

Appendix

Whole genomic DNA sequences of 16 species from Archaea, 72 species from Bacteria and 6 species from Eukarya had been determined and are in public now. These species are listed below.

I Archaea

1. *Aeropyrum pernix* K1

Y. Kawarabayasi, Y. Hino, H. Horikawa, S. Yamazaki, Y. Haikawa, K. Jinno, M. Takahashi, M. Sekine, S. Baba, A. Ankai, H. Kosugi, A. Hosoyama, S. Fukui, Y. Nagai, K. Nishijima, H. Nakazawa, M. Takamiya, S. Masuda, T. Funahashi, T. Tanaka, Y. Kudoh, J. Yamazaki, N. Kushida, A. Oguchi, K. Aoki, K. Kubota, Y. Nakamura, N. Nomura, Y. Sako, and H. Kikuchi, Complete genome sequence of an aerobic hyper-thermophilic crenarchaeon, *Aeropyrum pernix* K1., *DNA Res.*, **6**(2), 83-101(1999).

2. *Archaeoglobus fulgidus*

H. P. Klenk, R. A. Clayton, J. F. Tomb, O. White, K. E. Nelson, K. A. Ketchum, R. J. Dodson, M. Gwinn, E. K. Hickey, J. D. Peterson, D. L. Richardson, A. R. Kerlavage, D. E. Graham, N. C. Kyrpides, R. D. Fleischmann, J. Quackenbush, N. H. Lee, G. G. Sutton, S. Gill, E. F. Kirkness, B. A. Dougherty, K. McKenney, M. D. Adams, B. Loftus, S. Peterson, C. I. Reich, L. K. McNeil, J. H. Badger, A. Glodek, L. Zhou, R. Overbeek, J. D. Gocayne, J. F. Weidman, L. McDonald, T. Utterback, M. D. Cotton, T. Spriggs, P. Artiach, B. P. Kaine, S. M. Sykes, P. W. Sadow, K. P. D'Andrea, C. Bowman, C. Fujii, S. A. Garland, T. M. Mason, G. J. Olsen, C. M. Fraser, H. O. Smith, C. R. Woese and J. C. Venter, The complete genome sequence of the hyperthermophilic, sulphate-reducing archaeon *Archaeoglobus fulgidus*., *Nature*, **390**(6658), 364-370(1997).

3. *Halobacterium* sp. NRC-1

W. V. Ng, S. P. Kenned, G. G. Mahairas, B. Berquist, M. Pan, H. D. Shukla, S. R. Lasky, N. Baliga, V. Thorsson, J. Sbrogna, S. Swartzell, D. Weir, J. Hall, T. A. Dahl, R. Welti, Y. A. Goo, B. Leithauser, K. Keller, R. Cruz, M. J. Danson, D. W. Hough, D. G. Maddocks, P. E. Jablonski, M. P. Krebs, C. M. Angevine, H. Dale, T. A. Isenbarger, R. F. Peck, M. Pohlschroder, J. L. Spudich, K.-H. Jung, M. Alam, T. Freitas, S. Hou, C. J. Daniels, P. P. Dennis, A. D. Omer, H. Ebhardt, T. M. Lowe, P. Liang, M. Riley, L. Hood and S. DasSarma, Genome sequence of *Halobacterium* species NRC-1., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **97**(22), 12176-12181(2000).

4. *Methanobacterium thermoautotrophicum*

D. R. Smith, L. A. Doucette-Stamm, C. Deloughery, H.-M. Lee, J. Dubois, T. Aldredge, R. Bashirzadeh, D. Blakely, R. Cook, K. Gilbert, D. Harrison, L. Hoang, P. Keagle, W. Lumm, B. Pothier, D. Qiu, R. Spadafora, R. Vicaire, Y. Wang, J. Wierzbowski, R. Gibson, N. Jiwani, A. Caruso, D. Bush, H. Safer, D. Patwell, S. Prabhakar, S. McDougall, G. Shimer, A. Goyal, S. Pietrovski, G. M. Church, C. J. Daniels, J.-I. Mao, P. Rice, J. Nolling and J. N. Reeve, Complete genome sequence of *Methanobacterium thermoautotrophicum* deltaH: functional analysis and comparative genomics., *J. Bacteriol.*, **179**(22), 7135-7155(1997).

5. *Methanococcus jannaschii*

C. J. Bult, O. White, G. J. Olsen, L. Zhou, R. D. Fleischmann, G. G. Sutton, J. A. Blake, L. M. FitzGerald, R. A. Clayton, J. D. Gocayne, A. R. Kerlavage, B. A. Dougherty, J.-F. Tomb, M. D. Adams, C. I. Reich, R. Overbeek, E. F. Kirkness, K. G. Weinstock, J. M. Merrick, A. Glodek, J. L. Scott, N. S. Geoghagen, J. F. Weidman, J. L. Fuhrmann, D. T. Nguyen, T. Utterback, J. M. Kelley, J. D. Peterson, P. W. Sadow, M. C. Hanna, M. D. Cotton, M. A. Hurst, K. M. Roberts, B. B. Kaine, M. Borodovsky, H. P. Klenk, C. M. Fraser, H. O. Smith, C. R. Woese and J. C. Venter, Complete genome sequence of the methanogenic archaeon, *Methanococcus jannaschii*., *Science*, **273**(5278), 1058-1073(1996).

6. *Methanopyrus kandleri* AV19

A. I. Slesarev, K. V. Mezhevaya, K. S. Makarova, N. N. Polushin, O. V. Shcherbinina, V. V. Shakhova, G. I. Belova, L. Aravind, D. A. Natale, I. B. Rogozin, R. L. Tatusov, Y. I. Wolf, K. O. Stetter, A.

G. Malykh, E. V. Koonin and S. A. Kozyavkin, The complete genome of hyperthermophile *Methanopyrus kandleri* AV19 and monophyly of archaeal methanogens., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(7), 4644-4649(2002).

7. *Methanosarcina acetivorans* str. C2A

J. E. Galagan, C. Nusbaum, A. Roy, M. G. Endrizzi, P. Macdonald, W. FitzHugh, S. Calvo, R. Engels, S. Smirnov, D. Atnoor, A. Brown, N. Allen, J. Naylor, N. Stange-Thomann, K. DeArellano, R. Johnson, L. Linton, P. McEwan, K. McKernan, J. Talamas, A. Tirrell, W. Ye, A. Zimmer, R. D. Barber, I. Cann, D. E. Graham, D. A. Grahame, A. Guss, R. Hedderich, C. Ingram-Smith, H. Kuettnner, J. A. Krzycki, J. A. Leigh, W. Li, J. Liu, B. Mukhopadhyay, J. N. Reeve, K. Smith, T. A. Springer, L. A. Umayam, O. White, R. H. White, E. C. de Macario, J. G. Ferry, K. F. Jarrell, H. Jing, A. J. Macario, I. Paulsen, M. Pritchett, K. R. Sowers, R. V. Swanson, S. H. Zinder, E. Lander, W. W. Metcalf and B. Birren, The genome of *M. acetivorans* reveals extensive metabolic and physiological diversity., *Genome Res.*, **12**(4), 532-542(2002).

8. *Methanosarcina mazei* Goel

U. Deppenmeier, A. Johann, T. Hartsch, R. Merkl, R. A. Schmitz, R. Martinez-Arias, A. Henne, A. Wiezer, S. Baumer, C. Jacobi, H. Bruggemann, T. Lienard, A. Christmann, M. Bomecke, S. Steckel, A. Bhattacharyya, A. Lykidis, R. Overbeek, H. P. Klenk, R. P. Gunsalus, H.-J. Fritz and G. Gottschalk, The genome of *Methanosarcina mazei*: evidence for lateral gene transfer between bacteria and archaea., *J. Mol. Microbiol. Biotechnol.*, **4**(4), 453-461(2002).

9. *Pyrobaculum aerophilum*

S. T. Fitz-Gibbon, H. Ladner, U. J. Kim, K. O. Stetter, M. I. Simon and J. H. Miller, Genome sequence of the hyperthermophilic crenarchaeon *Pyrobaculum aerophilum*., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(2), 984-989(2002).

10. *Pyrococcus abyssi*

<http://www.genoscope.cns.fr/Pab/>

11. *Pyrococcus furiosus*

F. T. Robb, D. L. Maeder, J. R. Brown, J. DiRuggiero, M. D. Stump, R. K. Yeh, R. B. Weiss and D. M. Dunn, Genomic sequence of hyperthermophile, *Pyrococcus furiosus*: implications for physiology and enzymology., *Methods Enzymol.*, **330**, 134-157(2001).

12. *Pyrococcus horikoshii* OT3

Y. Kawarabayasi, M. Sawada, H. Horikawa, Y. Haikawa, Y. Hino, S. Yamamoto, M. Sekine, S. Baba, H. Kosugi, A. Hosoyama, Y. Nagai, M. Sakai, K. Ogura, R. Otsuka, H. Nakazawa, M. Takamiya, Y. Ohfuku, T. Funahashi, T. Tanaka, Y. Kudoh, J. Yamazaki, N. Kushida, A. Oguchi, K. Aoki and H. Kikuchi, Complete sequence and gene organization of the genome of a hyper-thermophilic archaeobacterium, *Pyrococcus horikoshii* OT3., *DNA Res.*, **5**(2), 55-76(1998).

