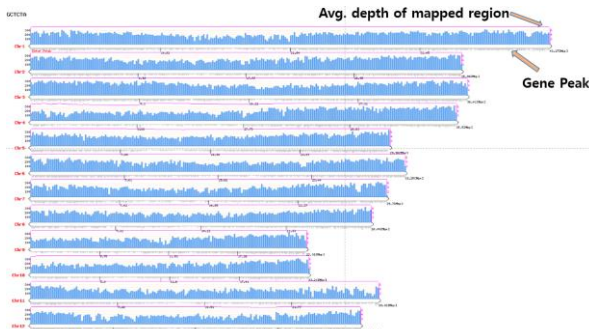


“씨더스와 함께하면 가능합니다!”

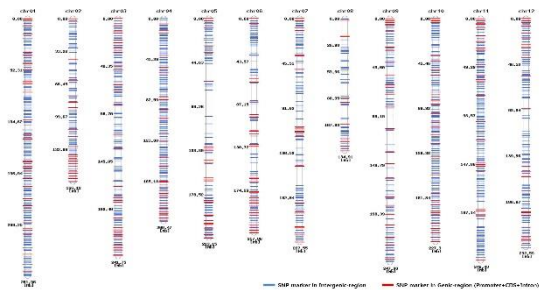
GBS 응용 (여교잡 육종을 위한 MABC 마커 개발)

Genome Coverage 확보



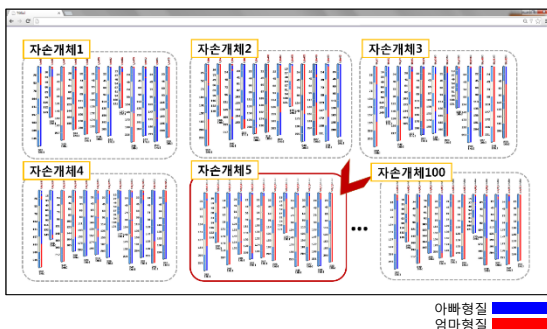
여 집단의 GBS 분석을 통해 게놈 전체에서 균형 있게 시퀀싱 결과(reads)를 확보할 수 있음을 확인했습니다.

MABC 마커 탐색 및 선발



MABC 대상 작물 간 통합 SNP matrix에서 비교 샘플 간에 동일 SNP 좌(loci)를 비교하여 서로 차이를 보이는 SNP인 경우(polymorphic SNP)를 선발합니다.

자손 개체들의 염색체 조성 확인



교배집단들의 염색체 전체 조성을 그래픽으로 확인함으로써 자손 개체들의 선발을 용이하게 할 수 있습니다.

- GBS 분석 프로그램(TASSEL) 대비 9배 이상의 Raw data 사용이 가능합니다.
- 유전체 전체 부위를 균형 있게 약 10만에서 20만 포인트 부위의 시퀀싱 정보를 얻을 수 있습니다.
- 여교잡 선발을 위해 최적의 MABC 용 SNP 마커를 개발할 수 있습니다.
- 정확도 높은 MABC 마커 선발을 통해 교배집단 자손들의 염색체 전체 조성을 쉽게 확인할 수 있습니다.

❖ 씨더스와 함께 하면!

96 개
샘플을 구분하여
한 번에



WGRS 보다
저렴한 비용



10-20만
시퀀싱 포인트
확보

❖ DNA quality required for GBS

- 농도 : 50-100ng/ μ l, total vol.: 30-50 μ l
- Column kit를 이용하여 protein 혹은 RNA에 오염되지 않게 gDNA 분리
- 분리된 gDNA 는 Agarose gel running 후, 샘플 별 gDNA 농도를 최대한 비슷하게 맞추어 주세요. Gel 사진을 함께 주면 좋아요 ☺

함께 가치를 만들어 갑니다.

식물과 육종을 아는 생물정보기업 **SEEDERS**

[조환 부장]

E chowhan@seeders.co.kr
T 010-5420-0051

“씨더스와 함께 **GBS** 분석을 시작하세요!”

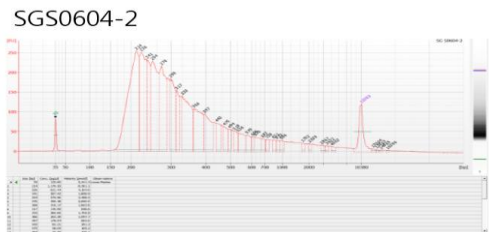
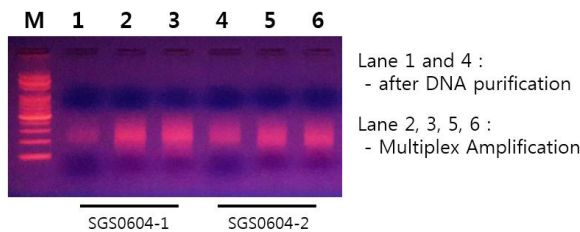
(Genotyping-By Sequencing)

GBS는 차세대염기서열분석 방법을 기반으로 하여 저렴한 비용으로 게놈 분석이 가능한 최신의 NGS 분석 기술입니다. 다양한 시료에서 분석이 가능하며, 식물 집단(96 sample / 1 library)을 대상으로 빠르고 효과적으로 분자마커를 개발할 수 있습니다.

GBS library 제작부터 분석까지

- 유전체 육종을 지원하는 씨더스는 작물별 GBS library 제작부터 시퀀싱, 생물정보분석까지 자체 노하우로 파이프라인을 구축
 - 벼, 들깨, 콩, 고추, 토마토, 배추, 양배추, 수박, 박, 사과, 배, 포도 등 과수 및 채소 작물에서 GBS library 제작 경험 보유
 - 주요 작물들의 유전체, 전사체 기반의 대량 SNP 마커 개발 경험 보유
- GBS를 통해 해독된 유전체 정보를 기반으로 genome-wide SNP 마커를 대량으로 발굴하여 다양한 작물에서의 특정 품종 구분용 마커, 원산지 구별 마커, 목적형질 식별용 마커를 빠르게 확보 가능

GBS library 제작 기술 확보



- 제한효소(*ApeKI*, *MspI* 등)를 이용하여 고품질의 library를 제작
- 자체 기술을 통해 adapter dimer를 최소화
- DNA fragments의 길이를 170-350bp 정도로 하여 library 제작 조건을 최적화
- 고객의 need에 따라 다양한 제한효소 사용 가능

GBS 분석 파이프라인 구축



- 1) GBS에 최적화된 생물정보분석 pipeline을 구축
- 2) 자체 기술로 Barcode & Adaptor trimming, sequence quality trimming 수행
- 3) Genome alignment 후, barcode 별 genome coverage 계산 및 검증
- 4) 각 과정에서 씨더스만의 검증과정과 노하우로 정확도와 신뢰도가 높은 SNP 마커를 선별

- 품종 구분 마커, 원산지 구분 마커, 목적형질 식별 및 MABC용 마커 개발 가능
- Introgression 영역 탐색, 유전지도(linkage map) 작성 등 가능