 대한 기초·원천 지식 획득은 매우 부족함
  - 해양에서 발견된 새로운 기능인 빛을 이용하는 다양한 단백질 (예, 프로테오로돕신), 혐기성 메탄 산화, 아케아의 암모니아 산화 기작 등은 새로운 연구 영역을 개척함으로써 관련 연구의 폭발적 성장을 가져오는 계기가 됨
- 해양환경은 새로운 생태 기능 및 생명 기능의 보고임
  - 육상환경과 매우 다른 해양환경은 미지의 생명 기능에 대한 기초·원천 지식 확보가 가능한 최적의 연구 소재임



- 일례로 미생물의 경우 해양환경에서의 미생물 배양도가 가장 낮으며, 호소 생태계에 비해 10배, 지하수 환경에 비해 100배 낮은 배양성을 나타냄
- 해양 원핵생물중 대다수를 차지하는 SAR11, SAR86, SAR116, SAR202, OM43, SAR92, OM60, 미세 광합성 원핵조류, 해양 Crenarchaeota 그룹1은 아직 배양되어 있지 않거나 배양이 되더라도 아주 일부만이 배양되었으며 대다수는 평판배지 위에 균락을 형성하지 않음
- 극소수의 생물이 해양에서 배양에 성공하였지만, 소수 배양된 해양 우점 미생물의 유전자 분석은 새로운 광감지 단백질인 프로테오로돕신, 크산토로돕신, 무산소발생 광생산 유전자, 일산화탄소 산화효소, 아케아 암모니아 산화효소, 혐기성 메탄산화 유전자 등 새로운 생태기능 담지 유전자의 발굴 결과를 낳았음
- 그러므로 대량으로 배양된 다양한 해양생물에 대한 유전체의 분석은 신 생태기능, 신 생명기작에 대한 탐구의 가능성을 높일 수 있음
- 일부 Bio-hotspot에 대한 탐구는 전 세계적으로도 극히 미비한 상태임
  - 대부분 새로운 생태기능 담지 생물은 해양의 표층에서 배양되었으며 중층대, 심해저, 해저열수공에서 빈영양 해양우점 생물의 배양은 극히 저조하며, 전 세계적으로 해양 생물에 대한 탐사는 연안, 표층에 국한됨
  - 해양 환경에서 중층대, 심해저, 해저열수공등과 같은 Bio-hotspot에 서식하는 해양생명자원에 대한 기능 연구는 전 세계적으로 극히 저조함
  - 화학합성을 통한 신규 에너지 전환 원천기술 확보, 중층대의 황이용과 연관된 유전자 기능 탐색을 위해서는 거대과학인 대양연구와 심해저탐사 연구가 필수
- 유전체 정보에 기초한 역 생지화학적 과정의 완성을 통한 신기능 탐구 필요
  - 유전체 정보를 이용한 역 생지화학적 과정 (Reverse Biogeochemical cycle)의 완성을 위하여 여러 가지 생리적, 생태적 특징을 종합하는 기존의 연구방식에서 탈피하여, 유전체 정보를 기반으로 생태적 정보를 완성하는 연구가 필요함
  - 광감지, 물질 전환, 지각형성, 기체형성, 무기물 이용 등 해양생태계의 주요 기능은 산업적으로 환경적으로 이용할 수 있는 유전자 군으로 구성
  - 지구생태계의 물질순환과 에너지 흐름, 기체와 수층과의 상호작용에 대한 신기능 개체생물의 유전자 기능에 대한 원천소재 및 원천정보 확보 필요
  - 미지의 신 생명기능 발굴을 위해서는 특히 생명현상을 보이는 신 해양생명자원에 대한 생태적 연구, 물질·에너지 대사 연구, 생체 고분자 연구와 같이 생명현상의 거시체계와 미시체계에 대한 동시적·협력적 연구 수행이 요구됨





### 3) 목표 및 연구 내용

#### □ 목표

- 서태평양 대양생태계의 해양 및 심해 Bio-hotspot 생물 탐사와 채취 기술을 활용한 시료확보, 동정 및 장기보존
- 전지구적 해양 생태계와 Bio-hotspot 생태계의 metagenome 및 metatranscriptome 분석 및 유전체 분석을 통한 신 해양생명자원의 생태적 기능 및 특이 생명기능 발굴
  - 배양된 개체생물에서 고효율, 저비용 유전체 확보기술 개발
  - 태평양 및 바이오 핫스팟에서 배양된 생물의 유전체 대용량 확보
  - 유전체 고성능 분석을 통한 신 생태기능, 신 생명기능 담지 유전자 발굴
- 해양유전체분석을 통해 Bio-hotspot 생태계 등에 서식하는 해양생물체의 진화 유전학적 상관관계, 진화경로 및 유전자흐름, 즉 시·공간적 분포를 규명하여, 해양생물의 적응과 진화에 영향을 주는 해저지형, 대양순환, 지구물리·화학적 요소와 기후변화의 영향을 생물정보체계와 연동하는 기술 개발
- mesocosm을 통한 metagenome 및 metatranscriptome 연구를 수행함으로써 지구 온난화 및 해양 산성화와 같은 미래 해양 환경의 변화에 따른 생태계 기능의 변화를 예측

#### □ 연구 내용

- 해양 생물 다양성 inventory 구축
  - Pyrosequencing 등 대용량 염기서열 분석장치를 이용한 해수, 퇴적층, 생물체 공생미생물의 다양성 정보 구축
  - 저인망, 그랩 샘플러 등을 이용해 채취된 저서동물의 형태학적, 유전학적 다양성 정보 구축
  - 미세조류 등의 단세포 진핵생물을 포함한 플랑크톤 다양성 정보 구축
- 대양 및 Bio-hotspot환경 metagenome 확보
  - Pyrosequencing 등 대용량 염기서열 분석장치를 이용한 metagenome 정보 확보
  - 확보한 metagenome의 정보 및 유전자 library 관리
- 핵심 생태기능 보유 신규 원핵 미생물 및 바이러스의 대량 배양

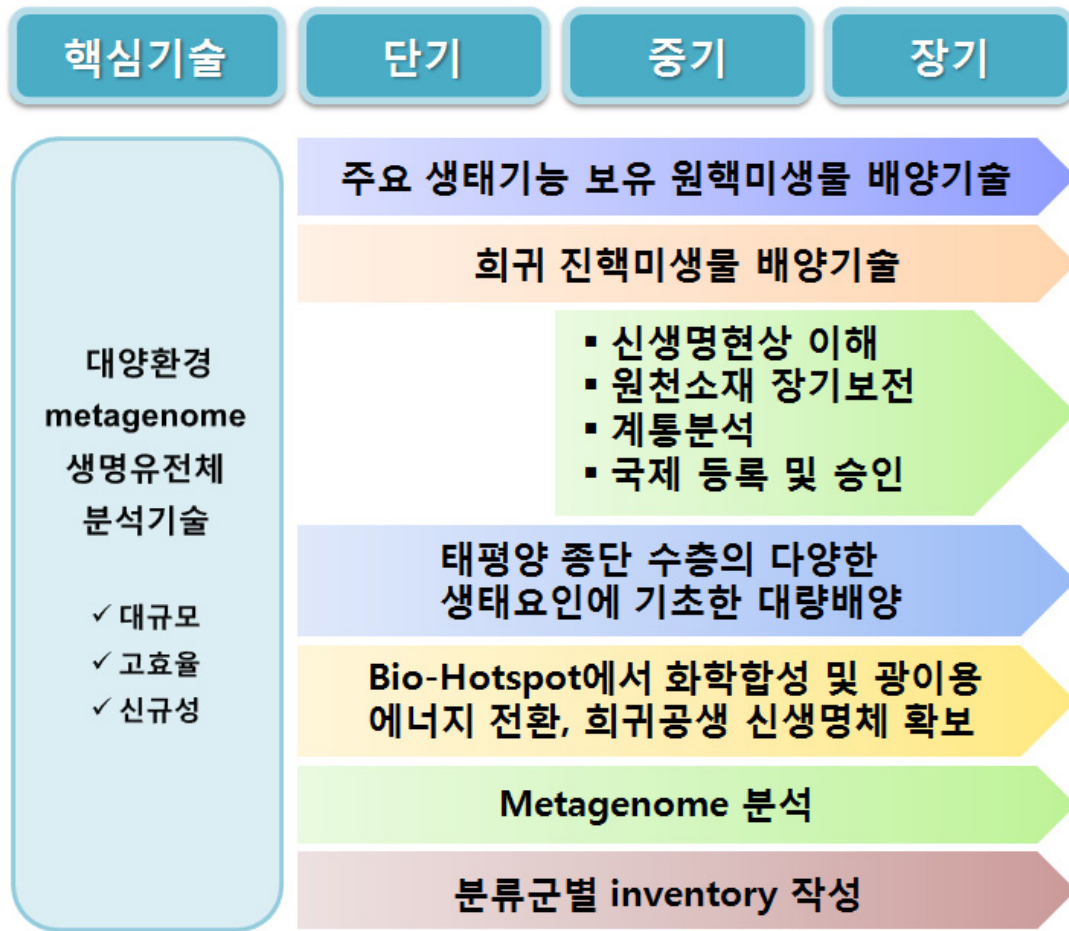


- 각 해양환경에 특이적인 배양 시스템 구축
  - 표층, 중층, 저층의 환경특징에 따른 특이적 배양시스템 개발
  - 광이용, 식물플랑크톤 유래 유기물 분해, 대기와의 상호작용, 빈영양 독립영양성, 미세호기성, 혐기성, 영양염 재순환, 다양한 화학합성 및 공생체의 특징을 고려한 대량배양기법 개발
- 신규 원핵생물 감염 바이러스의 배양
  - 배양된 주요 신미생물 생명체에 감염하는 바이러스의 배양법 확립
  - 콜로니 무형성 미생물 및 콜로니 형성 미생물에 특이적 감염 바이러스 배양
- 신생태기능 신규 원핵미생물 및 바이러스의 분자계통학적 분석
  - 미생물 바코드 (16S rRNA)를 이용한 계통학적 분석 및 다상분류
  - 신규 미생물의 등록 및 공인
- 희귀 진핵미생물 (균류, 미세조류, 원생동물)의 대량 배양
  - 해양환경 및 분류군에 따른 특이적인 배양 시스템 개발
    - 표층, 중층, 저층에 특징에 맞는 특이적 배양시스템 구축
    - 효모, 곰팡이, 미세조류, 원생동물 배양 시스템 구축
  - 핵산 바코드 개발, 계통학적 분석, 다상분류
- 해양생명 다양성 정보 DB 구축 및 계통진화 연구
  - 분류군별 분자마커 점검 및 개발
    - 독립된 유전자 3개 좌위 (18S rRNA, 28S rRNA, 미코콘드리아 COI 유전자; 미생물은 16S rRNA 유전자) DNA의 염기서열정보 축적 및 계통수 작성
    - 유전자 정보 분석 위해 증폭한 3개 좌위 선정 및 PCR 프라이머 디자인
  - 생태계별 분류군별 다양성 염기서열정보 분석 및 DB 구축
  - 유연관계 분석을 통해 진화적 기원 규명 및 다양한 가설 검증
  - 계통진화 및 계통지리정보 구축을 통한 생물-해양 상호작용 해석





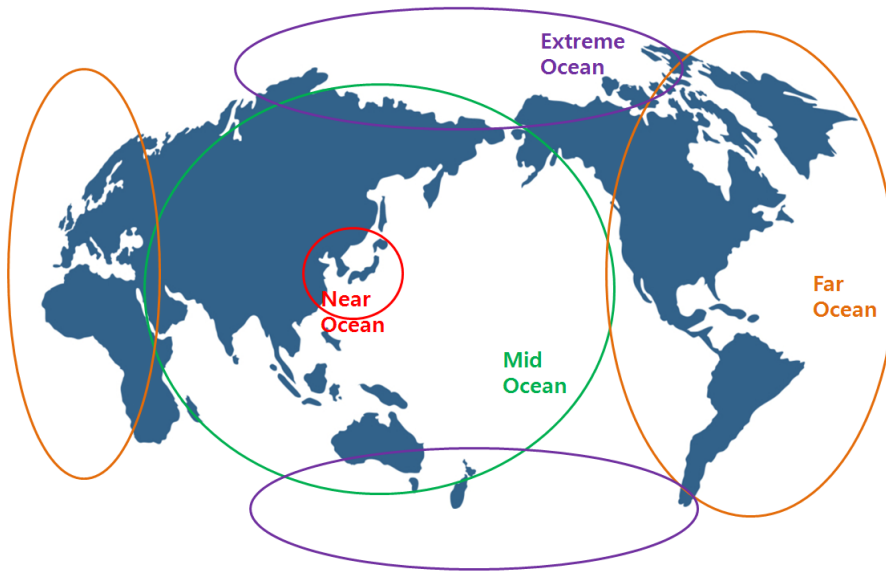
□ 기술개발 로드맵



4) 추진전략 및 체계

□ 연구개발의 추진전략

- 전 세계에서 산업용으로 적용가능한 생물체들을 체계적으로 탐색하고 있음에도 불구하고 지역적인 특성에 따른 다양한 해양 생물체가 존재하고 세계적인 지역적인 다양성은 매우 광범위함으로 국내 연해를 중심으로 한 1)Near Ocean 지역, 환태평양 및 인도양을 포함한 2)Mid Ocean 지역과 대서양 지역의 3)Far Ocean 지역과 열수 및 deep sea의 4)Extreme Ocean 지역으로 나누어 각 지역에 특성에 맞는 연구 추진체계 및 방법을 세움 (그림 3-7)



[그림 3-7] 4개의 지역으로 나누어 체계적이고 각 지역의 특성에 맞는 중점 연구분야 선정 및 탐색

- 해양유전체 자원발굴 센터사업과 연계하여 채집되는 생물종의 다양성에 대한 정보뱅크 구축
- 생태계 탐사 및 생물 인벤토리 구축사업과 연계하여 대규모, 고효율, 신규성, 생태적합성을 핵심으로 신기능 생명체의 대량배양 추진
- 생태계 탐사를 통해 확보된 환경시료의 metagenome 분석
- 미래 해양 환경의 모사를 통한 metagenome 및 metatranscriptome의 변화 분석
- 핵심 분류군 (미생물·조류·무척추동물·어류)별 유전자 염기서열정보 축적 및 계통수 작성
  - 생물시료 확보, 동정, 분류군별 분자마커 점검
  - metagenome 및 유전자 서열정보 확보, 분자계통수 작성, 유전자흐름과 계통지리 조사
  - 해양생물정보 종합 DB 완료
- 해저 지형에 따른 생물종의 지리적 분포 현황 파악 및 유전자흐름 분석
- 대양의 지구물리·화학적 환경이 생물의 분포와 유전적 차이에 미치는 영향분석을 통해 해양생물 진화역사에 관련되어 제기되는 가설 규명
- 생물탐사프로그램 및 인력 국내외 네트워크 구축 : 해양생물의 정확한 동정과 분류는 모든 연구의 가장 기초를 차지하며 학문적 중요성이 매우 높음. 그러므



로 국내 분류학자들의 연구인력을 최대한 활용하여 새롭게 발견되는 신생명체에 대한 전문가적인 동정과 분류 연구를 기원과 진화 분석에 앞서서 선행하거나 또는 병행하며, 어느 특정 분류군 전문가가 국내에 없을 경우에는 해외 전문가들과의 공동연구 진행

### □ 연구개발의 추진방법

- metagenome을 위한 환경시료는 대양 Bio-hotspot, methane 함유 sediment, 심해열수구 등 경제적, 환경적 가치를 고려 결정
- 독립된 유전자 3개 좌위(18S rRNA, 28S rRNA, 미코콘드리아 COI 유전자; 미생물은 16S rRNA 유전자) DNA에 대한 염기서열정보 축적 및 계통수 작성
  - 유전자 정보 분석 위해 증폭한 3개 좌위 선정 및 PCR 프라이머 합성
  - 염기서열정보 데이터베이스 구축과 표준화
- 생물종 간의 유전적 유연관계 및 개체군 구조분석
  - 각 분류군별 (미생물, 조류, 자포동물, 연체동물, 환형동물, 절지동물, 어류) 염기서열정보를 이용하여 계통수 작성
  - 유연관계 분석을 통해 진화적 기원 규명 및 다양한 가설 검증 (예를 들어 심해저 생물들의 기원을 해저 깊이에 따른 순서나 화학적 환경 조성에 따른 순서, 대륙의 갈라짐과 새로운 대양의 생성이 미치는 영향 등에 관련하여 상호관계를 파악함)
- 해저 지형과 지구물리화학 환경이 생물종의 지리적 분포와 유전정보 흐름에 미치는 영향 조사
  - 태평양 여러 지역에 서식하고 있는 생물군의 유전적 정보 획득
  - 지역별 유전자풀 (gene pool)의 차이 분석 및 유전정보 흐름 연구
  - 유전자 흐름에 영향을 주는 해저 물리화학적 요인들의 존재들을 예측 (해류나 지구온난화에 따른 영향 등)
- 예측된 미래 환경을 모사한 mesocosm 실험을 통해 유전체의 발현을 조사함으로써 생태계 기능 및 구조의 변화를 평가

### □ 연구개발 추진체계

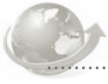
- 해양유전체 발굴센터와 유기적 협조 체제 구축



- 해양생물다양성 연구팀, 생물 연구팀과 긴밀한 협조 체계를 구축하여 대양 생물시료 확보 및 DB 화 작업을 공동으로 진행하여 한번의 해양 탐사와 시료 채취에서 최대의 효율과 시너지 효과를 얻을 수 있는 협력 방안을 마련함
- 과제 초기 향해 계획수립 단계에서 전체 사업단 안에서 탐사와 시료채취에 대한 최대의 효과를 얻을 수 있는 전략을 도출하여 5개년 1, 2 단계별 계획을 준비함
- 생물다양성에 따른 분류전문가와의 협력체계 또한 별도로 준비하여, 대양 조사에서 확보한 시료의 형태동정과 계통정보 확보에 최대한 각 분야 전문가 협력이 유기적으로 이루어지도록 함
- 이를 위해서 국내외 분류전문가 그룹의 네트워크 형성을 사전에 계획 해 둘 필요가 있음
- 사업 초기부터 미래 통합적 DB 구축을 위한 IT 전문가와의 공동 작업이 선행 될 필요가 있음
- 해외에서 핫 이슈가 되고 있는 생물분류군들에 대한 문헌조사를 통해 Bio-hotspot 목표 지점과 목표 생물군 선정에 활용함
- Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) 자료 및 연관된 최근 연구를 조사함으로써 미래 해양 환경 시나리오를 구축하고 이를 모사하는 실험 조건을 수립하여 조사함

### 5) 활용방안

- Bio-hotspot을 정점으로 하는 해양생물 전반에 대한 체계적인 발굴과 유전자 조사를 통한 신생명체의 기원과 계통지리를 규명하는 종합 연구 프로젝트
- 해양생물 유전자 염기서열 관련 데이터베이스 축적 및 서열비교를 통한 계통진화와 계통지리 분석을 통해 대양에서 시·공간 그리고 지구물리적 상관성 연구를 통해 해양생명과학 영역에서의 학제간 공동연구 경험과 기술 확보 및 국내 연구 인력의 장기적인 양성에 도움
- 해양바이오산업 및 해양생명과학에 직접적으로 요구되는 생물자원을 확보하고 공급하는 일은 산업화 성공 및 관련 학문 발전을 위한 초석이 되며, 계통분류학적 기초 연구와 해양생물들의 지리적 분포의 규명이 병행되는 본 연구는 해양생



