기후에너지환경부 보도자료

보도시점 2025. 12. 15.(월) 06:00 (월요일 석간) 배포 2025. 12. 12.(금)

녹조 유전형 정보집, 국내 최초로 구축

- 국립환경과학원, 유전자 기반 정밀 분석으로 첨단 수질관리의 틀을 마련

기후에너지환경부 소속 국립환경과학원(원장 박연재)은 국내 최초로 유전형 기반의 유해남조류 출현과 이동 가능성을 동시에 추적할 수 있는 녹조 유전형 정보집을 구축했다고 밝혔다.

이번 정보집은 기후변화로 인해 늘어날 것으로 예측되는 녹조 문제를 대응하기 위해 마련되었다.

그간 녹조 감시(모니터링)는 녹조 발생 여부 등을 주로 확인하는 형태 분석 중심이라 녹조가 어디에서 출현하고, 어떻게 이동하는지 등 복잡한 환경 변화에 신속하고 정밀하게 대응하는 데 한계가 있었다.

이번 정보집은 위와 같은 한계를 극복하기 위해 첨단기술 기반의 차세대 염기서열분석기법*을 활용하여 낙동강에서 주로 출현하는 유해남조류 유형을 유전자 수준으로 분석했다.

* 수백만~ 수십억개의 DNA 조각을 동시에 읽어내는 분석 기술

또한 유해남조류 유전자 정보를 수계별, 시기별, 지점별 등 체계적으로 구분하여 미세한 녹조 변동까지 구조적으로 파악할 수 있도록 수질관리의 새로운 접근 가능성을 제시했다. 정보집은 낙동강 수계의 주요 유입 지류와 본류, 퇴적층에서 발생하는 유해남조류를 대상으로 유전자 염기서열 빅데이터*를 확보했다.

* (원시데이터(raw data) 51GB) '23~'25년, 낙동강 주요 20개 지점의 유해남조류 4개 속(마이크로시스티스, 아나베나, 아파니조메논, 오실라토리아), 약 500만개 염기서열

이를 바탕으로 인공지능(AI)의 기계학습(Machine Learning)을 통해 유해남조류의 유사도와 변이 여부도 확인할 수 있도록 했다.

또한 이번 정보집은 누구나 활용할 수 있도록 12월 15일에 물환경정보시스템(water.nier.go.kr)에 공개될 예정이며, 전 세계적으로 표준화된 유전정보 공유 플랫폼*에도 등재될 계획이다.

* 미국 국립 생물공학정보센터(National center for biotechnology information): 국내 낙동강에서 출현한 유해남조류 유전정보 디렉토리 별도 구축

김경현 국립환경과학원 물환경연구부장은 “이번 녹조 유전형 정보집 구축으로 녹조 조기 탐지와 미세한 변화 해석이 한층 정밀해질 것”이라며, “장기 수질데이터와 함께 기후변화에 따른 녹조 변동성을 이해하는 데 중요한 자료가 될 것”이라고 밝혔다.

붙임 1. 녹조 유전형 정보집 설명자료.
2. 전문용어 설명.
3. 질의응답. 끝.

담당 부서	국립환경과학원 낙동강물환경센터	책임자	센터장	박지형 (053-602-2701)
		담당자	연구관	이혜진 (053-602-2780)

