

## 미생물 분리 · 동정용 소프트웨어

# proBiosys™ Version 1.0

TaKaRa Code PB001 1 software 17개

프로바이오시스 패키지는 4개의 모듈로 구성되어있으며, 분자생태, 수치분류, 그리고 화학분류의 연구에서 도출된 데이터들의 유사도를 평가하고 군집분석을 수행하며 덴드로그램 및 계통수 작성에 이르기까지 분석 절차와 결과를 보여줌과 동시에 각각의 결과들을 시각적으로 통합 비교 분석할 수 있는 기능을 갖고 있다.

또, 유전형에서부터 표현형에 이르는 다양한 데이터를 각각의 특성에 따라 통합하고 시각화하여 심층적인 분석을 가능하게 하였으며, 데이터베이스 기반의 생물정보 관리 시스템을 중심으로 다양한 분석기능을 삽입/제거 가능한 형태로 구현하였기 때문에, 사용자의 요구를 능동적으로 수용하여 분석에 필요한 기능을 자유로이 확장할 수 있는 업그레이드 측면에서의 강점도 가지고 있다.

프로바이오시스 패키지는 미생물 정보 분석에 중점을 두고 있지만, 계통 프로젝트의 진행으로 인해 발생한 대량의 데이터를 다루는데 있어서는 미생물 이외의 생물 종에 대한 정보 분석에도 활용이 가능하다.

미생물의 분류 동정에 관련된 소프트웨어 패키지로는 국내 최초이기 때문에, 생명공학 관련 연구기관들이 분류 · 동정 프로그램 구입에 대한 부담이 줄어들어 보다 활발한 연구를 진행할 수 있게 되었고, 이를 통해 미생물분야의 생물정보 분석 연구에 크게 기여할 수 있는 계기를 마련하였다.

특히, 덴드로그램의 비교기능과 편리한 인터페이스는 세계시장에 내놓을 만한 경쟁력을 갖추고 있다.

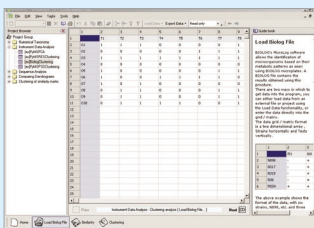
### 특징

- 유전형에서부터 표현형에 이르는 다양한 데이터를 각각의 특성에 따라 통합하고 시각화하여 심층적인 분석을 가능하게 합니다.
- 데이터베이스 기반의 생물정보 관리 시스템을 중심으로 다양한 분석기능을 삽입/제거 가능한 형태로 구현하여 분석에 필요한 기능을 자유로이 확장할 수 있는 유기적인 플랫폼을 가지고 있습니다.
- 분자생태, 수치분류, 그리고 화학분류의 연구에서 도출된 데이터들의 similarity의 평가, 군집분석 수행, 덴드로그램 및 계통수 작성 등의 분석절차와 결과를 보여줌과 동시에 각각의 결과들을 시각적으로 통합 비교분석할 수 있는 기능을 제공합니다.

### 데이터 처리

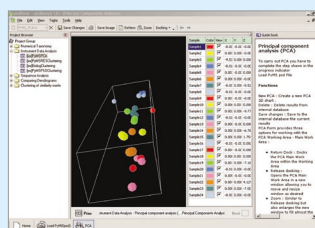
- Numerical Taxonomy
- Biology/PyMS
- Sequence Analysis
- Comparison Dendrogram

