

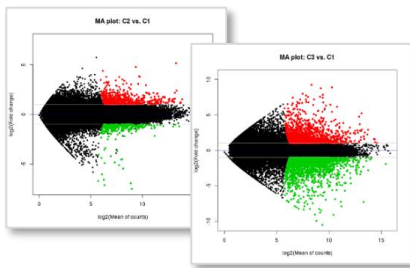
RNA-seq 기반 유전자 발현 프로파일링

RNAseq 데이터 기반 목표 유전자 및 대사 경로의 유전자 발현 값(패턴) 분석



RNAseq 분석을 통해 표준유전체가 완성된 생물뿐 아니라 진행 중인 생물체를 대상으로 관심 있는 현상에 관여하는 유전자가 무엇인지, 유전자 발현 변화와 패턴을 분석합니다. 시료 준비 과정이나 시퀀싱 과정 중에 발생하는 오차를 최대한 보정하고, 염기서열의 특징에 의해 발생하는 오류 가능성을 최소화하기 위한 다양한 통계 기법을 적용하여 정확도를 높이기 위한 노력을 기울이고 있습니다. 단순 유전자 발현값 측정에 머무르지 않고 목표 형질이나 현상에 관련된 유전자를 선별하기 위해 hierarchical clustering 기법, GO, KEGG, target gene 분석 등 다양한 기법과 문헌자료를 통해 구축한 씨더스 고유 DB를 활용하여 보다 정제된 데이터를 드리고자 노력하고 있습니다.

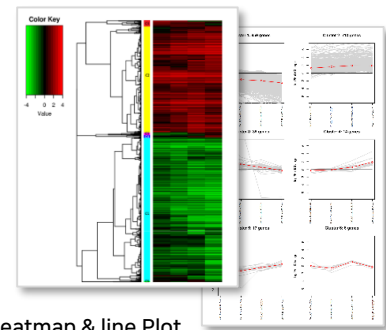
Gene expression profiling



Fold change와 유전자 발현값을 표현한 MA plot

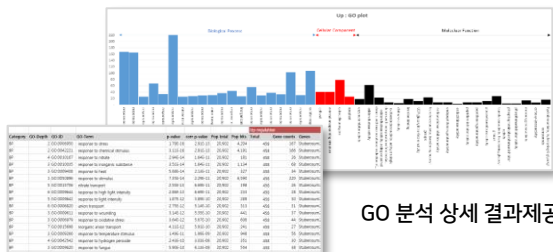
▶ DEG (Differentially Expressed Genes) 선별
샘플별 유전자 발현값을 통계적으로 처리하여 대조군과 비교군 샘플 간 비교하여 통계적으로 유의하게 발현하는 유전자군(DEGs)을 선별합니다.

▶ Clustering 분석
탐색한 DEGs의 발현 패턴에 따라 군집화(Clustering) 하여 그래프로 나타냅니다.



Heatmap & line Plot

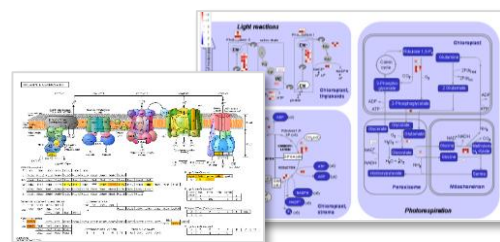
GO & 대사경로 분석



GO 분석 상세 결과제공

▶ GO (Gene Ontology) 분석
선발된 DEGs는 해석을 위해 Gene Ontology DB를 이용하여 Gene의 functional annotation을 수행합니다.

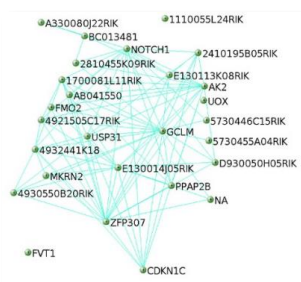
▶ 대사경로 분석
KEGG mapper, Mapman 등의 visualization tool을 이용해 목표 Pathway에 관여하는 유전자 발현의 변화를 한 눈에 확인할 수 있습니다.



KEGG pathway visualization

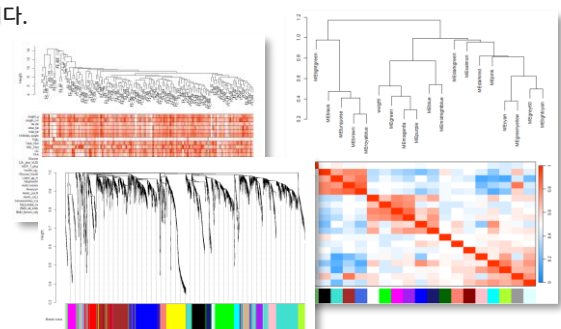
목표 유전자 네트워크 분석

유전자 발현 데이터를 이용하여 유전자 간의 상호작용과 기능적 관련성을 파악할 수 있습니다.