명공학 발전에 크게 기여할 수 있고, 대양의 해양생물연구 분야에서 우리나라의 역량을 증대할 수 있는 결정적 계기가 될 것임

- 해양생명자원의 실질적 활용을 극대화하기 위해서는 각 영역에서 축적된 해양생명자원의 다층적인 데이터베이스를 통합하여 시너지 효과를 창출해야하며 생명자원의 실물 및 생명정보에 관한 정보를 통합하여 공유할 수 있는 정보 네트워크 구축이 필요한데, 본 연구 및 연계된 타 세부과제들은 모두 긴밀한 연계 시스템을 통하여 이러한 목표를 충족시킴
- 국가 미래발전전략의 핵심요소인 생명자원 확보 및 활용 강화에 이바지 하며, 2010년은 UNESCO가 정한 세계 '생물다양성의 해'로서 이에 걸맞는 한국의 위상을 높일 수 있고, 자라나는 세대에 진취적이고 도전적인 정신을 함양할 수 있음
- 해양 Bio-hotspot 지역은 매우 독특하며 극한 환경을 보유하고 있으므로, 이러한 지역에 특이적인 적응을 하고 살아가는 다양한 생물들을 확보함으로써 본 연구의 타 중과제 사업을 통해 진행되는 신생명기능 규명 및 오믹스 기반 거대규모 연구 사업의 기초원천지식을 제공하여 학제간 연구의 시너지 효과를 증대할 수 있음
- 대양 서식 생물들의 종 다양성 연구를 통해 생물자원을 확보할 수 있고 이를 통해 산업화의 원천이 되는 유용 생물소재 연구를 진흥시킬 수 있음
- 메타유전체학의 한계를 극복하는 개체생명체의 기능연구에 활용
- 새롭게 발굴된 에너지 대사체계를 대체에너지 개발에 활용
- 확보된 유전정보를 합성 생물 개발에 활용
- 메타유전체 분석을 통한 해양 생태계 구조 및 기능의 변동 예측 기술 개발

## 다. 해양·극한 생명정보 기반 산업 원천소재 생산기술 개발

### 1) 정의 및 연구범위

#### □ 정의

- 유전정보의 원활한 산업적 활용이라는 목적을 달성하기 위하여 해양유전체 연구에서 얻은 정보를 바탕으로 최소기능을 지닌 생명체를 창출하고
- 생명 탄생과 생명체 진화의 모태가 되었던 해양을 배경으로 살아가는 다양한 해양생명체들의 해양유전체, 기능유전체, 단백질체, 대사체 등의 오믹스 연구



- 에서 얻은 정보를 바탕으로 산업용 효소 및 생리활성 물질 설계 기술을 확보
- 이를 최소기능을 지닌 합성생명체에서 대량으로 발현시키는 기술의 개발

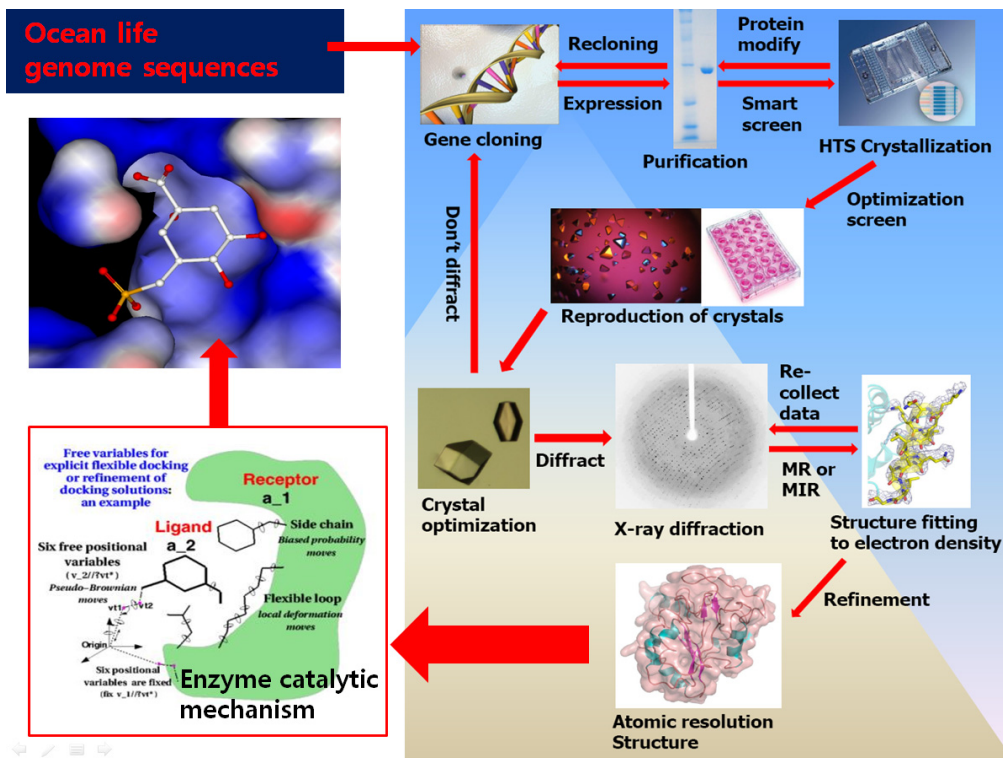
#### □ 연구 범위

- 해양유전체 연구를 확대·발전시키기 위한 기능유전체 (functional genomics), 전사체 (transcriptomics), 단백질체 (Proteomics), 대사체 (Metabolomics) 등의 복합오믹스 연구
- 차세대 시퀀싱 (NGS) 기술로부터 도출된 방대한 양의 해양생물 유전체 정보로부터 유용단백질들의 선별적 DB 구축, 대량 발현, 구조 결정 및
- 이를 바탕으로 한 Direct evolution과 삼차원 구조 기반의 protein engineering 을 통해 실용화에 필수적인 안정성과 활성을 증대시키는 분자생물학적 설계기술 개발 (그림 3-8)
- 해양유전체, 단백질체 등 오믹스 연구에서 얻은 정보를 기반으로 유용 해양생명현상을 해양생물모델과 이미 확립된 생물모델에서 연구
- 해양모델생물활용 연구로부터 얻은 정보를 해양바이오에너지 개발, 인간 질병 이해, 신약 및 유용 산업기능소재 발굴에 이용
- 이를 위한 최소기능 유전체 설계, 합성 및 발현을 위한 숙주생체 개발

#### 2) 연구 필요성

- 포스트 게놈 시대를 맞아 해양유전체 연구로 축적된 유전자 정보를 유전자 기능 및 생명현상 이해로 확대시키기 위한 효율적인 방법이 필요함





[그림 3-8] 타깃 유전자의 염기서열로부터 단백질 과다 발현시스템을 통한 타깃 단백질 정상 발현 및 순수분리 정제와 1,000 가지 이상의 결정화 조건 탐색을 통한 결정화. 단일 결정의 확보 및 방사광 가속기를 통한 회절 data 확보 및 분석을 통한 타깃 단백질의 삼차원 구조 결정 및 분석 과정 모식도.

- 유전자나 단백질의 발현, 상호작용, 조절기전 등을 각 유전자나 단백질 수준이 아니라 개체 내 총 유전자나 단백질 관점에서 총체적으로 연구하는 오믹스 연구, 즉, 기능유전체, 전사체, 단백질체, 대사체 연구 기술을 해양생물에 도입하는 것이 포스트 게놈 (Post-genomics) 시대를 선도하기 위해 시급하게 필요함
- 유전체학과는 달리 지금까지 오믹스 연구는 주로 대장균 (*E. coli*), 이스트 (*S. cerevisiae*), 초파리 (*D. melanogaster*), 예쁜꼬마선충 (*C. elegans*), 제브라피쉬 (*D. rerio*), 그리고 동물세포 등의 모델 생물에서 이루어졌음. 따라서 기본적인 기능 규명은 이들 모델 생물체의 활용을 통해 가능함.
- 그러나 발굴된 유용 유전자의 적절한 발현을 위해서는 최적화된 생체공장이 필요하며 이는 기존 생명체의 기능 축소를 통해서도 가능하지만 확보된 유전정보로부터 새로운 기능을 가진 생명체의 합성이라는 방법으로 접근하는 것도 가능하며 상대적으로 무한한 해양환경을 활용한다는 측면에서 보면 해양환경에 적합





한 새로운 생명체의 합성이 요구됨

- 바이오 에너지, 유용성 2차 대사산물, 난분해성 유기물질 분해에 사용되는 단백질 및 효소들은 에너지, 의약학, 및 환경 분야 등의 다양한 산업에 활용도가 매우 크고, 따라서 즉시 실용화가 가능한 해양 생물자원 유전자 및 단백질 제제의 선 확보를 위한 전 세계적인 경쟁이 치열한 상황임
- 해양 생물자원에 실용화/산업화를 위한 원천 특허 확보를 위해서 특정 균주나 유전자의 확보만큼, 그 기능/활성의 테스트 및 검증과정 더 나아가 기능/활성의 실용화를 위한 최적화 과정이 동시에 매우 중요함
- 따라서 다양한 해양생물체의 탐색 및 확보과정에 본 연구팀의 중점 타깃 연구분야인 바이오 에너지, 유용성 2차 대사산물, 난분해성 유기물질 분해 기능 테스트를 위한 assay 시스템 및 direct evolution과 삼차원 구조 기반의 protein engineering을 통해 실용화에 필수적인 안정성과 활성을 증대시키는 분자생물학적 설계기술은 매우 중요함
- 대체 에너지로서 각광받고 있는 바이오수소, 바이오에탄올 및 바이오 디젤의 세포내 생산도 단백질들에 의해 이루어지며 식품, 의약품을 포함한 유용 2차 대사산물의 세포내 합성도 단백질에 의해 이루어짐
- Biofuel 생성 효소, 유용성 2차 대사산물 생성 효소, 난분해성 오염 물질 분해 효소와 같은 녹색 성장에 기여할 수 있는 신기능 단백질 설계 기술 확보가 가능할 것임

### 3) 목표 및 내용

#### □ 목표

- 해양유전체 연구를 바탕으로 한 해양 기능유전체, 전사체, 단백질체, 대사체 등 오믹스 연구
- 해양모델생물을 이용한 해양생물 생명현상, 환경적응, 생존기전 연구 및 효용성 발굴
- 다양한 바이오에너지 생산 해양미생물 발굴 및 에너지 이용기전 연구, 그린에너지 실용화를 위한 원천 기반기술 확보
- 해양생물유래 신약후보물질·산업기능소재 발굴, 개발 및 산업화



- 해양유전체정보를 기반으로 한 고효율의 최소기능 유전체 설계 및 구현, 이를 이용한 유용 소재생산 유전자의 대량발현기술 개발

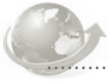
## □ 연구 내용

- 해양유전체 연구 기반의 기능유전체, 전사체, 단백질체, 대사체 연구
  - 유전체 분석을 통하여 기존에 알려진 유전자의 기능은 예측가능하나, 대부분의 유전자는 기능이 안 밝혀져 있으므로 실제 유전자의 기능을 알기 위해 단백질체 (proteomics), 대사체 (transcriptome) 등의 연구 수행
  - 진핵생물과 고세균의 유전체 중 상당부분을 차지하고 있는 non-coding region의 중요한 기능을 파악하기 위한 기능유전체 연구 수행
  - 단백질이 적절한 기능을 수행하기 위해서는 인산화, 메틸화, 이중황결합, glycosylation, 단백질 분해와 같은 post-translational modification을 거침. 같은 유전자에 의해 만들어진 단백질이라도 post-translational modification에 따라 다른 활성을 보일 수 있음. 단백질의 기능과 상호작용을 총체적으로 연구하기 위해 단백질체 연구를 수행함
  - 유전자가 환경이나 자극에 의해 발현양상이 변하는 것에 따라 다양한 생명현상이 나타남. 유전자 발현양상의 변화는 유전자의 기능을 간접적으로 보여줌, 유전자의 발현양상을 총체적으로 연구하기 위해 전사체학 연구를 수행함
  - 유전자의 발현이나 단백질의 상호작용에 의해 다양한 대사체를 형성함. 전체 대사체를 생화학적 방법으로 분석함으로써 유전자의 기능에 대한 정보를 얻고자 대사체학 연구를 수행함
- 오믹스 연구를 활용한 합성생물 개발
  - 오믹스 분석을 통해 얻은 정보를 기반으로 고효율의 최소기능 생명체 창출을 목표로 한 유전체 설계 및 다양한 발현벡터, 프로모터 등 개발
  - 유전체 치환 등의 방법을 이용하여 합성 유전체의 생체내 구현
  - 특정 유전자의 발현을 연구함으로써 개발된 합성 생명체의 성능 평가·개선 및 이를 활용한 유전자의 생체작용기전, 유전자간의 상호작용, 환경인자에 대한 생체반응기전 등을 연구
- 해양모델생물을 이용한 생명현상, 환경적응, 생존기전 연구 및 효용성 발굴
  - 개발된 합성생명체 및 널리 사용되는 모델생물 (대장균, 동물세포, 제브라피

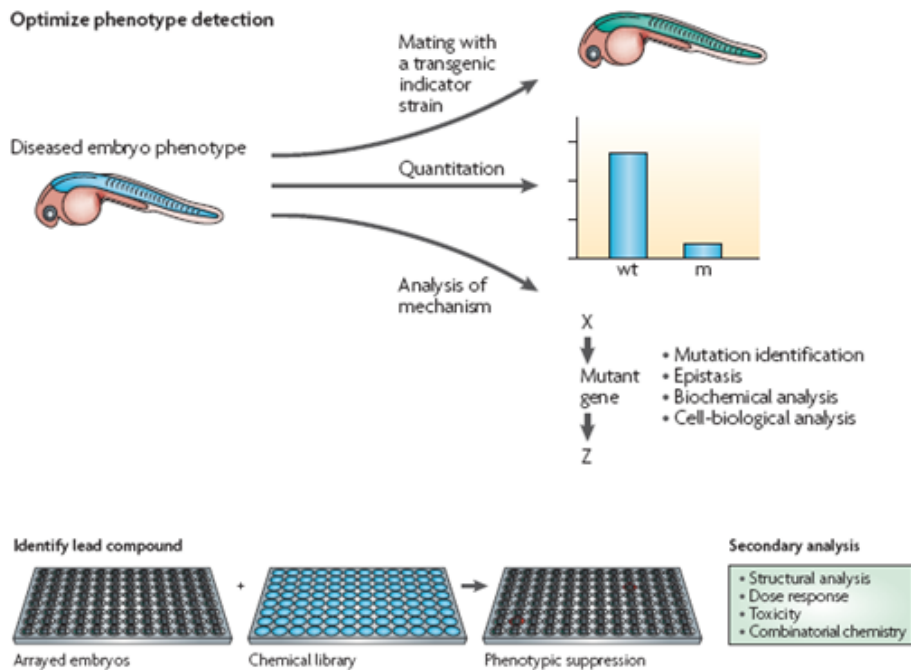


취 등)을 이용하여 유전자의 기능 및 상호작용 연구

- 제브라피쉬 (Zebra fish)는 중추신경계, 심혈관계 및 뼈를 포함한 척추동물의 대부분의 특징을 갖고 있으며, 구조가 단순하고 유전자 조작이 간단하기 때문에 최근 척추동물 발생 및 질병 모델로 크게 각광받고 있는 동물 모델임. 또한 크기가 작고, 배아가 투명해 발생의 모든 과정을 살아있는 상태로 관찰할 수 있고, 세대간 주기가 짧고, 매주 자손을 번식시킬 수 있어서 유전적 분석이나 실험에 소요되는 시간을 단축시킬 수 있으며, 시설유지에 소요되는 비용이 마우스의 10% 수준으로 매우 낮음. 제브라피쉬를 이용하여 흥미로운 해양생명현상을 연구하고, 해양생물 유전자 기능 연구를 수행함으로써 유용유전자 발굴
- 바이오에너지 생산 해양미생물 발굴 및 산업화
  - 오믹스 분석 결과를 이용하여 다양한 태양광/화학합성 해양미생물 발굴. 특히 수소생산균주 등 청정·고효율 대체원료 생산균주의 지속적인 발굴 및 에너지 대사과정에 관련된 유용 유전자 발굴
  - 해양유전체 및 각종 오믹스 결과 분석을 통해 유용 해양생물 형질조절유전자 및 조절기전을 발굴하고 유전자조작을 통해 효율적으로 유용형질을 제어할수 있는 균주 개발
  - 해양미생물 배양기술 향상, 에너지생산 대사경로 최적화를 통한 바이오에너지 생산효율 향상
  - 합성생물학 기술을 사용하여 고효율 바이오에너지 생산 및 다량의 바이오매스 생산 균주 제작 기술을 개발하고 고부가가치 미래원천기반기술을 확보함
  - 유용 해양생물 연중 지속적인 바이오매스 확보를 위해 우수종 개량과 수온, 수심별 해양생물 유전자 커 확보 및 조절유전자 확보를 통한 산업화 기반 마련
- 해양생물유래 신약후보물질·산업기능소재 발굴, 개발 및 산업화
  - 동물세포, 제브라피쉬 등 동물모델에서 난치병 질병모델을 확립하여 해양유래 생리활성물질 고속 스크리닝 수행
  - 제브라피쉬는 약물투여가 간편하고 제브라피쉬 배아를 96-well plate에서 배양할 수 있어 신약후보물질 스크리닝 등에 많이 사용되고 있음. 제브라피쉬나 동물세포를 이용하여 난치성 질병모델을 확립하고 해양생물유래 신약후보물질을 스크리닝함 (그림 3-9)



- 해양생물 오믹스 연구결과를 통해 발굴한 특이적 생명현상의 원인 유전자를 동물세포 및 동물모델에 적용하여 인간 질병에 대한 이해 증진과 치료법 연구
- 대사체 연구 등의 결과를 활용하여 유용 산업기능소재 발굴, 유전자 조작 등을 이용하여 생산성 향상
- 해양생물 유전자 조작기술의 개발로 해양생물성장조절, 환경적응능력 강화 등을 통하여 우량종을 개량하여 산업화가 가능한 수준으로 바이오매스 확보. 신약 및 유용 산업소재 산업화의 걸림돌인 해양생물 공급문제를 개선
- 화학합성이 불가능한 생리활성물질이나 신기능 산업소재를 다량 생산하는 균주를 합성생물학을 이용하여 제작하여 새로운 고부가가치 창출 및 국가경쟁력의 원동력 제공

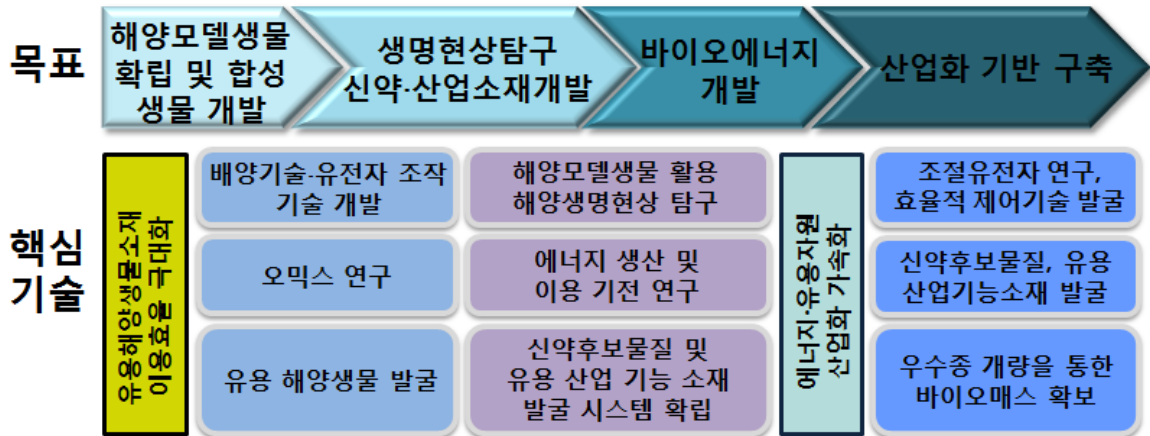


[그림 3-9] 제브라피쉬를 이용한 고속 약물 스크리닝



#### 4) 추진 전략 및 체계

##### □ 연구 개발의 추진 방법



- 오믹스 연구를 통한 합성생물 개발 및 해양모델생물 확립
- 유용 해양생물소재를 지속적으로 발굴하고 이용효율을 극대화하기 위해 해양 생물 배양기술, 유전자 조작 및 합성생명체 내 발현 조절기술 개발
- 해양유전체 연구 기반의 전사체, 단백질체, 대사체 연구 등 오믹스 연구 수행
- 바이오에너지 생산 및 이용기전 연구
- 신약후보물질 및 유용 산업기능소재 발굴
- 조절유전자 연구, 유전자 조작 등에 의한 생합성 경로 최적화, 우수종 개량 및 배양조건 개선 등을 통한 바이오매스 확보
- 고부가가치 창출을 위한 산업화 기반 구축