## 〈사용자 환경〉



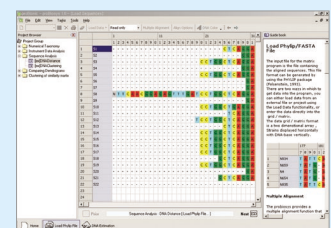
#### 쉽고 편리한 인터페이스

- 초보자도 손쉽게 이용할 수 있는 도움말
- 실험절차를 인도하는 wizard 방식의 메뉴
- 엑셀 스타일의 편집환경 제공



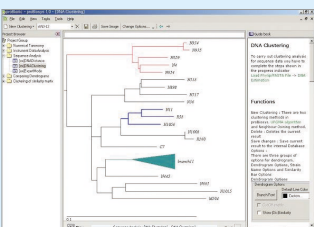
#### PCA / PCO의 시각화

- 3차원 모델링의 미려한 시각화 구현
- 3차원 뷰에서 확대, 축소, 회전 및 색깔, 모양 등의 편집기능



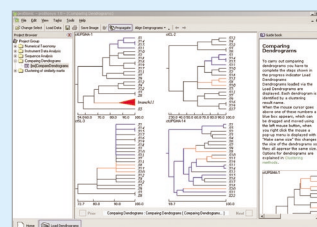
#### 분자적 분석 기능 강화

- ClustalW방식의 서열정렬 기능
- 편리한 서열 편집 기능 제공
- 다양한 계통수 분석방법 제공



#### 조작이 편리한 덴드로그램

- 임의의 branch에서 Triangle 처리 가능
- 마우스를 통한 branch coloring, swapping등의 강력한 편집기능 제공



#### 덴드로그램 통합 비교 분석

- 두개 이상의 덴드로그램들을 다양하게 배열하여 비교
- Branch coloring이 나머지 덴드로그램에 전파됨

**GUIDE BOOK**

실험을 사용자가 이해하여 충분히 활용할 수 있도록 분석절차에 따라 동적으로 도움말을 제공한다.  
 현재 분석에 대한 설명 뿐만 아니라 데이터의 흐름에 대한 설명으로 사용자가 실험 상태와 결과를 잘 이해하도록 한다.  
 설명이 필요없는 전문가라면 창을 닫아서 Work Area의 공간을 충분히 확보할 수 있다.

**MENU**

프로젝트 관리기능을 제공할 뿐만 아니라 분석 프로세스에 따라 상응하는 메뉴가 동적으로 제공된다.

**TOOLBAR**

메뉴에서 제공하는 기능 중 사용자에게 유용한 메뉴들을 시각화 한다. 분석 프로세스에 따라 상응하는 툴바가 제공된다.

**PROGRESS INDICATOR**

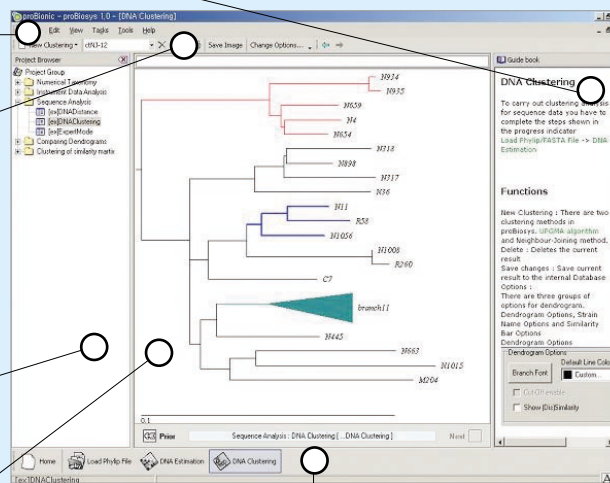
분석절차를 사용자가 쉽게 파악할 수 있도록 세부실험에 대한 아이콘을 분석순서에 따라 제공하고 현재 분석단계를 하이라이트 시킨다.  
 절차에 따라 해당하는 아이콘을 클릭하면서 원하는 실험을 쉽고 빠르게 할 수 있다.

**WORK AREA**

실험데이터를 입력하고 결과를 보여주는 영역으로 분석절차에 따라 필요한 화면을 자동으로 갱신한다.  
 제공되는 분석모듈은 프로그램과 독립적인 라이브러리가 되어서 차후 업그레이드 등에 유리하다.

