

DATA BREEDING STORY

Target Seq Panel

양파 구중 개량

고추 여교잡 육종

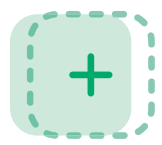
분자 마커 실험·검증 GUI 솔루션



(주)인실리코젠의 데이터 육종은

생물정보, 빅데이터, AI 기술을 융합하여 *in silico* 상에서 새로운 종자를 찾아 미래 바이오 산업의 근간이 될 가치를 창출합니다.

OFFICE 경기도 용인시 기흥구 흥덕1로 13
흥덕IT밸리 타워A동 2901~2904, 2906호
EMAIL info@insilicogen.com
PHONE 031-278-0061
FAX 031-278-0062



Targeted Sequencing Custom Panel

정밀한 표적 분석으로 더 스마트한 육종을 실현합니다.

Targeted Sequencing Custom Panel은 관심 유전자, SNP, InDel 등 특정 타깃 영역을 고효율로 분석할 수 있도록 설계된 맞춤형 패널입니다. NGS 기반의 정밀·고속 분석으로 보다 정확한 유전형 정보와 실질적인 육종 인사이트를 제공합니다.

Targeted Sequencing이란?

연구 또는 육종에 필요한 특정 유전자 및 마커 영역만을 선택적으로 분석하여 비용 효율적이고 정확한 유전형 정보를 제공하는 NGS 분석 기술입니다.

Panel & Analysis 통합 워크플로우

01



샘플 DNA
고품질 DNA 추출

02



라이브러리 제작
검증된 프로토콜로 라이브러리 구성

03



타깃 캡처
Custom Panel Probe로
타깃 영역 선택적 포획

04



시퀀싱(NGS)
Illumina 플랫폼 기반
고심도 시퀀싱

05



데이터 분석 & 리포트
변이 검출 및 시각화 리포트 제공

06



인사이트 도출
유전형 기반 의사결정 및 육종 전략 지원

고심도 시퀀싱 데이터 생산(High Coverage)



특정 유전자
마커 정밀 분석



높은 정확도와
재현성 확보



효율적인 비용 및
시간 절감



육종 및 목적에
따른 맞춤 설계

주요 기능



다양한 변이 유형 분석

SNP, InDel, CNV 등 다양한 변이 유형을 정밀하게 검출



정밀하고 신뢰도 높은 데이터

타깃 영역에 대한 균일하고 높은 커버리지 생성



유연한 패널 디자인

분석 목적 및 작물에 따른 최적화된 패널 구성



강력한 데이터 분석 & 시각화

직관적인 리포트와 시각화로 빠른 의사결정 지원



확장 가능한 플랫폼

소규모부터 대규모 샘플까지 유연한 적용 가능

다양한 활용 분야



작물 육종
우수 형질 선발
형질 마커 개발



유전자 기능 연구
관심 유전자 변이
정밀 분석



품질/형질 분석
수량, 내재해성 등
형질 연관 변이 분석



지식 재산 보호
품종 식별 및
유전자원 보호

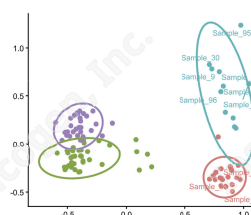
ibreeder 연계 가능

데이터 육종 플랫폼 ibreeder와 연계 및 활용 가능

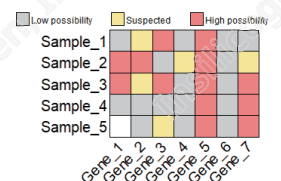


유전형 기반 표현 형질 의사결정 지원

집단 구조 탐색



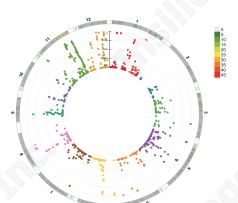
형질 발현 예측



유전자형 검출

Chromosome	Marker	REF	Sample_1	Sample_2	Sample_3
chr01	FLC	AA	AA	AA	AA
chr01	VRI1	TT	TT	TT	TT
chr02	Prd-01	GG	GG	GG	GG
chr02	Rht-01	GG	GA	AA	GG
chr03	DGAT1	GG	GT	TT	GG
chr03	Wx2-2	GG	GG	GG	GG
chr04	SUN	GG	GG	AA	GG
chr04	Bph14	CC	CC	CC	CC
chr05	XZ1	AA	AA	AA	AA
chr05	U24	TT	TT	GG	GG
chr06	Ma1	CC	CC	CC	CC
chr06	BADH2	AA	AA	AA	AA
chr07	CNR	AA	AA	AA	AA
chr07	PGA1	GG	GG	GG	GG

