

## 해양미생물 다양성과 유전체 연구



이 홍 금

한국해양연구원 부설 극지연구소 책임연구원



이 유 경

한국해양연구원 부설 극지연구소 선임연구원

미생물과 가장 대조되는 해양미생물 고유의 특징을 대표한다고 할 수 있으며 해양미생물은 지구상에 생명이 탄생한 이후 약 38억년 동안 진화해온 생물군으로서 생물다양성이 가장 높다. 해양미생물은 새로운 기능의 생물소재를 제공해 줄 수 있는 가능성이 무한하며 육상 환경에서 서식하는 생물 연구의 한계를 넘어서서 생명공학기술의 새로운 돌파구를 마련해 줄 수 있는 중요한 자원이다.

### 1 해양·극한 환경 미생물

해양 환경에서 미생물은 광합성이나 다양한 화학합성으로 일차 생산자의 역할을 담당하고 있으며, 해양에 유입되는 대부분의 물질을 분해하여 해양의 자정작용의 핵심 역할을 담당하고 있다. 해수에 존재하는 대표적 세균은 *Pseudomonas*, *Vibrio*, *Flavobacterium*, *Spirillum*, *Alcaligenes*, *Hyphomicrobium*, *Cytophaga*, 방선균 등이고, 해저 퇴적물에는 *Desulfovibrio* 나 *Methanogenium* 같은 혐기성 세균들이 서식한다. 녹색이나 푸른색의 빛을 내는 발광 미생물 중 해양미생물 대부분은 *Photobacterium*이나 *Vibrio* 속에 속한다.

해양미생물다양성이 중요한 자원으로 인식되면서 이에 대한 연구가 더욱 활발해지고 있다. DEEPSTAR 프로그램은 1990년부터 15년 동안 진행되면서 심해 및 해양지각 속의 극한 미생물을 탐색하는 일본의 대표적 프로그램이다. 독일과 프랑스는 잠수정을 이용하여 심해의 미생물을 탐색하고 있으며, Max-Planck연구소와 파스퇴르연구소가 미생물 연구에 핵심적인 역할을 하고 있다. 영국은 EU 여러 나라와 다국적 제약회사들의 컨소시엄인 MICROMAT 프로그램을 운영하면서 극지 미생물의 다양성을 탐색하고 있다. 호주는 Antarctic

바다는 지구 표면적의 70%를 덮고 있어 육지보다 넓은 면적을 생물에게 제공하고 있다. 육지는 고산지대와 사막, 극지 같이 일반 생물이 살기 힘든 곳이 있어 실제 서식 공간은 더 좁으며, 대부분의 육상 생물이 주로 육지 표면에 살고 있어 공간 활용도가 극히 제한적이다. 반면 해양 생물은 해저 표면뿐 아니라 지구상의 모든 바다, 심지어는 해저 5,000 m 이하에도 살 수 있기 때문에 해양생물의 서식 공간이 훨씬 넓다. 현재까지 알려진 생물의 종수는 육상생물이 해양생물보다 많지만, 분류학상 상위단계에 있는 과(Family)와 목(Order)의 숫자를 비교해 보면 해양생물이 육상생물을 넘어선다. 그리고 동물의 문(Phylum)의 문의 종류 중 약 1/3은 해양에서만 발견되는 동물로 구성되어 있다. 바다에서 밝혀지고 있는 신종의 수는 계속 증가하고 있으며, 그 다양성의 세계는 지금도 활짝 열려있다.

해양미생물은 2.5~4.0%의 염분농도에서 잘 자라거나 더 높은 염분을 필요로 하는 호염성이다. 열대 해역의 표층을 제외하고 대부분의 해양 미생물은 저온에 잘 견디는 친냉성이거나 냉온성이며, 심해 미생물은 수압이 높은 환경에 잘 적응해 친압성 또는 내압성이다. 또한 해저 퇴적층에는 산소가 없는 상태에서 잘 자라는 혐기성 세균이 많이 분포하고 있다. 이러한 특징들은 육상

## ■ 총 / 설

CRC에서 남극미생물 컬렉션(Collection of Antarctic microorganisms)을 운영하면서 미생물자원의 확보와 이용을 적극 지원하고 있다.