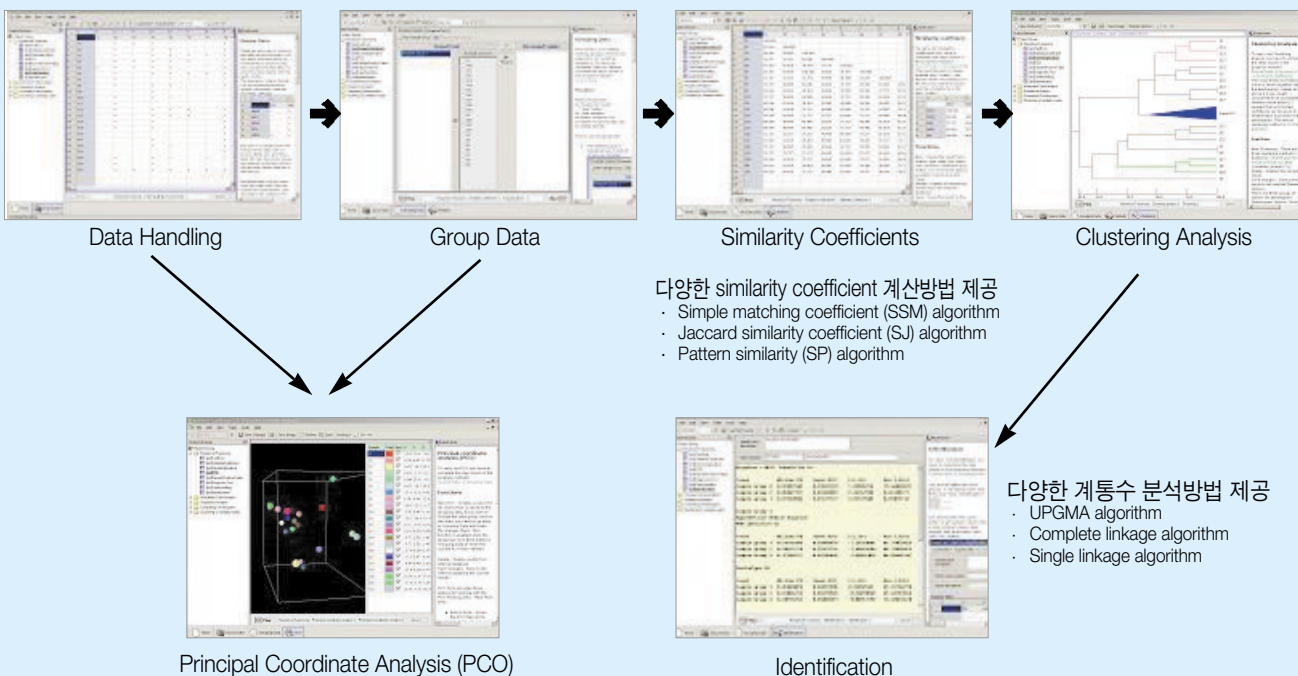
**PROJECT BROWSER**

현재까지 작업한 프로젝트들이 트리형태로 제공된다.  
 프로젝트 그룹을 설정할 수 있어 관심에 따라 프로젝트들을 그룹 지을 수 있다.  
 단 한번의 클릭으로 이전에 작업한 프로젝트들을 손쉽게 참조할 수 있다.



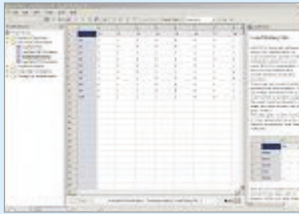
**Numerical Taxonomy**

+, - 또는 1, 0의 데이터를 입력받아 분류, 동정 분석을 수행한다.

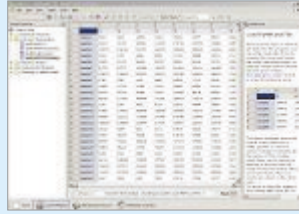


Biolog/PyMS

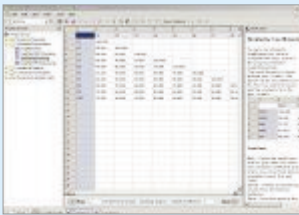
Biolog와 PyMS 실험 데이터를 분석한다.



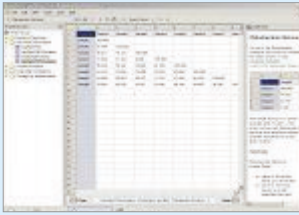
Biolog Data



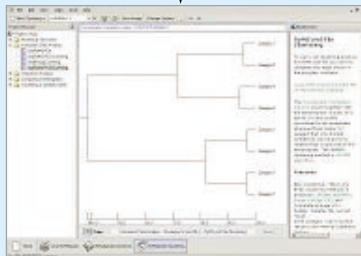
PyMS Data



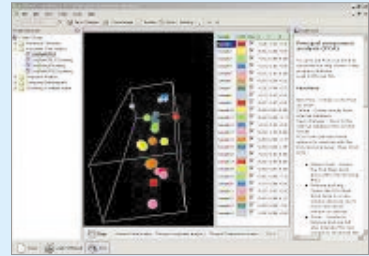
Similarity Coefficient



Mahalanobis Distance



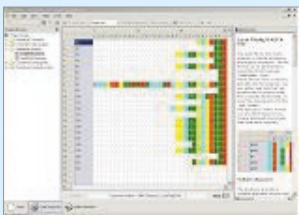
Clustering Analysis



PCA  
(Principal Component Analysis)

Sequence Analysis

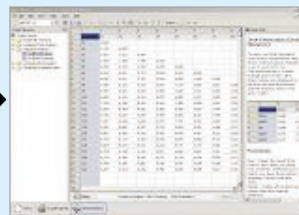
염기서열 데이터를 정렬하고 분석한다.



