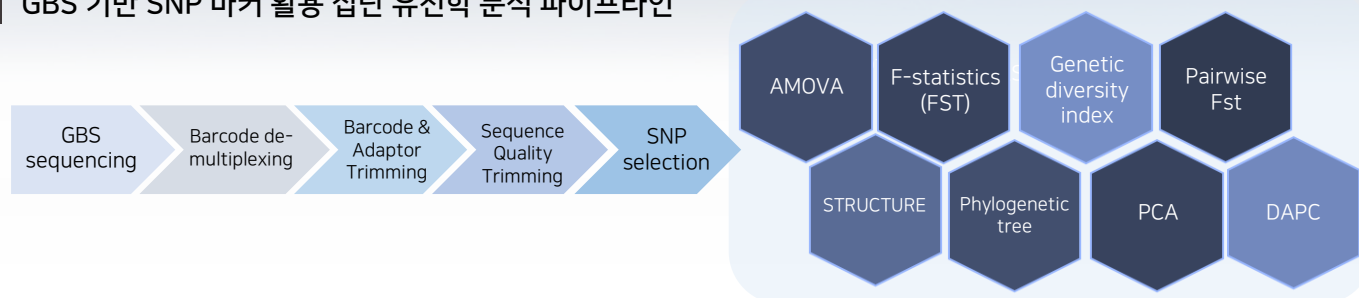


# 유전적 다양성 평가 및 유전적 구조 비교 분석

GBS 기반 SNP 마커를 이용한 유전 다양성 및 유전구조 분석

GBS(genotyping-by-sequencing)는 NGS 기반의 유전체 분석 방법 중 하나로 제한효소를 처리하여 절단된 영역의 염기서열을 시퀀싱하여 분석하는 기법입니다. 대량의 샘플을 한번에 시퀀싱하여 분석할 수 있는 장점이 있어 다양한 유전자원 또는 교배집단을 대상으로 genotype 및 마커를 확보할 수 있는 분석 기술입니다. GBS 기반으로 선발된 SNP 변이를 이용하여 GWAS, QTL mapping 및 유연관계 분석 등 다양한 집단 유전 분석에 활용할 수 있습니다.

## GBS 기반 SNP 마커 활용 집단 유전학 분석 파이프라인



## 집단의 유전분화 분석 - AMOVA, FST

Table. Summary of AMOVA results

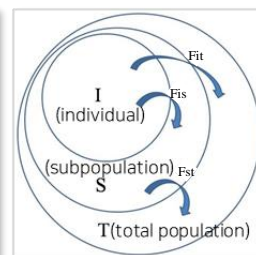
	df	Sum of Squared	Variance component	Variation (%)
Among populations	5	110010	6879.163	61.74
Among Individuals Within populations	70	403810.1	270.0418	2.5
within individuals	90	382436	3983.708	35.76
Total	165	896256.1	11132.913	

\*1) df: Degrees of freedom.  
\*2) Sum of Squared: The sum of squared differences of each observation from the mean  
\*3) Variance component: 집단 또는 개체 내 변이정도를 나타내는 수치

Table. Summary of Fixation Indices

Fixation Indices	
FIS <sup>*1</sup>	0.059996
FST <sup>*2</sup>	0.62014
FIT <sup>*3</sup>	0.63998

\*1) FIS: The estimate differentiation within groups (range 0~1)  
\*2) FST: The estimate differentiation among groups (range 0~1)  
\*3) FIT: The estimate differentiation within individuals (range 0~1)



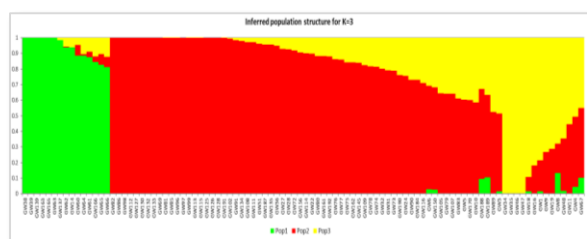
### ▶ AMOVA (Analysis of Molecular Variance)

집단 간 유전 변이량의 차이를 알아보기 위한 AMOVA 분석  
전체 유전변이가 전체 유전변이/집단 간/집단 내 개체간 차이 중 어디서 기인한 것이 확인 가능

### ▶ Wright의 F 통계량(FIT, FIS, FST) 분석

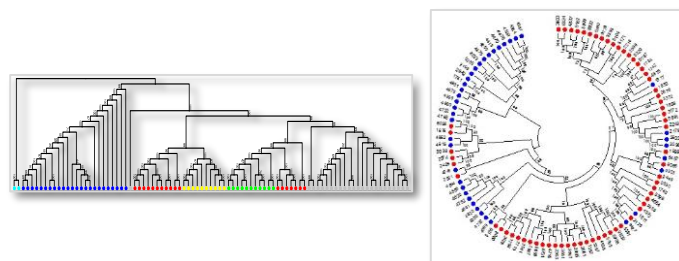
유전 분화율을 알아보기 위해 각 집단 내 근친교배율(population-specific FIS)과 집단별 유전분화(population-specific FST) 등을 추정