### 2 국내 해양미생물 다양성 연구 현황

근래에 들어서 국내에서도 신종 미생물에 대한 국제 논문이 급속히 증가하고 있다. 국제적으로 미생물 분류 학회지로 가장 권위있는 International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology에 한국에서 분리한 미생물에 대하여 100여편 이상의 논문이 발표되었다. 이 중 우리나라 연안에서 분리된 새로운 미생물은 30종이 채 안되지만 서울대의 천종식 교수, 한국생명연구원의 윤정훈 박사, 박용하 박사, 배경숙 박사가 활발하게 발표하였다. 특히, 유기물이 많고 다양한 미세환경을 지니고 있는 갯벌에서 가장 많은 신종의 미생물이 발견되었으며 해수나 염전 등에서도 많은 신종이 발견되었으나 아직 신종의 해양공생물에 대하여는 보고되지 않았다. 해수에서 분리된 신종으로는 *Halomonas marisflavae*, *Sporosarcina aquimarina*, *Bacillus hwajinpoensis*, *Alteromonas marina*, *Marinobacter litoralis*, *Erythrobacter flavus*가 있으며 신속으로는 적조생물을 죽이는 *Kordia algicida*가 있다. 염전 등 염분이 높은 환경에서는 신속의 *Lentibacillus salicamp*를 비롯하여 신종으로 *Halobacillus salinus*, *Marinibacillus campisalis*, *Microbulbifer salipaludis*, *Nocardiopsis kunsanensis*가 분리되었다. 연안 퇴적물에서는 세포외다당류를 생산하는 신속으로 *Hahella chejuensis*가 보고되었다. 갯벌에서는 신속으로 *Aestuariibacter salexigens*, *Hongiella mannitolivorans*, *Zooshikella ganhwensis*가 분리 보고되었고 신종으로는 *Bacillus marisflavi*, *B. aquimaris*, *Shewanella gaetbuli*, *Alteromonas litorea*, *Planococcus maritimus*, *Nocardiopsis ganhwensis*, *Microbulbifer maritimus*, *Aestuariibacter halophilus*, *Thalassomonas ganhwensis*, *Hongiella halophila*, *H. ornithinivorans*가 분리 보고되었다.

한국해양연구원에서는 자원도 조사, 고부가가치 생물

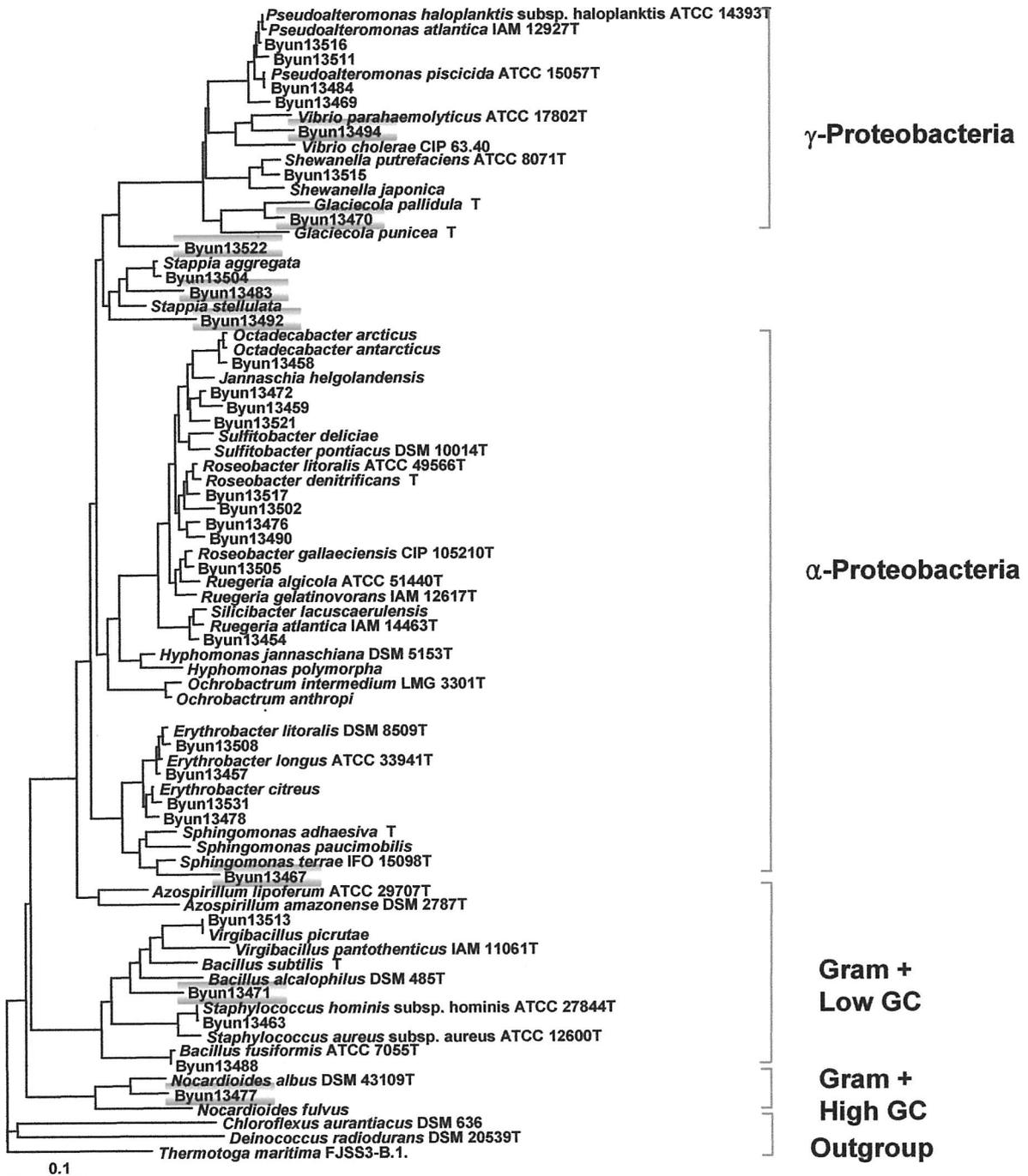
자원개발, 환경모니터링, 오염방제, 신물질 개발연구, 남극생물자원연구, 심해와 열수구의 생물자원 확보 및 이용기술개발 등의 연구를 수행하면서 권역별 해양생물의 분리, 보전 관련 업무를 수행하여 왔다. 그 결과 환경오염 및 독성실험용 지표생물, 오염유발 미생물 및 오염물질 분해 미생물을 비롯하여 유용물질 생산 미생물을 포함한 미생물 10,000주, 유독성 미세조류 60주를 보전하고 있으며 남해분소에서는 국가지정연구실사업의 일환으로 유독성 미세조류 은행이 운영되고 있다.