Load Phylip/ FASTA file



Multiple Alignment



Distance Estimation



Clustering Analysis

- Input Phylip file or FASTA format sequences,
- Easily edit nucleotide sequences,
- User-friendly designed interfaces and display,

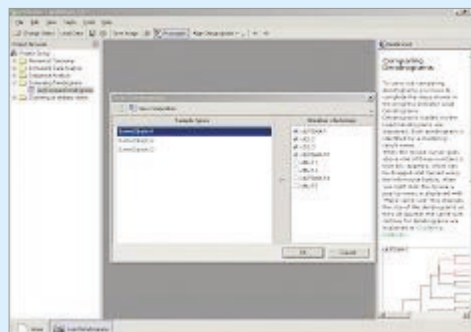
- Alignments nucleotide sequences with Clustal W algorithm,
- Two type of alignments with fast mode and accurate mode,
- Easily change various option values,

- Calculates distances with
- Jukes-Cantor method
  - Kimura method
  - P-distance method

- Draws dendrogram with
- Neighbor-Joining(NJ) algorithm
  - UPGMA algorithm

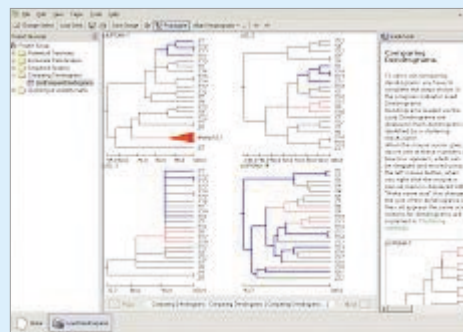
### Comparison Dendrogram

다양한 덴드로그램의 통합비교분석이 가능하다.



Dendrograms

- Numerical taxonomy
- PyMS analysis / Biolog analysis
- Sequence analysis



Comparison

- Align dendrograms
- Coloring branches
- Giving propagation on trees
- Triangle dendrogram
- Swapping / Drag / Move