## 유연관계 분석 - Population STRUCTURE, Phylogenetic tree



### ▶ Population structure 분석

베이지 군집분석을 수행하여 최적 군집수(K)를 확인하고 개체들의 유전적 형상에 따른 군집별 할당 양상/빈도를 확인



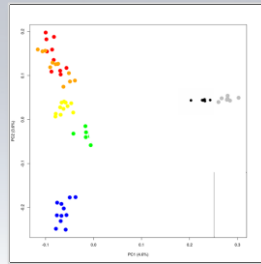
### ▶ Phylogenetic tree

생물 종 간의 계층적 구조를 볼 수 있는 한 방법으로, 종 사이의 유연관계 및 진화적 관계를 나타내는 도표로 작성하여 확인

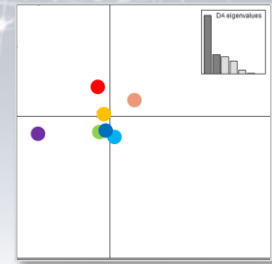
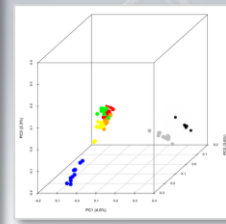
씨더스는 다양한 분석 방법론과 프로그램을 활용하여 유전 다양성 및 유전적 구조를 밝히기 위해 지속적으로 최신 기술을 도입 및 적용하여 분석 목적에 부합하며 신뢰도 높은 결과를 제공하기 위해 노력합니다.

## 집단 간 유전적 구조 분석 - PCA, DAPC

Principal Component Analysis (PCA), Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC)은 집단 간 유전적 구조를 시각적으로 확인하기 위해 GBS 기반 SNP 마커를 이용하여 plot 을 도출합니다.



PCA 분석 결과



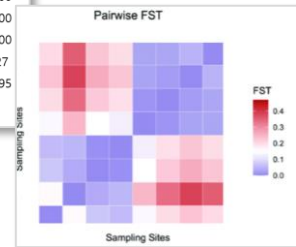
DAPC 분석 결과

## 집단 간 유전적 분화도(genetic differentiation) 분석 - Pairwise Fst

각 집단 간 유전적 분화도(Genetic differentiation)는 집단 간의 유의미한 유전적 분화가 있는지 확인하기 위해 유전적 관련성이 있는 개체들 간에 얼마나 많은 SNP 변이가 공유되는지를 측정한 후, 집단 간의 유전적 차이를 평가 및 분석합니다.

Table. Statistics of pairwise FST among groups

	Group1	Group2	Group3	Group4	Group5	Group6
Group1	NA	0.0127	0.02051	0.01562	0.00000	0.00000
Group2	0.14425	NA	0.10156	0.09277	0.00000	0.00000
Group3	0.15685	0.11076	NA	0.3418	0.0127	0.00000
Group4	0.12522	0.118	0.1313	NA	0.00195	0.0127
Group5	0.06958	0.06736	0.11651	0.11873	NA	0.00195
Group6	0.08173	0.09046	0.07827	0.10882	0.13091	NA



## 유전 다양성 추정 - Genetic diversity indices

Table. 집단별 유전적 다양도 통계량 및 근친교배계수

집단명	개체수	N <sub>a</sub>	N <sub>e</sub>	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	F <sub>is</sub>
Group1	16	2	1.611845	0.314	0.34877	0.14552
Group2	16	2	1.614693	0.36805	0.35992	0.13934
Group3	16	2	1.626914	0.37503	0.34863	0.13888
Group4	16	2	1.599335	0.30648	0.34473	0.16415
Group5	16	2	1.628619	0.35309	0.31473	0.08824
Group6	16	2	1.63125	0.32786	0.34979	0.10934
Total	96	2	1.618776	0.340751667	0.344428333	0.130911667

전체에서 아집단 내에서 유전적 다양성의 정도를 다양한 indices(유효대립유전자 수(N<sub>e</sub>), 이형접합도 관찰치(H<sub>o</sub>), 이형접합도 기대치(H<sub>e</sub>), 고정지수(F), etc)를 측정, 빈도주의 통계와 베이지 추론에서 확인된 유전다양성은 집단별 유전다양성 차이를 확인합니다.

N<sub>a</sub>: Mean number of alleles  
 N<sub>e</sub>: Mean number of effective alleles  
 H<sub>o</sub>: Observed heterozygosity  
 H<sub>e</sub>: Expected heterozygosity  
 F<sub>is</sub>: Fixation index within populations (or inbreeding coefficient)

## 유전자 좌의 특이값(outlier) 추정 - Fst outlier analysis

선택 영향(selection effect)을 받은 유전자좌를 추정하기 위해 이상값 분석을 수행함으로써, 이상값 변이들(특이값; outlier)이 집단 간의 유전적 차이에 중요한 역할을 하는지를 알아내는 데에 사용합니다.