13. *Sulfolobus solfataricus*

Q. She, R. K. Singh, F. Confalonieri, Y. Zivanovic, G. Allard, M. J. Awayez, C. C. Chan-Weiher, I. G. Clausen, B. A. Curtis, A. De Moors, G. Erauso, C. Fletcher, P. M. Gordon, I. Heikamp-de Jong, A. C. Jeffries, C. J. Kozera, N. Medina, X. Peng, H. P. Thi-Ngoc, P. Redder, M. E. Schenk, C. Theriault, N. Tolstrup, R. L. Charlebois, W. F. Doolittle, M. Duguet, T. Gaasterland, R. A. Garrett, M. A. Ragan, C. W. Sensen and J. Van der Oost, The complete genome of the crenarchaeon *Sulfolobus solfataricus* P2., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **98**(14), 7835-7840(2001).

14. *Sulfolobus tokodaii*

Y. Kawarabayasi, Y. Hino, H. Horikawa, K. Jinno, M. Takahashi, M. Sekine, S. Baba, A. Ankai, H. Kosugi, A. Hosoyama, S. Fukui, Y. Nagai, K. Nishijima, R. Otsuka, H. Nakazawa, M. Takamiya, Y. Kato, T. Yoshizawa, T. Tanaka, Y. Kudoh, J. Yamazaki, N. Kushida, A. Oguchi, K. Aoki, S. Masuda, M. Yanagii, M. Nishimura, A. Yamagishi, T. Oshima and H. Kikuchi, Complete genome sequence of an aerobic thermoacidophilic crenarchaeon, *Sulfolobus tokodaii* strain7., *DNA Res.*, **8**(4), 123-140(2001).

15. *Thermoplasma acidophilum*

A. Ruepp, W. Graml, M. L Santos-Martinez, K. K. Koretke, C. Volker, H. W. Mewes, D. Frishman, S. Stocker, A. N. Lupas and W. Baumeister, The genome sequence of the thermoacidophilic scavenger *Thermoplasma acidophilum*., *Nature*, **407**(6803), 508-513(2000).

16. *Thermoplasma volcanium*

T. Kawashima, N. Amano, H. Koike, S. Makino, S. Higuchi, Y Kawashima, Ohya, K. Watanabe, M. Yamazaki, K. Kanehori, T. Kawamoto, T. Nunoshiya, Y. Yamamoto, H. Aramaki, K. Makino and M. Suzuki, Archaeal adaptation to higher temperatures revealed by genomic sequence of *Thermoplasma volcanium*., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **97**(26), 14257-14262(2000).

II. Bacteria

17. *Agrobacterium tumefaciens* Cereon

B. Goodner, G. Hinkle, S. Gattung, N. Miller, M. Blanchard, B. Quorollo, B. S. Goldman, Y. Cao, M. Askenazi, C. Halling, L. Mullin, K. Houmiel, J. Gordon, M. Vaudin, O. Iartchouk, A. Epp, F. Liu, C. Wollam, M. Allinger, D. Doughty, C. Scott, C. Lappas, B. Markelz, C. Flanagan, C. Crowell, J. Gurson, C. Lomo, C. Sear, G. Strub, C. Cielo and S. Slater, Genome sequence of the plant pathogen and biotechnology agent *Agrobacterium tumefaciens* C58., *Science*, **294**(5550), 2323-2328(2001).

18. *Agrobacterium tumefaciens* Uwash

D. W. Wood, J. C. Setubal, R. Kaul, D. Monks, L. Chen, G. E. Wood, Y. Chen, L. Woo, J. P. Kitajima, V. K. Okura, N. F. Almedia Jr., Y. Zhou, D. Bovee Sr., P. Chapman, J. Clendenning, G. Deatherage, W. Gillet, C. Grant, D. Guenther, T. Kutayavin, R. Levy, M. Li, E. McClelland, A. Palmieri, C. Raymond, G. Rouse, C. Saenphimmachak, Z. Wu, D. Gordon, J. A. Eisen, I. Paulsen, P. Karp, P. Romero, S. Zhang, H. Yoo, Y. Tao, P. Biddle, M. Jung, W. Krespan, M. Perry, B. Gordon-Kamm, L. Liao, S. Kim, C. Hendrick, Z. Zhao, M. Dolan, S. V. Tingey, J. Tomb, M. P. Gordon, M. V. Olson and E. W. Nester, The genome of the natural genetic engineer *Agrobacterium tumefaciens* C58., *Science*, **294**(5550), 2317-2323(2001).

19. *Aquifex aeolicus*

G. Deckert, P. V. Warren, T. Gaasterland, W. G. Young, A. L. Lenox, D. E. Graham, R. Overbeek, M. A. Snead, M. Keller, M. Aujay, R. Huber, R. A. Feldman, J. M. Short, G. J. Olsen and R. V. Swanson, The complete genome of the hyperthermophilic bacterium *Aquifex aeolicus*., *Nature*, **392**(6674), 353-358(1998).

20. *Bacillus halodurans* C-125

H. Takami, K. Nakasone, Y. Takaki, G. Maeno, Y. Sasaki, N. Masui, F. Fujii, C. Hiramata, Y. Nakamura, N. Ogasawara, S. Kuhara, and K. Horikoshi, Complete genome sequence of the alkaliphilic bacterium *Bacillus halodurans* and genomic sequence comparison with *Bacillus subtilis*, *Nucleic Acids Res.*, **28**(21), 4317-4331 (2000)

21. *Bacillus subtilis*

F. Kunst, N. Ogasawara, I. Moszer, A. M. Albertini, G. Alloni, V. Azevedo, M. G. Bertero, P. Bessieres, A. Bolotin, S. Borchert, R. Borriss, L. Boursier, A. Brans, M. Braun, S. C. Brignell, S. Bron, S. Brouillet, C. V. Bruschi, B. Caldwell, V. Capuano, N. M. Carter, S. K. Choi, J. J. Codani, I. F. Connerton, N. J. Cummings, R. A. Daniel, F. Denizot, K. M. Devine, A. Düsterhöft, S. D. Ehrlich, P. T. Emmerson, K. D. Entian, J. Errington, C. Fabret, E. Ferrari, D. Foulger, C. Fritz, M. Fujita, Y. Fujita, S. Fuma, A. Galizzi, N. Galleron, S.-Y. Ghim, P. Glaser, A. Goffeau, E. J. Golightly, G. Grandi, G. Guiseppi, B. J. Guy, K. Haga, J. Haiech, C. R. Harwood, A. Hénaut, H. Hilbert, S. Holsappel, S. Hosono, M.-F. Hullo, M. Itaya, L. Jones, B. Joris, D. Karamata, Y. Kasahara, M. Klaerr-Blanchard, C. Klein, Y. Kobayashi, P. Koetter, G. Koningstein, S. Krogh, M. Kumano, K. Kurita, A. Lapidus, S. Lardinois, J. Lauber, V. Lazarevic, S.-M. Lee, A. Levine, H. Liu, S. Masuda, C. Mauél, C. Médigue, N. Medina, R. P. Mellado, M. Mizuno, D. Moestl, S. Nakai, M. Noback, D. Noone, M. O'Reilly, K. Ogawa, A. Ogiwara, B. Oudega, S.-H. Park, V. Parro, T. M. Pohl, D. Portetelle, S. Porwollik, A. M. Prescott, E. Presecan, P. Pujic, B. Purnelle, G. Rapoport, M. Rey, S. Reynolds, M. Rieger, C. Rivolta, E. Rocha,, B. Roche, M. Rose, Y. Sadaie, T. Sato, E. Scanlan, S. Schleich, R. Schroeter, F. Scoffone, J. Sekiguchi, A. Sekowska, S. J. Seror, P. Serror, B.-S. Shin, B. Soldo, A. Sorokin, E. Tacconi, T. Takagi, H. Takahashi, K. Takemaru, M. Takeuchi, A. Tamakoshi, T. Tanaka, P. Terpstra, A. Tognoni, V. Tosato, S. Uchiyama, M. Vandenbol, F. Vannier, A. Vassarotti, A. Viari, R. Wambutt, E. Wedler, H. Wedler, T. Weitzenegger, P. Winters, A. Wipat, H. Yamamoto, K. Yamane, K. Yasumoto, K. Yata, K. Yoshida, H.-F. Yoshikawa, E. Zumstein, H. Yoshikawa and A. Danchin, The complete genome sequence of the gram-positive bacterium *Bacillus subtilis*, *Nature*, **390**(6657), 249-256(1997).

22. *Borrelia burgdorferi*

C. M. Fraser, S. Casjens, W. M. Huang, G. G. Sutton, R. A. Clayton, R. Lathigra, O. White, K. A. Ketchum, R. Dodson, E. K. Hickey, M. Gwinn, B. Dougherty, J. F. Tomb, R. D. Fleischmann, D. Richardson,

J. Peterson, A. R. Kerlavage, J. Quackenbush, S. Salzberg, M. Hanson, R. van-Vugt, N. Palmer, M. D. Adams, J. D. Gocayne, J. Weidman, T. Utterback, L. Watthey, L. McDonald, P. Artiach, C. Bowman, S. Garland, C. Fujii, M. D. Cotton, K. Horst, K. Roberts, B. Hatch, H. O. Smith and J. C. Venter, Genomic sequence of a Lyme disease spirochaete, *Borrelia burgdorferi.*, *Nature*, **390**(6660), 580-586(1997).

23. *Brucella melitensis*

V. G. DelVecchio, V. Kapatral, R. J. Redkar, G. Patra, C. Mujer, T. Los, N. Ivanova, I. Anderson, A. Bhattacharyya, A. Lykidis, G. Reznik, L. Jablonski, N. Larsen, M. D'Souza, A. Bernal, M. Mazur, E. Goltsman, E. Selkov, P. H. Elzer, S. Hagijs, D. O'Callaghan, J.-J. Letesson, R. Haselkorn, N. Kyrpides and R. Overbeek, The genome sequence of the facultative intracellular pathogen *Brucella melitensis.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(1), 443-448(2002).