‘국가지정연구실사업’으로 ‘해양미생물 다양성 연구사업’ 책임자인 이홍금 박사는 제주도 일대의 해양공생미생물, 전국 연안 해양생물막 미생물, 남극 세종기지 및 북극 다산기지 주변의 미생물을 비롯한 약 5,000여 균주의 해양미생물을 분리하여 보전하고 있으며, 이 과정에서 국내 연안으로부터 *Hahella chejuensis* gen. nov. sp. nov.라는 신속을 보고했으며, 30종 이상의 신종, 후보 균주를 분리하여 정밀 연구를 수행중이다 (그림 1). 21C 프론티어 ‘미생물 유전체 활용기술 개발사업’의 제 1 세부과제인 ‘해양특수환경 미생물 다양성 및 메타게놈자원의 확보 및 탐색’ 과제의 책임을 맡고 있는 김상진 박사는 연안 해안뿐 아니라 심해저, 남태평양 등 다양한 해양 환경에서 미생물을 분리하고 있으며 국내연안에서 적조생물을 죽이는 *Kordia algicida* gen. nov. sp. nov 와 방선균 *Nocardiopsis kunsanensis* sp. nov 를 분리 보고하였다.

### 3 미생물 유전체 분석

미생물은 지구 생물량의 약 60%를 차지하며 지구상의 어떤 환경에서도 존재한다. 다른 생물은 살 수 없는 혹한의 남극 얼음 속에도, 뜨거운 온천수나 심해저의 열수구에서도, 엄청나게 높은 압력이 미치는 심해저에서도, 빛이 전혀 없는 동굴 속과 토양과 바다 속에도 미생물은 살고 있다. 높은 방사능에 노출되어도, 산소가 전혀 없어도, 고농도의 염분이나 강산 또는 강알칼리 용액에서도, 무기물만이 유일한 영양공급원인 환경에서도 곳곳하게 살아가는 미생물이 있다.

중/설



<그림 1> 변산반도 해양생물막에서 분리한 뒤 실내배양한 해양미생물. 분리 배양된 총 30균주 중에서 8균주(네모로 표시)가 신종 후보 균주이다.

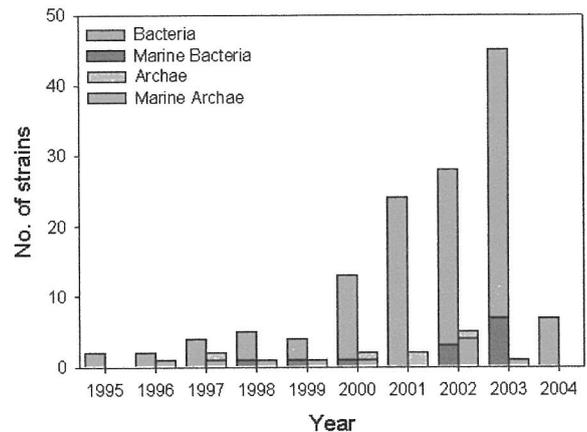
## 총/설

미생물의 다양성과 환경에 대한 넓은 적응력을 이용할 때 환경 폐기물 제거, 에너지 생산, 의약, 산업 공정, 농업 및 다양한 생명공학산업에서 오랫동안 풀지 못했던 숙제들의 해답을 얻을 것으로 기대하고 있다. 무엇보다도 대다수 미생물의 경우, 사람 등 고등동물보다는 훨씬 작은 사이즈의 유전자를 가지고 있으며, 이것은 유전체 연구 재료로 미생물이 갖는 가장 큰 매력이다. 이와 같은 이유로 미국 DOE에서는 1994년에 미생물 유전체 연구계획(Microbial Genome Program; MGP)을 수립하고 다양한 미생물에 대한 유전체 연구를 수행하여 왔다.