변이 분포 탐색



다양한 활용 분야

- 정확하고 신뢰성 높은 유전형 데이터 확보
- 유용 형질 예측 및 선발 정확도 향상
- 육종 기간 단축 및 비용 효율성 극대화
- 데이터 기반의 전략적 육종 및 연구 의사결정 지원

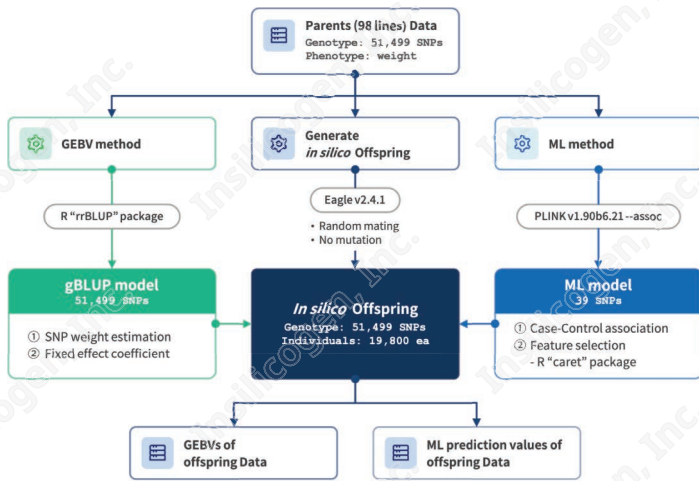
양파 구중 개량: 시뮬레이션을 통한 교배 조합 작성법

형질	양파 구중
ML model	PLS
모델 정확도	83.2%
마커 수	39 SNPs
학습/검증 데이터 수	60 / 신규 260 개체



(Choi et al., 2024)

- 유전자원: 국내 양파 98 계통
- 표현형: 양파 구의 중량
- 유전형: 계통별 1.5 Gb의 GBS 시퀀싱 서열, 51,499 SNPs
- 마커 탐색 방법: GWAS (case-control), feature selection
- 정확도 검증법: 260개 신규 개체의 측정치와 예측치 비교



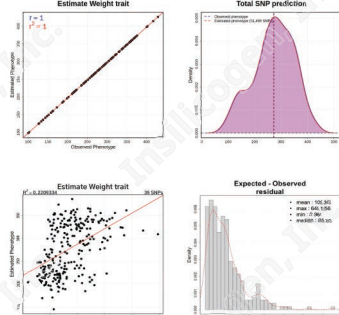
[Fig.1] 양파의 디지털 육종 모식도

- 1) GEBV method: 모부분의 유전형을 바탕으로 육종가 산출
- 2) ML method: 기계학습을 이용한 표현형 예측
- 3) 검증용 신규 데이터를 활용한 method 별 정확도 검증
- 4) 교배를 위한 자손 세대 인실리코 유전형 생성
- 5) 인실리코 유전형을 바탕으로 표현형 예측 및 고효율 교배 조합 산출

엘리트 계통의 51,499 SNPs를 이용한 gBLUP 육종가 모델

- 총 98건의 엘리트 계통으로 모델 구축
- gBLUP을 활용한 표현형 예측 모델
- 51,499 SNPs 이용
- $r^2=1.00$, 평균오차=2.204(g)

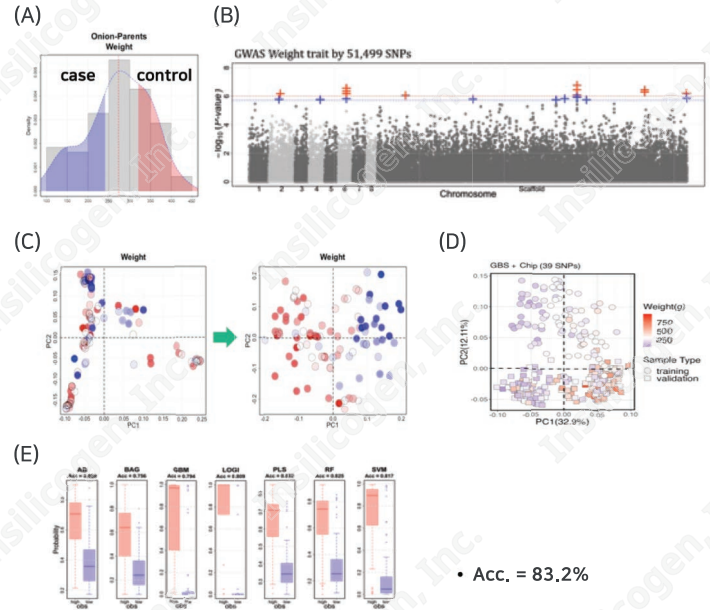
- 총 260건의 신규 개체로 모델 검증
- gBLUP을 활용한 표현형 예측 모델
- 39 SNPs 이용
- $r^2=0.22$, 평균오차=106.36(g)