24. *Buchnera aphidicola* Sg

I. Tamas, L. Klasson, B. Canback, A. K. Naslund, A. S. Eriksson, J. J. Wernegreen, J. P. Sandstrom, N. A. Moran and S. G. Andersson, 50 million years of genomic stasis in endosymbiotic bacteria., *Science*, **296**(5577), 2376-2379(2002).

25. *Buchnera* sp. APS

S. Shigenobu, H. Watanabe, M. Hattori, Y. Sakaki and H. Ishikawa, Genome sequence of the endocellular bacterial symbiont of aphids *Buchnera* sp. APS., *Nature*, **407**(6800), 81-86(2000).

26. *Campylobacter jejuni*

J. Parkhill, B. W. Wren, K. Mungall, J. M. Ketley, C. Churcher, D. Basham, T. Chillingworth, R. M. Davies, T. Feltwell, S. Holroyd, K. Jagels, A. Karlyshev, S. Moule, M. J. Pallen, C. W. Penn, A. Quail, M. A. Rajandream, K. M. Rutherford, A. VanVliet, S. Whitehead and B. G. Barrell, The genome sequence of the food-borne pathogen *Campylobacter jejuni* reveals hypervariable sequences., *Nature*, **403**(6770), 665-668(2000).

27. *Caulobacter crescentus*

W. C. Nierman, T. V. Feldblyum, I. T. Paulsen, K. E. Nelson, J. Eisen, J. F. Heidelberg, M. Alley, N. Ohta, J. R. Maddock, I. Potocka, W. C. Nelson, A. Newton, C. Stephens, N. D. Phadke, B. Ely, M. T. Laub, R. T. DeBoy, R. J. Dodson, A. S. Durkin, M. L. Gwinn, D. H. Haft,

J. F. Kolonay, J. Smit, M. Craven, H. Khouri, J. Shetty, K. Berry, T. Utterback, K. Tran, A. Wolf, J. Vamathevan, M. Ermolaeva, O. White, S. L. Salzberg, L. Shapiro, J. C. Venter and C. M. Fraser, Complete genome sequence of *Caulobacter crescentus*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **98**(7), 4136-4141(2001).

28. *Chlamydia muridarum*

T. D. Read, R. C. Brunham, C. Shen, S. R. Gill, J. F. Heidelberg, O. White, E. K. Hickey, J. Peterson, T. Utterback, K. Berry, S. Bass, K. Linher, J. Weidman, H. Khouri, B. Craven, C. Bowman, R. Dodson, M. Gwinn, W. Nelson, R. DeBoy, J. Kolonay, G. McClarty, S. L. Salzberg, J. Eisen and C. M. Fraser, Genome sequences of *Chlamydia trachomatis* MoPn and *Chlamydia pneumoniae* AR39., *Nucleic Acids Res.*, **28**(6), 1397-1406(2000).

29. *Chlamydia trachomatis*

R. S. Stephens, S. Kalman, C. J. Lammel, J. Fan, R. Marathe, L. Aravind, W. P. Mitchell, L. Olinger, R. L. Tatusov, Q. Zhao, E. V. Koonin and R. W. Davis, Genome sequence of an obligate intracellular pathogen of humans: *Chlamydia trachomatis*., *Science*, **282**(5389), 754-759(1998).

30. *Chlamydophila pneumoniae* AR39

S. Kalman, W. Mitchell, R. Marathe, C. Lammel, J. Fan, R. W. Hyman, L. Olinger, J. Grimwood, R. W. Davis and R. S. Stephens, Comparative genomes of *Chlamydia pneumoniae* and *C. trachomatis*., *Nat. Genet.*, **21**(4), 385-389(1999).

31. *Chlamydophila pneumoniae* CWL029

T. D. Read, R. C. Brunham, C. Shen, S. R. Gill, J. F. Heidelberg, O. White, E. K. Hickey, J. Peterson, T. Utterback, K. Berry, S. Bass, K. Linher, J. Weidman, H. Khouri, B. Craven, C. Bowman, R. Dodson, M. Gwinn, W. Nelson, R. DeBoy, J. Kolonay, G. McClarty, S. L. Salzberg, J. Eisen and C. M. Fraser, Genome sequences of *Chlamydia trachomatis* MoPn and *Chlamydia pneumoniae* AR39., *Nucleic Acids Res.*, **28**(6), 1397-1406(2000).

32. *Chlamydophila pneumoniae* J138

M. Shirai, H. Hirakawa, M. Kimoto, M. Tabuchi, F. Kishi, K. Ouchi, T. Shiba, K. Ishii, M. Hattori, S. Kuhara and T. Nakazawa, Comparison

of whole genome sequences of *Chlamydia pneumoniae* J138 from Japan and CWL029 from USA., *Nucleic Acids Res.*, **28**(12), 2311-2314(2000).

33. *Chlorobium tepidum* TLS

J. A. Eisen, K. E. Nelson, I. T. Paulsen, J. F. Heidelberg, M. Wu, R. J. Dodson, R. Deboy, M. L. Gwinn, W. C. Nelson, D. H. Haft, E. K. Hickey, J. D. Peterson, A. S. Durkin, J. L. Kolonay, F. Yang, I. Holt, L. A. Umayam, T. Mason, M. Brenner, T. P. Shea, D. Parksey, W. C. Nierman, T. V. Feldblyum, C. L. Hansen, M. B. Craven, D. Radune, J. Vamathevan, H. Khouri, O. White, T. M. Gruber, K. A. Ketchum, J. C. Venter, H. Tettelin, D. A. Bryant and C. M. Fraser, The complete genome sequence of *Chlorobium tepidum* TLS, a photosynthetic, anaerobic, green-sulfur bacterium., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(14), 9509-9514(2002).

34. *Clostridium perfringens*

T. Shimizu, K. Ohtani, H. Hirakawa, K. Ohshima, A. Yamashita, T. Shiba, N. Ogasawara, M. Hattori, S. Kuhara and H. Hayashi, Complete genome sequence of *Clostridium perfringens*, an anaerobic flesh-eater., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(2), 996-1001(2002).

35. *Clostridium acetobutylicum*

J. Nolling, G. Breton, M. V. Omelchenko, K. S. Makarova, Q. Zeng, R. Gibson, H. M. Lee, J. Dubois, D. Qiu, J. Hitti, Y. I. Wolf, R. L. Tatusov, F. Sabathe, L. Doucette-stamm, P. Soucaille, M. J. Daly, G. N. Bennett, E. V. Koonin and D. R. Smith, Genome sequence and comparative analysis of the solvent-producing bacterium *Clostridium acetobutylicum*., *J. Bacteriol.*, **183**(16), 4823-4838(2001).

36. *Corynebacterium glutamicum*

<http://gib.genes.nig.ac.jp/>

37. *Deinococcus radiodurans* R1

O. White, J. A. Eisen, J. F. Heidelberg, E. K. Hickey, J. D. Peterson, R. J. Dodson, D. H. Haft, M. L. Gwinn, W. C. Nelson, D. L. Richardson, K. S. Moffat, H. Qin, L. Jiang, W. Pamphile, M. Crosby, M. Shen, J. J. Vamathevan, P. Lam, L. McDonald, T. Utterback, C. Zalewski, K. S. Makarova, L. Aravind, M. J. Daly, K. W. Minton, R. D. Fleischmann, K. A. Ketchum, K. E. Nelson, S. Salzberg, H. O. Smith, J. C. Venter and C. M. Fraser, Genome sequence of the radioresistant bacterium *Deinococcus radiodurans* R1., *Science*, **286**(5444), 1571-1577(1999).

38. *Escherichia coli* K12
F. R. Blattner, G. Plunkett 3rd., C. A. Bloch, N. T. Perna, V. Burland, M. Riley, J. Collado-Vides, J. D. Glasner, C. K. Rode, G. F. Mayhew, J. Gregor, N. W. Davis, H. A. Kirkpatrick, M. A. Goeden, D. J. Rose, B. Mau and Y. Shao, The complete genome sequence of *Escherichia coli* K-12., *Science*, **277**(5331), 1453-1474(1997).
39. *Escherichia coli* O157:H7
N. T. Perna, G. Plunkett 3rd., V. Burland, B. Mau, J. D. Glasner, D. J. Rose, G. F. Mayhew, P. S. Evans, J. Gregor, H. A. Kirkpatrick, G. Posfai, J. Hackett, S. Klink, A. Boutin, Y. Shao, L. Miller, E. J. Groetbeck, N. W. Davis, A. Lim, E. Dimalanta, K. Potamouisis, J. Apodaca, T. S. Anantharaman, J. Lin, G. Yen, D. C. Schwartz, R. A. Welch and F. R. Blattner, Genome sequence of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7., *Nature*, **409**(6819), 529-533(2001).
40. *Escherichia coli* O157:H7 EDL933
K. Makino, K. Yokoyama, Y. Kubota, C.H. Yutsudo, S. Kimura, K. Kurokawa, K. Ishii, M. Hattori, I. Tatsuno, H. Abe, T. Iida, K. Yamamoto, M. Onishi, T. Hayashi, T. Yasunaga, T. Honda, C. Sasakawa and H. Shinagawa, Complete nucleotide sequence of the prophage VT2-Sakai carrying the verotoxin 2 genes of the enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 derived from the Sakai outbreak., *Genes Genet. Syst.*, **74**(5), 227-239(1999).
41. *Fusobacterium nucleatum*
V. Kapatral, I. Anderson, N. Ivanova, G. Reznik, T. Los, A. Lykidis, A. Bhattacharyya, A. Bartman, W. Gardner, G. Grechkin, L. Zhu, O. Vasieva, L. Chu, Y. Kogan, O. Chaga, E. Goltsman, A. Bernal, N. Larsen, M. D'Souza, T. Walunas, G. Pusch, R. Haselkorn, M. Fontstein, N. Kyrpides and R. Overbeek, Genome sequence and analysis of the oral bacterium *Fusobacterium nucleatum* strain ATCC 25586., *J. Bacteriol.*, **184**(7), 2005-2018(2002).
42. *Haemophilus influenzae*
R. D. Fleischmann, M. D. Adams, O. White, R. A. Clayton, E. F. Kirkness, A. R. Kerlavage, C. J. Bult, J.-F. Tomb, B. A. Dougherty, J. M. Merrick, K. McKenney, G. G. Sutton, W. FitzHugh, C. A. Fields, J. D. Gocayne, J. D. Scott, R. Shirley, L.-I. Liu, A. Glodek, J. M. Kelley, J. F. Weidman, C. A. Phillips, T. Spriggs, E. Hedblom, M. D. Cotton,