미생물은 또한 사람의 질병과 밀접한 관계를 갖고 있다. 따라서 병을 일으키는 직접적 원인인 미생물 유전자의 기능을 연구함으로써 치료 및 예방제의 개발이 가능한 것이다. 여기엔 한국인의 경우 단위 인구당 사망률 세계 1위인 간질환의 주요원인인 B형 및 C형 간염 바이러스, 위궤양의 직접 원인균인 헬리코박터, 전세계 최고의 사망률을 보이고 있는 말라리아 병원균 등이 포함된다. 이 때문에 영국의 제약회사인 웰컴 트러스트(Wellcome Trust)는 Sanger Pathogen Programme를 통해 신약개발을 목표로 병원균 유전체를 분석하고 있으며 병원균 유전체연구조합(Pathogen Consortium)을 구성하여 앞으로 4년 내에 모든 병원균에 대한 모든 유전체 연구를 종료하겠다는 계획을 표방하고 있는 것이다.

유전체 염기서열 고속분석과 생물정보학 기술이 발달하면서 전체 유전체가 분석되는 생물의 수가 급속히 늘고 있다. 미국 TIGR의 GOLD DB에 따르면 2004년 4월 현재 전체 유전체 분석이 완결되어 공개된 생물은 196종이며, 분석이 진행 중인생물은 929종에 이른다. 상대적으로 유전체 크기가 작고 생리작용이 다양한 미생물 유전체가 분석된 종의 80% 이상을 차지하며, 현재 진행되는 종의 50% 이상(508종)이 미생물이다. 미생물 유전체 해독은 초기에 병원성 세균을 대상으로 이루어졌으나, 이 후 극한환경 미생물과 산업적 가치가 있는 미생물로 확대되었으며 해양미생물에 대한 연구도 점차 확대되고 있다(그림 2).

현재까지 알려진 원핵생물의 genome project는 206



<그림 2> 연도별 유전체 분석 종 수와 미생물 유전체 분석 수 (GOLD, 2004년 4월 현재)

균주에 대하여 수행되고 있으며, 그 중 2001년 4월 완전한 염기서열이 발표된 원핵생물은 총 45 균주로 고세균이 9 균주, 세균이 36 균주이었다. 그 뒤 2002년 2월 그 숫자는 총 70 균주로 증가했으며 이중 고세균이 13 균주, 박테리아가 57 균주이었다. 2003년 10월 현재 완전한 염기서열이 발표된 원핵생물은 총 144 균주로, 이중 고세균이 17 균주이고 박테리아가 127 균주를 차지한다.

#### 4 미생물 유전체 연구 지원기관

외국의 주요 미생물 유전체 분석 기관은 미국의 TIGR, DOE-JGI, 영국의 Sanger 센터, 프랑스의 Genoscope, 독일의 Max-Planck 연구소, 일본의 이화학연구소와 해양과학기술센터 등이다. 또한, 생명공학 벤처기업과 제약회사들도 대규모 미생물 유전체 분석을 실시한다. 기업에 의한 유전체 분석이 점차 일반화되면서 유전체 분석 자료가 공개에서 비공개나 유료화 되는 경향으로 바뀌고 있다.

미생물 유전체 분석 연구를 지원하고 있는 기관으로는 미국 에너지성 (DOE), ONR (Office of Naval Research), NIDCR (National Institute of Dental and Craniofacial Research), DARPA (Defense Advanced Research Projects Agency), NSF (National Science Foundation), NIAID (National Institute of Allergy

## ■ 총설

and Infectious Diseases), OBER (Office of Biological and Environmental Research), USDA (United States Department of Agriculture), 국립보건원 (NIH)으로 가장 다양하다. 이와 별도로 민간기업인 Diversa Corporation (San Diego, CA), Molecular Dynamics (Sunnyvale, CA), Integrated Genomics Inc. (Chicago, IL), Dairy Management, Inc., Merck Genome Research Institute (West Point, PA) 등에서도 미생물 유전체 연구를 집중적으로 지원하고 있는 실정이다.