[Fig.2] gBLUP을 이용한 육종가 예측 및 표현형 분포도

엘리트 계통의 구중 관련 기계학습 모델 구축

- 1차 GWAS를 통한 주요 1,000 SNPs 선별
- 2차 기계학습의 feature selection을 이용한 최종 39 SNPs 선별
- 39 SNPs를 이용한 양파 구중 예측 모델 구축(정확도: 83.2%)

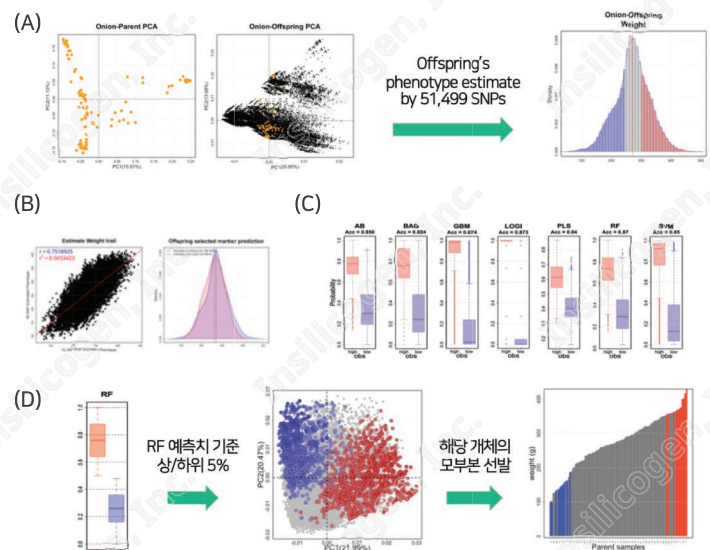


[Fig.3] 구중 관련 마커 탐색 및 예측 모델 구축

- (A) 구중 표현형 분포; (B) GWAS 분석 결과 manhattan plot; (C) Feature selection 결과 마커의 표현형 구분력; (D) 엘리트 계통과 검증용 신규 개체의 구중 및 유전적 분포도; (E) ML 알고리즘에 의한 검증 데이터의 구중 예측치

교배 조합 작성: 자손 세대 시뮬레이션(예측 모델 적용)

- 부모 개체의 유전형 정보를 활용한 인실리코 자손 19,800 개체 생산
- 인실리코 자손의 구중 예측치
- 최종 우수 교배 조합 가계 선별



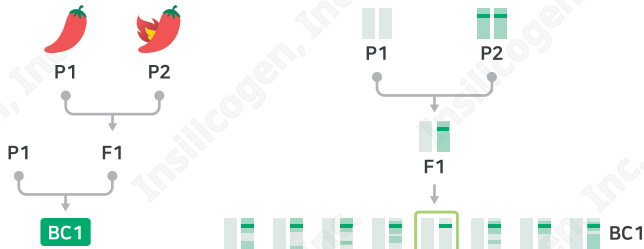
[Fig.4] 교배 조합 선별을 위한 인실리코 자손 시뮬레이션

- (A) 인실리코 자손 유전형 생산; (B) gBLUP 모델을 이용한 자손의 구중 예측치; (C) ML 알고리즘에 의한 자손의 구중 예측치; (D) 우수 알고리즘 기준 상/하위 5% 자손의 유전형과 모부분 표현형 분포로 우수 및 미흡 교배 조합 제시

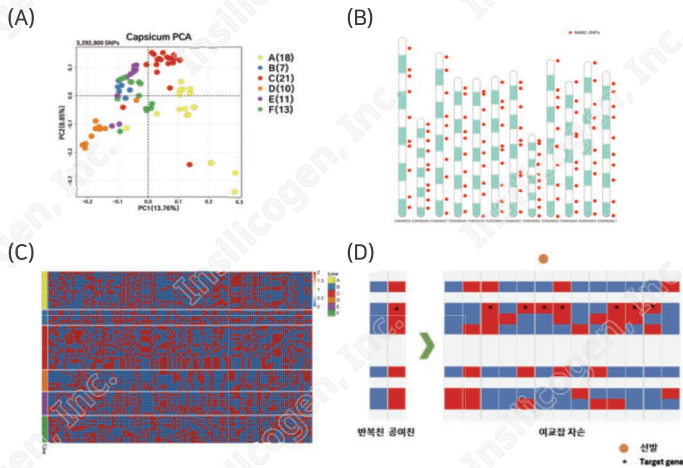
고추 여교잡 육종: MABC 마커 탐색

고추 80계통을 이용한 MABC 마커 탐색

- 유전자원** 고추 80계통
- 유전형** 계통별 34.4 Gb의 WGS 서열, 2,997,866 SNPs
- 마커 적용** 12개 마커: 주요 25계통의 여교잡 자손 background 선발 가능
108개 마커: 전체 80계통의 여교잡 자손 background 선발 가능