- T. Utterback, M. C. Hanna, D. T. Nguyen, D. M. Saudek, R. C. Brandon, L. D. Fine, J. L. Fritchman, J. L. Fuhrmann, N. S. Geoghagen, C. L. Gnehm, L. A. McDonald, K. V. Small, C. M. Fraser, H. O. Smith and J. C. Venter, Whole-genome random sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd., *Science*, **269**(5223), 496-512(1995).
43. *Helicobacter pylori* 26695
 J.-F. Tomb, O. White, A. R. Kerlavage, R. A. Clayton, G. G. Sutton, R. D. Fleischmann, K. A. Ketchum, H. P. Klenk, S. Gill, B. A. Dougherty, K. Nelson, J. Quackenbush, L. Zhou, E. F. Kirkness, S. Peterson, B. Loftus, D. Richardson, R. Dodson, H. G. Khalak, A. Glodek, K. McKenney, L. M. Fitzegerald, N. Lee, M. D. Adams, E. K. Hickey, D. E. Berg, J. D. Gocayne, T. R. Utterback, J. D. Peterson, J. M. Kelley, M. D. Cotton, J. M. Weidman, C. Fujii, C. Bowman, L. Waththey, E. Wallin, W. S. Hayes, M. Borodovsky, P. D. Karp, H. O. Smith, C. M. Fraser and J. C. Venter, The complete genome sequence of the gastric pathogen *Helicobacter pylori*., *Nature*, **388**(6642), 539-547(1997).
44. *Helicobacter pylori* J99
 R. A. Alm, L.-S. L. Ling, D. T. Moir, B. L. King, E. D. Brown, P. C. Doig, D. R. Smith, B. Noonan, B. C. Guild, B. L. deJonge, G. Carmel, P. J. Tummino, A. Caruso, M. Uria-Nickelsen, D. M. Mills, C. Ives, R. Gibson, D. Merberg, S. D. Mills, Q. Jiang, D. E. Taylor, G. F. Vovis and T. J. Trust, Genomic-sequence comparison of two unrelated isolates of the human gastric pathogen *Helicobacter pylori*., *Nature*, **397**(6715), 176-180(1999).
45. *Lactococcus lactis* subsp. *Lactis*
 A. Bolotin, P. Wincker, S. Mauger, O. Jaillon, K. Malarme, J. Weissenbach, S. D. Ehrlich and A. Sorokin, The complete genome sequence of the lactic acid bacterium *Lactococcus lactis* ssp. *lactis* IL1403., *Genome Res.*, **11**(5), 731-753(2001).
46. *Listeria innocua*
 P. Glaser, L. Frangeul, C. Buchrieser, C. Rusniok, A. Amend, F. Baquero, P. Berche, H. Bloecker, P. Brandt, T. Chakraborty, A. Charbit, F. Chetouani, E. Couve, A. de Daruvar, P. Dehoux, E. Domann, G. Dominguez-Bernal, E. Duchaud, L. Durant, O. Dussurget, K. D. Entian, H. Fsihi, F. Garcia-Del Portillo, P. Garrido, L. Gautier, W. Goebel, N. Gomez-Lopez, T. Hain, J. Hauf, D. Jackson, L.-M. Jones, U. Kaerst, J. Kreft, M. Kuhn, F. Kunst, G. Kurapkat, E. Madueno,

A. Maitournam, J. Mata Vicente, E. Ng, H. Nedjari, G. Nordsiek, S. Novella, B. de Pablos, J.-C. Perez-Diaz, R. Purcell, B. Remmel, M. Rose, C. Rusniok, T. Schlueter, N. Simoes, A. Tierrez, J.-A. Vazquez-Boland, H. Voss, J. Wehland and P. Cossart, Comparative genomics of *Listeria* species., *Science*, **294**(5543), 849-852(2001).

47. *Listeria monocytogenes* EGD-e

P. Glaser, L. Frangeul, C. Buchrieser, C. Rusniok, A. Amend, F. Baquero, P. Berche, H. Bloecker, P. Brandt, T. Chakraborty, A. Charbit, F. Chetouani, E. Couve, A. de Daruvar, P. Dehoux, E. Domann, G. Dominguez-Bernal, E. Duchaud, L. Durant, O. Dussurget, K. D. Entian, H. Fsihi, F. Garcia-Del Portillo, P. Garrido, L. Gautier, W. Goebel, N. Gomez-Lopez, T. Hain, J. Hauf, D. Jackson, L.-M. Jones, U. Kaerst, J. Kreft, M. Kuhn, F. Kunst, G. Kurapkat, E. Madueno, A. Maitournam, J. Mata Vicente, E. Ng, H. Nedjari, G. Nordsiek, S. Novella, B. de Pablos, J.-C. Perez-Diaz, R. Purcell, B. Remmel, M. Rose, C. Rusniok, T. Schlueter, N. Simoes, A. Tierrez, J.-A. Vazquez-Boland, H. Voss, J. Wehland and P. Cossart, Comparative genomics of *Listeria* species., *Science*, **294**(5543), 849-852(2001).

48. *Mesorhizobium loti*

T. Kaneko, Y. Nakamura, S. Sato, E. Asamizu, T. Kato, S. Sasamoto, A. Watanabe, K. Idesawa, A. Ishikawa, K. Kawashima, T. Kimura, Y. Kishida, C. Kiyokawa, M. Kohara, M. Matsumoto, A. Matsuno, Y. Mochizuki, S. Nakayama, N. Nakazaki, S. Shimpo, M. Sugimoto, C. Takeuchi, M. Yamada and S. Tabata, Complete genome structure of the nitrogen-fixing symbiotic bacterium *Mesorhizobium loti*., *DNA Res.*, **7**(6), 331-338(2000).

49. *Mycobacterium leprae*

S. T. Cole, K. Eiglmeier, J. Parkhill, K. D. James, N. R. Thomson, P. R. Wheeler, N. Honore, T. Garnier, C. Churcher, D. Harris, K. Mungall, D. Basham, D. Brown, T. Chillingworth, R. Connor, R. M. Davies, K. Devlin, S. Duthoy, T. Feltwell, A. Fraser, N. Hamlin, S. Holroyd, T. Hornsby, K. Jagels, C. Lacroix, J. Maclean, S. Moule, L. Murphy, K. Oliver, M.A. Quail, M.-A. Rajandream, K. M. Rutherford, S. Rutter, K. Seeger, S. Simon, M. Simmonds, J. Skelton, R. Squares, S. Squares, K. Stevens, K. Taylor, S. Whitehead, J. R. Woodward and B. G. Barrell, Massive gene decay in the leprosy bacillus., *Nature*, **409**(6823), 1007-1011(2001).

50. *Mycobacterium tuberculosis* CDC1551

R. D. Fleischmann, D. Alland, J. A. Eisen, L. Carpenter, O. White, J. Peterson, R. DeBoy, R. Dodson, M. Gwinn, D. Haft, E. Hickey, J. F. Kolonay, W. C. Nelson, L. A. Umayam, M. Ermolaeva, S. L. Salzberg, A. Delcher, T. Utterback, J. Weidman, H. Khouri, J. Gill, A. Mikula, W. Bishai, W. R. Jacobs Jr., J. C. Venter and C. M. Fraser, Whole-Genome Comparison of *Mycobacterium tuberculosis* Clinical and Laboratory Strains., *J. Bacteriol.*, **184**(19), 5479-5490(2002).

51. *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv

S. T. Cole, R. Brosch, J. Parkhill, T. Garnier, C. Churcher, D. Harris, S. V. Gordon, K. Eiglmeier, S. Gas, C. E. Barry 3rd., F. Tekaiia, K. Badcock, D. Basham, D. Brown, T. Chillingworth, R. Connor, R. Davies, K. Devlin, T. Feltwell, S. Gentles, N. Hamlin, S. Holroyd, T. Hornsby, K. Jagels, A. Krogh, J. McLean, S. Moule, L. Murphy, K. Oliver, J. Osborne, M. A. Quail, M. A. Rajandream, J. Rogers, S. Rutter, K. Seeger, J. Skelton, R. Squares, S. Squares, J. E. Sulston, K. Taylor, S. Whitehead and B. G. Barrell, Deciphering the biology of *Mycobacterium tuberculosis* from the complete genome sequence., *Nature*, **393**(6685), 537-544(1998).