Network connection

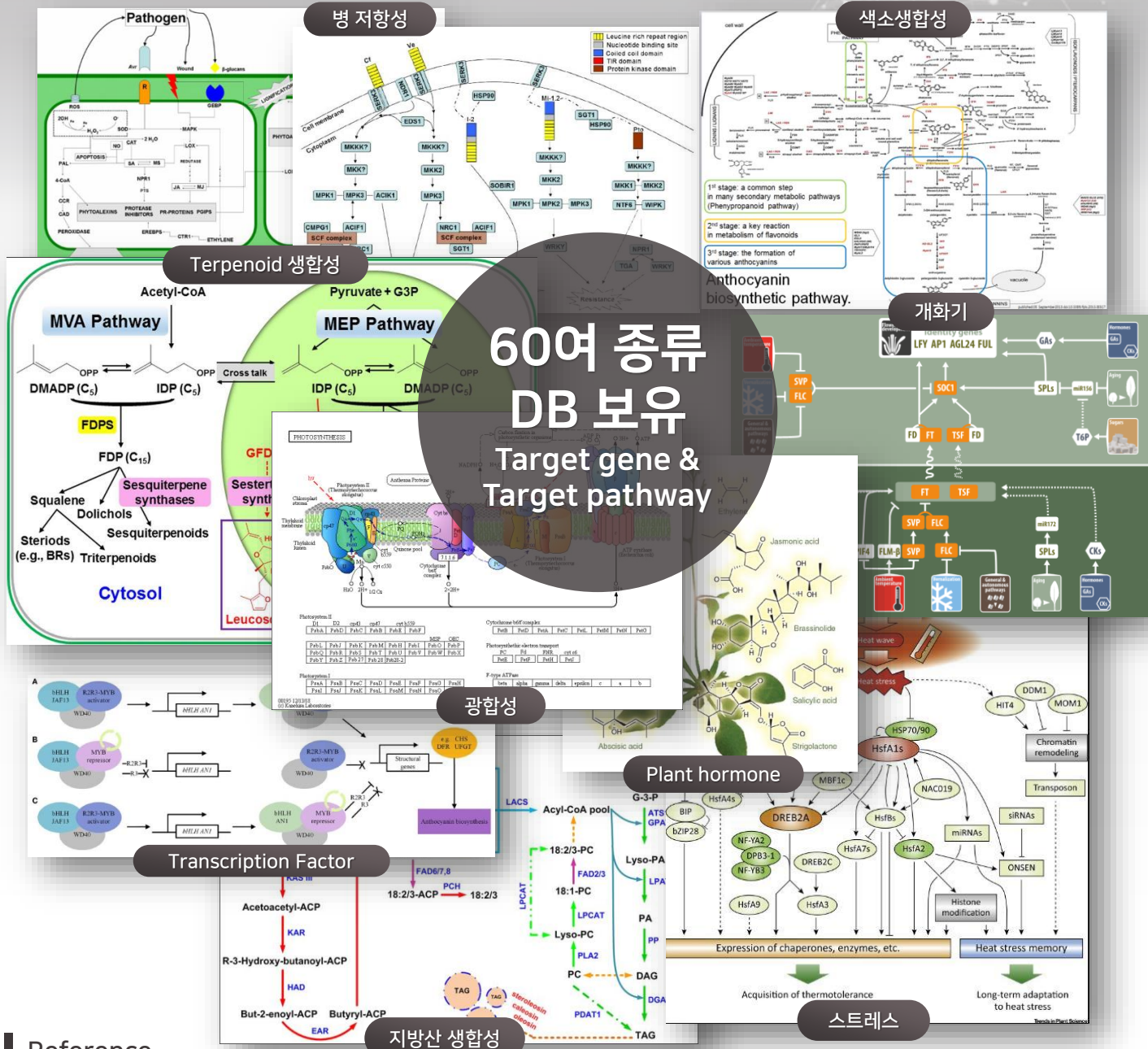
Gene dendrogram & heatmap



*출처 : Langfelder P, Horvath S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. *BMC Bioinformatics*. 2008;9:559. Published 2008 Dec 29. doi:10.1186/1471-2105-9-559

씨더스 고유의 기능별 유전자 DB를 활용한 Target Gene 분석

병저항성 관련, 스트레스 관련, TF 관련, 식물 호르몬 관련, 지방산 생합성 관련, 개화 관련, Terpenoid 생합성 관련, 과실색 생합성 관련, 광합성 관련 유전자군 등 다양한 기능별 유전자군을 문헌자료 통해 정리 후 씨더스 고유 DB로 구축하여 RNAseq 분석에 활용합니다.



Reference

- Chaudhary R, Atamian HS (2017) Resistance-Gene-Mediated Defense Responses against Biotic Stresses in the Crop Model Plant Tomato. J Plant Pathol Microbiol 8:4
- Reinprecht Y, Yadegari Z, Perry GE, Siddiqui M, Wright LC, McClean PE and Pauls KP (2013) In silico comparison of genomic regions containing genes coding for enzymes and transcription factors for the phenyl-propanoid pathway in *Phaseolus vulgaris* L. and *Glycine max* L. Merr. Front Plant Sci. 4:317.
- Yan Liu, Shi-Hong Luo, Axel Schmidt, Guo-Dong Wang, Gui-Ling Sun, Marcus Grant, Ce Kuang, Min-Jie Yang, Shu-Xi Jing, Chun-Huan Li, Bernd Schneider, Jonathan Gershenzon, Sheng-Hong Li The Plant Cell Mar 2016, 28 (3) 804-822
- https://www.genome.jp/kegg-bin/show_pathway?map=map00195&show_description=show
- <https://www.creative-proteomics.com/services/plant-hormone-analysis-service.htm>
- http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-54052010000400002
- <http://www.phytosystems.ulg.ac.be/florid/>
- Liu Y, Tikunov Y, Schouten RE, Marcelis LFM, Visser RGF and Bovy A (2018) Anthocyanin Biosynthesis and Degradation Mechanisms in Solanaceous Vegetables
- Liu Y, Huang Z, Ao Y, Li W, Zhang Z (2013) Transcriptome Analysis of Yellow Horn (*Xanthoceras sorbifolia* Bunge): A Potential Oil-Rich Seed Tree for Biodiesel in China. PLOS ONE 8(9): 084000
- Ohama N, Sato H, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K (2017) Transcriptional Regulatory Network of Plant Heat Stress Response. Trends Plant Sci. 2017 Jan;22(1):53-65.