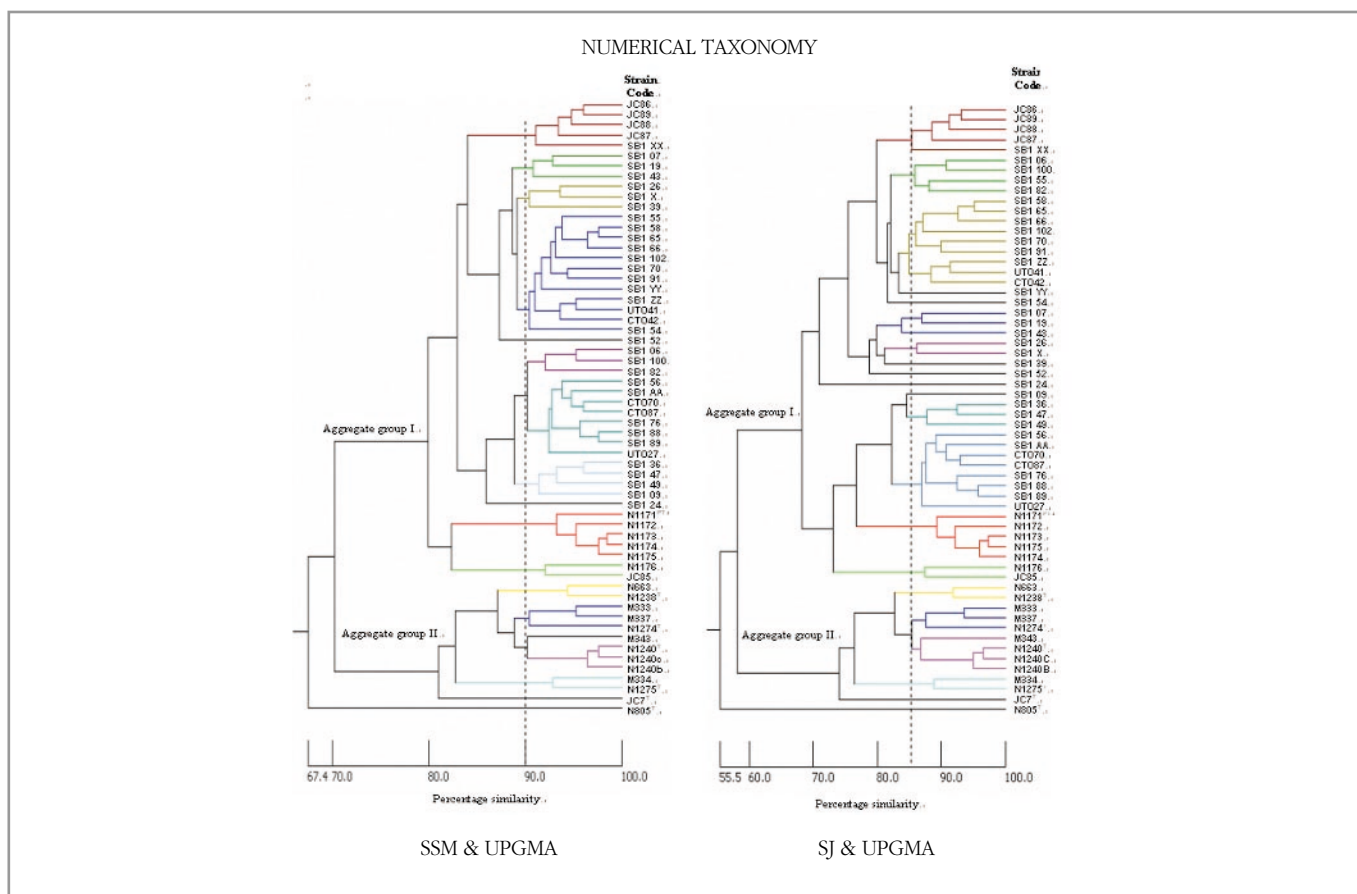
### 활용 예 - *Tsukamurella* 분류

방선균의 일종인 *Tsukamurella* 60종에 대한 분류를 본 프로그램을 이용하여 다양하게 분석한 결과를 아래에 나타내었다.

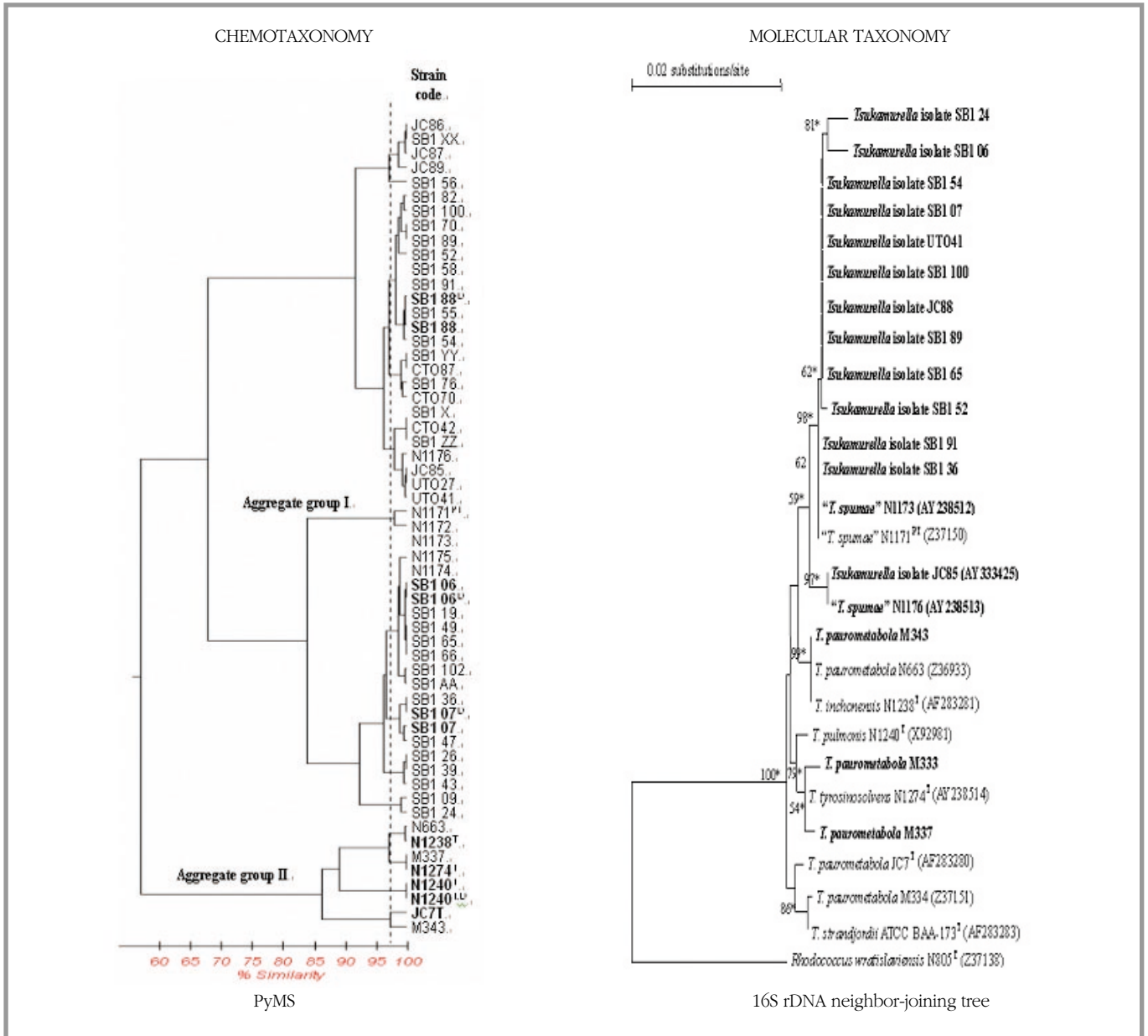
[방법]