52. *Mycoplasma genitalium*

C. M. Fraser, J. D. Gocayne, O. White, M. D. Adams, R. A. Clayton, R. D. Fleischmann, C. J. Bult, A. R. Kerlavage, G. G. Sutton, J. M. Kelley, J. L. Fritchman, J. F. Weidman, K. V. Small, M. Sandusky, J. Fuhrmann, D. T. Nguyen, T. Utterback, D. M. Saudek, C. A. Phillips, J. M. Merrick, J.-F. Tomb, B. A. Dougherty, K. F. Bott, P.-C. Hu, T. S. Lucier, S. N. Peterson, H. O. Smith and J. C. Venter, The minimal gene complement of *Mycoplasma genitalium*., *Science*, **270**(5235), 397-403(1995).

53. *Mycoplasma pneumoniae*

R. Himmelreich, H. Hilbert, H. Plagens, E. Pirkl, B. C. Li and R. Herrmann, Complete sequence analysis of the genome of the bacterium *Mycoplasma pneumoniae*., *Nucleic Acids Res.*, **24**(22), 4420-4449(1996).

54. *Mycoplasma pulmonis*

I. Chambaud, R. Heilig, S. Ferris, V. Barbe, D. Samson, F. Galisson, I. Moszer, K. Dybvig, H. Wroblewski, A. Viari, E. P. C. Rocha

and A. Blanchard, The complete genome sequence of the murine respiratory pathogen *Mycoplasma pulmonis*, *Nucleic Acids Res.*, **29**(10), 2145-2153(2001).

55. *Neisseria meningitidis* MC58

H. Tettelin, N. J. Saunders, J. Heidelberg, A. C. Jeffries, K. E. Nelson, J. A. Eisen, K. A. Ketchum, D. W. Hood, J. F. Peden, R. J. Dodson, W. C. Nelson, M. L. Gwinn, R. DeBoy, J. D. Peterson, E. K. Hickey, D. H. Haft, S. L. Salzberg, O. White, R. D. Fleischmann, B. A. Dougherty, T. Mason, A. Ciecko, D. S. Parksey, E. Blair, H. Cittone, E. B. Clark, M. D. Cotton, T. R. Utterback, H. Khouri, H. Qin, J. Vamathevan, J. Gill, V. Scarlato, V. Masignani, M. Pizza, G. Grandi, L. Sun, H. O. Smith, C. M. Fraser, E. R. Moxon, R. Rappuoli and J. C. Venter, Complete genome sequence of *Neisseria meningitidis* serogroup B strain MC58., *Science*, **287**(5459), 1809-1815(2000).

56. *Neisseria meningitidis* Z2491

J. Parkhill, M. Achtman, K. D. James, S. D. Bentley, C. Churcher, S. R. Klee, G. Morelli, D. Basham, D. Brown, T. Chillingworth, R. M. Davies, P. Davis, K. Devlin, T. Feltwell, N. Hamlin, S. Holroyd, K. Jagels, S. Leather, S. Moule, K. Mungall, M. A. Quail, M.-A. Rajandream, K. M. Rutherford, M. Simmonds, J. Skelton, S. Whitehead, B. G. Spratt and B. G. Barrell, Complete DNA sequence of a serogroup A strain of *Neisseria meningitidis* Z2491., *Nature*, **404**(6777), 502-506(2000).

57. *Oceanobacillus iheyensis*

H. Takami, Y. Takaki and I. Uchiyama, Genome sequence of *Oceanobacillus iheyensis* isolated from the Iheya Ridge and its unexpected adaptive capabilities to extreme environments., *Nucleic Acids Res.*, **30**(18), 3927-35(2002).

58. *Nostoc* sp. PCC 7120

T. Kaneko, Y. Nakamura, C. P. Wolk, T. Kuritz, S. Sasamoto, A. Watanabe, M. Iriguchi, A. Ishikawa, K. Kawashima, T. Kimura, Y. Kishida, M. Kohara, M. Matsumoto, A. Matsuno, A. Muraki, N. Nakazaki, S. Shimpo, M. Sugimoto, M. Takazawa, M. Yamada, M. Yasuda and S. Tabata, Complete genomic sequence of the filamentous nitrogen-fixing cyanobacterium *Anabaena* sp. strain PCC 7120., *DNA Res.*, **8**(5) 205-213;227-53(2001).

59. *Pasteurella multocida*

B. J. May, Q. Zhang, L. L. Li, M. L. Paustian, T. S. Whittam and V. Kapur, Complete genomic sequence of *Pasteurella multocida*, Pm70., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **98**(6), 3460-3465(2001).

60. *Pseudomonas aeruginosa*

C. K. Stover, X. Q. Pham, A. L. Erwin, S. D. Mizoguchi, P. Warrener, M. J. Hickey, F. S. L. Brinkman, W. O. Hufnagle, D. J. Kowalik, M. Lagrou, R. L. Garber, L. Goltry, E. Tolentino, S. Westbrook-Wadman, Y. Yuan, L. L. Brody, S. N. Coulter, K. R. Folger, A. Kas, K. Larbig, R. Lim, K. Smith, D. Spencer, G. K.-S. Wong, Z. Wu, I. T. Paulsen, J. Reizer, M. H. Saier, R. E. W. Hancock, S. Lory and M. V. Olson, Complete genome sequence of *Pseudomonas aeruginosa* PA01, an opportunistic pathogen., *Nature*, **406**(6799), 959-964(2000).

61. *Ralstonia solanacearum*

M. Salanoubat, S. Genin, F. Artiguenave, J. Gouzy, S. Mangenot, M. Arlat, A. Billault, P. Brottier, J. C. Camus, L. Cattolico, M. Chandler, N. Choisine, C. Claudel-Renard, S. Cunnac, N. Demange, C. Gaspin, M. Lavie, A. Moisan, C. Robert, W. Saurin, T. Schiex, P. Siguier, P. Thebault, M. Whalen, P. Wincker, M. Levy, J. Weissenbach and C. A. Boucher, Genome sequence of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum*., *Nature*, **415**(6871), 497-502(2002).

62. *Rickettsia conorii* Malish 7

H. Ogata, S. Audic, P. Renesto-Audiffren, P. E. Fournier, V. Barbe, D. Samson, V. Roux, P. Cossart, J. Weissenbach, J. M. Claverie and D. Raoult, Mechanisms of evolution in *Rickettsia conorii* and *R. prowazekii*., *Science*, **293**(5537), 2093-2098(2001).

63. *Rickettsia prowazekii*

S. G. Andersson, A. Zomorodipour, J. O. Andersson, T. Sicheritz-Ponten, U. C. Alsmark, R. M. Podowski, A. K. Naslund, A. S. Eriksson, H. H. Winkler and C. G. Kurland, The genome sequence of *Rickettsia prowazekii* and the origin of mitochondria., *Nature*, **396**(6707), 133-140(1998).

64. *Salmonella typhi*

J. Parkhill, G. Dougan, K. D. James, N. R. Thomson, D. Pickard, J. Wain, C. Churcher, K. L. Mungall, S. D. Bentley, M. T. G. Holden,

M. Sebaihia, S. Baker, D. Basham, K. Brooks, T. Chillingworth, P. Connerton, A. Cronin, P. Davis, R. M. Davies, L. Dowd, N. White, J. Farrar, T. Feltwell, N. Hamlin, A. Haque, T. T. Hien, S. Holroyd, K. Jagels, A. Krogh, T. S. Larsen, S. Leather, S. Moule, P. Ó'Gaora, C. Parry, M. Quail, K. Rutherford, M. Simmonds, J. Skelton, K. Stevens, S. Whitehead and B. G. Barrell, Complete genome sequence of a multiple drug resistant *Salmonella enterica* serovar Typhi CT18., *Nature*, **413**(6858), 848-852(2001).

65. *Salmonella typhimurium* LT2

M. McClelland, K. E. Sanderson, J. Spieth, S. W. Clifton, P. Latreille, L. Courtney, S. Porwollik, J. Ali, M. Dante, F. Du, S. Hou, D. Layman, S. Leonard, C. Nguyen, K. Scott, A. Holmes, N. Grewal, E. Mulvaney, E. Ryan, H. Sun, L. Florea, W. Miller, T. Stoneking, M. Nhan, R. Waterston and R. K. Wilson, Complete genome sequence of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium LT2., *Nature*, **413**(6858), 852-856(2001).

66. *Sinorhizobium meliloti*

F. Galibert, T. M. Finan, S. R. Long, A. Puhler, P. Abola, F. Ampe, F. Barloy-Hubler, M. J. Barnett, A. Becker, P. Boistard, G. Bothe, M. Boutry, L. Bowser, J. Buhrmester, E. Cadieu, D. Capela, P. Chain, A. Cowie, R. W. Davis, S. Dreano, N. A. Federspiel, R. F. Fisher, S. Gloux, T. Godrie, A. Goffeau, B. Golding, J. Gouzy, M. Gurjal, I. Hernandez-Lucas, A. Hong, L. Huizar, R. W. Hyman, T. Jones, D. Kahn, M. L. Kahn, S. Kalman, D. H. Keating, E. Kiss, C. Komp, V. Lelaure, D. Masuy, C. Palm, M. C. Peck, T. M. Pohl, D. Portetelle, B. Purnelle, U. Ramsperger, R. Surzycki, P. Thebault, M. Vandenbol, F. J. Vorholter, S. Weidner, D. H. Wells, K. Wong, K. C. Yeh and J. Batut, The composite genome of the legume symbiont *Sinorhizobium meliloti*., *Science*, **293**(5530), 668-672(2001).