[Fig.1] MABC (Marker-assisted backcrossing) 모식도



[Fig.2] 고추 계통 분류 관련 MABC 탐색

- (A) 고품질 변이로 확인한 80계통의 유전적 유사도; (B) 108개 MABC 마커의 염색체 분포도;
- (C) 108개 MABC 마커를 이용한 80계통의 변이 양상; (D) MABC를 이용한 자손 개체 선발

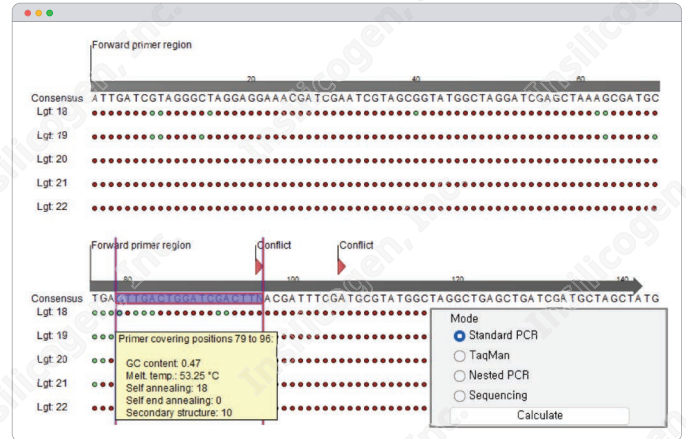
제작 가능한 분자 마커 리스트

TaqMan	PCR 증폭 시 분해되는 probe의 형광으로 genotyping
KASP	대립 유전형에 맞는 2종 이상 primer의 경쟁적 증폭으로 genotyping
rhAmp SNP	TaqMan의 형광 기술과 KASP의 경쟁적 증폭을 혼합한 genotyping
CAPS	변이 서열 내 제한효소의 절단 유무로 genotyping
SCAR	PCR을 이용한 특정 변이 영역의 증폭으로 genotyping
HRM	변이 서열에 따른 DNA 이중나선의 용융 온도 차이로 genotyping
Fluidigm chip	Mini SNP chip으로 대량의 샘플을 효율적으로 genotyping
BTseq	NGS를 이용한 타겟 영역의 경제적 genotyping

분자 마커 실험·검증 GUI 솔루션: CLC Main Workbench

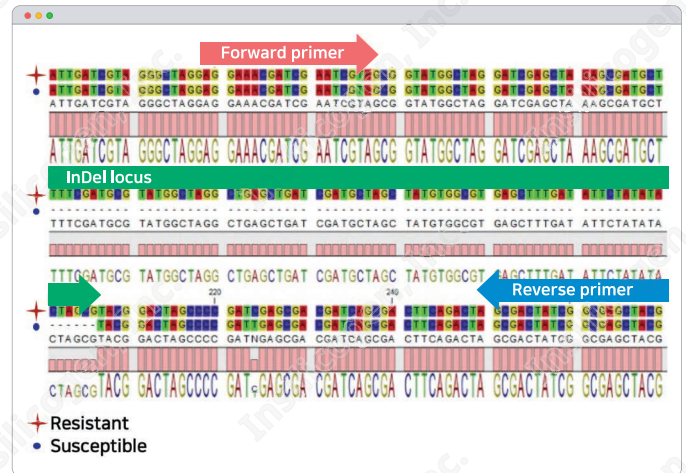
분자 마커 프라이머 디자인

- MABC, 양성불임, 품종판별, 마커 이용선발(MAS) 등 다양한 분자 마커 적용
- HRM, KASP, CAPS, SCAR, TaqMan 등 다양한 유형의 프라이머 디자인



계통별 다형성 영역 시각화

- 프라이머 세트에 의해 증폭되는 영역의 유전적 다형성 분석 및 시각화
- 유전적 다형성을 토대로 빠르고 쉽게 표현형 판별



계통도 및 계통 간 친화도 분석

- 계통 간 유전적 유연관계 파악을 위한 계통 분석