□ 연구개발 추진체계



- 바이오에너지, 신약 및 유용 산업기능소재 발굴을 위한 인프라 구축을 1단계로 진행함. 해양생물 배양기술 확립, 해양생물 유전자 조작기술 개발, 해양생물대상 오믹스 연구를 통한 유용 해양모델생물을 확립함
- 해양유전체 및 각종 오믹스 연구를 통해 얻은 정보를 기반으로 각 유전자들의 기능과 상호작용을 심도 있게 연구하여 해양생물 특이적인 생명현상 기전 규명. 고효율 바이오에너지 생산 균주 발굴 및 유용 생리활성물질·산업기능소재 탐색을 2단계 연구로 진행하여 고부가가치 해양생물산업의 원천기술을 확보함
- 발굴된 유용 해양미생물 및 해양생물소재 산업화를 위해 합성생물학 (synthetic biology) 기술을 이용하여 생합성 제어기술 최적화 및 생합성 경로 최적화를 수행하여 고효율 생산기술을 확보함. 합성생물학 방법 등을 통한 우량종 개량으로 충분한 바이오매스 확보 실현 및 해양생물산업화를 통한 가치 창출



## 5) 활용 방안

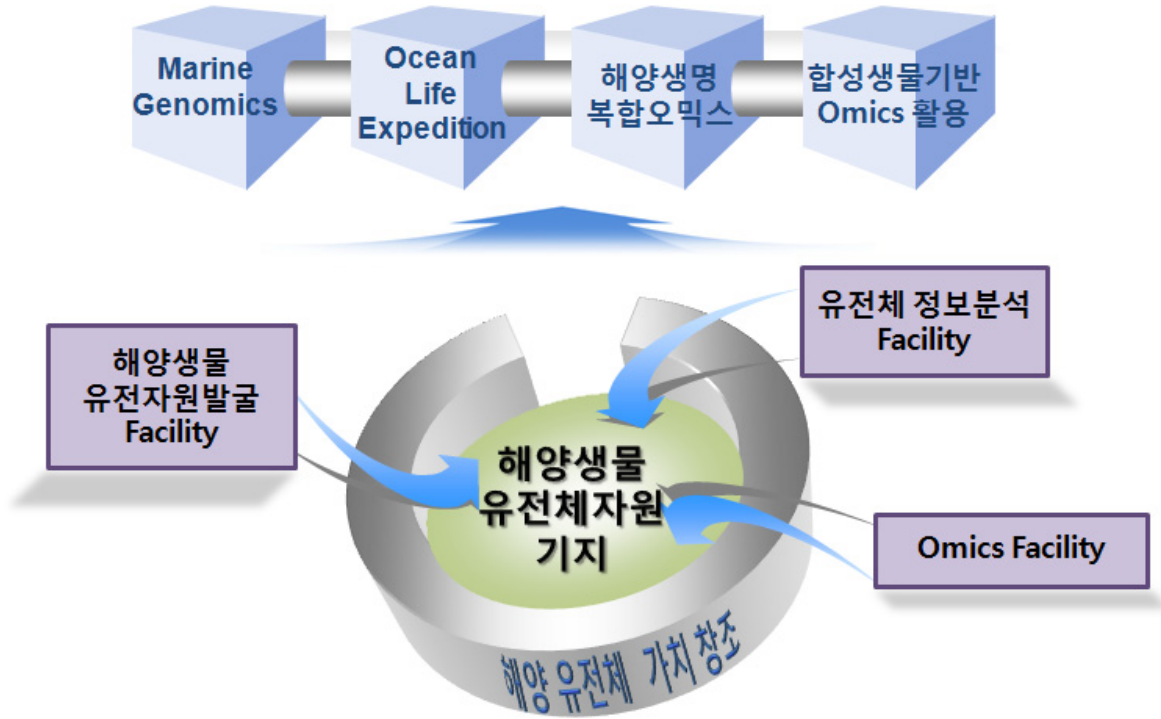
- 해양생물 유전체 연구 성과를 계승·확대·발전시키고, 학술적·산업적으로 활용함
- 해양생물의 다양한 환경 생존기전 연구는 고등동물의 질병을 이해하고 치료법을 개발하는데 이용 가능. 초저온 생존기전연구는 동상, 저체온증 치료, 장기이식시 장기보존기술 개발 등에 활용될 수 있으며, 초고온 생존기전 연구는 효소를 비롯한 각종 유용 산업기능소재 발굴 뿐 생물의약품 개발에도 유용
- 바이오에너지를 생산하는 해양생물을 발굴·개량하여 대체에너지의 대량생산을 가능함으로, 화석연료를 이용해 에너지를 생산하는 기존 공정을 대체할 수 있음
- 친환경 바이오에너지 생산균주 개발과 친환경에너지 생산효율을 높임으로서 지구온난화의 주범인 이산화탄소 발생을 절감함. 해양 미생물은 남태평양과 남북극 연구기지의 보유로 다양한 후보 중 확보가 가능할 뿐 아니라, 담수지역과 기수지역 등 전 세계의 대양 및 연안에서 원료 채집이 가능하기 때문에 에너지 합성이 우수한 개량종을 얻어낸다면 대체에너지로서 실용화를 꾀할 수 있음





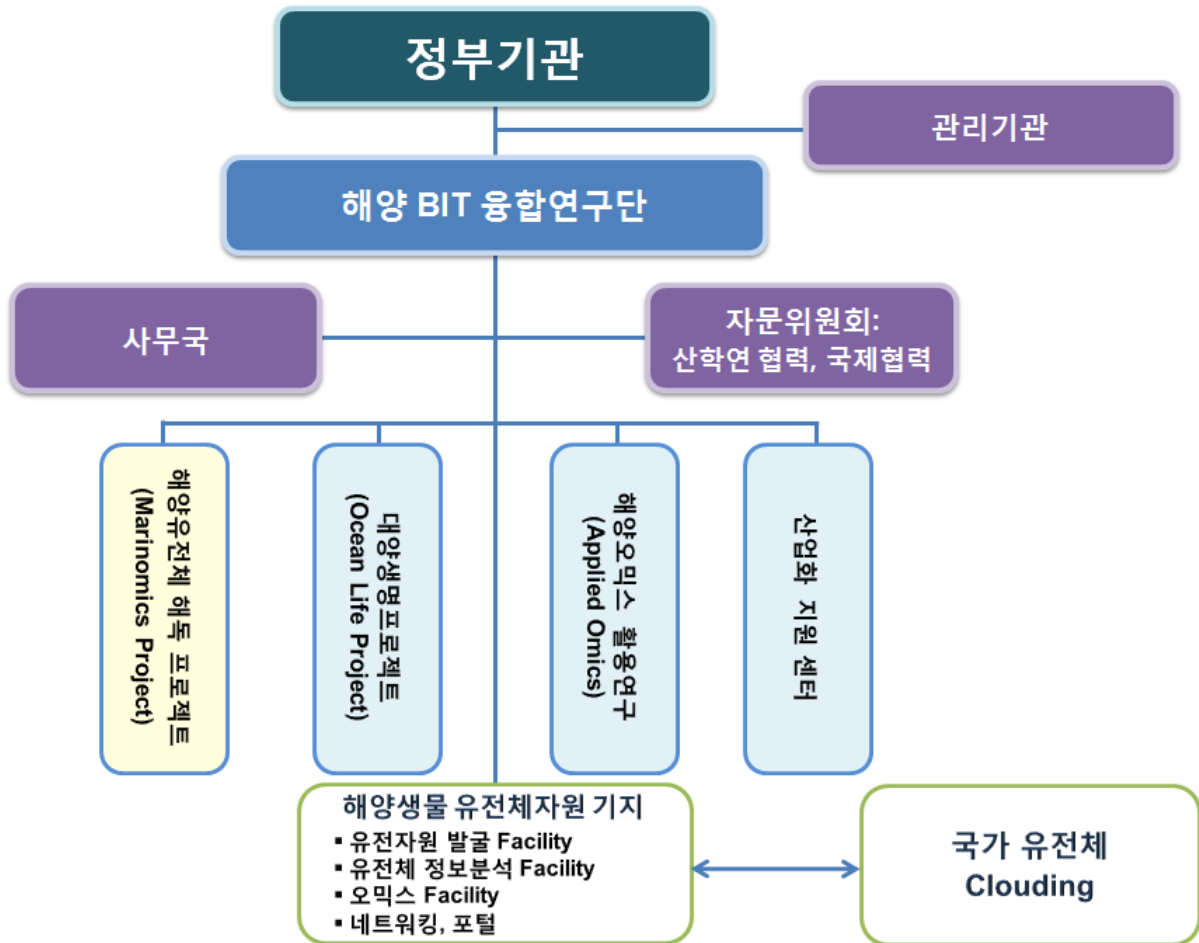
# IV 추진 전략

## 1. 추진 체계





## 2. 사업단 구성/운영



\* 해양유전체 해독 프로젝트는 국가 차원의 유전체해독 프로그램에서 추진

## 3. 사업평가 방향

### □ 사업 기본 철학에 근거한 평가 방향 정립

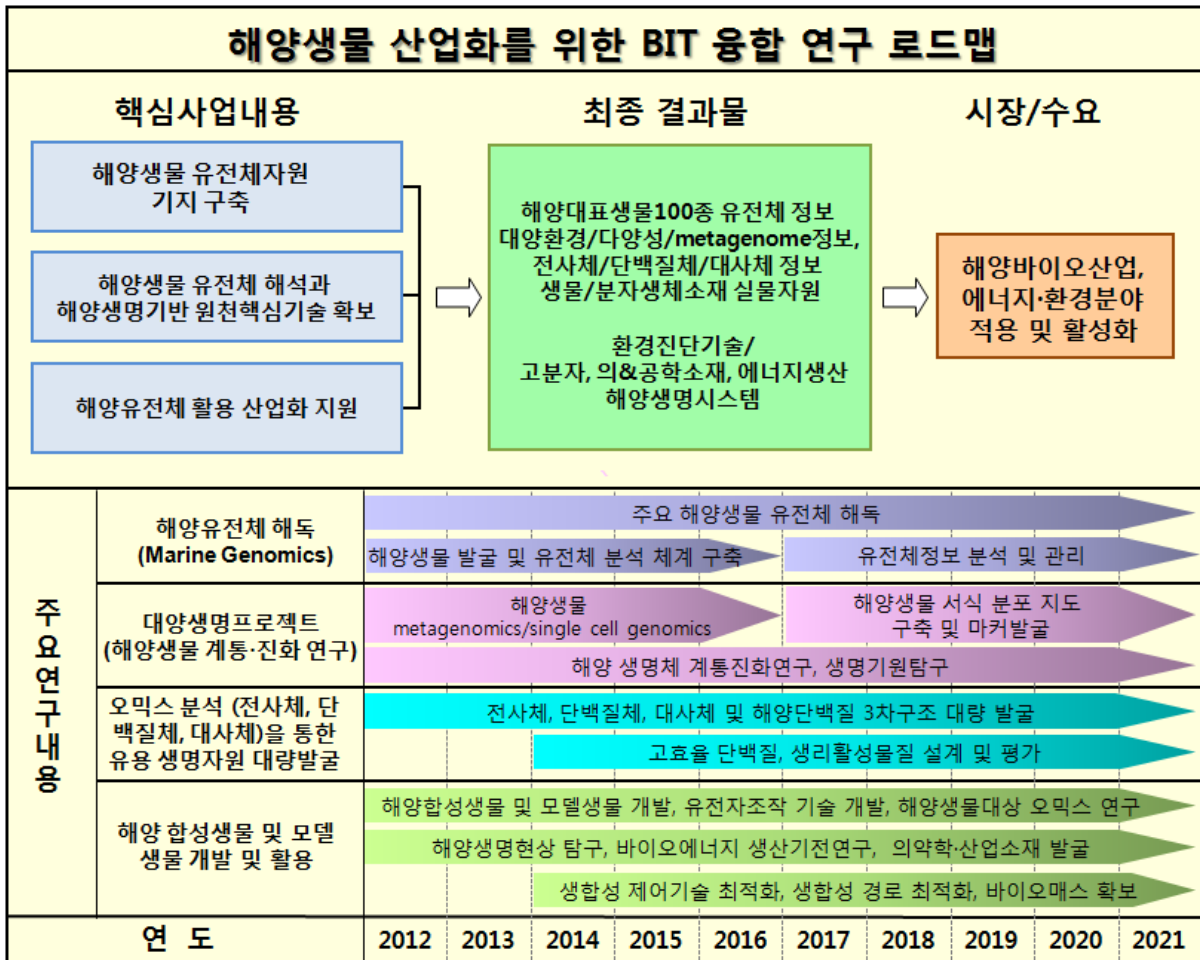
- 본 연구사업은 연구의 인프라 및 기초 원천 기술 구축 성격이 매우 강하므로 특별히 초기단계에서는 이를 감안한 평가가 최우선
  - 사업의 성패는 초기에 얼마나 많은 해양 유전체 분석을 하느냐가 좌우
  - 차세대 유전체 기술 이용 해양생물의 유전체 분석 건수
- 본 연구사업은 해양 유전 정보를 통해 장기적인 파급효과를 지닌 생명현상의 근본원리 및 생명기원·진화·적응에 관한 연구임
  - 생명현상 근본원리를 얼마나 이해하고 규명했는가에 주안점이 주어져야 함

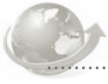


- 새로운 생명시스템 혹은 생명현상 발굴 등의 원천 기술 여부
- 생명현상의 근본원리에 대한 연구는 임팩트가 높은 논문을 통해 검증받을 수 있음
- **사업 수행 초기 단계 (3차년도)**에는 시료 확보, 유전체 해독의 양적 평가에 주안점을 둔 평가를 하므로 **평가 대상에서 제외하거나 낮은 비율로 평가하는 것이 바람직**
- 기존의 SCI(E) 논문 편수로 평가하는 양적 평가에서 최우수 저널§ (premium journal)에 발표된 논문 수를 기준으로 하는 **질적 평가**로 사업의 성공 여부를 판단
  - ※ premium journal에 250편 이상 (10억원당 1편) 수준이 적정 (2500억원/10년 기준)
  - ※ 논문 총수는 1000편 (4편/10억)으로 이는 최근 종료된 4개 프론티어 사업단 평균 7.7편보다 낮으나 국가 평균 (1.02편)에 비해 상당히 높은 수준이며 질적 평가기준 변화에 따른 자연스런 감소
  - § 최우수 저널 (premium journal)은 미국에서 선정한 지난 100년간 가장 영향력이 큰 학술지 100개와 호주 과학재단이 우수 학술지로 선정한 논문 (부록 2. 참고)
- 응용성이 있는 결과물로서 바이오에너지 생산 기술, 합성생물학 기반 확립, 단백질 재창조 설계기술 확보 등 다음 단계로 연결될 수 있는 기술의 검증을 부가적으로 제시
  - 이들 기술은 지적재산권 확보 및 원천기술 여부로 평가 가능
  - 기술이전 및 산업화 건수



4. 로드맵





V

소요예산 및 인력

1. 소요예산 및 산출 근거

□ 개요

10년간 총 1,840억원 소요 예정

(단위 : 억원)

단 계	1단계			2단계			3단계				합계
	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	
해양생물 유전체자원기지	30	30	30	30	30	30	50	50	50	50	380
대양생명체 프로젝트	60	60	60	60	60	60	30	30	30	30	480
해양생물 복합오믹스 활용	70	70	70	70	70	70	140	140	140	140	980
합 계	160	160	160	160	160	160	220	220	220	220	1,840

□ 연구 내용별 산출 근거

○ 해양생물 유전체 자원기지

1,2단계에서는 30억원 예산이 필요하며 유전체 정보량의 증가에 따라 3단계는 50억으로 증액

항 목	내 역	예산/년
인건비	10명	10억원
정보처리 시설비	서버 0.1억 x 100 = 10억	5억원
실험 장비	장비(고온, 저온, 고압 배양장치) 시설(시료 보관, 관리)	10억원
국제공동 연구비	국제 심포지엄 (년1회) 1.5억 컨소시엄(공동으로 유전체분석) 2억 외국기관 방문, 학회 참석 1억	4억원
기지 운영비		1억
합 계		30억원



## ○ 대양생명체 프로젝트

년 평균 48억원 예산 지원 필요

내역	예산/년
대양생물 탐사 및 탐사장비 제작	10억
극한생물종 계놈 서베이 및 환경유전체 10건	20억
대양/특이생태계 생명기능분석	12억
기능 유전체 해석	6억
합계	48억원

## ○ 해양생물 복합오믹스 활용

10년간 980억원 예산 지원 필요

내역	예산/년
해양 합성생물 및 유용 모델생물 개발	25억
오믹스 분석 (전사체, 단백질체, 대사체)	35억
바이오연료 활용 연구	15억
신약·산업기능소재 발굴	12억
조절유전자, 대사경로 제어 통한 고효율, 고생산 균주 확보	11억
합계	98억원

## 2. 소요인력 및 확보 방안

(단위 : 명)

단계		박사급	석사급	연구조원급	합계
1단계	2012	68	81	108	257
	2013	70	84	109	263
	2014	72	86	112	270
2단계 (3년)		222	270	351	843
3단계 (4년)		320	384	500	1204
합계		752	905	1,180	2,837



- 해양 유전체 분야는 연구 인력의 저변이 넓지 않은 상태  
기존 해양 유전체 분야의 연구 인력만으로는 새로운 연구개발 사업 수행에 무리
  
- 해양생물 유전체 지원 기지가 연구 사업 참여 기관과 유기적 관계를 통해 연구 역량을 극대화하며 교육을 병행
  
- 우수한 생명공학 연구자들이 공모 사업 등을 통해 해양생물 차세대 유전체 사업에 참여하도록 유도하여 해양 유전체 분야의 저변 확대와 연구 인력 확대를 꾀함





## VI

## 자문 위원

이름	소속	연락처	E-Mail
		H.P	
김 태 형	테라젠	010-4559-9597	thkim@therabio.org
강 린 우	건국대	02-450-4090 010-2455-2381	lkang@konkuk.ac.kr
윤 환 수	성균관대	031-290-5915 010-7169-5774	hsyoon2001@skku.edu
김 철 홍	테라젠	031-888-9299 010-4806-9310	chulhong.kim@therabio.org
이 민 섭	테라젠	031-888-9317 010-3080-1393	minslee66@gmail.com
박 종 화	테라젠	031 888-9310 010 9944-6754	jongbhak@yahoo.com

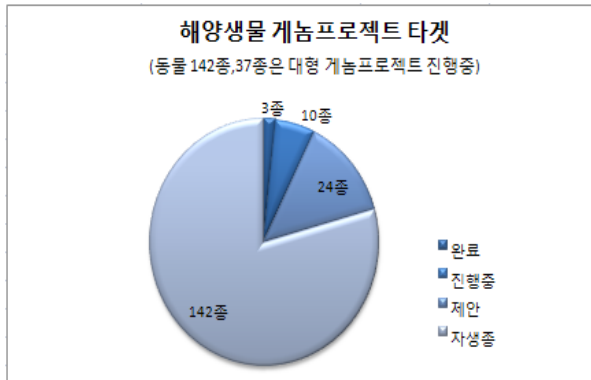
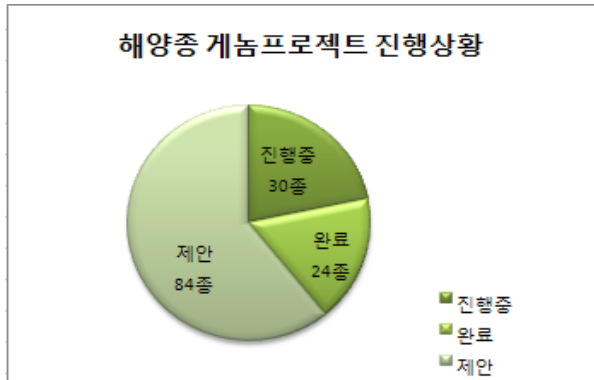
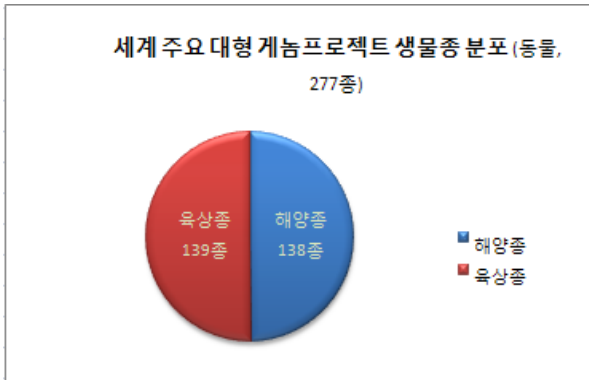


# VII 부 록

## 1. 전 세계에서 진행 중인 해양 동물종 계승 프로젝트 동향 및 국내 자생종 현황

### □ 해양종 선별 리스트

- 국내에서 많은 활용이 이루어지며 인지도가 높은 종들을 선별 하여, 그 유전체 해독에 대한 결과물을 가시화 할 수 있는 종들을 대상으로 1차 선별 (추후 대상종 확정)
- 이외의 해양종에서도 무한한 자원 활용성을 잠재적 가지고 있지만, 효과적인 연구 성과의 도출에 의한 연구 활성화 단계에서 추가 종들을 적용하는 것을 목표로 함