67. *Staphylococcus aureus* Mu50

M. Kuroda, T. Ohta, I. Uchiyama, T. Baba, H. Yuzawa, I. Kobayashi, L. Cui, A. Oguchi, K. Aoki, Y. Nagai, J. Lian, T. Ito, M. Kanamori, H. Matsumaru, A. Maruyama, H. Murakami, A. Hosoyama, Y. Mizutani-Ui, N. K. Takahashi, T. Sawano, R. Inoue, C. Kaito, K. Sekimizu, H. Hirakawa, S. Kuhara, S. Goto, J. Yabuzaki, M. Kanehisa, A. Yamashita, K. Oshima, K. Furuya, C. Yoshino, T. Shiba, M. Hattori, N. Ogasawara, H. Hayashi and K. Hiramatsu, Whole genome sequencing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*., *Lancet*, **357**(9264), 1225-1240(2001).

68. *Staphylococcus aureus* MW2

T. Baba, F. Takeuchi, M. Kuroda, H. Yuzawa, K. Aoki, A. Oguchi, Y. Nagai, N. Iwama, K. Asano, T. Naimi, H. Kuroda, L. Cui, K. Yamamoto and K. Hiramatsu, Genome and virulence determinants of high virulence community-acquired MRSA., *Lancet.*, **359**(9320), 1819-1827(2002).

69. *Staphylococcus aureus* N315

M. Kuroda, T. Ohta, I. Uchiyama, T. Baba, H. Yuzawa, I. Kobayashi, L. Cui, A. Oguchi, K. Aoki, Y. Nagai, J. Lian, T. Ito, M. Kanamori, H. Matsumaru, A. Maruyama, H. Murakami, A. Hosoyama, Y. Mizutani-Ui, N. K. Takahashi, T. Sawano, R. Inoue, C. Kaito, K. Sekimizu, H. Hirakawa, S. Kuhara, S. Goto, J. Yabuzaki, M. Kanehisa, A. Yamashita, K. Oshima, K. Furuya, C. Yoshino, T. Shiba, M. Hattori, N. Ogasawara, H. Hayashi and K. Hiramatsu, Whole genome sequencing of meticillin-resistant *Staphylococcus aureus.*, *Lancet*, **357**(9264), 1225-1240(2001).

70. *Streptococcus agalactiae*

H. Tettelin, V. Masignani, M. J. Cieslewicz, J. A. Eisen, S. Peterson, M. R. Wessels, I. T. Paulsen, K. E. Nelson, I. Margarit, T. D. Read, L. C. Madoff, A. M. Wolf, M. J. Beanan, L. M. Brinkac, S. C. Daugherty, R. T. DeBoy, A. S. Durkin, J. F. Kolonay, R. Madupu, M. R. Lewis, D. Radune, N. B. Fedorova, D. Scanlan, H. Khouri, S. Mulligan, H. A. Carty, R. T. Cline, S. E. Van Aken, J. Gill, M. Scarselli, M. Mora, E. T. Iacobini, C. Brettoni, G. Galli, M. Mariani, F. Vegni, D. Maione, D. Rinaudo, R. Rappuoli, J. L. Telford, D. L. Kasper, G. Grandi and C. M. Fraser, Complete genome sequence and comparative genomic analysis of an emerging human pathogen, serotype V *Streptococcus agalactiae.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(19), 12391-12396(2002).

71. *Streptococcus pneumoniae* R6

J. A. Hoskins, W. Alborn Jr., J. Arnold, L. C. Blaszcak, S. Burgett, B. S. DeH ff, S. Estrem, L. Fritz, D.-J. Fu, W. Fuller, C. Geringer, R. Gilmour, J. S. Glass, H. Khoja, A. Kraft, R. Lagace, D. J. LeBlanc, L. N. Lee, E. J. Lefkowitz, J. Lu, P. Matsushima, S. M. McAhren, M. McHenney, K. McLeaster, C. Mundy, T. I. Nicas, F. H. Norris, M. O'Gara, R. Peery, G. T. Robertson, P. Rockey, P.-M. Sun, M. E. Winkler, Y. Yang, M. Young-Bellido, G. Zhao, C. Zook, R. H. Baltz, S. R. Jaskunas, P. R. Rosteck Jr., P. L. Skatrud and J. I. Glass, Genome

of the bacterium *Streptococcus pneumoniae* strain R6., *J. Bacteriol.*, 183(19), 5709-5717(2001).

72. *Streptococcus pneumoniae* TIGR4

H. Tettelin, K. E. Nelson, I. T. Paulsen, J. A. Eisen, T. D. Read, S. Peterson, J. Heidelberg, R. T. DeBoy, D. H. Haft, R. J. Dodson, A. S. Durkin, M. Gwinn, J. F. Kolonay, W. C. Nelson, J. D. Peterson, L. A. Umayam, O. White, S. L. Salzberg, M. R. Lewis, D. Radune, E. Holtzapple, H. Khouri, A. M. Wolf, T. R. Utterback, C. L. Hansen, L. A. McDonald, T. V. Feldblyum, S. Angiuoli, T. Dickinson, E. K. Hickey, I. E. Holt, B. J. Loftus, F. Yang, H. O. Smith, J. C. Venter, B. A. Dougherty, D. A. Morrison, S. K. Hollingshead and C. M. Fraser, Complete genome sequence of a virulent isolate of *Streptococcus pneumoniae.*, *Science*, **293**(5529), 498-506(2001).

73. *Streptococcus pyogenes*

J. J. Ferretti, W. M. McShan, D. Ajdic, D. J. Savic, G. Savic, K. Lyon, C. Primeaux, S. S. Sezate, A. N. Suvorov, S. Kenton, H. S. Lai, S. P. Lin, Y. Qian, H. G. Jia, F. Z. Najjar, Q. Ren, H. Zhu, L. Song, J. White, X. Yuan, S. W. Clifton, B. A. Roe and R. E. McLaughlin, Complete genome sequence of an M1 strain of *Streptococcus pyogenes.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **98**(8), 4658-4663(2001).

74. *Streptococcus pyogenes* MGAS315

J. C. Smoot, K. D. Barbian, J. J. Van Gompel, L. M. Smoot, M. S. Chaussee, G. L. Sylva, D. E. Sturdevant, S. M. Ricklefs, S. F. Porcella, L. D. Parkins, S. B. Beres, D. S. Campbell, T. M. Smith, Q. Zhang, V. Kapur, J. A. Daly, L. G. Veasy and J. M. Musser, Genome sequence and comparative microarray analysis of serotype M18 group A *Streptococcus* strains associated with acute rheumatic fever outbreaks., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(7), 4668-4673(2002).

75. *Streptococcus pyogenes* MGAS8232

S. B. Beres, G. L. Sylva, K. D. Barbian, B. Lei, J. S. Hoff, N. D. Mammarella, M. Y. Liu, J. C. Smoot, S. F. Porcella, L. D. Parkins, D. S. Campbell, T. M. Smith, J. K. McCormick, D. Y. Leung, P. M. Schlievert and J. M. Musser, Genome sequence of a serotype M3 strain of group A *Streptococcus*: phage-encoded toxins, the high-virulence phenotype, and clone emergence., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**(15), 10078-10083(2002).

76. *Streptomyces coelicolor*

S. D. Bentley, K. F. Chater, A. M. Cerdeno-Tarraga, G. L. Challis, N. R. Thomson, K. D. James, D. E. Harris, M. A. Quail, H. Kieser, D. Harper, A. Bateman, S. Brown, G. Chandra, C. W. Chen, M. Collins, A. Cronin, A. Fraser, A. Goble, J. Hidalgo, T. Hornsby, S. Howarth, C. H. Huang, T. Kieser, L. Larke, L. Murphy, K. Oliver, S. O'Neil, E. Rabinowitsch, M. A. Rajandream, K. Rutherford, S. Rutter, K. Seeger, D. Saunders, S. Sharp, R. Squares, S. Squares, K. Taylor, T. Warren, A. Wietzorrek, J. Woodward, B. G. Barrell, J. Parkhill and D. A. Hopwood, Complete genome sequence of the model actinomycete *Streptomyces coelicolor* A3(2)., *Nature*, **417**(6885), 141-147(2002).

77. *Synechocystis* PCC6803

T. Kaneko, S. Sato, H. Kotani, A. Tanaka, E. Asamizu, Y. Nakamura, N. Miyajima, M. Hirosawa, M. Sugiura, S. Sasamoto, T. Kimura, T. Hosouchi, A. Matsuno, A. Muraki, N. Nakazaki, K. Naruo, S. Okumura, S. Shimpo, C. Takeuchi, T. Wada, A. Watanabe, M. Yamada, M. Yasuda and S. Tabata, Sequence analysis of the genome of the unicellular cyanobacterium *Synechocystis* sp. strain PCC6803. II. Sequence determination of the entire genome and assignment of potential protein-coding regions., *DNA Res.*, **3**(3), 109-136(1996).

78. *Thermoanaerobacter tengcongensis*

Q. Bao, Y. Tian, W. Li, Z. Xu, Z. Xuan, S. Hu, W. Dong, J. Yang, Y. Chen, Y. Xue, Y. Xu, X. Lai, L. Huang, X. Dong, Y. Ma, L. Ling, H. Tan, R. Chen, J. Wang, J. Yu and H. Yang, A complete sequence of the *T. tengcongensis* genome., *Genome Res.*, **12**(5), 689-700(2002).

79. *Thermosynechococcus elongatus* BP-1

Y. Nakamura, T. Kaneko, S. Sato, M. Ikeuchi, H. Katoh, S. Sasamoto, A. Watanabe, M. Iriguchi, K. Kawashima, T. Kimura, Y. Kishida, C. Kiyokawa, M. Kohara, M. Matsumoto, A. Matsuno, N. Nakazaki, S. Shimpo, M. Sugimoto, C. Takeuchi, M. Yamada and S. Tabata, Complete genome structure of the thermophilic cyanobacterium *Thermosynechococcus elongatus* BP-1, *DNA Res.*, **9**(4), 123-30(2002).

