

축산 분야 유전체 분석 역량 강화 공동 연수 개최

- 16일 농촌진흥청 정보화교육장, 유전체 데이터 분석 전문교육
- ‘차등발현 유전자 분석부터 기능 유전체 분석까지’...이론·실습 중심
- 대학·산업체·연구기관 융합, 축산 유전체 공동 연구 협력 기반 마련

농촌진흥청(청장 이승돈) 국립축산과학원은 7월 16일 본청 정보화 교육장에서 ‘축산 분야 유전체 분석 역량 강화 공동 연수(워크숍)’를 개최했다.

이번 공동 연수(워크숍)는 축산 유전체 연구 분야 연구자들의 데이터 분석 전문성을 높이고, 최신 유전체 분석 기법을 현장 연구에 효과적으로 활용할 수 있도록 지원하기 위해 마련됐다.

국립축산과학원 가축 번식·생명공학 분야 전문연구실 협의체 소속 연구자를 비롯해 농촌진흥청 소속 연구기관 및 지방 농촌진흥기관 연구자 등 40여 명이 참여했다.

총 2개 분과로 나눠 유전체 데이터 분석 전 과정을 아우르는 이론과 실습 프로그램을 진행했다. 오전에는 차등발현 유전자 검출을 위한 통계분석 방법론과 기능분석 방법론을 다루었다. 오후 분과에서는 데이터 품질관리와 매핑, 차등발현 유전자 분석 및 기능분석 실습이 있었다.

특히 이번 교육은 실제 가축의 유전자 발현 데이터를 활용한 실습 중심으로 구성해 참가자들이 연구 현장에서 즉시 활용 가능한 실무 분석 기술을 습득하는 도움이 되도록 했다.

아울러 충남대학교 이승환 교수(현 한국동물유전육종학회장)와 이두호 기술이사(퀀토믹) 등 대학 및 산업체 전문가들이 강사진으로 참여해 최신 연구 동향과 유전체 분석 기술을 공유했다.

농촌진흥청 국립축산과학원 축산생명환경부 유동조 부장은 “축산 분야 연구가 고도화되면서 유전체 데이터를 정밀하게 분석하는 역량이 더욱 중요해지고 있다.”라며 “이번 공동 연수가 연구자들의 데이터 분석 역량을 높이고, 기관 간 연구 협력을 확대하는 계기가 되길 바란다.”라고 말했다.

붙임. 축산 분야 유전체 분석 역량 강화 워크숍 세부 일정

담당 부서	국립축산과학원 동물바이오유전체과	책임자	과 장	이경태 (063-238-7250)
		담당자	연구사	유채민 (063-238-7260)
	농촌진흥청에서 연구·개발한 농업의 모든 것 농사로 			

붙임

워크숍 세부 일정

일시	분	내용	담당자
7.16(목) 09:00~09:50	50	◦ 등록	
09:50~10:00	10	◦ 인사 말씀	국립축산과학원 유동조 생활부장
10:00~12:00	120	◦ <이론> 차등발현 유전자 검출 통계분석 방법론 - 차등발현유전자 탐색 통계적 분석 기법) - Read count, TPM, FPKM, Fold change - EdgeR, DEseq2 패키지의 통계분석 방법론 ◦ <이론> 차등발현 유전자 기능분석 방법론 - GO, KEGG 유전자 검출 통계분석 방법론(Hypergeometric analysis 등) - KEGG pathway analysis 알고리즘 - Gene enrichment analysis 알고리즘	충남대학교 이승환 교수
12:00~13:00	60	◦ 점심시간 및 휴식	
13:00~14:00	60	◦ 분석환경구축 및 데이터 QC, 매핑	충남대학교 김주혁 대학원생
14:00~15:00	60	◦ <실습> DESeq2, edgeR을 이용한 차등발현 유전자 탐색 실습 - MOV10 raw count matrix 예제 기반 차등발현 유전자 탐색	퀀토믹 이수현 책임연구원
15:00~15:30	30	◦ 휴식	
15:30~17:00	60	◦ <실습> 기능 유전체 분석 실습 - GO, KEGG, GSEA 실습	퀀토믹 이두호 기술이사
17:00~18:00	60	◦ 마무리 및 설문조사	