해양생물 계승프로젝트 : 총 138종(50%)  
 [전체 생물종 계승프로젝트 진행중 277종]

Project status	설명
Proposed	연구 기획단계
In progress	유전체 해독 진행중
Finished	유전체 해독 완료



\* 용어설명

G10K : Genome 10K Project(척추동물 10,000 게놈프로젝트)

BGI1K : 1,000 Plant and Animal Project(BGI는 1,000종의 동·식물 게놈프로젝트)

JGI : DOE-JGI에서 진행 하는 게놈프로젝트

EMR : Economical Marine Resource(해양자원생물)

국내(추가) 자생종 목록 : 국내 자생종중, BGI프로젝트 중복을 제외한 추가종 정보

\* 근연종(동속)의 유전체 정보

종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
1	Acipenser sinensis	철갑상어	Chinese sturgeon	1,600~7,000M	Proposed	EMR	G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
2	Carcharodon carcharias	백상아리	Shark	6,308 M	Proposed		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
3	Clupea harengus	청어	Atlantic herring	~870M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
4	Delphinapterus leucas	흰돌고래	Beluga whale	3,290 M	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
5	Diaphus dumerilii	젯방어	Lanternfish	N/A	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
6	Eptatretus burgeri	먹장어	Inshore hagfish	2,900M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
7	Gadus macrocephalus	대구	Pacific cod	851 M	Proposed	EMR	BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
8	Lateolabrax japonicus	농어	Japanese seabass	N/A	Proposed	EMR	G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
9	Megaptera novaeangliae	흑등고래	Whale	N/A	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
10	Misgurnus anguillicaudatus	미꾸리	Oriental Weather Loach	1,369 M	Proposed	EMR	BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
11	Mola mola	개복치	Sunfish	949M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
12	Monodon monoceros	일각 돌고래	Narwhal		Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
13	Monopterus albus	드렁허리	Swamp Eel	763 M	Proposed		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
14	Neophocaena phocaenoides	상괘이	Finless Porpoise	3,460 M	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
15	Pampusargenteus	병어	Pomfret	N/A	Proposed	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
16	Physeter macrocephalus	향유고래, 향고래	Sperm whale	N/A	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)



종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
17	Platycephalus indicus	양태	Bartail flathead	773M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
18	Strongylocentrotus intermedius	새치성게	N/A	N/A	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
19	Thunnus albacares	황다랑어	Yellowfin tuna	880M	Proposed	EMR	G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
20	Stichopus japonicus	참해삼	Stichopus	860 M	Proposed	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 2007년논문)
21	Chinemys reevesii	남생이	Turtle	2,400 M	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 한국자생종DB)
22	Clonorchis sinensis	간흡충	N/A	N/A	Proposed		BGI1k	자생종
23	Rana nigromaculata	참개구리	Frog	N/A	Proposed		BGI1k	자생종
24	Trionyx (Pelodiscus) sinensis	자라	Chinese softshell turtle	N/A	Proposed		G10K	자생종
25	Acropora palmata		Elkhorn coral		Proposed		JGI	
26	Alligator sinensis	양쯔강 악어	Chinese Alligator	2,435 M	Proposed		BGI1k G10K	
27	Alvinella pompejana	폼페이 벌레	Pompeii worm		Proposed		JGI	
28	Amia calva	아이마	Bowfin	1,076~ 1,252M	Proposed		G10K	
29	Andrias davidianus	자이언트 샬러맨더, 와와어	Chinese Giant Salamander	48,900 M	Proposed		BGI1k G10K	
30	Anguilla anguilla	유럽 뱀장어	European freshwater eel	1,076~ 1,565M	Proposed		G10K	
31	Apostichopus japonicus	돌기해삼	Japanese Sea Cucumber	880 M	Proposed	EMR	BGI1k	
32	Aptenodytes forsteri	황제펭귄	Emperor Penguin	N/A	Proposed		BGI1k G10K	
33	Ascaphus truei	꼬리 개구리	Tailed frog	~4,000M	Proposed		G10K	
34	Astyanaxmexicanus	Blind cave fish	Blind cave fish	1,027~ 1,731M	Proposed		G10K	
35	Atelopus zeteki	바리우스 두꺼비	Golden frog	~5,000M	Proposed		G10K	
36	Bombina orientalis	무당 개구리	Oriental fire-bellied toad	~8,200M	Proposed		G10K	
37	Botryllus schlosseri		starascidian		Proposed		JGI	

종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
38	Bufo bufo gargarizans Cantor	두꺼비	Toad	5,500 M	Proposed		BGI1k G10K	
39	Castor canadensis	아메리카 비버	North American beaver	N/A	Proposed		G10K	
40	Chelonia mydas	푸른바다 거북	Green turtle	2,600M	Proposed	EMR	G10K	
41	Choeropsis liberiensis	애기하마	Pygmy hippopotamus		Proposed		G10K	
42	Copadichromis conophorus				Proposed		JGI	
43	Ctenopharyngodon idellus	초어	Grass Carp	1,000 M	Proposed		BGI1k	
44	Cynops orientalis	화이어 벨리 도롱뇽	Chinese fire-bellied newt	44,300M	Proposed		G10K	
45	Danio rerio	제브라 피쉬	Zebrafish	1,700 M	Proposed		BGI1k G10K	
46	Daphnia pulex	물벼룩	Water flea	235 M	Proposed		BGI1k JGI	
47	Eleutherodactylus -coqui	개구리류	Coqui	3,325M	Proposed		G10K	
48	Emydura macquarii	거북이류	Macquarie turtle (Australian side-necked)	N/A	Proposed		G10K	
49	Engystomops pustulosus	개구리류	Tungara frog	1760M	Proposed		G10K	
50	Epinephelus drummondhayi	얼룩바리	Carlico Grouper	1,200 M	Proposed	EMR	BGI1k	
51	Gastrotheca cornuta	개구리류	Horned marsupial frog	3,423M	Proposed		G10K	
52	Geochelone nigra	갈라파고 스땅거북	Galapagos tortoise	3,227M	Proposed		G10K	
53	Gobiocypris rarus	rarenimow RareGud geon	N/A	N/A	Proposed		BGI1k G10K	
54	Hippocampus comes	호랑이 꼬리해마	Tiger tail seahorse	587M	Proposed		G10K	
55	Holothuria	해삼류	Sea Cucumber	2,200 M	Proposed		BGI1k	
56	Hoplostethus atlanticus	Orange roughy	Orange roughy	616M	Proposed		G10K	
57	Jassa slatteryi				Proposed		JGI	



종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
58	Karenia brevis	적조생물			Proposed		JGI	
59	Latimeria chalumnae		South African coelocanth	2,700~6,400*	Proposed		G10K	
60	Latimeria menadoensis		Indonesian coelocanth	2,700~6,400*	Proposed		G10K	
61	Lepisosteus oculatus		Spotted gar	~1,400M	Proposed		G10K	
62	Leptonychotes weddellii	물범	Weddell seal		Proposed		G10K	
63	Leucoraja (Raja) erinacea	가오리류	Little skate	~3,400M	Proposed		G10K	
64	Megalobrama amblycephala	Wuchang bream	Wuchang bream	~1,100M	Proposed		G10K	
65	Montastraea faveolata	산호류			Proposed		JGI	
66	Mytilus californianus	캘리포니아 홍합	California mussel		Proposed		JGI	
67	Nanorana parkeri	개구리류	Tibetan frog	N/A	Proposed		G10K	
68	Neocrinus decorus	sea lily	Crinoid	N/A	Proposed		BGI1k	
69	Oophaga pumilio	개구리류	Strawberry dart-poison frog	8,800M	Proposed		G10K	
70	Paralvinella sulfincola ESTs				Proposed		JGI	
71	Pelodiscus sinensis	중국자라	Chinese Soft-shelled Turtle	N/A	Proposed		BGI1k	
72	Petrolisthes cinctipes				Proposed		JGI	
73	Pinctadamartensi	진주굴류	N/A	N/A	Proposed	EMR	BGI1k	
74	Polypterus senegalus	Bichir	Bichir	3,619~7,090M	Proposed		G10K	
75	Psetta maxima	대문짝 낚치	Turbot	N/A	Proposed		BGI1k	
76	Rhinophrynus dorsalis	두꺼비류	Mexican burrowing toad	4,597M	Proposed		G10K	
77	Riftia pachyptila	튜브벌레, 고리벌레	N/A	770 M	Proposed		BGI1k	
78	Scleropages formosus	아시아 아로와나	Golden arowana	900 M	Proposed		G10K	

종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
79	Sepiella maindroni	쇠오징어	Cuttlefish	N/A	Proposed		BGI1k	
80	Siniperca chuatsi	중국 쏘가리	Chinese Perch	782 M	Proposed		BGI1k	
81	Sousa chinensis	흑등참흰 돌고래	Chinese White Dolphin	3,384 M	Proposed		BGI1k G10K	
82	Stiliger felinus	Stiliger felinus	Sea Slug	2,767 M	Proposed		BGI1k	
83	Trichechus manatus	매너티, 바다소	West Indian manatee	4600M	Proposed		G10K	
84	Turritopsis dohrnii	해파리	Jellyfish	N/A	Proposed		BGI1k	
85	Pseudosciaena crocea	부세	Large yellow croaker	No data	In progress		G10K	자생종(출처: 군산대학교 해양학과)
86	Aristichthys nobilis	대두어	Bighead Carp	1,050 M	In progress		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
87	Cynoglossus semilaevis	박대	Tongue sole	587M	In progress	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
88	Epinephelus coioides	갈색동근 바리	Grouper	1,130 M	In progress		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
89	Gasterosteus aculeatus	큰가시 고기	Three-spined stickleback	~640M	In progress		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
90	Hypophthalmichthys molitrix	은잉어, 백련어	Silver Carp	844 M	In progress	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
91	Ictalurus punctatus	찬넬동 자개	Channel catfish	~980M	In progress		G10K JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
92	Oncorhynchus mykiss	무지개 송어	Rainbow trout	2,347~3,738M	In progress		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
93	Oryzias latipes	송사리	Japanese medaka	1,000M	In progress		G10K JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
94	Paralichthys olivaceus	넙치	Flounder	600 M	In progress	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
95	Alligator mississippiensis		American alligator	~2,500M	In progress		G10K	
96	Anolis carolinensis		Green anole	~2,200M	In progress		G10K	
97	Balaena mysticetus	북극고래	Bowhead whale**		In progress		G10K	
98	Chrysemys picta		Painted turtle	~2,900M	In progress		G10K	
99	Gadus morhua		Atlantic cod	~600M	In progress		G10K	





종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
100	Hippopotamus amphibius	하마	Hippopotamus**		In progress		G10K	
101	Hydractinia symbiolongicarpus		Snailfur		In progress		JGI	
102	Lethenteron japonicum	칠성장어	Japanese lamprey		In progress		G10K	
103	Litopenaeus vannamei	흰다리 새우	Pacific white Shrimp	2,100 M	In progress	EMR	BGI1k	
104	Mchenga (Copadichromis) conophoros		Happy cichlid		In progress		G10K	
105	Oreochromis niloticus		Nile tilapia	~1,100M	In progress		G10K	
106	Petromyzon marinus	바다칠성 장어	Sea lamprey	2,100M	In progress		G10K	
107	Pygoscelis adeliae	아델리 펭귄	Adelie penguin	1,320M	In progress		G10K	
108	Pygoscelis antarctica	턱끈펭귄	Penguin	1,200 M	In progress		BGI1k	
109	Salmo salar		Atlantic salmon	~300M	In progress		G10K	
110	Thunnus orientalis	참다랑어	Pacific bluefin tuna	~900*	In progress		G10K	
111	Trichoplax adhaerens	털납작 벌레			In progress		JGI	
112	Tursiops truncatus	큰돌고래	Bottle-nosed dolphin	~3,100M	In progress		G10K	
113	Ursus maritimus	북극곰	Polar bear	2,400 M	In progress		BGI1k	
114	Xiphophorus maculatus	열대어류	Southern platyfish	~890M	In progress		G10K	
115	Callorhynchus milii	통소상어	Elephant shark	900M	Finished		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
116	Crassostrea gigas	참굴	Oyster	834 M	Finished	EMR	BGI1k JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
117	Fugu rubripes	자주복	Globefish	400 M	Finished	EMR	BGI1k G10K JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
118	Amphimedon queenslandica	데모해면	Sponge	N/A	Finished		BGI1k JGI	
119	Branchiostoma floridae				Finished		JGI	

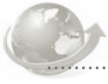
종수	Scientific name (학명)	korean name (국명)	common name (영명)	Genome size	Project status	해양 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보출처
120	Ciona intestinalis	멍게류	vase tunicate		Finished		JGI	
121	Hellobdella robusta				Finished		JGI	
122	Hydra magnipapillata	히드라	Hydra	1,500 M	Finished		BGI1k	
123	Labeotropheus fuelleborni		bluembuna		Finished		G10K JGI	
124	Lottia digitalis				Finished		JGI	
125	Lottia gigantea		gastropodsnail		Finished		JGI	
126	Lottia limatula				Finished		JGI	
127	Lottia pelta				Finished		JGI	
128	Lottia scabra				Finished		JGI	
129	Lottia scutum				Finished		JGI	
130	Melanochromis auratus		Golden mbuna		Finished		G10K JGI	
131	Metriaclima zebra		Zebra mbuna		Finished		G10K JGI	
132	Monosiga brevicollis				Finished		JGI	
133	Nematostella vectensis	작은 별 말미잘	Sea Anemone	450 M	Finished		BGI1k JGI	
134	Ornithorhynchus anatinus	오리 너구리	Platypus	2,000 M	Finished		BGI1k	
135	Rhamphochromis esox		Tigerfish		Finished		G10K JGI	
136	Strongylocentrotus purpuratus	성게류	Sea Urchin	890 M	Finished		BGI1k	
137	Tetraodon nigroviridis		Freshwater pufferfish	420M	Finished		G10K	
138	Xenopus tropicalis	아프리카 개구리	Western Clawed Frog	1,700 M	Finished		BGI1k G10K JGI	



종수	국내(추가) 자생종 목록							
	Scientific name(학명)	korean name(국명)	common name(영명)	Genome size	Project status	해양 자원(EMR)	자생종 정보	자생종 정보출처
1	Callorhynchus milii	통소상어	Elephant shark	900M	Finished		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
2	Crassostrea gigas	참굴	Oyster	834 M	Finished	EMR	BGI1k JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
3	Fugu rubripes	자주복	Globefish	400 M	Finished	EMR	BGI1k G10K JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
4	Aristichthys nobilis	대두어	Bighead Carp	1,050 M	In progress		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
5	Cynoglossus semilaevis	박대	Tongue sole	587M	In progress	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
6	Epinephelus coioides	갈색 등근바리	Grouper	1,130 M	In progress		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
7	Gasterosteus aculeatus	큰 가시고기	Three-spined stickleback	~640M	In progress		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
8	Hypophthalmichthys molitrix	은잉어, 백련어	Silver Carp	844 M	In progress	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
9	Ictalurus punctatus	찬넬 동자개	Channel catfish	~980M	In progress		G10K JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
10	Oncorhynchus mykiss	무지개 송어	Rainbow trout	2,347~3738M	In progress		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
11	Oryzias latipes	송사리	Japanese medaka	1000M	In progress		G10K JGI	자생종(출처: 해양생물종DB)
12	Paralichthys olivaceus	넙치	Flounder	600 M	In progress	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
13	Pseudosciaena crocea	부세	Large yellow croaker	No data	In progress		G10K	자생종(출처: 군산대학교 해양학과)
14	Acipenser sinensis	철갑상어	Chinese sturgeon	1,600~7,000M	Proposed	EMR	G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
15	Carcharodon carcharias	백상아리	Shark	6,308 M	Proposed		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
16	Chinemys reevesii	남생이	Turtle	2,400 M	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 한국자생종DB)
17	Clonorchis sinensis	간흡충	N/A	N/A	Proposed		BGI1k	자생종
18	Clupea harengus	청어	Atlantic herring	~870M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
19	Delphinapterus leucas	흰돌고래	Beluga whale	3,290 M	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
20	Diaphus dumerilii	젯방어	Lanternfish	N/A	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)



종수	국내(추가) 자생종 목록							
	Scientific name(학명)	korean name(국명)	common name(영명)	Genome size	Project status	해양 자원(EMR)	자생종 정보	자생종 정보출처
21	Eptatretus burgeri	먹장어	Inshore hagfish	2,900M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
22	Gadus macrocephalus	대구	Pacific cod	851 M	Proposed	EMR	BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
23	Lateolabrax japonicus	농어	Japanese seabass	N/A	Proposed	EMR	G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
24	Megaptera novaeangliae	흑등고래	Whale	N/A	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
25	Misgurnus anguillicaudatus	미꾸리	Oriental Weather Loach	1,369 M	Proposed	EMR	BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
26	Mola mola	개복치	Sunfish	949M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
27	Monodon monoceros	일각 돌고래	Narwhal		Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
28	Monopterus albus	드렁허리	Swamp Eel	763 M	Proposed		BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
29	Neophocaena phocaenoides	상괭이	Finless Porpoise	3,460 M	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
30	Pampusargenteus	병어	Pomfret	N/A	Proposed	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
31	Physeter macrocephalus	향유고래, 향고래	Sperm whale	N/A	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
32	Platycephalus indicus	양태	Bartail flathead	773M	Proposed		G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
33	Rana nigromaculata	참개구리	Frog	N/A	Proposed		BGI1k	자생종
34	Stichopus japonicus	참해삼	Stichopus	860 M	Proposed	EMR	BGI1k G10K	자생종(출처: 2007년 논문)
35	Strongylocentrotus intermedius	새치성게	N/A	N/A	Proposed		BGI1k	자생종(출처: 해양생물종DB)
36	Thunnus albacares	황다랑어	Yellowfin tuna	880M	Proposed	EMR	G10K	자생종(출처: 해양생물종DB)
37	Trionyx (Pelodiscus) sinensis	자라	Chinese softshell turtle	N/A	Proposed		G10K	자생종



## 2. Algal genome project

### □ 해외에서 진행 중인 algal genome project

총 32종 진행중(NCBI 14종, DOE-JGI [65개 프로젝트 진행(중복 포함, 아종별 시퀀싱 등)])

EMR : Economical Marine Resource(해양자원생물)

중수	Scientific name(학명)	korean name(국명)	common name(영명)	category	Genome size	chromosome number	Project status	수산 자원(EMR)	sequencing center	자생종 정보	자생종 정보출처
1	Aureococcus anophagefferens clone 1984						Finished		JGI		
2	Beller Botryococcus braunii UTEX 572 (race A) ESTs						Proposed		JGI		
3	Bigelowiella natans CCMP2755						Finished		JGI		
4	Botryococcus braunii Showa			Green Algae	64200 MB	30	In progress	15.8X	JGI, Tokyo University of Agriculture		
5	Chaetosphaeridium globosum SAG 26.98			Green Algae	30MB	21	In progress	24X	University of Maryland		
6	Chlamydomonas reinhardtii						Finished		JGI		
7	Chlorella sp. NC64A						Finished		JGI		
8	Chlorella/Coccomyxa vulgaris						Proposed		JGI		
9	Chlorokybus atmophyticus UTEX 2591			Green Algae	42MB	17	In progress	12.8X	University of Maryland		
10	Coccomyxa sp. C-169			Green Algae	27MB	4	Finished	5.2X	JGI, Broad Institute		
11	Dunaliella salina CCAP 19/18			Green Algae	130MB	6	Finished	9X	JGI, J. Craig Venter Institute		
12	Emiliania huxleyi						Finished		JGI		
13	Fragilariopsis cylindrus CCMP 1102						Finished		JGI		
14	Ghirardi Chlamydomonas reinhardtii cc124 ESTs						Proposed		JGI		
15	Guillardia theta CCMP2712						Finished		JGI		
16	Koppisch Botryococcus braunii Showa (race B) ESTs						Proposed		JGI		