80. *Thermotoga maritime*

K. E. Nelson, R. A. Clayton, S. R. Gill, M. L. Gwinn, R. J. Dodson, D. H. Haft, E. K. Hickey, J. D. Peterson, W. C. Nelson, K. A. Ketchum, L. McDonald, T. R. Utterback, J. A. Malek, K. D. Linher, M. M.

Garrett, A. M. Stewart, M. D. Cotton, M. S. Pratt, C. A. Phillips, D. Richardson, J. Heidelberg, G. G. Sutton, R. D. Fleischmann, J. A. Eisen, O. White, S. L. Salzberg, H. O. Smith, J. C. Venter and C. M. Fraser, Evidence for lateral gene transfer between Archaea and bacteria from genome sequence of *Thermotoga maritima*., *Nature*, **399**(6734), 323-329(1999).

81. *Treponema pallidum*

C. M. Fraser, S. J. Norris, G. M. Weinstock, O. White, G. G. Sutton, R. Dodson, M. Gwinn, E. K. Hickey, R. Clayton, K. A. Ketchum, E. Sodergren, J. M. Hardham, M. P. McLeod, S. Salzberg, J. Peterson, H. Khalak, D. Richardson, J. K. Howell, M. Chidambaram, T. Utterback, L. McDonald, P. Artiach, C. Bowman, M. D. Cotton, C. Fujii, S. Garland, B. Hatch, K. Horst, K. Roberts, M. Sandusky, J. Weidman, H. O. Smith and J. C. Venter, Complete genome sequence of *Treponema pallidum*, the syphilis spirochete., *Science*, **281**(5375), 375-388(1998).

82. *Ureaplasma urealyticum*

J. I. Glass, E. J. Lefkowitz, J. S. Glass, C. R. Heiner, E. Y. Chen and G. H. Cassell, The complete sequence of the mucosal pathogen *Ureaplasma urealyticum*., *Nature*, **407**(6805), 757-762(2000).

83. *Vibrio cholerae*

J. F. Heidelberg, J. A. Eisen, W. C. Nelson, R. A. Clayton, M. L. Gwinn, R. J. Dodson, D. H. Haft, E. K. Hickey, J. D. Peterson, L. Umayam, S. R. Gill, K. E. Nelson, T. D. Read, H. Tettelin, D. Richardson, M. D. Ermolaeva, J. Vamathevan, S. Bass, H. Qin, I. Dragoi, P. Sellers, L. McDonald, T. Utterback, R. D. Fleischmann, W. C. Nierman, O. White, S. L. Salzberg, H. O. Smith, R. R. Colwell, J. J. Mekalanos, J. C. Venter and C. M. Fraser, DNA sequence of both chromosomes of the cholera pathogen *Vibrio cholerae*., *Nature*, **406**(6795), 477-483(2000).

84. *Xanthomonas campestris*

A. C. da Silva, J. A. Ferro, F. C. Reinach, C. S. Farah, L. R. Furlan, R. B. Quaggio, C. B. Monteiro-Vitorello, M. A. Van Sluys, N. F. Almeida, L. M. Alves, A. M. do Amaral, M. C. Bertolini, L. E. Camargo, G. Camarotte, F. Cannavan, J. Cardozo, F. Chambergo, L. P. Ciapina, R. M. Cicarelli, L. L. Coutinho, J. R. Cursino-Santos, H. El-Dorry, J. B. Faria, A. J. Ferreira, R. C. Ferreira, M. I. Ferro, E. F. Formighieri, M. C. Franco, C. C. Greggio, A. Gruber, A. M. Katsuyama, L. T. Kishi, R. P. Leite, E. G. Lemos, M. V. Lemos, E. C. Locali, M. A.

Machado, A. M. Madeira, N. M. Martinez-Rossi, E. C. Martins, J. Meidanis, C. F. Menck, C. Y. Miyaki, D. H. Moon, L. M. Moreira, M. T. Novo, V. K. Okura, M. C. Oliveira, V. R. Oliveira, H. A. Pereira, A. Rossi, J. A. Sena, C. Silva, R. F. de Souza, L. A. Spinola, M. A. Takita, R. E. Tamura, E. C. Teixeira, R. I. Tezza, M. Trindade dos Santos, D. Truffi, S. M. Tsai, F. F. White, J. C. Setubal and J. P. Kitajima, Comparison of the genomes of two *Xanthomonas* pathogens with differing host specificities., *Nature*, **417**(6887),459-463(2002).

85. *Xanthomonas citri*

A. C. da Silva, J. A. Ferro, F. C. Reinach, C. S. Farah, L. R. Furlan, R. B. Quaggio, C. B. Monteiro-Vitorello, M. A. Van Sluys, N. F. Almeida, L. M. Alves, A. M. do Amaral, M. C. Bertolini, L. E. Camargo, G. Camarotte, F. Cannavan, J. Cardozo, F. Chambergo, L. P. Ciapina, R. M. Cicarelli, L. L. Coutinho, J. R. Cursino-Santos, H. El-Dorry, J. B. Faria, A. J. Ferreira, R. C. Ferreira, M. I. Ferro, E. F. Formighieri, M. C. Franco, C. C. Greggio, A. Gruber, A. M. Katsuyama, L. T. Kishi, R. P. Leite, E. G. Lemos, M. V. Lemos, E. C. Locali, M. A. Machado, A. M. Madeira, N. M. Martinez-Rossi, E. C. Martins, J. Meidanis, C. F. Menck, C. Y. Miyaki, D. H. Moon, L. M. Moreira, M. T. Novo, V. K. Okura, M. C. Oliveira, V. R. Oliveira, H. A. Pereira, A. Rossi, J. A. Sena, C. Silva, R. F. de Souza, L. A. Spinola, M. A. Takita, R. E. Tamura, E. C. Teixeira, R. I. Tezza, M. Trindade dos Santos, D. Truffi, S. M. Tsai, F. F. White, J. C. Setubal and J. P. Kitajima, Comparison of the genomes of two *Xanthomonas* pathogens with differing host specificities., *Nature*, **417**(6887), 459-463(2002).

86. *Xylella fastidiosa*

A. J. G. Simpson, F. C. Reinach, P. Arruda, F. A. Abreu, M. Acencio, R. Alvarenga, L. M. C. Alves, J. E. Araya, G. S. Baia, C. S. Baptista, M. H. Barros, E. D. Bonaccorsi, S. Bordin, J. M. Bové, M. R. S. Briones, M. R. P. Bueno, A. A. Camargo, L. E. A. Camargo, D. M. Carraro, H. Carrer, N. B. Colauto, C. Colombo, F. F. Costa, M. C. R. Costa, C. M. Costa-Neto, L. L. Coutinho, M. Cristofani, E. Dias-Neto, C. Docena, H. El-Dorry, A. P. Facincani, A. J. S. Ferreira, V. C. A. Ferreira, J. A. Ferro, J. S. Fraga, S. C. França, M. C. Franco, M. Frohme, L. R. Furlan, M. Garnier, G. H. Goldman, M. H. S. Goldman, S. L. Gomes, A. Gruber, P. L. Ho, J. D. Hoheisel, M. L. Junqueira, E. L. Kemper, J. P. Kitajima, J. E. Krieger, E. E. Kuramae, F. Laigret, M. R. Lambais, L. C. C. Leite, E. G. M. Lemos, M. V. F. Lemos, S. A. Lopes, C. R. Lopes, J. A. Machado, M. A. Machado, A. M. B. N. Madeira, H. M.

F. Madeira, C. L. Marino, M. V. Marques, E. A. L. Martins, E. M. F. Martins, A. Y. Matsukuma, C. F. M. Menck, E. C. Miracca, C. Y. Miyaki, C. B. Monteiro-Vitorello, D. H. Moon, M. A. Nagai, A. L. T. O. Nascimento, L. E. S. Netto, A. Nhani Jr., F. G. Nobrega, L. R. Nunes, M. A. Oliveira, M. C. De Oliveira, R. C. De Oliveira, D. A. Palmieri, A. Paris, B. R. Peixoto, G. A. G. Pereira, H. A. Pereira Jr., J. B. Pesquero, R. B. Quaggio, P. G. Roberto, V. Rodrigues, A. J. De M. Rosa, V. E. De Rosa Jr., R. G. De Sá, R. V. Santelli, H. E. Sawasaki, A. C. R. Da Silva, A. M. Da Silva, F. R. Da Silva, W. A. Silva, J. F. Da Silveira, M. L. Z. Silvestri, W. J. Siqueira, A. A. De Souza, A. P. De Souza, M. F. Terenzi, D. Truffi, S. M. Tsai, M. H. Tshako, H. Vallada, M. A. Van Sluys, S. Verjovski-Almeida, A. L. Vettore, M. A. Zago, M. Zatz, J. Meidanis and J. C. Setubal, The genome sequence of the plant pathogen *Xylella fastidiosa*, *Nature*, **406**(6792), 151-157(2000).

87. *Yersinia pestis* CO92

J. Parkhill, B. W. Wren, N. R. Thomson, R. W. Titball, M. T. G. Holden, M. B. Prentice, M. Sebaihia, K. D. James, C. Churcher, K. L. Mungall, S. Baker, D. Basham, S. D. Bentley, K. Brooks, A. M. Cerdeno-Tarraga, T. Chillingworth, A. Cronin, R. M. Davies, P. Davis, G. Dougan, T. Feltwell, N. Hamlin, S. Holroyd, K. Jagels, A. V. Karlyshev, S. Leather, S. Moule, P. C. F. Oyston, M. Quail, K. Rutherford, M. Simmonds, J. Skelton, K. Stevens, S. Whitehead and B. G. Barrell, Genome sequence of *Yersinia pestis*, the causative agent of plague., *Nature*, **413**(6855), 523-527(2001).