유럽연합의 경우 European Union나 European & Canadian Consortium에서 공동으로 지원하기도 하지만 각 국에서 독자적인 연구도 수행하고 있다. 영국의 제약회사인 웰컴 트러스트(Wellcome Trust)는 영국의 생거 유전체 연구소(Sanger Genome Center)의 Sanger Pathogen Programme을 통해 신약개발을 목표로 현재 18종의 병원균 유전체를 분석하고 있다. 이밖에도 MAFF (Ministry of Agriculture, Fisheries and Food), BBSRC (Biotechnology and Biological Sciences Research Council)와 같은 정부 기관과 Beowulf Genomics 같은 기업에서 미생물 유전체 연구를 지원하고 있다. 프랑스는 주로 인간 유전체 연구에 집중적인 투자를 하고 있으며 미생물 유전체 연구는 Institut Pasteur와 MENRT에서 지원하고 있다. 독일의 Ministry of Lower Saxony, BYK Gulden, BMBF (Bundes Ministerium für Bildung und Forschung), BASF, 네덜란드 NWO (Netherlands Organization for Scientific Research), 벨기에 Region Wallonne, 스웨덴 SSF (Swedish Foundation for Strategic Research) 등에서도 미생물 유전체 연구를 적극 지원하고 있다.

그밖에 남미의 브라질에서는 FAPESP (The State of Sao Paulo Research Foundation)에서, 아시아는 일본 NITE (National Institute of Technology and Evaluation) 과 중국 CNCBD, Chinese Ministry of Public Health 등에서 국가적으로 미생물 유전체 연구를 지원하고 있다. 일본은 과거처, 후생성, 농림성, 문부성 및 통상성의 주관으로 인체 및 모델생물 유전체 연구를 추진하였으며 일부 산업미생물은 전체 염기서열 분석을 완료한

상태이다.

선진 7개국뿐만 아니라 유럽과 남미, 아시아 등 전세계 4,000여 개 연구기관이 '유전자전쟁' 중인 현재, 우리나라는 2002년부터 21C 프론티어 연구개발사업 '미생물 유전체 활용기술 개발사업단'을 통해 2012년까지 국내외의 다양한 미생물 10종의 유전체 분석을 목표로 하는 등 늦게나마 활발히 연구를 진행하고 있다. 이 연구단은 이미 식물생장을 촉진하고 병저항성을 높여주는 *Paenibacillus polymyxa* E681, 유용한 세포외다당류와 색소를 합성하는 *Hahella chejuensis* 96CJ10356, 김치의 우점종인 *Leuconostoc citreum* KM20, *Pediococcus pentocaceus*의 유전체 초안을 완성한 상태이다. 또한 이 사업단은 난배양성 미생물 50,000주와 배양성 미생물 500종, 메타게놈 5,000 Mb를 확보할 계획을 갖고 있다. 이밖에도 인간 유전체 기능연구 사업단에서 위암이나 위염과 관련이 깊은 것으로 알려진 *Helicobacter pylori*의 유전체를 분석하였고 작물유전체연구 사업단에서는 *Burkholderia glumae* 전체염기서열을 해독하였다. 그밖에 기업체 주도로 분석한 미생물로서는 마크로젠이 알코올 발효균주인 *Zymomonas mobilis*의 전체 염기 서열을 해독하였고 김치 세균인 *Leuconostoc mesenteroides*의 유전체 드래프트를 끝냈으며, 마이크로비아, 인바이오넷, 바이오리더스, 바이오인포매틱스, 대상, 지노텍 등의 기업이 미생물 전체염기서열 해독에 주도적으로 참여 지원하고 있다.

### 5 해양미생물 유전체 연구

해양은 육상과는 염도, 온도 등의 환경조건 때문에 해양생물은 독특한 구조, 물질대사 경로, 감각 및 방어 기작 등을 보유하고 있다. 따라서 새로운 기능을 수행하는 유전자를 탐색의 무한한 잠재력을 보유하고 있다. 지금까지 모두 고세균 10종, 세균 13종의 해양미생물의 유전체가 분석되었는데, 특히 고세균은 심해 열수구에서 분리된 균주들로 주로 산업적인 이용가치가 있는 균주들이었다(표 1).