종수	Scientific name(학명)	korean name (국명)	common name (영명)	category	Genome size	chromosome number	Project status	수산 자원 (EMR)	sequencing center	자생종 정보	자생종 정보출처
17	Micromonas pusilla CCMP1545			Green Algae	22.042 MB	3	In progress	1.9X	JGI, Broad Institute		
18	Micromonas sp. RCC299			Green Algae	21.21 MB	17	Finished	1.9X	Broad Institute		
19	Nitella hyalina KGK0190			Green Algae	43MB	7	In progress	10X	University of Maryland		
20	Ostreococcus lucimarinus CCE9901			Green Algae	13.25 MB	21	Finished	5X	JGI, Genome Sequencing Center (GSC) at Washington University (WashU) School of Medicine		
21	Ostreococcus sp. RCC809			Green Algae	13.25 MB	21	Finished	5X	JGI, Genome Sequencing Center (GSC) at Washington University (WashU) School of Medicine		
22	Ostreococcus tauri OTH95			Green Algae	12.456 MB	20	Finished	7X	JGI, Laboratoire Arago, France		
23	Phaeocystis antarctica						Finished		JGI		
24	Phaeocystis globosa						Finished		JGI		
25	Phaeodactylum tricornutum						Finished		JGI		
26	Porphyra purpurea ESTs						Proposed		JGI		
27	Porphyra umbilicalis						Finished		JGI		
28	Pseudo-nitzschia multiseriis CLN-47						Finished		JGI		
29	Symbiodinium sp KB8						Proposed		JGI		
30	Symbiodinium sp Mf1.05b.01AB						Proposed		JGI		
31	Thalassiosira pseudonana CCMP 1335						Finished		JGI		
32	Volvox carteri f. nagariensis			Green Algae	130 MB	1	Finished	8X	JGI, Institute of edible fungi, Shanghai academy of agricultural sciences		

출처 : NCBI(14종), DOE-JGI(65개 프로젝트 진행중)



### 3. 2010년 10월 현재 Genome Project 진행, 완료 현황

#### Marine

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00004	<i>Methanocaldococcus jannaschii</i> DSM 2661	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00011	<i>Archaeoglobus fulgidus</i> VC-16, DSM 4304	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00013	<i>Aquifex aeolicus</i> VF5	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hot spring	Complete
Gc00014	<i>Pyrococcus horikoshii</i> OT3	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00022	<i>Aeropyrum pernix</i> K1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Coastal, Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00023	<i>Thermotoga maritima</i> MSB8	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00042	<i>Thermoplasma volcanium</i> GSS1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Solfataric field, Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00053	<i>Pyrococcus abyssi</i> GE5	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Deep sea, Marine	Complete
Gc00056	<i>Caulobacter crescentus</i> CB15	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil, Marine, Fresh water	Complete
Gc00075	<i>Pyrobaculum aerophilum</i> IM2	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00078	<i>Pyrococcus furiosus</i> DSM 3638	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00080	<i>Methanopyrus kandleri</i> AV19	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00084	<i>Methanosarcina acetivorans</i> C2A	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Oil fields, Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00141	<i>Rhodospirellula baltica</i> SH 1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00149	<i>Prochlorococcus marinus marinus</i> CCMP1375	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00150	<i>Prochlorococcus</i> sp. WH8102	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00151	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9313	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00152	<i>Prochlorococcus marinus pastoris</i> CCMP1986	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00162	<i>Nanoarchaeum equitans</i> Kin4-M	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00207	<i>Desulfotalea psychrophila</i> LSv54	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Complete
Gc00223	<i>Thalassiosira pseudonana</i> CCMP 1335	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00227	<i>Photobacterium profundum</i> SS9	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00231	<i>Haloarcula marismortui</i> ATCC 43049	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00236	<i>Idiomarina loihiensis</i> L2TR	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00237	<i>Geobacillus kaustophilus</i> HTA426	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine Deep sea	Complete
Gc00279	<i>Candidatus Pelagibacter ubique</i> SAR11 HTCC1062	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00289	<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i> TAC125	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Complete
Gc00290	<i>Prochlorococcus marinus</i> NATL2A	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00304	<i>Nitrosococcus oceani</i> C-107, ATCC 19707	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00306	<i>Pelobacter carbinolicus</i> DSM 2380	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sludge, Marine Fresh water	Complete
Gc00311	<i>Prochlorococcus</i> sp. CC9902	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Complete
Gc00313	<i>Prochlorococcus</i> sp. CC9605	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00316	<i>Thiomicrospira crunogena</i> XCL-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc00317	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9312	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00328	<i>Sulfurimonas denitrificans</i> DSM 1251	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud, Marine	Complete
Gc00339	<i>Erythrobacter litoralis</i> HTCC2594	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00354	<i>Jannaschia</i> sp. CCS1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00369	<i>Shewanella denitrificans</i> OS217	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00384	<i>Sphingopyxis alaskensis</i> RB2256	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00386	<i>Ruegeria</i> sp. TM1040	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00398	<i>Trichodesmium erythraeum</i> IMS101	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00411	<i>Alcanivorax borkumensis</i> SK2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00415	<i>Shewanella</i> sp. MR-7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00416	<i>Prochlorococcus</i> sp. CC9311	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00421	<i>Shewanella</i> sp. MR-4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00426	<i>Shewanella frigidimarina</i> NCIMB 400	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00428	<i>Hyphomonas neptunium</i> ATCC 15444	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00457	<i>Gramella forsetii</i> KT0803	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00458	<i>Magnetococcus</i> sp. MC-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00467	<i>Pelobacter propionicus</i> DSM 2379	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Complete
Gc00468	<i>Candidatus Ruthia magnifica</i> Cm	BACTERIAL	Genome-Uncultured	Marine, Hydrothermal vent, Host, Endosymbiont	Complete
Gc00478	<i>Psychromonas ingrahamii</i> 37	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc00483	<i>Shewanella</i> sp. W3-18-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Deep sea	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00493	<i>Cenarchaeum symbiosum A</i>	ARCHAEAL	Genome-Uncultured	Marine, Host, Coastal	Complete
Gc00496	<i>Prochlorococcus marinus MIT 9515</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Complete
Gc00497	<i>Prochlorococcus marinus AS9601</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00498	<i>Prochlorococcus marinus MIT 9303</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00499	<i>Prochlorococcus marinus NATLIA</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00500	<i>Hyperthermus butylicus DSM 5456</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00504	<i>Marinobacter aquaeolei VT8</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00511	<i>Staphylothermus marinus F1, DSM 3639</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00512	<i>Methanoculleus marisnigri JR1, DSM 1498</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00513	<i>Shewanella baltica OS155</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00523	<i>Prochlorococcus marinus MIT 9301</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00524	<i>Shewanella loihica PV-4</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00539	<i>Salinispora tropica CNB-440</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00565	<i>Synechococcus sp. RCC307</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00566	<i>Prochlorococcus sp. WH 7803</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00575	<i>Roseiflexus sp. RS-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hot spring	Complete
Gc00576	<i>Psychrobacter sp. PRwf-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil, Marine, Permafrost sediment	Complete
Gc00582	<i>Thermosipho melanesiensis BI429</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00588	<i>Methanococcus vannielii SB</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Mud, Marine	Complete
Gc00589	<i>Methanococcus aeolicus Nankai-3</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Complete
Gc00591	<i>Methanococcus maripaludis C7</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Complete
Gc00592	<i>Ostreococcus lucimarinus CCE9901</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc00612	<i>Marinomonas sp. MWYL1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00614	<i>Shewanella baltica OS185</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00619	<i>Nitratiruptor sp. SB155-2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc00620	<i>Sulfurovum sp. NBC37-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc00636	<i>Ignicoccus hospitalis KIN4/I, DSM 18386</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	Complete
Gc00637	<i>Vibrio harveyi BB120, ATCC BAA-1116</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00646	<i>Shewanella sediminis HAW-EB3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Complete
Gc00650	<i>Roseiflexus castenholzii HLO8, DSM 13941</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hot spring	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00651	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9215	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00657	<i>Arcobacter butzleri</i> RM4018	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Host, Fresh water	Complete
Gc00667	<i>Acaryochloris marina</i> MBIC11017	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00673	<i>Salinispora arenicola</i> CNS-205	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Fresh water	Complete
Gc00679	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9211	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00681	<i>Shewanella baltica</i> OS195	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00684	<i>Petrotoga mobilis</i> SJ95	BACTERIAL	Genome-Isolate	Oil fields, Marine	Complete
Gc00720	<i>Shewanella halifaxensis</i> HAW-EB4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Complete
Gc00745	<i>Shewanella woodyi</i> MS32, ATCC 51908	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00746	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7002	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud, Marine	Complete
Gc00769	<i>Kocuria rhizophila</i> DC2201	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Host	Complete
Gc00799	<i>Clostridium botulinum</i> B Eklund 17B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Food	Complete
Gc00816	<i>Chlorobium phaeobacteroides</i> BS1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00834	<i>Pelodictyon phaeoclathratiforme</i> BU-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Complete
Gc00846	<i>Alteromonas macleodii</i> Deep ecotype, DSM 17117	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc00884	<i>Shewanella piezotolerans</i> WP3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Deep sea	Complete
Gc00902	<i>Shewanella baltica</i> OS223	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00938	<i>Persephonella marina</i> EX-H1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00939	<i>Caulobacter crescentus</i> NA1000	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil, Marine, Fresh water	Complete
Gc00960	<i>Branchiostoma floridae</i> S238N-H82	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00980	<i>Rhodococcus erythropolis</i> PR4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00983	<i>Clostridium botulinum</i> A2 Kyoto-F	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Food	Complete
Gc01042	<i>Kytococcus sedentarius</i> 541, DSM 20547	BACTERIAL	Genome-Isolate	Skin microflora, Marine	Complete
Gc01064	<i>Hirschia baltica</i> ATCC 49814	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01097	<i>Kangiella koreensis</i> SW-125, DSM 16069	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01098	<i>Methanocaldococcus fervens</i> AG86	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc01113	<i>Robiginitalea biformata</i> HTCC2501	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01124	<i>Methanocaldococcus vulcanius</i> M7, DSM 12094	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc01135	<i>Haliangium ochraceum</i> SMP-2, DSM 14365	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sand, Marine, Coastal	Complete
Gc01137	<i>Vibrio</i> sp. Ex25	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc01147	<i>Rhodothermus marinus</i> R-10, DSM 4252	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring, Marine	Complete
Gc01188	<i>Archaeoglobus profundus</i> Av18, DSM 5631	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc01212	<i>Methanocaldococcus</i> sp. FS406-22	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc01221	<i>Aciduliprofundum boonei</i> T469	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc01239	<i>Nitrosococcus halophilus</i> Nc4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01249	<i>Denitrovibrio acetiphilus</i> N2460, DSM 12809	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Complete
Gc01254	<i>Candidatus Puniceispirillum marinum</i> IMCC1322	BACTERIAL	Genome-Uncultured	Marine	Complete
Gc01256	<i>Coralimargarita akajimensis</i> DSM 45221	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01319	<i>Nitrosococcus watsoni</i> C-113	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01328	<i>Planctomyces limnophilus</i> Mu 290, DSM 3776	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Complete
Gc01338	<i>Croceibacter atlanticus</i> HTCC2559	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01344	<i>Methanocaldococcus infernus</i> ME	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gc01373	<i>Sulfurimonas autotrophica</i> OK10, DSM 16294	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Complete
Gc01376	<i>Spirochaeta thermophila</i> DSM 6192	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring, Marine	Complete
Gc01378	<i>Ferrimonas balearica</i> PAT, DSM 9799	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water, Marine	Complete
Gc01400	<i>Marinobacter adhaerens</i> HP15	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01413	<i>Ilyobacter polytropus</i> CuHBu1, DSM 2926	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01429	<i>Parvularcula bermudensis</i> HTCC 2503	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01430	<i>Maribacter</i> sp. HTCC2170	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal, Fresh water, Marine	Complete
Gc01475	<i>Clostridium</i> cf. <i>saccharolyticum</i> K10	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Food	Complete
Gc01553	<i>Oceanithermus profundus</i> 506, DSM 14977	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc01563	<i>Pseudoalteromonas</i> sp. SM9913	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal, Marine	Complete
Gc01575	<i>Vibrio furnissii</i> 2510/74, NCTC 11218	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Complete
Gc01576	<i>Thermococcus barophilus</i> MP, DSM 11836	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gc01577	<i>Thermovibrio ammonificans</i> HB-1, DSM 15698	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water, Deep sea, Hydrothermal vent, Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc01599	<i>Desulfobulbus propionicus</i> 1pr3, DSM 2032	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Fresh water	Complete
Gc01661	<i>Shewanella baltica</i> OS678	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01664	<i>Spirochaeta</i> sp. Buddy	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring, Marine	Complete
Gc01670	<i>Syntrophobotulus glycolicus</i> FIGlyR, DSM 8271	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water, Sludge, Marine	Complete
Gc01671	<i>Desulfurobacterium thermolithotrophum</i> BSA, DSM 11699	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01673	<i>Pedobacter saltans</i> Stey 113, DSM 12145	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01674	<i>Planctomyces brasiliensis</i> IFAM 1448, DSM 5305	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water, Marine	Complete
Gi00344	<i>Magnetospirillum magnetotacticum</i> MS-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Fresh water	Draft
Gi00498	<i>Pyrolobus fumarii</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea, Hydrothermal vent	Complete
Gi00831	<i>Idiomarina baltica</i> OS145	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00832	<i>Agreia</i> sp. PHSC20C1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00834	<i>Bacillus</i> sp. NRRL B-14911	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00835	<i>Blastopirellula marina</i> SH 106T, DSM 3645	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water,, Marine	Draft
Gi00836	<i>Candidatus Pelagibacter ubique</i> SAR11 HTCC1002	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00837	<i>Dokdonia donghaensis</i> MED134	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00841	<i>Erythrobacter</i> sp. NAP1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00843	<i>Leeuwenhoekiella blandensis</i> MED217	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00844	<i>Fulvimarina pelagi</i> HTCC2506	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00845	<i>Gloeotheca</i> sp PCC 6909	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00846	<i>Janibacter</i> sp. HTCC2649	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00847	<i>Lentisphaera araneosa</i> HTCC2155	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi00849	<i>Lyngbya</i> sp. CCY 8106	BACTERIAL	Genome-Isolate	Salt marsh, Marine, Fresh water	Draft
Gi00850	<i>Loktanella vestfoldensis</i> SKA53	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00851	<i>Marinobacter</i> sp. FO2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00852	<i>Marinomonas</i> sp. MED121	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00853	<i>Microscilla marina</i> ATCC 23134	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00854	<i>Moritella</i> sp. PE36	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea, Marine	Draft
Gi00855	<i>Nitrobacter</i> sp. Nb-311A	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Soil, Marine, Fresh water	Draft
Gi00856	<i>Nitrococcus mobilis</i> Nb-231	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi00857	<i>Nitrosococcus oceani</i> AFC27	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Complete
Gi00858	<i>Nitrosomonas</i> sp 17	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00859	<i>Nitrospira marina</i> Nb-295	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	
Gi00860	<i>Nitrospina gracilis</i> Nb-211	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	
Gi00861	<i>Nodularia spumigena</i> CCY9414	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00862	<i>Oceanicola batsensis</i> HTCC2597	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00863	<i>Oceanicola granulosus</i> HTCC2516	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00864	<i>Oceanicaulis alexandrii</i> HTCC2633	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00865	<i>Bermanella marisrubri</i> RED65	BACTERIAL	Genome-Isolate	Red Sea, Marine	Draft
Gi00866	<i>Neptuniibacter caesariensis</i> MED92	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00867	<i>Oligobacter</i> sp SKA48	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00869	<i>Photobacterium profundum</i> 3TCK	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00870	<i>Photobacterium</i> sp. SKA34	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00871	<i>Polaribacter irgensii</i> 23-P	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00877	<i>Psychroflexus torquis</i> ATCC 700755	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00878	<i>Psychromonas</i> sp. CNPT3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea, Marine	Draft
Gi00879	<i>Reinekea</i> sp. MED297	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00881	<i>Roseobacter</i> sp. MED193	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00882	<i>Pelagibaca bermudensis</i> HTCC2601	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00883	<i>Roseovarius</i> sp. 217	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Draft
Gi00884	<i>Roseovarius nubinhibens</i> ISM	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00885	<i>Shewanella benthica</i> KT99, PT99	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Draft
Gi00886	<i>Sphingomonas</i> sp. SKA58	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00888	<i>Sulfitobacter</i> sp. EE-36	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00889	<i>Sulfitobacter</i> sp. NAS-14.1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00890	<i>Synechococcus</i> sp. WH7805	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00891	<i>Synechococcus</i> sp. WH5701	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00892	<i>Synechococcus</i> sp. RS9917	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Draft
Gi00893	<i>Synechococcus</i> sp. RS9916	BACTERIAL	Genome-Isolate	Red Sea, Marine	Draft
Gi00894	<i>Synechococcus</i> sp. MITS9220	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00895	<i>Synechococcus</i> sp. BL107	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00896	<i>Polaribacter</i> sp. MED152	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00897	<i>Trichodesmium thiebautii</i> II-3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	
Gi00898	<i>Flavobacteria</i> sp. BBFL7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00899	<i>Maritimibacter alkaliphilus</i> HTCC2654	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi00901	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2083	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi00902	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2207	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi00903	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2143	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi00905	<i>Congregibacter litoralis</i> KT71	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00906	<i>Mariprofundus ferrooxydans</i> PV-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00907	<i>Aurantimonas manganooxydans</i> SJ85-9A1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00908	<i>Vibrio alginolyticus</i> 12G01	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00909	<i>Photobacterium angustum</i> S14	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Complete
Gi00910	<i>Vibrio campbellii</i> AND4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00911	<i>Vibrio splendidus</i> 12B01	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi00912	<i>Vibrio</i> sp. MED222	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00913	<i>Methanogenium frigidum</i> Ace-2 (=SMCC459W)	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01129	<i>Vibrio harveyi</i> ATCC BAA-1116	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01148	<i>Crocospaera watsonii</i> WH0002	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01149	<i>Planctomyces maris</i> DSM 8797	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01152	<i>Vibrio cholerae</i> RC385	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Draft
Gi01399	<i>Acaryochloris</i> sp. CCMEE 5410	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01400	<i>Alcanivorax</i> sp. DG881	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01401	<i>Candidatus Arcobacter sulfidicus</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	
Gi01402	<i>Bacillus</i> sp. B14905	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi01403	<i>Bacillus</i> sp. SG-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Draft
Gi01404	<i>Beggiatoa</i> sp. Orange Guaymas	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent	
Gi01405	<i>Brevundimonas</i> sp. BAL3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01406	<i>Carboxydibrachium pacificum</i> JM, DSM 12653	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01407	<i>Caminibacter mediatlanticus</i> TB-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01408	<i>Carnobacterium</i> sp. AT7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01409	<i>Cyanobium</i> sp. PCC 7001	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi01410	<i>Cyanothece</i> sp. CCY 0110	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01411	<i>Dehalobium chlorocoercia</i> DF-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01412	<i>Erythrobacter</i> sp. SD-21	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	Draft
Gi01413	<i>Vibrio shilonii</i> AK1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01414	<i>Algoriphagus</i> sp. PR1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi01415	<i>Hoeflea phototrophica</i> DFL-43	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft





Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi01417	<i>Kordia algicida</i> OT-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01418	<i>Limnobacter</i> sp. MED105	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi01419	<i>Marinitoga piezophila</i> KA3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea, Hydrothermal vent	Draft
Gi01420	<i>Marinobacter algicola</i> DG893	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Host	Draft
Gi01421	<i>Marinobacter</i> sp. ELB17	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01422	<i>Methylophaga thiooxydans</i> DMS010	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01423	<i>Microcoleus chthonoplastes</i> PCC 7420	BACTERIAL	Genome-Isolate	Salt marsh, Marine	Draft
Gi01424	<i>Flavobacteriales</i> sp. ALC-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01425	<i>Verrucomicrobiales</i> sp. DG1235	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01426	<i>Campylobacteriales</i> sp. GD 1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01427	Marine gamma proteobacterium sp. HTCC2080	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01429	gamma proteobacterium sp. HTCC5015	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine, Fresh water	Draft
Gi01431	<i>Vibrionales</i> sp. SWAT-3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01432	<i>Pseudoalteromonas</i> sp. TW-7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01433	<i>Methylophilales</i> sp. HTCC2181	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water, Coastal	Complete
Gi01434	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2150	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine, Coastal	Complete
Gi01435	<i>Nisaea</i> sp. BAL199	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01437	<i>Rhodofera</i> sp. BAL47	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01438	<i>Ulvibacter</i> sp. SCB49	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Draft
Gi01439	<i>Pedobacter</i> sp. BAL39	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01440	<i>Oceanibulbus indolifex</i> HEL-45	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01442	<i>Octadecabacter antarcticus</i> 238	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Draft
Gi01443	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2255	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01444	<i>Plesiocystis pacifica</i> SIR-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01445	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT9202	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01446	<i>Pyrodictium abyssi</i> DSM 6158	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent, Deep sea	
Gi01447	<i>Aciduliprofundum boonei</i> T469	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent, Deep sea	Draft
Gi01449	<i>Roseobacter</i> sp. AzwK-3b	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01450	<i>Sulfitobacter</i> sp. GAI101	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01451	<i>Phaeobacter gallaeciensis</i> 2.10	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01452	<i>Roseobacter litoralis</i> Och 149	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01453	<i>Roseobacter</i> sp. SIO67	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi01454	<i>Loktanella sp. CCS2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01455	<i>Roseobacter sp. SK209-2-6</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01457	<i>Roseovarius sp. TM1035</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01458	<i>Sagittula stellata E-37</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01459	<i>Labrenzia alexandrii DFL-11</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01460	<i>Labrenzia aggregata IAM 12614</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01461	<i>Stenotrophomonas sp. SKA14</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01462	<i>Synechococcus sp. PCC 7335</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01463	<i>Synechococcus sp. M11.1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	
Gi01464	<i>Synechococcus sp. M16.17</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01465	<i>Thermococcus sp. AM4</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent, Deep sea	Draft
Gi01642	<i>Vibrio harveyi HY01</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Draft
Gi01643	<i>Vibrio sp. Ex25</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent, Fresh water	Draft
Gi01685	<i>Vibrio parahaemolyticus 16</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01686	<i>Phaeobacter gallaeciensis BS107</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01687	<i>Calothrix sp. SC01</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01692	<i>Pseudovibrio sp. JE062</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Host	Draft
Gi01693	<i>Thioploca araucae Tha-CCL</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01694	<i>Rhodobacterales sp. Y4I</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Coastal	Draft
Gi01890	<i>Beggiatoa sp. PS</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Hydrothermal vent	Draft
Gi01918	<i>Candidatus Pelagibacter sp. HTCC 7211</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01978	<i>Candidatus Ovobacter propellens Op_Nivab3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine	
Gi01983	<i>Nautella italica R11</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01989	<i>Thioturbo danicus Td_Nivab1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01991	<i>Thiovulum majus Tm_Nivab2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi02045	<i>Methanotorris igneus Kol5</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Submarine, Marine	Complete
Gi02293	<i>Beggiatoa sp. SS</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment, Marine, Hydrothermal vent	Draft
Gi02451	<i>beta proteobacterium sp KB13</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water, Marine	Draft
Gi02464	<i>Thecamonas trahens ATCC 50062</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine, Fresh water	Complete
Gi02491	<i>Oleispira antarctica RB-8, DSM 14852</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Antarctic	
Gi02561	<i>Thermaerobacter sp. Y412MC57</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi02578	<i>Myxococcus fulvus HW-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi02604	<i>Aeromicrobium marinum</i> DSM 15272	BACTERIAL	Genome-Isolate	Host, Marine, Human oral microflora	Draft
Gi02910	<i>Archaeoglobus veneficus</i> SNP6, DSM 11195	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine, Deep sea	Complete
Gi02912	<i>Caldithrix abyssi</i> LF13, DSM 13497	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine, Hydrothermal vent, Deep sea	In progress
Gi02915	<i>Flexistipes sinusarabici</i> MAS10, DSM 4947	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi02919	<i>Methanolacinia paynteri</i> G-2000, DSM 2545	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	
Gi02933	<i>Palaeococcus ferrophilus</i> DSM 13482	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	
Gi02934	<i>Pyrolobus fumarii</i> DSM 11204	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02935	<i>Propionigenium modestum</i> Succ2, DSM 2376	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud Marine Human saliva Fresh water	
Gi02940	<i>Stygiolobus azoricus</i> FC6, DSM 6296	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	
Gi02944	<i>Thermodesulfator indicus</i> CIR 29812, DSM 15286	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02951	<i>Vulcanithermus mediatlanticus</i> TR, DSM 14978	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02953	<i>Silicibacter</i> sp. TrichCH4B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02954	<i>Silicibacter lacuscaerulensis</i> ITI-1157	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02956	<i>Prochlorococcus</i> sp. UH18301	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi02957	<i>Gamma proteobacterium</i> sp. NOR5-3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Draft
Gi02958	<i>Gamma proteobacterium</i> sp. NOR5-1B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi02959	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2148	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02960	<i>Citreicella</i> sp. SE45	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02961	<i>Synechococcus</i> sp. UW69	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi02962	<i>Synechococcus</i> sp. WH 8109	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02964	<i>Thalassiosira</i> sp. R2A62	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi03040	<i>Hippea maritima</i> MH2, DSM 10411	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi03187	<i>Alteromonas macleodii</i> ATCC 27126	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi03236	<i>Clostridium botulinum</i> E1 BoNT E Beluga	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	
Gi03249	<i>Cycloclasticus pugetii</i> PS-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	
Gi03564	<i>Ahrensia</i> sp. R2A130	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi03565	<i>marine gamma proteobacterium BB2AT2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03566	<i>Alteromonas sp. EZ55</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03567	<i>Gloeotheca sp. PCC 6909/1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi03568	<i>Loktanella sp. SE62</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi03569	<i>Nautilia lithotrophica 525</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03570	<i>Alteromonas sp. BG20</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03571	<i>Gammaproteobacteria sp. HIMB30</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi03572	<i>Gammaproteobacteria sp. HIMB55</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03573	<i>Alphaproteobacteria sp. HIMB37</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03574	<i>Pseudoalteromonas sp. Tw-2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi03575	<i>Pseudoalteromonas flavipulchra 2ta6</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi03576	<i>Pseudoalteromonas luteoviolacea 2ta16</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal Marine	In progress
Gi03577	<i>Roseibium sp. TrichSKD4</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Complete
Gi03578	<i>Roseobacter sp. R2A57</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi03579	<i>Alphaproteobacteria sp. SAR11 HIMB64</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03580	<i>Alphaproteobacteria sp. SAR11 HIMB5</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03581	<i>Alphaproteobacteria sp. SAR11 HIMB58</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03582	<i>Rickettsiales sp. HIMB114</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Draft
Gi03583	<i>Alphaproteobacteria sp. SAR11 HIMB90</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03584	<i>Sulfurospirillum sp. Am-N</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi03585	<i>Synechococcus sp. CB0205</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi03586	<i>Synechococcus sp. CB0101</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03587	<i>Synechococcus sp. RCC1020</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03588	<i>Synechococcus sp. UW1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03589	<i>Synechococcus sp. UW92</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03590	<i>Synechococcus sp. UW90</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03591	<i>Thalassospira sp. TrichSKD10</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03593	<i>Thauera aromatica 3CB2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03615	<i>Rhodobacteraceae bacterium KB2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03735	<i>Rhodobacteraceae sp. KLH11</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Draft
Gi03918	<i>Aciduliprofundum sp. MAR08</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi03919	<i>Aciduliprofundum boonei 1</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi03957	<i>Spirochaeta thermophila DSM 6578</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	In progress
Gi03971	<i>Aequorivita antarctica SW49, DSM 14231</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi03974	<i>Aquiflexum balticum BA160, DSM 16537</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi04016	<i>Echinicola vietnamensis KMM 6221, DSM 17526</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi04020	<i>Flexibacter litoralis Fx I1, DSM 6794</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi04036	<i>Clostridium botulinum D 1873</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	Draft
Gi04086	<i>Donghaeana dokdonensis DSW-6</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi04087	<i>Chondromyces crocatus KYC2823</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04169	<i>Vibrio sp. HV10</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi04179	<i>Aequorivita sublithicola QSSC9-3, DSM 14238</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi04266	<i>Vibrio sp. MV-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi04281	<i>Spirochaeta sp. Grapes</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	In progress
Gi04373	<i>Dermocarpa sp. 0006</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04374	<i>Synechococcus sp. Eum14</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04375	<i>Sulfitobacter sp. GAI-109</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	
Gi04376	<i>Rhodobacterales sp HTCC2177</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04377	<i>Salinispora arenicola CNH-643, ATCC BAA-917</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	
Gi04591	<i>Rivularia sp. PCC 7116</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi04619	<i>Pontibacter actiniarum KMM 6156, DSM 19842</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05080	<i>Pseudoalteromonas tunicata D2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05260	<i>Vibrio harveyi 1DA3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05261	<i>Vibrio alginolyticus 40B</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05262	<i>Vibrio alginolyticus VM573</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05309	<i>Vibrio alginolyticus VM223</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05310	<i>Vibrio alginolyticus MB-451</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05311	<i>Photobacterium damselae damselae CIP 102761</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05312	<i>Vibrio orientalis CIP 102891</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05313	<i>Vibrio sp. RC586</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05314	<i>Vibrio coralliilyticus ATCC BAA-450</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05315	<i>Vibrio metschnikovii CIP 69.14</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi05316	<i>Vibrio furnissii</i> CIP 102972	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05317	<i>Vibrio</i> sp. RC341	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05318	<i>Vibrio cholerae</i> CT 5369-93	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05319	<i>Vibrio cholerae</i> INDRE 91/1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05321	<i>Grimontia hollisae</i> CIP 101886	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05327	<i>Vibrio splendidus</i> M2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Complete
Gi05328	<i>Vibrio cholerae</i> G4222	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05329	<i>Mariprofundus ferrooxydans</i> M34	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi05343	<i>Mariprofundus</i> sp. GSB2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi05346	<i>Shewanella baltica</i> OS183	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05350	<i>Marinithermus hydrothermalis</i> T1, DSM 14884	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05372	<i>Labrenzia</i> sp. DG1229	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05401	<i>Phaeobacter</i> sp. LSS9	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05412	<i>Halomonas</i> sp. HTNK1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05567	<i>Vibrio cholerae</i> RC27	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05578	<i>Rhodobacteraceae</i> bacterium sp. RCA23	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05604	<i>Psychrobacter</i> sp. 1501	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil Perma frost sediment Marine	In progress
Gi05636	<i>Clostridium botulinum</i> HALLAH	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	In progress
Gi05704	<i>Arcobacter butzleri</i> JV22	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host Fresh water	Targeted
Gi05853	<i>Vibrio navarrensis</i> 08-2462	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05972	<i>Shewanella baltica</i> BA175	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05973	<i>Shewanella baltica</i> OS625	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05974	<i>Shewanella baltica</i> OS117	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi06192	<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i> ANT/505	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi06359	<i>alpha proteobacterium</i> sp. HIMB59	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi06476	<i>Thermus oshimai</i> JL-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi06544	<i>Alteromonas</i> sp. BB2AT2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal Marine	In progress
Gi06645	<i>Vibrio mimicus</i> SX-4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi06671	SAR116 cluster alpha proteobacterium sp. HIMB100	BACTERIAL	Genome-Uncultured	Marine	Draft
Gi06674	<i>Citreicella</i> sp. 357	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07103	<i>Amastigomonas</i> sp.	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine Fresh water	In progress
Gi07264	<i>Marine achaeal group 1</i> BG20	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi07278	<i>delta proteobacterium sp. anaconda</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07279	<i>Marine achaeal group 1 BD31</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi07280	<i>Desulfonema magnum Montpellier, DSM 2077</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07281	<i>Desulfosarcina variabilis Montpellier, DSM 2060</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07282	<i>Desulfonema limicola Jadebusen, DSM 2076</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07283	<i>alpha proteobacterium sp. HIMB59 HIMB5</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi07317	<i>Vibrio tubiashii NCIMB 1337</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Surface water	In progress
Gi07543	<i>gamma proteobacterium sp. IMCC2047</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine Fresh water	In progress
Gi07559	<i>Marinomonas sp. IVIA-Po-181</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi07566	<i>Salinispora pacifica CNT-148</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07567	<i>Salinispora arenicola CNS-991</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07570	<i>Salinispora pacifica CNS-960</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07571	<i>Salinispora pacifica CNT-138</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07574	<i>Salinispora pacifica CNS-863</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07575	<i>Salinispora pacifica CNT-150</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07576	<i>Salinispora pacifica CNT-133</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07593	<i>Desulfosarcina sp. BuS5</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi07619	<i>Listonella anguillarum 775</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi07620	<i>Listonella anguillarum VIB 4</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi07621	<i>Listonella anguillarum M3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi07658	<i>Marinomonas mediterranea MMB-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi07674	<i>gamma proteobacterium sp. IMCC3088</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine Fresh water	In progress
Gi07712	<i>Rhodothermus marinus SG0.5JP17-171</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	In progress
Gi07797	<i>Thauera selenatis AX</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi08206	<i>Vibrio coralliilyticus P1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08211	<i>Rhodothermus marinus SG0.5JP17-172</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi08340	<i>Alteromonas sp. SN2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08433	<i>Sulfurimonas sp. GD1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud Marine	In progress
Gi08434	<i>Alcanivorax dieselolei B5</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08488	<i>Lebetimonas sp. JS085</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi08565	<i>beta proteobacterium sp. IMCC9480</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	In progress
Gi08566	<i>beta proteobacterium sp. IMCC1989</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	In progress
Gi08594	<i>Crocospaera watsonii WH0003</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08738	<i>Candidatus Pelagibacter sp. IMCC9063</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09007	<i>Alcanivorax sp. sk2-jrc</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09039	<i>Algoriphagus sp. PR1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi09057	<i>Listonella anguillarum RV22</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi09135	<i>Marinitoga piezophila KA3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi09138	<i>Rhodopirellula baltica WH47</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09150	<i>Rhodopirellula baltica SH28</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09151	<i>Rhodopirellula baltica SWK14</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gm00002	<i>Marine microbial communities from Sargasso Sea</i>	MICROBIAL	Metagenome	Surface water Marine	Complete
Gm00005	<i>Sediment archaeal anaerobic methane oxidation (AOM) communities from Eel River Basin</i>	MICROBIAL	Metagenome	Sediment Deep sea Marine	Complete
Gm00006	<i>Marine Bacterioplankton communities from Antarctic</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Antarctic	Complete
Gm00018	<i>Marine microbial communities from Monterey Bay</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Coastal	Complete
Gm00020	<i>Marine microbial communities from Nova Scotia coast surface waters</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00031	<i>Marine microbial community from Georgetown SC saltmarsh estuary</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00032	<i>Marine oligotrophic communities from Northwestern Sargasso Sea</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00034	<i>Sediment Beggiatoa community from marine coastal samples</i>	MICROBIAL	Metagenome	Sediment Marine Coastal	Complete
Gm00050	<i>Marine microbial communities from Near-Shore Anoxic Basin of Saanich Inlet of Vancouver</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00053	<i>Marine viral communities from Chesapeake Bay</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gm00056	<i>RNA viral communities from coastal marine samples</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00057	<i>Marine microbial communities from North Atlantic deep water</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Deep sea	Complete
Gm00060	<i>Marine viral communities from Arctic Ocean environments</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00072	<i>Marine viroplankton communities from surface and estuarine waters</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00080	<i>Marine microbial communities from Global Ocean Sampling (GOS)</i>	MICROBIAL	Metagenome	Surface water Marine	Complete
Gm00087	<i>Porites compressa holobiont</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00092	<i>Marine anaerobic ammonium oxidizing (anammox) community</i>	MICROBIAL	Metagenome	Deep sea Marine	
Gm00099	<i>Marine phototrophic picoeukaryotic community</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00101	<i>Marine microbial communities from planktonic and surface waters</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00104	<i>Marine microbial communities from English Channel site L4</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00105	<i>Marine viral communities</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00112	<i>Marine microbial communities from deep sea hydrothermal vents</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Hydrothermal vent	
Gm00117	<i>Marine cyanobacterial communities from coastal water</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Coastal	
Gm00120	<i>Marine viral communities from deep-sea hydrothermal vents</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Hot spring	
Gm00124	<i>Marine Plankton communities from deep Mediterranean sea</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00127	<i>Marine Bacterioplankton communities from Sapelo Island</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Coastal	Complete
Gm00132	<i>Marine microbial communities from a Coastal Norwegian Fjord</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00137	<i>Marine viral communities from Tampa Bay</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00139	<i>Marine Roseobacter communities</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00145	<i>Marine microbial communities</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00176	<i>Marine picoplanktonic community from Hawaii Ocean Times Series Station 2 (HOT/ALOHA)</i>	MICROBIAL	Metatranscriptome	Marine	Complete
Gm00180	<i>Marine microbial communities from the Hawaiian Ocean Time-Series (HOT)</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00187	<i>Dinoflagellate-associated bacterial community from marine environments</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gm00196	<i>Marine planktonic microbial community from Bermuda Time Series BATS Station</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00205	<i>Marine microbial communities from Subarctic Pacific Ocean</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Awaiting DNA
Gm00228	<i>Marine viral communities from oceanic oxygen minimum zone</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00242	<i>Marine microbial communities from the Lost City Hydrothermal Field</i>	MICROBIAL	Metagenome	MarineHot spring	Complete
Gm00244	<i>Marine viral communities from various locations</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00245	<i>viral communities from mesophillic anaerobic digester</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00266	<i>Marine prochlorococcus surrounding microbial communities from the Hawaiian Ocean Time-Series (HOT)</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00277	<i>Marine microbial communities from the Californian Coast</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00289	<i>Marine microbial communities from Australia</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00290	<i>Marine microbial communities from Southern Ocean</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gr00105	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC8051</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00106	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC9565</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00107	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC1013</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00108	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC9022</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00115	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HIMB083</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00164	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HIMB140</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00165	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HTCC8051</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00166	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HTCC1013</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00167	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HTCC9022</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress



Deep sea

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00053	<i>Pyrococcus abyssi</i> GE5	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine	Complete
Gc00237	<i>Geobacillus kaustophilus</i> HTA426	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Deep sea	Complete
Gc00316	<i>Thiomicrospira crunogena</i> XCL-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00478	<i>Psychromonas ingrahamii</i> 37	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00483	<i>Shewanella</i> sp. W3-18-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Deep sea	Complete
Gc00592	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> CCE9901	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00619	<i>Nitratiruptor</i> sp. SB155-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc00620	<i>Sulfurovum</i> sp. NBC37-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc00846	<i>Alteromonas macleodii</i> Deep ecotype, DSM 17117	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00884	<i>Shewanella piezotolerans</i> WP3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Deep sea	Complete
Gc01098	<i>Methanocaldococcus fervens</i> AG86	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc01124	<i>Methanocaldococcus vulcanius</i> M7, DSM 12094	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc01188	<i>Archaeoglobus profundus</i> Av18, DSM 5631	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01212	<i>Methanocaldococcus</i> sp. FS406-22	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01221	<i>Aciduliprofundum boonei</i> T469	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01265	<i>Zunongwangia profunda</i> SM-A87	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Deep sea	Complete
Gc01344	<i>Methanocaldococcus infernus</i> ME	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc01361	<i>Thermosediminibacter oceani</i> JW/IW-1228P, DSM 16646	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea Soil Sediment	Complete
Gc01553	<i>Oceanithermus profundus</i> 506, DSM 14977	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01576	<i>Thermococcus barophilus</i> MP, DSM 11836	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01577	<i>Thermovibrio ammonificans</i> HB-1, DSM 15698	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Freshwater Deep sea	Complete
Ge00215	<i>Riftia pachyptila</i>	EUKARYOTIC	EST	Hydrothermal vent Deep sea	
Gi00498	<i>Pyrolobus fumarii</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gi00733	<i>Colwellia</i> sp. MT41	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water Deep sea	
Gi00854	<i>Moritella</i> sp. PE36	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine	Draft