대한민국 정책브리핑

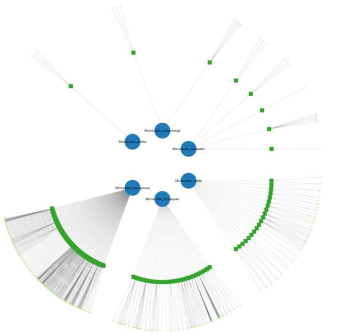
OPEN 출처표시 공공누리 공공저작물 자유이용허락

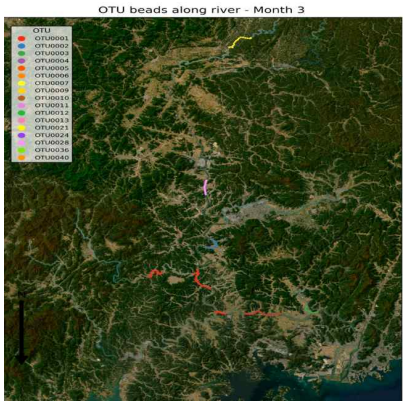
붙임1 **녹조 유전형 정보집 설명자료**

□ 유해남조류 유전형 정보 검색형 자료 제공

[Microcystis 정보 요약] **[유전형 간 유사도 분석]** **[낙동강수계 유전형 분포]**







※ 낙동강 수계 본류와 지류, 수층과 퇴적물 등 출현 지점과 시기 등 상세 정보 함께 제공

□ 낙동강 유해남조류 유전형 정보, 국외 공유 플랫폼 (NCBI*) 등재

[Microcystis cpcBA 유전자]

```
LOCUS       Microcystis_aeruginosa_001 300 bp    DNA     linear   BCT
            27-NOV-2025
DEFINITION  UNVERIFIED: Microcystis aeruginosa isolate S001.
ACCESSION   Microcystis_aeruginosa_001
VERSION
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      Microcystis aeruginosa
  ORGANISM  Microcystis aeruginosa
            Bacteria; Bacillati; Cyanobacteriota; Cyanophyceae;
            Oscillatoriophycideae; Chroococcales; Microcystaceae; Microcystis.
REFERENCE   1  (bases 1 to 300)
  AUTHORS   Kim,I.-S. and Lee,H.-J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (27-NOV-2025) Nakdong River Environment Research Center,
            National Institute of Environmental Research, 24-11,
            Gukgasandan-daero 52-gil, Guji-myeon, Dalseong-gun, Daegu, 43008,
            South Korea
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
            provided by the submitter.
            Bankit Comment: ALT EMAIL:man860206@naver.com
            Bankit Comment: Vecscreen Comment:Submitter says Vecscreen match is
            due to: These are PCR amplicons and contain primer-derived
            sequences at the ends.
            Bankit Comment: TOTAL # OF SEQS:91

            ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: QIIME2 (DADA2 denoise-paired) v. 2024.2
            Sequencing Technology :: Illumina
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..300
                     /organism="Microcystis aeruginosa"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /isolate="S001"
                     /isolation_source="river water"
                     /db_xref="taxon:1126"
                     /country="South Korea: Nakdong River, Chilgok weir area"
                     /collection_date="2025-06-09"
                     /note="cpcBA intergenic spacer amplicon; [uncultured (with
                     species-specific primers)]"
BASE COUNT       74 a     69 c     79 g     78 t
ORIGIN
        1 cttaagaaac gaccttgaga atcagcggct gctacggctt cggtaagggg ggttttcatt
       61 gtttggtatc tcccaataat cttgcaataa gtttcctacg gtttaattga gactagcccc
      121 agggactagg cgacagcagc ggcggcgcgg tcgaagtagc tggcaatttc agacattaaa
      181 gcactgcaat cgccaggggt gataccgttg cgatcgttag caatggataa agcggcttct
      241 ttcatttttgc ttacgccagc agctacggaa gctcctggta ctcctaaagc tacataggtt
```