<표 1> 유전체 분석이 끝난 해양미생물 (2004년 4월 현재)

Organism	Size(ORF)	Description	Publication(Date)	Database
<b>ARCHAEA</b>				
* <i>Aeropyrum pernix</i> k1	1669 kb (2620)	Marine aerobic hyperthermophilic Crenarchaeon	DNA Research 6:83-101 (1999. 4. 30)	www.bio.nite.go.jp:8080/dogan/MicroTop?GENOME_ID=ape_G1
* <i>Archaeoglobus fulgidus</i> DSM4304	2178 kb (2493)	Marine hyperthermophilic Euryarchaeon; Sulphate reducer found in hydrothermal environment	Nature 390:364-370 (1997. 11. 27)	www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/GenomePage3.spl?database=gaf
* <i>Halobacterium</i> sp. NRC-1	2014 kb (2058)	Extreme halophile Euryarchaeon	PNAS 97:12176-12181 (2000. 10. 24)	zdna.micro.umass.edu/haloweb
* <i>Methanococcus jannaschii</i> DSM2661	1664 kb (1750)	Autotrophic Euryarchaeon isolated from a deep-sea thermal vent	Science 273:1058-1073 (1996. 9. 28)	www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/GenomePage3.spl?database=arg
* <i>Methanopyrus kandleri</i> AV19	1694 kb (1691)	Marine hyperthermophilic Euryarchaeon isolated from a 2,000-m-deep "black smoker" chimney	PNAS 99:4644-4649 (2002. 4. 2)	www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/GenomePage3.spl?database=ntmk01
* <i>Nanoarchaeum equitans</i>	500 kb	Marine hyperthermophilic symbiotic Nanoarchaeon	PNAS (2003. 10. 13)	
* <i>Pyrobaculum aerophilum</i> IM2	2222 kb (2587)	Marine hyperthermophilic Crenarchaeon growing optimally at 100° C	PNAS 99:984-989 (2002. 1. 22)	www.ncbi.nlm.nih.gov/cgi-bin/Entrez/framik?db=Genome&gi=227
* <i>Pyrococcus abyssi</i> GE5	1765 kb (1765)	Marine Euryarchaeon isolated from a hot spring situated deep-sea	Unpublished (2002. 2. 13)	www.genoscope.cns.fr/Pab
* <i>Pyrococcus furiosus</i> DSM 3638	1908 kb (2065)	Marine heterotrophic Euryarchaeon growing optimally at 100° C	Meth. Enzymol. 330:134-157 (2002. 2. 12)	www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?val=AE009950
* <i>Pyrococcus horikoshii</i> OT3	1738 kb (1979)	Marine hyperthermophilic Euryarchaeon isolated from the hydrothermal vent	DNA Research 5:55-76 (1998. 4. 30)	www.bio.nite.go.jp
<b>BACTERIA</b>				
* <i>Aquifex aeolicus</i> VF5	1551 kb (1544)	Aquificae, Marine hyperthermophilic bacterium	Nature 392:353-358 (1998. 3. 26)	wit.mcs.anl.gov/WIT/CGI/org.cgi?compare=&user=&org=AA
* <i>Bacillus halodurans</i> C-125	4202 kb (4066)	Alkaliphilic deep-sea extremophiles	Extremophiles 4: 99-108 (2000. 4. 10)	www.jamstec.go.jp/genomebase/micrHome_bha.html
* <i>Oceanobacillus iheyensis</i> HTE831	3630 kb (3496)	Gram+ deep-sea extremely halotolerant and alkaliphilic species	NAR30, 3927-3935 (2002. 9. 7)	www.jamstec.go.jp/genomebase/micrHome_obi.html
* <i>Pirellula</i> sp.1	1751 kb (1884)	Planctomycetes, marine, aerobic, heterotrophic representative of the order	PNAS 100:8298-303 (2003. 7. 8)	www.micro-genomes.mpg.de/pirellula/
* <i>Prochlorococcus marinus</i> CCMP1375 (SS120)	6397 kb (5615)	Marine cyanobacteria, the most abundant photosynthetic organisms on Earth	PNAS 100:10020-5 (2003. 8. 13)	www.sb-roscoff.fr/Phyto/ProSS120/
* <i>Prochlorococcus marinus</i> MIT9313	2400 kb (2400)	Marine cyanobacteria, the most abundant photosynthetic organisms on Earth	Nature 424:1042-7 (2003. 8. 13)	www.jgi.doe.gov/JGI_microbial/html/prochlorococcus/prochlo_homepage.html
* <i>Prochlorococcus marinus</i> subsp. <i>pastoris</i> CCMP1378 (MED4)	1657 kb (1700)	Marine cyanobacteria, the most abundant photosynthetic organisms on Earth	Nature 424:1042-7 (2003. 8. 13)	www.jgi.doe.gov/JGI_microbial/html/prochlorococcus/prochlo_homepage.html
* <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 ATCC700550	4969 kb (4931)	$\gamma$ -proteobacterium metal ion-reducing bacterium	Nature Biotechnol. 20:1118-23 (2002. 10. 7)	www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/GenomePage3.spl?database=gsp
* <i>Synechococcus</i> sp. WH8102	2400 kb	Marine cyanobacteria, unicellular, photoautotrophic, facultative glucose-heterotrophic bacteria	Nature 424:1037-42 (2003. 8. 13)	columba.ebi.ac.uk:8765/ext-genequiz/genomes/cy9709/index.html
* <i>Thermotoga maritima</i> MSB8	1860 kb (1877)	Thermotoga hyperthermophilic eubacteria isolated from geothermal heated marine sediment	Nature 399:323-329 (1999. 5. 27)	www.tigr.org/tigr-scripts/CMR2/GenomePage3.spl?database=btm
* <i>Vibrio parahaemolyticus</i> RIMD 2210633	5165 kb (4832)	$\gamma$ -proteobacterium pathogen causing food-borne gastroenteritis	Lancet 361:743-9 (2003. 3. 1)	genome.gen-info.osaka-u.ac.jp/bacteria/vpara/
* <i>Vibrio vulnificus</i> CMCP6 (KOREA)	5211 kb (5028)	$\gamma$ -proteobacterium pathogen causing primary septicemia and wound infections	Unpublished (2002. 12. 23)	www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/framik.cgi?db=Genome&gi=269
* <i>Vibrio vulnificus</i> YJ016	5211 kb (5028)	$\gamma$ -proteobacterium pathogen causing liver functional disorders or chronic liver diseases	Unpublished (2003. 10. 15)	genome.nhri.org.tw/VV/index.php