88. *Yersinia pestis* KIM

W. Deng, V. Burland, G. Plunkett 3rd., A. Boutin, G. F. Mayhew, P. Liss, N. T. Perna, D. J. Rose, B. Mau, S. Zhou, D. C. Schwartz, J. D. Fetherston, L. E. Lindler, R. R. Brubaker, G. V. Plano, S. C. Straley, K. A. McDonough, M. L. Nilles, J. S. Matson, F. R. Blattner and R. D. Perry, Genome sequence of *Yersinia pestis* KIM., *J. Bacteriol.*, **184**(16), 4601-4611(2002).

III Eukarya

89. *Arabidopsis thaliana*

The *Arabidopsis* Genome Initiative, Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*, *Nature*, **408**(6814), 823-826(2000).

90. *Caenorhabditis elegans*

The *C. elegans* Sequencing Consortium, The Genome sequence of the nematode *C. elegans*: a platform for investigating biology., *Science*, **282**(5396), 2012-2018(1998).

91. *Drosophila melanogaster*

M. D. Adams, S. E. Celniker, R. A. Holt, C. A. Evans, J. D. Gocayne, P. G. Amanatides, S. E. Scherer, P. W. Li, R. A. Hoskins, R. F. Galle, R. A. George, S. E. Lewis, S. Richards, M. Ashburner, S. N. Henderson, G. G. Sutton, J. R. Wortman, M. D. Yandell, Q. Zhang, L. X. Chen, R. C. Brandon, Y. C. Rogers, R. G. Blazej, M. Champe, B. D. Pfeiffer, K. H. Wan, C. Doyle, E. G. Baxter, G. Helt, C. R. Nelson, G. L. Gabor Miklos, J. F. Abril, A. Agbayani, H.-J. An, C. Andrews-Pfannkoch, D. Baldwin, R. M. Ballew, A. Basu, J. Baxendale, L. Bayraktaroglu, E. M. Beasley, K. Y. Beeson, P. V. Benos, B. P. Berman, D. Bhandari, S. Bolshakov, D. Borkova, M. R. Botchan, J. Bouck, P. Brokstein, P. Brottier, K. C. Burtis, D. A. Busam, H. Butler, E. Cadieu, A. Center, I. Chandra, J. M. Cherry, S. Cawley, C. Dahlke, L. B. Davenport, P. Davies, B. de Pablos, A. Delcher, Z. Deng, A. Deslattes Mays, I. Dew, S. M. Dietz, K. Dodson, L. E. Doup, M. Downes, S. Dugan-Rocha, B. C. Dunkov, P. Dunn, K. J. Durbin, C. C. Evangelista, C. Ferraz, S. Ferriera, W. Fleischmann, C. Fosler, A. E. Gabrielian, N. S. Garg, W. M. Gelbart, K. Glasser, A. Glodek, F. Gong, J. Harley Gorrell, Z. Gu, P. Guan, M. Harris, N. L. Harris, D. Harvey, T. J. Heiman, J. R. Hernandez, J. Houck, D. Hostin, K.A. Houston, T. J. Howland, M.-H. Wei, C. Ibegwam, M. Jalali, F. Kalush, G. H. Karpen, Z. Ke, J. A. Kennison, K. A. Ketchum, B. E. Kimmel, C. D. Kodira, C. Kraft, S. Kravitz, D. Kulp, Z. Lai, P. Lasko, Y. Lei, A. A. Levitsky, J. Li, Z. Li, Y. Liang, X. Lin, X. Liu, B. Mattei, T. C. McIntosh, M. P. McLeod, D. McPherson, G. Merkulov, N. V. Milshina, C. Mobarry, J. Morris, A. Moshrefi, S. M. Mount, M. Moy, B. Murphy, L. Murphy, D. M. Muzny, D. L. Nelson, D. R. Nelson, K. A. Nelson, K. Nixon, D. R. Nusskern, J. M. Pacleb, M. Palazzolo, G. S. Pittman, S. Pan, J. Pollard, V. Puri, M. G. Reese, K. Reinert, K. Remington, R. D. C. Saunders, F. Scheeler, H. Shen, B. Christopher Shue, I. Siden-Kiamos, M. Simpson, M. P. Skupski, T. Smith, E. Spier, A. C. Spradling, M. Stapleton, R. Strong, E. Sun, R. Svirskas, C. Tector, R. Turner, E. Venter, A. H. Wang, X. Wang, Z.-Y. Wang, D.A. Wassarman, G. M. Weinstock, J. Weissenbach, S. M. Williams, T. Woodage, K. C. Worley, D. Wu, S. Yang, Q. Alison Yao, J. Ye, R.-F. Yeh, J. S. Zaveri, M. Zhan,

G. Zhang, Q. Zhao, L. Zheng, X. H. Zheng, F. N. Zhong, W. Zhong, X. Zhou, S. Zhu, X. Zhu, H. O. Smith, R. A. Gibbs, E. W. Myers, G. M. Rubin, and J. C. Venter, The genome sequence of *Drosophila melanogaster*, *Science*, **287**(5461), 2185-2195(2000).

92. *Saccharomyces cerevisiae*

A. Goffeau, B. G. Barrell, H. Bussey, R. W. Davis, B. Dujon, H. Feldmann, F. Galibert, J. D. Hoheisel, C. Jacq, M. Johnston, E. J. Louis, H. W. Mewes, Y. Murakami, P. Philippsen, H. Tettelin and S. G. Oliver, Life with 6000 genes., *Science*, **274**(5287) 546, 563-547(1996).

93. *Anopheles gambiae*

R. A. Holt, G. Mani Subramanian, A. Halpern, G. G. Sutton, R. Charlab, D. R. Nusskern, P. Wincker, A. G. Clark, J. M. C. Ribeiro, R. Wides, S. L. Salzberg, B. Loftus, M. Yandell, W. H. Majoros, D. B. Rusch, Z. Lai, C. L. Kraft, Josep F. Abril, V. Anthouard, P. Arensburger, P. W. Atkinson, H. Baden, V. de Berardinis, D. Baldwin, V. Benes, J. Biedler, C. Blass, R. Bolanos, D. Boscus, M. Barnstead, S. Cai, A. Center, K. Chatuverdi, G. K. Christophides, M. A. Chrystal, M. Clamp, A. Cravchik, V. Curwen, A. Dana, A. Delcher, I. Dew, C. A. Evans, M. Flanigan, A. Grundschober-Freimoser, L. Friedli, Z. Gu, P. Guan, R. Guigo, M. E. Hillenmeyer, S. L. Hladun, J. R. Hogan, Y. S. Hong, J. Hoover, O. Jaillon, Z. Ke, C. Kodira, E. Kokoza, A. Koutsos, I. Letunic, A. Levitsky, Y. Liang, J.-J. Lin, N. F. Lobo, J. R. Lopez, J. A. Malek, T. C. McIntosh, S. Meister, J. Miller, C. Mobarry, E. Mongin, S. D. Murphy, D. A. O'Brochta, C. Pfannkoch, R. Qi, M. A. Regier, K. Remington, H. Shao, M. V. Sharakhova, C. D. Sitter, J. Shetty, T. J. Smith, R. Strong, J. Sun, D. Thomasova, L. Q. Ton, P. Topalis, Z. Tu, M. F. Unger, B. Walenz, A. Wang, J. Wang, M. Wang, X. Wang, K. J. Woodford, J. R. Wortman, M. Wu, A. Yao, E. M. Zdobnov, H. Zhang, Q. Zhao, S. Zhao, S. C. Zhu, I. Zhimulev, M. Coluzzi, A. della Torre, C. W. Roth, C. Louis, F. Kalush, R. J. Mural, E. W. Myers, M. D. Adams, H. O. Smith, S. Broder, M. J. Gardner, C. M. Fraser, E. Birney, P. Bork, P. T. Brey, J. C. Venter, J. Weisenbach, F. C. Kafatos, F. H. Collins and S. L. Hoffman, The Genome Sequence of the Malaria Mosquito *Anopheles gambiae*., *Science*, **298**, 129-149(2002).

94. *Plasmodium yoelii yoelii*

J. M. Carlton, S. V. Angiuoli, B. B. Suh, T. W. Kooij, M. Pertea, J. C. Silva, M. D. Ermolaeva, J. E. Allen, J. D. Selengut, H. L. Koo, J.

D. Peterson, M. Pop, D. S. Kosack, M. F. Shumway, S. L. Bidwell, S. J. Shallom, S. E. van Aken, S. B. Riedmuller, T. V. Feldblyum, J. K. Cho, J. Quackenbush, M. Sedegah, A. Shoaibi, L. M. Cummings, L. Florensk, J. R. Yatesk, J. Dale Raine, R. E. Sinden, M. A. Harris, D. A. Cunninghamq, P. R. Preiserq, L. W. Bergman, A. B. Vaidya, L. H. van Lin, C. J. Janse, A. P. Waters, H. O. Smith, O. R. White, S. L. Salzberg, J. C. Venter, C. M. Fraser, S. L. Hoffman, M. J. Gardner and D. J. Carucci, Genome sequence and comparative analysis of the model rodent malariaparasite *Plasmodium yoelii yoelii*, *Nature*, **419**, 512-519(2002).