[Microcystis ITS 유전자]

```
LOCUS       Microcystis_aeruginosa_001 400 bp    DNA     linear   BCT
            27-NOV-2025
DEFINITION  UNVERIFIED: Microcystis aeruginosa isolate S001.
ACCESSION   Microcystis_aeruginosa_001
VERSION
KEYWORDS    UNVERIFIED.
SOURCE      Microcystis aeruginosa
  ORGANISM  Microcystis aeruginosa
            Bacteria; Bacillati; Cyanobacteriota; Cyanophyceae;
            Oscillatoriophycideae; Chroococcales; Microcystaceae; Microcystis.
REFERENCE   1  (bases 1 to 400)
  AUTHORS   Kim,I.-S. and Lee,H.-J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (27-NOV-2025) Nakdong River Environment Research Center,
            National Institute of Environmental Research, 24-11,
            Gukgasandan-daero 52-gil, Guji-myeon, Dalseong-gun, Daegu, 43008,
            South Korea
COMMENT     GenBank staff is unable to verify sequence and/or annotation
            provided by the submitter.
            Bankit Comment: ALT EMAIL:man860206@naver.com
            Bankit Comment: TOTAL # OF SEQS:43

            ##Assembly-Data-START##
            Assembly Method       :: QIIME2 (DADA2 denoise-paired) v. 2024.2
            Sequencing Technology :: Illumina
            ##Assembly-Data-END##
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..400
                     /organism="Microcystis aeruginosa"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /isolate="S001"
                     /isolation_source="river water"
                     /db_xref="taxon:1126"
                     /country="South Korea: Nakdong River, Dalseong weir
                     area"
                     /collection_date="2025-03-10"
                     /note="ITS region PCR amplicon; [uncultured (with
                     species-specific primers)]"
BASE COUNT      139 a     82 c    106 g     73 t
ORIGIN
        1 aagggagacc taattcgggt aggagacgaa aaaaaagtag tccctaccaa gaatcaatcc
       61 caaaaggtcg gagcgaggcg aaattggctt tcaaactagg ttctgggttc acacaagacc
      121 tgaatcagga acaagggcta ttagctcagg tggttagagc gcacccctga taagggtgag
      181 gtccctggtt cgagtccagg atggcccacc tgcacaggtg gcaaaaacaa agaaaaaaag
      241 gaatcagcac cttatcttac ttatatagta agagagaatg ctggctctga gttcagagtc
      301 cagaggaacc ttgaaaactg catagagcta ggtgaaaaag ccaaaaaaga agaccgtcag
      361 gtcaagctaa taagggctaa cggtggatac ctaggcacac
```

* 미국 국립 생물공학정보센터(National center for biotechnology information), 전 세계적으로 표준화된 생물학적 데이터베이스 운영, 연구자들이 유전체 정보를 수집, 등록, 공유하고 있는 플랫폼

붙임2 전문용어 설명

□ 유해남조류

o 우리나라 하천·호소에서 녹조를 일으키는 남조류 중 독성물질을 생성하는 것으로 알려진 4개 속(마이크로시스티스, 아파니조메논, 아나베나, 오실라토리아)에 대해 기후에너지환경부 지정 유해남조류*로 관리하고 있음

* 물환경보전법 시행령 별표3의「수질오염경보의 종류별 경보단계 및 그 단계별 발령·해제기준(제28조 제3항 관련)」

□ 유전형(Genotype)

o 생물 개체가 가지는 고유 DNA 염기서열의 조합이며, 특정 형질 또는 기능을 결정하는 유전자의 구성단위임

□ 유전형 라이브러리

o 생물 개체가 가지는 모든 유전정보의 집합, 국내·외 연구자들이 특정 유전자를 탐색하고 기능을 규명하기 위해 필수적 도구로 활용되는 생물정보 자료저장소(Data Base)

붙임3 **질의응답**

□ 이번 연구가 가지는 중요성 및 향후 연구계획은?

o 기존의 형태학적 분석에 기반한 모니터링은 녹조 원인 유해남조류가 언제, 어디서, 어떻게 출현하는지, 퇴적층에서 수층으로 매질 간 이동 등 기원 추적에 한계가 있었습니다.

o 본 연구에서는 국내 최초로 낙동강 수계를 대상으로 유입 지류와 본류, 퇴적층의 마이크로시스티스 유전자 염기서열 데이터를 확보하고, AI를 활용한 첨단분석 기법 등을 통해 유전형 정보집을 구축하였습니다.

o 이를 통해 유전형의 시·공간 변화와 환경요인 상관성 분석, 수계별 녹조 이동 추적 등 수질관리의 새로운 접근 가능성을 보였습니다.

o 또한, 공개형 데이터로 전환하여 세계적으로 표준화된 유전정보 공유 플랫폼에 등재하고, 누구나 활용할 수 있도록 물환경정보시스템(water.nier.go.kr)에도 함께 제공할 예정입니다.