## 중/설

고세균 중에 *Methanococcus jannaschii*, *Pyrococcus horikoshii*, *Aeropyrum pernix*, *Pyrococcus abyssi*, *Pyrobaculum aerophilum*는 심해저 열수구에서 분리된 고세균이고, *Archaeoglobus fulgidus*는 고온 환경에서 황화합물을 환원시키는 고세균으로 유전체 연구가 완료되었다. 한편 일본 JAMSTEC(Japan Marine Science and Technology Center)에서는 심해저에서 채집한 *Alkaliphilic extremophiles*인 *Bacillus halodurans*의 전체 염기서열을 분석하였고 TIGR에서 대양에 떠다니는 해양 세균인 *Caulobacter crescentus*의 전체 염기서열을 밝혔다.

세균의 경우 현재 완료된 유전체 연구는 주로 병원균을 위주로 수행되었으며 해양미생물은 15%에 불과하다. *Aquifex aeolicus* VF5, *Bacillus halodurans* C-125, *Oceanobacillus iheyensis* HTE831 그리고 *Thermotoga maritima* MSB8가 극한 해양미생물이었고 나머지는 주로 광합성을 하는 남세균이었다. 또한 병원성 세균인 속 3종의 유전체 분석이 완료되었는데 이 중에는 우리나라 전남대학교 이준행 교수가 발표한 *Vibrio vulnificus* CMCP6도 있었다.

현재 국내에서 미생물 유전체분석 프로젝트로 분석이 수행되었거나 수행중인 미생물은 15종이나 이 중 해양미생물은 *Hahella chejuensis* 1종뿐으로 21C 프론티어 연구개발사업 '미생물 유전체 활용기술 개발사업단'에서 2004년 안에 드래프트가 나올 예정이다.

### 6 난배양성 미생물의 환경유전체(environmental genomics)

해양의 전체 미생물 군집의 1% 미만이 배양되며 99%이상은 난배양성이다. 선진 각국은 배양이 어려운 미생물자원을 확보하기 위해 환경으로부터 유전체를 직접 추출하고 있다. 환경유전체 스크리닝 기술이 개발된 이후 미국의 ARIAD, Terragene Discovery, Diversa, Genencor International, 프랑스 Proteus, 일본 Takara 등 많은 생명공학 기업들이 환경유전체 자원을 확보하기 위해 경쟁하고 있다. 전 세계 해양미생물의 환경유전체 분석 프로젝트를 진행하고 있는 Craig Venter박사

는 Sargosso 바다 미생물 군집에서 10억쌍 염기서열을 밝히고, 이로부터 1,800여종의 미생물, 120만개의 유전자를 발견하였다. 환경유전체 연구기술을 통한 난배양성 미생물자원의 탐색과 활용은 전 세계 거의 모든 미생물 연구팀에서 채택될 것으로 전망된다.

### 7 맺음말

해양미생물 유전체 분석은 지금까지 10종의 고세균과 13종의 박테리아에 대하여 이루어져 분석된 미생물 전체의 약 15%를 차지한다. 해양미생물은 그 다양성에도 불구하고 난배양성이 많아 그 동안 연구가 상대적으로 적었다. 그런데, 유전체를 자연계로부터 직접 추출하는 환경유전체 기술의 발달로 이에 대한 연구가 최근 급속히 증가하고 있으며 새로운 유용자원의 보고로 인식되고 있다.