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi00878	<i>Psychromonas</i> sp. CNPT3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine	Draft
Gi00885	<i>Shewanella benthica</i> KT99, PT99	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Draft
Gi01416	<i>Hydrogenivirga</i> sp. 128-5-R1-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hydrothermal vent Fresh water Deep sea	Draft
Gi01419	<i>Marinitoga piezophila</i> KA3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi01446	<i>Pyrodictium abyssi</i> DSM 6158	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	
Gi01447	<i>Aciduliprofundum boonei</i> T469	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi01463	<i>Synechococcus</i> sp. M11.1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	
Gi01465	<i>Thermococcus</i> sp. AM4	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi02044	<i>Methanothermococcus okinawensis</i> IH1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Fresh water Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gi02910	<i>Archaeoglobus veneficus</i> SNP6, DSM 11195	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gi02912	<i>Caldithrix abyssi</i> LF13, DSM 13497	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02933	<i>Palaeococcus ferrophilus</i> DSM 13482	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	
Gi02934	<i>Pyrolobus fumarii</i> DSM 11204	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02944	<i>Thermodesulfator indicus</i> CIR 29812, DSM 15286	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02951	<i>Vulcanithermus mediatlanticus</i> TR, DSM 14978	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi03918	<i>Aciduliprofundum</i> sp. MAR08	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi03919	<i>Aciduliprofundum boonei</i> 1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi08488	<i>Lebetimonas</i> sp. JS085	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi09135	<i>Marinitoga piezophila</i> KA3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gm00005	<i>Sediment archaeal anaerobic methane oxidation (AOM) communities from Eel River Basin</i>	MICROBIAL	Metagenome	Sediment Deep sea Marine	Complete
Gm00057	<i>Marine microbial communities from North Atlantic deep water</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Deep sea	Complete
Gm00092	<i>Marine anaerobic ammonium oxidizing (anammox) community</i>	MICROBIAL	Metagenome	Deep sea Marine	



Archaea

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00004	<i>Methanocaldococcus jannaschii</i> DSM 2661	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00011	<i>Archaeoglobus fulgidus</i> VC-16, DSM 4304	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00014	<i>Pyrococcus horikoshii</i> OT3	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00022	<i>Aeropyrum pernix</i> K1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Coastal Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00042	<i>Thermoplasma volcanium</i> GSS1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Solfataric field, Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00053	<i>Pyrococcus abyssi</i> GE5	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine	Complete
Gc00075	<i>Pyrobaculum aerophilum</i> IM2	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00078	<i>Pyrococcus furiosus</i> DSM 3638	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00080	<i>Methanopyrus kandleri</i> AV19	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00084	<i>Methanosarcina acetivorans</i> C2A	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Oil fields Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00162	<i>Nanoarchaeum equitans</i> Kin4-M	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00231	<i>Haloarcula marismortui</i> ATCC 43049	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00493	<i>Cenarchaeum symbiosum</i> A	ARCHAEAL	Genome-Uncultured	Marine Host Coastal	Complete
Gc00500	<i>Hyperthermus butylicus</i> DSM 5456	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00511	<i>Staphylothermus marinus</i> F1, DSM 3639	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00512	<i>Methanoculleus marisnigri</i> JR1, DSM 1498	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00588	<i>Methanococcus vannielii</i> SB	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Mud Marine	Complete
Gc00589	<i>Methanococcus aeolicus</i> Nankai-3	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Complete
Gc00591	<i>Methanococcus maripaludis</i> C7	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Complete
Gc00636	<i>Ignicoccus hospitalis</i> KIN4/I, DSM 18386	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc01098	<i>Methanocaldococcus fervens</i> AG86	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc01124	<i>Methanocaldococcus vulcanius</i> M7, DSM 12094	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc01188	<i>Archaeoglobus profundus</i> Av18, DSM 5631	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01212	<i>Methanocaldococcus</i> sp. FS406-22	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01221	<i>Aciduliprofundum boonei</i> T469	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc01344	<i>Methanocaldococcus infernus</i> ME	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc01576	<i>Thermococcus barophilus</i> MP, DSM 11836	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gi00498	<i>Pyrolobus fumarii</i>	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gi02044	Methanothermococcus okinawensis IH1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Fresh water Deep sea Hydrothermal vent	Complete
Gi02045	<i>Methanotorrus igneus</i> Kol5	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Submarine Marine	Complete
Gi02910	<i>Archaeoglobus veneficus</i> SNP6, DSM 11195	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
	<i>Thermococcus kodakaraensis</i> KOD1	ARCHAEAL	Genome-Isolate		Complete
	<i>Thermococcus onnurineus</i> NA1	ARCHAEAL	Genome-Isolate		Complete
Gi01447	<i>Aciduliprofundum boonei</i> T469	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi01465	<i>Thermococcus</i> sp. AM4	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi02934	<i>Pyrolobus fumarii</i> DSM 11204	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi03918	<i>Aciduliprofundum</i> sp. MAR08	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine Hydrothermal vent	In progress
Gi03919	<i>Aciduliprofundum boonei</i> 1	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi07264	Marine achaeal group 1 BG20	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi07279	Marine achaeal group 1 BD31	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi00913	<i>Methanogenium frigidum</i> Ace-2 (=SMCC459W)	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01446	<i>Pyrodictium abyssi</i> DSM 6158	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	
Gi02919	<i>Methanolacinia paynteri</i> G-2000, DSM 2545	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	
Gi02933	<i>Palaeococcus ferrophilus</i> DSM 13482	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	
Gi02940	<i>Stygiolobus azoricus</i> FC6, DSM 6296	ARCHAEAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	





*Bacteria*

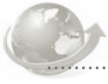
Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi03971	<i>Aequorivita antarctica</i> SW49, DSM 14231	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi05329	<i>Mariprofundus ferrooxydans</i> M34	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi05343	<i>Mariprofundus</i> sp. GSB2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gi07566	<i>Salinispora pacifica</i> CNT-148	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07567	<i>Salinispora arenicola</i> CNS-991	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07570	<i>Salinispora pacifica</i> CNS-960	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07571	<i>Salinispora pacifica</i> CNT-138	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07574	<i>Salinispora pacifica</i> CNS-863	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07575	<i>Salinispora pacifica</i> CNT-150	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07576	<i>Salinispora pacifica</i> CNT-133	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Awaiting DNA
Gi07593	<i>Desulfosarcina</i> sp. BuS5	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Awaiting DNA
Gc00013	<i>Aquifex aeolicus</i> VF5	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	Complete
Gc00023	<i>Thermotoga maritima</i> MSB8	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00056	<i>Caulobacter crescentus</i> CB15	BACTERIAL	Genome-Isolate	SoilMarine Fresh water	Complete
Gc00141	<i>Rhodopirellula baltica</i> SH 1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00149	<i>Prochlorococcus marinus marinus</i> CCMP1375	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00150	<i>Prochlorococcus</i> sp. WH8102	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00151	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9313	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00152	<i>Prochlorococcus marinus pastoris</i> CCMP1986	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00207	<i>Desulfotalea psychrophila</i> LSv54	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Complete
Gc00227	<i>Photobacterium profundum</i> SS9	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00236	<i>Idiomarina loihiensis</i> L2TR	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00237	<i>Geobacillus kaustophilus</i> HTA426	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Deep sea	Complete
Gc00279	<i>Candidatus Pelagibacter ubique</i> SAR11 HTCC1062	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00289	<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i> TAC125	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Complete
Gc00290	<i>Prochlorococcus marinus</i> NATL2A	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00304	<i>Nitrosococcus oceani</i> C-107, ATCC 19707	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00306	<i>Pelobacter carbinolicus</i> DSM 2380	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sludge Marine Fresh water	Complete
Gc00311	<i>Prochlorococcus</i> sp. CC9902	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Complete
Gc00313	<i>Prochlorococcus</i> sp. CC9605	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00316	<i>Thiomicrospira crunogena</i> XCL-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00317	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9312	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00328	<i>Sulfurimonas denitrificans</i> DSM 1251	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud Marine	Complete
Gc00339	<i>Erythrobacter litoralis</i> HTCC2594	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00354	<i>Jannaschia</i> sp. CCS1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00369	<i>Shewanella denitrificans</i> OS217	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00384	<i>Sphingopyxis alaskensis</i> RB2256	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00386	<i>Ruegeria</i> sp. TM1040	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00398	<i>Trichodesmium erythraeum</i> IMS101	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00411	<i>Alcanivorax borkumensis</i> SK2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00415	<i>Shewanella</i> sp. MR-7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00416	<i>Prochlorococcus</i> sp. CC9311	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00421	<i>Shewanella</i> sp. MR-4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00426	<i>Shewanella frigidimarina</i> NCIMB 400	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00428	<i>Hyphomonas neptunium</i> ATCC 15444	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00457	<i>Gramella forsetii</i> KT0803	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00458	<i>Magnetococcus</i> sp. MC-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00467	<i>Pelobacter propionicus</i> DSM 2379	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Complete
Gc00468	<i>Candidatus Ruthia magnifica</i> Cm	BACTERIAL	Genome-Uncultured	Marine Hydrothermal vent Host Endosymbiont	Complete
Gc00478	<i>Psychromonas ingrahamii</i> 37	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00483	<i>Shewanella</i> sp. W3-18-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Deep sea	Complete
Gc00496	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9515	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Complete
Gc00497	<i>Prochlorococcus marinus</i> AS9601	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00498	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9303	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00499	<i>Prochlorococcus marinus</i> NATLIA	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00504	<i>Marinobacter aquaeolei</i> VT8	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00513	<i>Shewanella baltica</i> OS155	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00523	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9301	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00524	<i>Shewanella loihica</i> PV-4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00539	<i>Salinispora tropica</i> CNB-440	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00565	<i>Synechococcus</i> sp. RCC307	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00566	<i>Prochlorococcus</i> sp. WH 7803	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00575	<i>Roseiflexus</i> sp. RS-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	Complete
Gc00576	<i>Psychrobacter</i> sp. PRwf-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil Permafrost sediment Marine	Complete
Gc00582	<i>Thermosiphon melanesiensis</i> BI429	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	Complete
Gc00612	<i>Marinomonas</i> sp. MWYL1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00614	<i>Shewanella baltica</i> OS185	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00619	<i>Nitratiruptor</i> sp. SB155-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc00620	<i>Sulfurovum</i> sp. NBC37-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc00637	<i>Vibrio harveyi</i> BB120, ATCC BAA-1116	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00646	<i>Shewanella sediminis</i> HAW-EB3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Complete
Gc00650	<i>Roseiflexus castenholzii</i> HLO8, DSM 13941	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	Complete
Gc00651	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9215	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00657	<i>Arcobacter butzleri</i> RM4018	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host Fresh water	Complete
Gc00667	<i>Acaryochloris marina</i> MBIC11017	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00673	<i>Salinispora arenicola</i> CNS-205	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Complete
Gc00679	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT 9211	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00681	<i>Shewanella baltica</i> OS195	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00684	<i>Petrogona mobilis</i> SJ95	BACTERIAL	Genome-Isolate	Oil fields Marine	Complete
Gc00720	<i>Shewanella halifaxensis</i> HAW-EB4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Complete
Gc00745	<i>Shewanella woodyi</i> MS32, ATCC 51908	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00746	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7002	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud Marine	Complete
Gc00769	<i>Kocuria rhizophila</i> DC2201	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Complete
Gc00799	<i>Clostridium botulinum</i> B Eklund 17B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	Complete
Gc00816	<i>Chlorobium phaeobacteroides</i> BS1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00834	<i>Pelodictyon phaeoclathratiforme</i> BU-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Complete
Gc00846	<i>Alteromonas macleodii</i> Deep ecotype, DSM 17117	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Complete
Gc00884	<i>Shewanella piezotolerans</i> WP3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Deep sea	Complete
Gc00902	<i>Shewanella baltica</i> OS223	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc00938	<i>Persephonella marina</i> EX-H1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00939	<i>Caulobacter crescentus</i> NA1000	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil Marine Fresh water	Complete
Gc00980	<i>Rhodococcus erythropolis</i> PR4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00983	<i>Clostridium botulinum</i> A2 Kyoto-F	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	Complete
Gc01042	<i>Kytococcus sedentarius</i> 541, DSM 20547	BACTERIAL	Genome-Isolate	Skin microflora Marine	Complete
Gc01064	<i>Hirschia baltica</i> ATCC 49814	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01097	<i>Kangiella koreensis</i> SW-125, DSM 16069	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01113	<i>Robiginitalea biformata</i> HTCC2501	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01135	<i>Haliangium ochraceum</i> SMP-2, DSM 14365	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sand Marine Coastal	Complete
Gc01137	<i>Vibrio</i> sp. Ex25	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01147	<i>Rhodothermus marinus</i> R-10, DSM 4252	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	Complete
Gc01239	<i>Nitrosococcus halophilus</i> Nc4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01249	<i>Denitrovibrio acetiphilus</i> N2460, DSM 12809	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Complete
Gc01254	<i>Candidatus Puniceispirillum marinum</i> IMCC1322	BACTERIAL	Genome-Uncultured	Marine	Complete
Gc01256	<i>Coraliomargarita akajimensis</i> DSM 45221	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01265	<i>Zunongwangia profunda</i> SM-A87	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Deep sea	Complete
Gc01319	<i>Nitrosococcus watsoni</i> C-113	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01328	<i>Planctomyces limnophilus</i> Mu 290, DSM 3776	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Complete
Gc01338	<i>Croceibacter atlanticus</i> HTCC2559	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01361	<i>Thermosediminibacter oceanus</i> JW/IW-1228P, DSM 16646	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea Soil Sediment	Complete
Gc01373	<i>Sulfurimonas autotrophica</i> OK10, DSM 16294	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Complete
Gc01376	<i>Spirochaeta thermophila</i> DSM 6192	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	Complete
Gc01378	<i>Ferrimonas balearica</i> PAT, DSM 9799	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water Marine	Complete
Gc01400	<i>Marinobacter adhaerens</i> HP15	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01413	<i>Ilyobacter polytropus</i> CuHBu1, DSM 2926	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01429	<i>Parvularcula bermudensis</i> HTCC 2503	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01430	<i>Maribacter</i> sp. HTCC2170	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal Fresh water Marine	Complete
Gc01475	<i>Clostridium</i> cf. <i>saccharolyticum</i> K10	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gc01553	<i>Oceanithermus profundus</i> 506, DSM 14977	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Complete
Gc01563	<i>Pseudoalteromonas</i> sp. SM9913	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal Marine	Complete
Gc01575	<i>Vibrio furnissii</i> 2510/74, NCTC 11218	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Complete
Gc01577	<i>Thermovibrio ammonificans</i> HB-1, DSM 15698	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Fresh water Deep sea	Complete
Gc01599	<i>Desulfobulbus propionicus</i> 1pr3, DSM 2032	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Complete
Gc01661	<i>Shewanella baltica</i> OS678	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01664	<i>Spirochaeta</i> sp. Buddy	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	Complete
Gc01670	<i>Syntrophobotulus glycolicus</i> FIGlyR, DSM 8271	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water Sludge Marine	Complete
Gc01671	<i>Desulfurobacterium thermolithotrophum</i> BSA, DSM 11699	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01673	<i>Pedobacter saltans</i> Stey 113, DSM 12145	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc01674	<i>Planctomyces brasiliensis</i> IFAM 1448, DSM 5305	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water Marine	Complete
Gi00857	<i>Nitrosococcus oceani</i> AFC27	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Complete
Gi00870	<i>Photobacterium</i> sp. SKA34	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00882	<i>Pelagibaca bermudensis</i> HTCC2601	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00899	<i>Maritimibacter alkaliphilus</i> HTCC2654	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00907	<i>Aurantimonas manganoxydans</i> S185-9A1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00909	<i>Photobacterium angustum</i> S14	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Complete
Gi01409	<i>Cyanobium</i> sp. PCC 7001	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi01414	<i>Algoriphagus</i> sp. PR1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi01433	<i>Methylophilales</i> sp. HTCC2181	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water Fresh water Coastal	Complete
Gi01434	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2150	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine Coastal	Complete
Gi03040	<i>Hippea maritima</i> MH2, DSM 10411	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi03564	<i>Ahrensia</i> sp. R2A130	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi03577	<i>Roseibium</i> sp. TrichSKD4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Complete
Gi03974	<i>Aquiflexum balticum</i> BA160, DSM 16537	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi04086	<i>Donghaeana dokdonensis</i> DSW-6	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05080	<i>Pseudoalteromonas tunicata</i> D2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05327	<i>Vibrio splendidus</i> M2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Complete

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi05346	<i>Shewanella baltica</i> OS183	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05350	<i>Marinithermus hydrothermalis</i> T1, DSM 14884	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi05972	<i>Shewanella baltica</i> BA175	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi07559	<i>Marinomonas</i> sp. IVIA-Po-181	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi07658	<i>Marinomonas mediterranea</i> MMB-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi08211	<i>Rhodothermus marinus</i> SG0.5JP17-172	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	Complete
Gi09039	<i>Algoriphagus</i> sp. PR1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi00344	<i>Magnetospirillum magnetotacticum</i> MS-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	Draft
Gi00831	<i>Idiomarina baltica</i> OS145	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00832	<i>Agreia</i> sp. PHSC20C1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00834	<i>Bacillus</i> sp. NRRL B-14911	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00835	<i>Blastopirellula marina</i> SH 106T, DSM 3645	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00836	<i>Candidatus Pelagibacter ubique</i> SAR11 HTCC1002	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00837	<i>Dokdonia donghaensis</i> MED134	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00841	<i>Erythrobacter</i> sp. NAP1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00843	<i>Leeuwenhoekiella blandensis</i> MED217	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00844	<i>Fulvimarina pelagi</i> HTCC2506	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00846	<i>Janibacter</i> sp. HTCC2649	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00847	<i>Lentisphaera araneosa</i> HTCC2155	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi00849	<i>Lyngbya</i> sp. CCY 8106	BACTERIAL	Genome-Isolate	Salt marsh Marine Fresh water	Draft
Gi00850	<i>Loktanelia vestfoldensis</i> SKA53	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00852	<i>Marinomonas</i> sp. MED121	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00853	<i>Microscilla marina</i> ATCC 23134	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00854	<i>Moritella</i> sp. PE36	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine	Draft
Gi00855	<i>Nitrobacter</i> sp. Nb-311A	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Soil Marine Fresh water	Draft
Gi00856	<i>Nitrococcus mobilis</i> Nb-231	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00861	<i>Nodularia spumigena</i> CCY9414	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00862	<i>Oceanicola batsensis</i> HTCC2597	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00863	<i>Oceanicola granulosus</i> HTCC2516	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00864	<i>Oceanicaulis alexandrii</i> HTCC2633	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00865	<i>Bermanella marisrubri</i> RED65	BACTERIAL	Genome-Isolate	Red Sea Marine	Draft



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi00866	<i>Neptuniibacter caesariensis</i> MED92	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00869	<i>Photobacterium profundum</i> 3TCK	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00871	<i>Polaribacter irgensii</i> 23-P	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00877	<i>Psychroflexus torquis</i> ATCC 700755	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00878	<i>Psychromonas</i> sp. CNPT3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Deep sea Marine	Draft
Gi00879	<i>Reinekea</i> sp. MED297	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00881	<i>Roseobacter</i> sp. MED193	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00883	<i>Roseovarius</i> sp. 217	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Draft
Gi00884	<i>Roseovarius nubinhibens</i> ISM	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00885	<i>Shewanella benthica</i> KT99, PT99	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	Draft
Gi00886	<i>Sphingomonas</i> sp. SKA58	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00888	<i>Sulfitobacter</i> sp. EE-36	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00889	<i>Sulfitobacter</i> sp. NAS-14.1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00890	<i>Synechococcus</i> sp. WH7805	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00891	<i>Synechococcus</i> sp. WH5701	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00892	<i>Synechococcus</i> sp. RS9917	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Draft
Gi00893	<i>Synechococcus</i> sp. RS9916	BACTERIAL	Genome-Isolate	Red Sea Marine	Draft
Gi00895	<i>Synechococcus</i> sp. BL107	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00896	<i>Polaribacter</i> sp. MED152	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00898	<i>Flavobacteria</i> sp. BBFL7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00901	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2083	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi00902	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2207	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi00903	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2143	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi00905	<i>Congregibacter litoralis</i> KT71	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00906	<i>Mariprofundus ferrooxydans</i> PV-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00908	<i>Vibrio alginolyticus</i> 12G01	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00910	<i>Vibrio campbellii</i> AND4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi00911	<i>Vibrio splendidus</i> 12B01	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi00912	<i>Vibrio</i> sp. MED222	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01149	<i>Planctomyces maris</i> DSM 8797	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01152	<i>Vibrio cholerae</i> RC385	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Draft
Gi01400	<i>Alcanivorax</i> sp. DG881	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01402	<i>Bacillus</i> sp. B14905	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi01403	<i>Bacillus</i> sp. SG-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Draft
Gi01405	<i>Brevundimonas</i> sp. BAL3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft

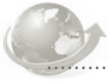


Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi01406	<i>Carboxydibrachium pacificum</i> JM, DSM 12653	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01407	<i>Caminibacter mediatlanticus</i> TB-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01408	<i>Carnobacterium</i> sp. AT7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01410	<i>Cyanothece</i> sp. CCY 0110	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01412	<i>Erythrobacter</i> sp, SD-21	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Draft
Gi01413	<i>Vibrio shilonii</i> AK1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01415	<i>Hoeflea phototrophica</i> DFL-43	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01416	<i>Hydrogenivirga</i> sp. 128-5-R1-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hydrothermal vent Fresh water Deep sea	Draft
Gi01417	<i>Kordia algicida</i> OT-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01418	<i>Limnobacter</i> sp. MED105	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi01419	<i>Marinitoga piezophila</i> KA3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi01420	<i>Marinobacter algicola</i> DG893	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Draft
Gi01421	<i>Marinobacter</i> sp. ELB17	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01422	<i>Methylophaga thiooxydans</i> DMS010	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01423	<i>Microcoleus chthonoplastes</i> PCC 7420	BACTERIAL	Genome-Isolate	Salt marsh Marine	Draft
Gi01424	<i>Flavobacteriales</i> sp. ALC-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01425	<i>Verrucomicrobiales</i> sp. DG1235	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01426	<i>Campylobacterales</i> sp. GD 1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01427	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2080	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01429	<i>gamma proteobacterium</i> sp. HTCC5015	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine Fresh water	Draft
Gi01431	<i>Vibrionales</i> sp. SWAT-3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01432	<i>Pseudoalteromonas</i> sp. TW-7	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01435	<i>Nisaea</i> sp. BAL199	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01438	<i>Ulvibacter</i> sp. SCB49	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Draft
Gi01439	<i>Pedobacter</i> sp. BAL39	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01440	<i>Oceanibulbus indolifex</i> HEL-45	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01442	<i>Octadecabacter antarcticus</i> 238	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Draft
Gi01443	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2255	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01444	<i>Plesiocystis pacifica</i> SIR-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01445	<i>Prochlorococcus marinus</i> MIT9202	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01449	<i>Roseobacter</i> sp. AzwK-3b	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01450	<i>Sulfitobacter</i> sp. GAI101	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01451	<i>Phaeobacter gallaeciensis</i> 2.10	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft



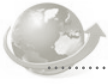
Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi01452	<i>Roseobacter litoralis</i> Och 149	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01454	<i>Loktanella</i> sp. CCS2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01455	<i>Roseobacter</i> sp. SK209-2-6	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01457	<i>Roseovarius</i> sp. TM1035	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01458	<i>Sagittula stellata</i> E-37	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01459	<i>Labrenzia alexandrii</i> DFL-11	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01460	<i>Labrenzia aggregata</i> IAM 12614	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01461	<i>Stenotrophomonas</i> sp. SKA14	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01462	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7335	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01642	<i>Vibrio harveyi</i> HY01	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fresh water	Draft
Gi01643	<i>Vibrio</i> sp. Ex25	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Fresh water	Draft
Gi01685	<i>Vibrio parahaemolyticus</i> 16	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01686	<i>Phaeobacter gallaeciensis</i> BS107	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01692	<i>Pseudovibrio</i> sp. JE062	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Draft
Gi01694	<i>Rhodobacterales</i> sp. Y4I	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	Draft
Gi01890	<i>Beggiatoa</i> sp. PS	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Hydrothermal vent	Draft
Gi01918	<i>Candidatus Pelagibacter</i> sp. HTCC 7211	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi01983	<i>Nautella italica</i> R11	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02293	<i>Beggiatoa</i> sp. SS	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Hydrothermal vent	Draft
Gi02451	<i>beta proteobacterium</i> sp KB13	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi02604	<i>Aeromicrobium marinum</i> DSM 15272	BACTERIAL	Genome-Isolate	Host Marine Human oral microflora	Draft
Gi02953	<i>Silicibacter</i> sp. TrichCH4B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02954	<i>Silicibacter lacuscaerulensis</i> ITI-1157	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02957	<i>Gamma proteobacterium</i> sp. NOR5-3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	Draft
Gi02958	<i>Gamma proteobacterium</i> sp. NOR5-1B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	Draft
Gi02959	<i>Marine gamma proteobacterium</i> sp. HTCC2148	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02960	<i>Citricella</i> sp. SE45	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02962	<i>Synechococcus</i> sp. WH 8109	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi02964	<i>Thalassibium</i> sp. R2A62	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi03187	<i>Alteromonas macleodii</i> ATCC 27126	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi03582	<i>Rickettsiales</i> sp. HIMB114	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Draft

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi03735	<i>Rhodobacteraceae</i> sp. KLH11	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	Draft
Gi04016	<i>Echinicola vietnamensis</i> KMM 6221, DSM 17526	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi04036	<i>Clostridium botulinum</i> D 1873	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	Draft
Gi05260	<i>Vibrio harveyi</i> 1DA3	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05261	<i>Vibrio alginolyticus</i> 40B	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05262	<i>Vibrio alginolyticus</i> VM573	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05309	<i>Vibrio alginolyticus</i> VM223	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05310	<i>Vibrio alginolyticus</i> MB-451	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05311	<i>Photobacterium damselae damselae</i> CIP 102761	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05312	<i>Vibrio orientalis</i> CIP 102891	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05313	<i>Vibrio</i> sp. RC586	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05314	<i>Vibrio coralliilyticus</i> ATCC BAA-450	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05315	<i>Vibrio metschnikovii</i> CIP 69.14	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05316	<i>Vibrio furnissii</i> CIP 102972	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05317	<i>Vibrio</i> sp. RC341	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05318	<i>Vibrio cholerae</i> CT 5369-93	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05319	<i>Vibrio cholerae</i> INDRE 91/1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05321	<i>Grimontia hollisae</i> CIP 101886	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05328	<i>Vibrio cholerae</i> G4222	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05372	<i>Labrenzia</i> sp. DG1229	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05567	<i>Vibrio cholerae</i> RC27	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi05853	<i>Vibrio navarrensis</i> 08-2462	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi06476	<i>Thermus oshimai</i> JL-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	Draft
Gi06671	SAR116 cluster alpha proteobacterium sp. HIMB100	BACTERIAL	Genome-Uncultured	Marine	Draft
Gi08488	<i>Lebetimonas</i> sp. JS085	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	Draft
Gi02912	<i>Caldithrix abyssi</i> LF13, DSM 13497	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02915	<i>Flexistipes sinusarabici</i> MAS10, DSM 4947	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi02944	<i>Thermodesulfatator indicus</i> CIR 29812, DSM 15286	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02951	<i>Vulcanithermus mediatlanticus</i> TR, DSM 14978	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi02956	<i>Prochlorococcus</i> sp. UH18301	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi03567	<i>Gloeotheca</i> sp. PCC 6909/1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi03568	<i>Loktanella</i> sp. SE62	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi03571	<i>Gammaproteobacteria</i> sp. HIMB30	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi03574	<i>Pseudoalteromonas</i> sp. Tw-2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi03575	<i>Pseudoalteromonas flavipulchra</i> 2ta6	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi03576	<i>Pseudoalteromonas luteoviolacea</i> 2ta16	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal Marine	In progress
Gi03578	<i>Roseobacter</i> sp. R2A57	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi03584	<i>Sulfurospirillum</i> sp. Am-N	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi03585	<i>Synechococcus</i> sp. CB0205	BACTERIAL	Genome-Isolate	Host Marine	In progress
Gi03957	<i>Spirochaeta thermophila</i> DSM 6578	BACTERIAL	Genome-Isolate	Hot spring Marine	In progress
Gi04020	<i>Flexibacter litoralis</i> Fx I1, DSM 6794	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi04179	<i>Aequorivita sublithincola</i> QSSC9-3, DSM 14238	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi04281	<i>Spirochaeta</i> sp. Grapes	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	In progress
Gi04591	<i>Rivularia</i> sp. PCC 7116	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi04619	<i>Pontibacter actiniarum</i> KMM 6156, DSM 19842	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05401	<i>Phaeobacter</i> sp. LSS9	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05412	<i>Halomonas</i> sp. HTNK1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05578	<i>Rhodobacteraceae</i> bacterium sp. RCA23	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05604	<i>Psychrobacter</i> sp. 1501	BACTERIAL	Genome-Isolate	Soil Permafrost sediment Marine	In progress
Gi05636	<i>Clostridium botulinum</i> HALLAH	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	In progress
Gi05973	<i>Shewanella baltica</i> OS625	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi05974	<i>Shewanella baltica</i> OS117	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi06192	<i>Pseudoalteromonas haloplanktis</i> ANT/505	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Coastal	In progress
Gi06359	<i>alpha</i> proteobacterium sp. HIMB59	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi06544	<i>Alteromonas</i> sp. BB2AT2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Coastal Marine	In progress
Gi06645	<i>Vibrio mimicus</i> SX-4	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi06674	<i>Citricella</i> sp. 357	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07278	<i>delta</i> proteobacterium sp. anaconda	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07280	<i>Desulfonema magnum</i> Montpellier, DSM 2077	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07281	<i>Desulfosarcina variabilis</i> Montpellier, DSM 2060	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi07282	<i>Desulfonema limicola</i> Jadebusen,	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
	<i>DSM 2076</i>				
Gi07283	<i>alpha proteobacterium sp. HIMB59 HIMB5</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi07317	<i>Vibrio tubiashii NCIMB 1337</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Surface water	In progress
Gi07543	<i>gamma proteobacterium sp. IMCC2047</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine Fresh water	In progress
Gi07619	<i>Listonella anguillarum 775</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi07620	<i>Listonella anguillarum VIB 4</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi07621	<i>Listonella anguillarum M3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi07674	<i>gamma proteobacterium sp. IMCC3088</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine Fresh water	In progress
Gi07712	<i>Rhodothermus marinus SG0.5JP17-171</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hot spring	In progress
Gi07797	<i>Thauera selenatis AX</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	In progress
Gi08206	<i>Vibrio coralliilyticus P1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08340	<i>Alteromonas sp. SN2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08433	<i>Sulfurimonas sp. GD1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud Marine	In progress
Gi08434	<i>Alcanivorax dieselolei B5</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08565	<i>beta proteobacterium sp. IMCC9480</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	In progress
Gi08566	<i>beta proteobacterium sp. IMCC1989</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	In progress
Gi08594	<i>Crocospaera watsonii WH0003</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi08738	<i>Candidatus Pelagibacter sp IMCC9063</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09007	<i>Alcanivorax sp. sk2-jrc</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09057	<i>Listonella anguillarum RV22</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Fish	In progress
Gi09135	<i>Marinitoga piezophila KA3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent Deep sea	In progress
Gi09138	<i>Rhodopirellula baltica WH47</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09150	<i>Rhodopirellula baltica SH28</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gi09151	<i>Rhodopirellula baltica SWK14</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	In progress
Gr00105	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC8051</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00106	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC9565</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00107	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC1013</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00108	<i>Candidatus Pelagibacter ubique SAR11 HTCC9022</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00115	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
	<i>HIMB083</i>				
Gr00164	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HIMB140</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00165	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HTCC8051</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00166	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HTCC1013</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
Gr00167	<i>Candidatus Pelagibacter-like SAR11 HTCC9022</i>	BACTERIAL	Resequencing	Marine	In progress
	<i>Kocuria palustris</i>	BACTERIAL	-		incomplete
Gi05704	<i>Arcobacter butzleri JV22</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host Fresh water	Targeted
Gi00733	<i>Colwellia sp MT41</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Fresh water Deep sea	
Gi00845	<i>Gloeothoece sp PCC 6909</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00851	<i>Marinobacter sp. FO2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00858	<i>Nitrosomonas sp 17</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00859	<i>Nitrospira marina Nb-295</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	
Gi00860	<i>Nitrospina gracilis Nb-211</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	
Gi00867	<i>Oligobacter sp SKA48</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00894	<i>Synechococcus sp MITS9220</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi00897	<i>Trichodesmium thiebautii II-3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	
Gi01129	<i>Vibrio harveyi ATCC BAA-1116</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01148	<i>Crocospaera watsonii WH0002</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01399	<i>Acaryochloris sp CCME 5410</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01401	<i>Candidatus Arcobacter sulfidicus</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	
Gi01404	<i>Beggiatoa sp. Orange Guaymas</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Hydrothermal vent	
Gi01411	<i>Dehalobium chlorocoercia DF-1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01437	<i>Rhodofera sp BAL47</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01453	<i>Roseobacter sp. SIO67</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01463	<i>Synechococcus sp. M11.1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Deep sea	
Gi01464	<i>Synechococcus sp. M16.17</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01687	<i>Calothrix sp. SC01</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01693	<i>Thioploca araucae Tha-CCL</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01978	<i>Candidatus Ovobacter propellens Op_Nibab3</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	
Gi01989	<i>Thioturbo danicus Td_Nivab1</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi01991	<i>Thiovulum majus Tm_Nivab2</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi02491	<i>Oleispira antarctica RB-8, DSM 14852</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Antarctic	
Gi02561	<i>Thermaerobacter sp. Y412MC57</i>	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gi02578	<i>Myxococcus fulvus</i> HW-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi02935	<i>Propionigenium modestum</i> Succ2, DSM 2376	BACTERIAL	Genome-Isolate	Mud Marine Human saliva Fresh water	
Gi02961	<i>Synechococcus</i> sp. UW69	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03236	<i>Clostridium botulinum</i> E1 BoNT E Beluga	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Food	
Gi03249	<i>Cycloclasticus pugetii</i> PS-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine	
Gi03565	marine gamma proteobacterium BB2AT2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03566	<i>Alteromonas</i> sp. EZ55	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03569	<i>Nautilia lithotrophica</i> 525	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03570	<i>Alteromonas</i> sp. BG20	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03572	<i>Gammaproteobacteria</i> sp. HIMB55	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03573	<i>Alphaproteobacteria</i> sp. HIMB37	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi03579	<i>Alphaproteobacteria</i> sp. SAR11 HIMB64	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03580	<i>Alphaproteobacteria</i> sp. SAR11 HIMB5	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03581	<i>Alphaproteobacteria</i> sp. SAR11 HIMB58	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03583	<i>Alphaproteobacteria</i> sp. SAR11 HIMB90	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03586	<i>Synechococcus</i> sp. CB0101	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03587	<i>Synechococcus</i> sp. RCC1020	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03588	<i>Synechococcus</i> sp. UW1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03589	<i>Synechococcus</i> sp. UW92	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03590	<i>Synechococcus</i> sp. UW90	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03591	<i>Thalassospira</i> sp. TrichSKD10	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03593	<i>Thauera aromatica</i> 3CB2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi03615	<i>Rhodobacteraceae bacterium</i> KB2	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi04087	<i>Chondromyces crocatus</i> KYC2823	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04169	<i>Vibrio</i> sp. HV10	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi04266	<i>Vibrio</i> sp. MV-1	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine Host	
Gi04373	<i>Dermocarpa</i> sp. 0006	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04374	<i>Synechococcus</i> sp. Eum14	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04375	<i>Sulfitobacter</i> sp. GAI-109	BACTERIAL	Genome-Isolate	Surface water Marine	
Gi04376	<i>Rhodobacterales</i> sp. HTCC2177	BACTERIAL	Genome-Isolate	Marine	
Gi04377	<i>Salinispora arenicola</i> CNH-643, ATCC BAA-917	BACTERIAL	Genome-Isolate	Sediment Marine Fresh water	





*Eukaryal*

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
-	<i>Ciona intestinalis</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	BathyaloftheGulfandestuary Knownfromrockyshores	complete
-	<i>Cyanidioschyzon merolae</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Freshwater	complete
-	<i>Debaryomyces hansenii</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	saltatlowtemperature	complete
-	<i>Tetrahymena thermophila</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Fresh water	complete
-	<i>Tetraodon nigroviridis</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Fresh water Brackish water	complete
-	<i>Ostreococcus tauri</i>	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine	complete
Gc00592	<i>Ostreococcus lucimarinus</i> CCE9901 - RCC141	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine, Deepsea	Complete
Gc00223	<i>Thalassiosira pseudonana</i> CCMP 1335	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gc00960	<i>Branchiostoma floridae</i> S238N-H82	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine	Complete
Gi07103	<i>Amastigomonas</i> sp.	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine, Freshwater	In progress
Gi02464	<i>Amastigomonas</i> sp. ATCC 50062	EUKARYOTIC	Genome-Isolate	Marine, Freshwater	In progress
Ge00215	<i>Riftia pachyptila</i>	EUKARYOTIC	EST	Hydrothermalvent,	-
-	<i>Paralvinella sulfincola</i>	EUKARYOTIC	-	undersea, hot-watervent	incomplete

*Metagenome : Microbial*

Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
Gm00205	<i>Marine microbial communities from Subarctic Pacific Ocean</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Awaiting DNA
Gm00002	<i>Marine microbial communities from Sargasso Sea</i>	MICROBIAL	Metagenome	Surface water Marine	Complete
Gm00005	<i>Sediment archaeal anaerobic methane oxidation (AOM) communities from Eel River Basin</i>	MICROBIAL	Metagenome	Sediment Deep sea Marine	Complete
Gm00006	<i>Marine Bacterioplankton communities from Antarctic</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Antarctic	Complete
Gm00018	<i>Marine microbial communities from Monterey Bay</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Coastal	Complete
Gm00034	<i>Sediment Beggiatoa community from marine coastal samples</i>	MICROBIAL	Metagenome	Sediment Marine Coastal	Complete
Gm00050	<i>Marine microbial communities from Near-Shore Anoxic Basin of Saanich Inlet of Vancouver</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00056	<i>RNA viral communities from coastal marine samples</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00057	<i>Marine microbial communities from North Atlantic deep water</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Deep sea	Complete
Gm00060	<i>Marine viral communities from Arctic Ocean environments</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00080	<i>Marine microbial communities from Global Ocean Sampling (GOS)</i>	MICROBIAL	Metagenome	Surface water Marine	Complete
Gm00087	<i>Porites compressa holobiont</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00104	<i>Marine microbial communities from English Channel site L4</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00124	<i>Marine Plankton communities from deep Mediterranean sea</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00127	<i>Marine Bacterioplankton communities from Sapelo Island</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Coastal	Complete
Gm00132	<i>Marine microbial communities from a Coastal Norwegian Fjord</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00137	<i>Marine viral communities from Tampa Bay</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00145	<i>Marine microbial communities</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00176	<i>Marine picoplanktonic community from Hawaii Ocean Times Series Station 2 (HOT/ALOHA)</i>	MICROBIAL	Metatranscriptome	Marine	Complete
Gm00180	<i>Marine microbial communities from the Hawaiian Ocean Time-Series (HOT)</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00187	<i>Dinoflagellate-associated bacterial community from marine environments</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete
Gm00242	<i>Marine microbial communities from the Lost City Hydrothermal Field</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Hot spring	Complete
Gm00266	<i>Marine prochlorococcus</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	Complete



Number	Organism	Domain	Type	Habitat	Sequencing status
	<i>surrounding microbial communities from the Hawaiian Ocean Time-Series (HOT)</i>				
Gm00058	Saline water microbial communities from Bras del Port saltern in Santa Pola Spain		Metagenome	Marine solar slatern	Complete
Gm00196	<i>Marine planktonic microbial community from Bermuda Time Series BATS Station</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00228	<i>Marine viral communities from oceanic oxygen minimum zone</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00244	<i>Marine viral communities from various locations</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00245	<i>viral communities from mesophilic anaerobic digester</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00277	<i>Marine microbial communities from the Californian Coast</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00289	<i>Marine microbial communities from Australia</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
Gm00290	<i>Marine microbial communities from Southern Ocean</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	In progress
	Marine microbial community from San Diego solar salterns	MICROBIAL	Metagenome		incomplete
	Soil Beggiatoa community from marine coastal sediments	MICROBIAL	Metagenome		incomplete
Gm00020	<i>Marine microbial communities from Nova Scotia coast surface waters</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00031	<i>Marine microbial community from Georgetown SC saltmarsh estuary</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00032	<i>Marine oligotrophic communities from Northwestern Sargasso Sea</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00053	<i>Marine viral communities from Chesapeake Bay</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00072	<i>Marine viroplankton communities from surface and estuarine waters</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00092	<i>Marine anaerobic ammonium oxidizing (anammox) community</i>	MICROBIAL	Metagenome	Deep sea Marine	
Gm00099	<i>Marine phototrophic picoeukaryotic community</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00101	<i>Marine microbial communities from planktonic and surface waters</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00105	<i>Marine viral communities</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	
Gm00112	<i>Marine microbial communities from deep sea hydrothermal vents</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Hydrothermal vent	
Gm00117	<i>Marine cyanobacterial communities from coastal water</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Coastal	
Gm00120	<i>Marine viral communities from deep-sea hydrothermal vents</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine Hot spring	
Gm00139	<i>Marine Roseobacter communities</i>	MICROBIAL	Metagenome	Marine	