각각의 polyphasic taxonomic 실험 결과를 본 프로그램의 데이터로 수치 변환, 실행하여 덴드로그램 및 계통수를 작성하였다.

[결과]







매우 가까운 유연관계를 나타내는 *Tsukamurella* 종의 분류에 이용된 여러 분류학적 접근에 본 프로그램은 분석의 번거로움을 대폭 줄여주고 본 프로그램 내에서 one-step으로 모든 분석을 가능하게 하였다.

### 참고문헌

- 1) Nam, S. W., Chun, J., Kim, S., Kim, W., Zakrzewska-Czerwinska, J. & Goodfellow, M. (2003). *Tsukamurella spumae* sp. nov. A novel actinomycete associated with foaming in activated sludge plants. *Systematic and Applied Microbiology* **26**, 367-375.
- 2) Nam, S. W., Kim, W., Chun, J. & Goodfellow, M. (2004). *Tsukamurella pseudospumae* sp. nov. a novel actinomycete isolated from activated sludge foam, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **54**, 1209-1212.

미생물의 종간, 종내 유전자 다형성 분석 및 RAPD Finger Printing을 위한

# Microbial Universal Primer (MUP) Strain-typing Kit

본 제품은 DNA Finger Printing 방법의 하나인 RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) 의 단점을 보완한 것으로 기존 10 mer의 primer를 이용한 RAPD 방법과는 달리 17~20 mer의 MUP (Microbial Universal Primer)를 이용하여 높은 annealing 온도에서 PCR 반응을 수행하므로 높은 재현성을 가진다. 또한 기존 RAPD 보다 월등히 많은 다형성 밴드를 나타내기 때문에 적은 수의 primer로도 다양한 미생물의 종간, 종내 핵산지문분석에 적용 할 수 있다. 특정 미생물에만 특이적으로 나타나는 다형성 밴드를 검출해내고, 이를 이용한 미생물 검출용 진단키트 개발에도 유용하게 쓰일 수 있다. MUP는 광역 미생물 중에 모두 적용할 수 있어 의학, 식품, 산업, 농업 등 다양한 분야에서 응용 할 수 있다.

## 〈MUP Strain-typing Kit 의 특징〉

- 17~20 mer의 염기서열로 구성된 프라이머
- 55℃ 이상에서의 annealing으로 높은 재현성
- 다양한 미생물에 적용 가능한 다범위성
- 미생물 종간, 종내 PCR 다형성 밴드
- Agarose gel 상에서의 간단한 분석
- 종 특이적 검출 primer를 위한 PCR 산물의 유용성
- 소수의 primer 종류로 다양한 DNA 다형성 밴드



## 〈MUP Strain-typing Kit〉

TaKaRa Code	제 품 명	용 량	농 도	가 격 (원)
TK6100	MUP Strain-typing Kit	각 200 회	각 20 pmol/μl	270,000

## 〈MUP Primer〉

TaKaRa Code	구성요소	용 량	농 도	가 격 (원)
TK7001	MUP1 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7002	MUP2 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7003	MUP3 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7004	MUP4 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7005	MUP5 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7006	MUP6 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7007	MUP7 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7008	MUP8 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7009	MUP9 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000
TK7010	MUP10 Primer	200회	20 pmol/μl	30,000