미생물의 산업적 이용 가능성 때문에 앞으로 더 많은 미생물 특히 아직까지 중요도가 알려지지 않은 미이용 미생물의 연구가 점차 활발해 질 것으로 기대된다. 생물자원의 확보가 생명공학 산업에서 원천기술의 확보로 인식되는 이때, 우리나라에서만 서식하는 고유 미생물 자원과 각국가 관할 영토 외의 지역에서 서식하는 미생물 자원을 확보하고 이중 유용 생물자원의 유전체 정보를 선점함으로써 경쟁력을 높이는 것이 미래를 준비하는 한가지 전략이 될 수 있을 것이다.

국가 경쟁력을 높이는데 필요한 생물자원의 이용을 위해서, 해양미생물 자원의 확보는 필수적이다. 해양미생물 자원을 개발하기 위해서는 대상해역의 생태학적 데이터가 기반이 되어야 한다. 또한 실험실이나 산업체의 지속적인 활용을 위하여 해양미생물의 생물다양성 조사, 생물자원의 확보, 관리기법, 응용성에 대한 연구가 선행되어야 한다. 그러나 아직까지 전체 해양 미생물 중 극히 일부만이 연구된 실정이며 다양성이나 유전체 연구에서도 크게 주목받지 못하고 있다. 따라서 앞으로 해양미생물을 이용하기 위해서는 이들의 생물다양성을 확보하고 유전자원을 분리하며 이용 가능한 방법을 찾는 기술의 개발이 절대적으로 필요하다. 특히

**중/설**

연안, 연근해, 퇴적물, 해양생물체, 염전 등 기존의 다양한 해양환경뿐 아니라 심해, 열수구, 남극이나 북극과 같은 극한환경에 서식하는 해양미생물의 다양성과 유전체 연구가 활성화되어야 할 것이다.

**참고문헌**

이유경, 이정현, 이홍금 (2001) 미생물 유전체 연구 현황. 미생물과 산업 27(1): 33-39.

Fallowski PD, de Vargas C (2004) Shotgun sequencing in the sea: A blast from the past? Science 304:58-60.

Venter JC, Remington K, Heidelberg JF, Halpern AL, Rusch D, Eisen JA, Wu D, Paulsen I, Nelson KE, Nelson W, Fouts DE, Levy S, Knap AH, Lomas MW, Nealson K, White O, Peterson J, Hoffman J, Parsons R, Baden-Tillson H, Phannkoch C, Rogers Y-H, Smith HO (2004) Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. Science 304:66-74.

<http://mamidi.kordi.re.kr>

<http://www.gem.re.kr>

<http://wit.integratedgenomics.com/GOLD/completegenomes.html>

<http://wit.integratedgenomics.com/GOLD/prokaryagenomes.html>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/PMGifs/Genomes/micr.html>

<http://www.nhgri.nih.gov/hgp>

<http://www.nature.com>

<http://www.nature.com/genomics/human>

<http://www.gdb.org>

<http://www.celera.com>

**2004년 응모 안내**

본 학회는 Genomics, Proteomics, Bioinformatics 분야의 전문가들로 구성된 국내 유일의 유전체 연구 전문학회입니다. 본 학회에서는 귀사에서 취급하고 있는 다양한 제품과 기술들을 본 학회의 활동을 통하여 국내의 연구자들에게 널리 알림으로써 귀사가 이익 번창하시기를 기원합니다. 따라서 2003년도 본 학회를 통한 홍보방법 및 규정을 알려드리오니 적극 활용하시기 바랍니다.

1) 소식지및학회지광고(1년단위: 4회개재)

광고크기 (A4기준)	천연색광고가격 (만원)	흑백광고가격 (만원)
책자 맨 뒷면	360만원	
책자 앞장의 안쪽면과 맨 뒷면의 안쪽	320만원	
간지	280만원	200만원

2) 학술대회(8월 개최) 부스 광고

- 150만원/1부스 (일반학술대회의 부스크기와 동일)
- 초록집 광고 : 표지 - 1,000,000 원  
내지 - 800,000 원

3) 학회 홈페이지 [www.kogo.or.kr](http://www.kogo.or.kr) 배너 광고

- 월 20만원 (결제 방식은 업체 결정)

4) 패키지 광고

- 부스+소식지+학회지 = (250만원/흑백), (310만원/천연색)
- 부스+소식지 or 학회지 = (200만원/흑백), (240만원/천연색)

5) 2004년 워크샵 개최

- 자세한 일정은 추후 안내

<문의>

전화 : 02-877-9398 / 팩스 : 02-482-9392

E-mail : [kogo@kogo.or.kr](mailto:kogo@kogo.or.kr)