

교육의 개요(소개의 글)

유전체 해독은 미생물의 동정과 특성 예측을 위한 가장 효율적인 분석 방법이 되었으며, 많은 일손이 필요한 기존의 실험 연구를 빠르게 대체해 나가고 있습니다. 그러나 연구산업에 대한 의존도가 커지면서 시퀀싱으로부터 유전체 조립 및 주석화에 이르는 초반 분석 작업을 외주로 해결하는 경우가 많아지게 되었고, 이에 따라서 유전체 해독의 기본 이론 및 고도화된 활용에 관심을 갖는 일선 연구자들의 어려움은 점점 커지는 것 또한 현실입니다. 특히 유용균주의 산업적 활용과 각종 인허가를 위한 미생물유전체 분석 데이터의 활용이 증가하고 있는 현실을 감안하여 본 강좌를 마련하였습니다. 본 단기 교육을 통해 최신 기법에 의한 유용 미생물 단일 균주의 유전체 해독 방법과 그 이론적 배경을 이해하고, 미생물 유전체의 기초적인 분석을 수행하는 방법을 익히게 될 것입니다.

리눅스는 유전체분석을 효과적으로 수행하기 위한 기본적으로 요구되는 운영체제로서 본 강좌에서도 리눅스 기반의 분석을 실시하므로, 본 강좌에 등록하신 분들은 워크숍 참가 전 온라인 강좌를 이수하는 것을 전제로 하고 있음을 알려 드립니다. 사전교육 사이트는 등록하신 분들에게 차후 제공될 예정입니다.

본 워크숍은 미생물클러스터 사업의 교육 프로그램으로 운영되고 있습니다. 따라서, 사업의 취지에 맞게 산업계 참가자를 1순위로 하고 신청자가 정원에 미달되는 경우 학계 및 연구계 참가자를 차순위로 신청을 받게 되는 점을 양해하여 주시기 바랍니다.

- **교육 일시** : 2024년 10월 15일(화) 09:30~17:30
- **교육 장소** : 한국생명공학연구원(전북 분원) 생물자원센터 (전북 정읍시 입실길 181)
- **교육 인원** : 5명
- **강사** : 한국생명공학연구원 강세원 선임연구원
- **신청기간** : 2024년 9월 30일(월) 오전 10시 홈페이지 접수
- **신청방법** : 오전 10시 이전에 신청된 건은 신청 제외되며, 산업체 소속 신청자를 우선으로 참가자를 선정합니다. 많은 분들에게 참여 기회를 드리지 못하게 된 점 양해 바랍니다.
- **리눅스 교육 이수 및 이수증 접수** : 교육 대상자에게 개인별로 리눅스 온라인 수강 사이트 안내를 드리며 10월 8일까지 교육 이수증을 보내주는 분들에 한하여 최종 워크숍 참석 자격을 드립니다.
- **교육의 목표**
 1. NGS 또는 3GS 유래 시퀀싱 자료를 이용한 미생물 단일 균주 유전체(bacterial isolate genome)의 조립 및 분석 체험
 2. 유전체 해독 결과물을 논문에 실기 위한 최소 요구 사항 이해(raw data 및 assembly의 점검 사항 포함)
 3. 유전체 정보를 이용한 미생물의 동정 및 특성 예측법 학습
 4. 웹 기반의 미생물 유전체 분석 서비스의 이해
 5. 생명정보 분석 업무의 필수 기반으로 인식되는 리눅스 환경에 대한 흥미 유발 및 도전 의식 함양

• 사전 요구 사항 (필수 숙지사항입니다)

1. 리눅스 교육 이수자 증빙 서류 제출 (워크숍 1주 전까지)
2. Linux용 Windows 하위시스템(WSL) 및 윈도우용 자바 실행 환경 활용 예정
 - 미리 설치해야 할 파일 및 데이터 파일은 사전배포 예정
 - 개인 노트북에 미리 설치 후 실습 참여

※본 강좌에서는 16S amplicon sequencing에 의한 미생물 군집 분석은 다루지 않습니다.

교육 일정표

오전 강의: 09:30~11:30		
이론 1	미생물 유전체 해독의 기본 지식	<ul style="list-style-type: none"> - NGS를 이용한 유전체 조립(genome assembly) - Assembly metric의 이해 - Read와 assembly의 평가 - 유전체 주석화(genome annotation)
이론 2	유전체 서열 자료를 활용한 후속 분석 사례	<ul style="list-style-type: none"> - 비교유전체학 - 유전체 정보를 이용한 종 동정 - 종과 균주의 개념 - Pan genome 소개
이론 3	웹 기반 미생물 유전체 분석 서비스 소개	<ul style="list-style-type: none"> - NCBI, EzBioCloud - ANI, GGDC - Center for Genomic Epidemiology: 항생제 내성 및 병원성 인자 탐색, 균주 동정 - IslandViewer: Pathogenicity island 탐색 - antiSMASH: 생합성 유전자군 탐색 - RAST server: 유전체 주석화 - KAAS: 대사 경로 예측
오후 실습: 13:00~17:30		
실습 1	유전체 분석 실습 (WSL-myUbuntu)	<ul style="list-style-type: none"> - myUbuntu distro 설치 상황 점검 - SRA 등 공개된 short/long read를 다운로드하여 de novo assembly 실시(zga 파이프라인을 이용하므로 dfast annotation까지 자동 진행) - 조립 결과 둘러보기(실습 2의 Gepard와 연결) - NCBI 자료를 이용한 16S rRNA 서열 분석(실습 2의 FigTree와 연결) - 명령행에서 유전체 자료를 다운로드하여 ANI 계산 - Multi-record GenBank 파일의 조작(실습 2의 Artemis와 연결)
실습 2	윈도우 응용프로그램 실습	<ul style="list-style-type: none"> - Java 실행 환경(JDK) 설치 상황 점검 - Gepard: 유전체의 반복 구조 확인 - Artemis: 서열/주석화 정보의 시각화 및 편집 - FigTree: 계통수 시각화

※ 교육 내용은 예고 없이 바뀔 수 있습니다.