(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2010-0008078
(43) 공개일자 2010년01월25일

(51) Int. Cl.
C12Q 1/68 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2008-0068477
(22) 출원일자 2008년07월15일
심사청구일자 2008년07월15일

(71) 출원인
경상대학교산학협력단
경상남도 진주시 가좌동 900
(72) 발명자
전진태
서울 서초구 방배2동 436-13번지 401호
임현태
울산 중구 약사동 800-33번지
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
김순웅

전체 청구항 수 : 총 2 항

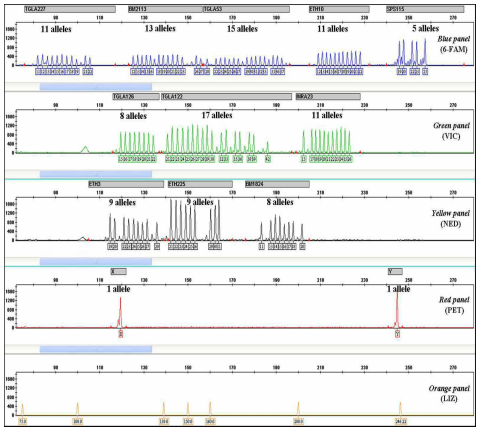
(54) 대립형질 사다리를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물

(57) 요 약

본 발명은 소의 동일성 분석용 조성물에 관한 것으로, 보다 구체적으로, 본 발명은 BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3I, NRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227 및 TGLA53 인 마이크로새틀라이트 마커 및 성감별 마커에 대하여 마커별로 선발된 대립유전자형의 DNA로 이루어진 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물에 관한 것이다.

본 발명의 조성물은 소 동일성 검사를 위해 사용되는 마이크로새틀라이트 마커들에서 나타나는 대립유전자(allele)들을 정확하게 보정 할 수 있도록 하기 위해 기준이 될 수 있는 allelic ladder를 적용하여 마이크로새틀라이트 마커들에서 나타날 수 있는 모든 대립유전자들을 일괄적으로 보정함으로써 분석기기별로 차이가 나는 오차값을 보정 할 수 있으며, 또한 실험자의 실수를 최소화시킬 수 있으므로 소의 동일성 검사시 정확한 데이터를 분석하는데 매우 유용하다.

대 표 도 - 도1



(72) 발명자

이상호

경남 산청군 신안면 외송리 239번지

김재환

제주 남제주군 성산읍 신풍리 812-1번지

서보영

경남 진주시 옥봉동 670-2번지

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	20070501034006
부처명	농촌진흥청
연구사업명	바이오그린21
연구과제명	한우육 식별 표준 프로토콜 확립과 SNP 검증을 통한 실용화기술개발
주관기관	축산과학원
연구기간	2008년 01월 01일 ~ 2008년 12월 31일

특허청구의 범위

청구항 1

BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3I, NRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227 및 TGLA53 인 마이크로새틀라이트 마커 및 성감별 마커에 대하여 마커별로 선발된 대립유전자형의 DNA로 이루어진 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물.

청구항 2

제 1 항에 있어서,

상기 대립형질 사다리는, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3I, NRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53, Ch. X 및 Ch. Y에 대한 대립유전자 형을 마커별로 선발하는 단계; 선발된 대립유전자형을 중합효소연쇄반응(PCR)에 의하여 증폭하는 단계; 상기 증폭된 PCR 산물을 클로닝하고, 반복되는 염기서열을 확인하는 단계; 및 상기 확인된 대립유전자형의 플라스미드 DNA를, 형광물질 표지된 프라이머를 이용하여 중합효소연쇄반응에 의하여 증폭하는 단계;를 통해 마커별로 PCR 산물을 수득하고, 상기 수득한 PCR 산물을 혼합하여 얻어진 것을 특징으로 하는, 대립형질 사다리 (allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물.

명 세 서

발명의 상세한 설명

기 술 분 야

<1> 본 발명은 소의 동일성 분석용 조성물에 관한 것으로, 보다 구체적으로, 본 발명은 마이크로새틀라이트 마커 및 성감별 마커에 대하여 마커별로 선발된 대립유전자형의 DNA로 이루어진 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물에 관한 것이다.

배 경 기 술

<2> 세계 각국에서는 유전자원으로서 재래가축에 대한 보존 및 활용의 가치를 인식하면서(Notter (1999) J. Anim. Sci. 77:61-69) 가축들의 품종 형성, 유전적 특성, 유전적 다양성, 타 품종간의 유연관계 등의 분석연구를 수행하여 왔다. 소의 품종집단에 대해서는 혈액단백질, 유단백질, 마이크로세틀라이트(microsatellites), 미토콘드리아 DNA(mitochondrial DNA), 등 다양한 유전적 표지인자들을 활용한 연구들이 수행되어 왔다(MacHugh et al (1998) Anim. Genet. 29:333-340; Mannen et al (1998) Genetics 150:1169-1175; Edwards et al (2000) Anim. Genet. 31:127-130; Troy et al (2001) Nature 410:1088-1091; Hanotte et al (2000) Molecular Ecology 9:387-396, (2002) Science 296:336-339).

<3> 이러한 유전적 표지인자 중 마이크로새틀라이트(microsatellite)는 2 내지 6개 정도의 염기서열이 반복되는 DNA군(repetitive DNA group)으로, 게놈 내에 골고루 분포하고 매우 높은 다형성을 나타내는 비암호화 DNA 서열(non-coding DNA sequence)이다(Zajc I and Sampson J (1999) J Hered 90: 104-107). 특정 좌위에서 반복단위의 반복수에 따라 개체간의 다양성이 인정되는데(Koreth J, O'Leary JJand McGee JO (1996) J Pathol 178: 239-248.), 반복수에 품종 간 다형이 있는 경우에 인접영역에 설계한 프라이머를 이용하여 중합효소연쇄반응(Polymerase Chain Reaction; PCR)을 행하면, PCR 산물 길이에 다형이 관찰되고 DNA 다형을 검출하는 것이 가능해진다. 또한, 마이크로새틀라이트는 다른 유전자들과 마찬가지로 멘델의 유전법칙에 따라 자식에게 전달되며 PCR을 이용하여 증폭할 수 있고, 전기영동을 할 경우 공우성(co-dominant)의 양상을 보인다. 특히, 마이크로새틀라이트는 크기가 작기 때문에 2개에서 최대 8개까지의 프라이머를 동시에 증폭할 수 있으므로(Chamberlain JS et al., (1988) Nucleic Acids Res 16: 11141-11156) 유전자의 다형성을 분석하는데 시간과 비용을 줄일 수 있으며 민감성과 정확성이 높은 결과를 얻을 수 있다. 따라서 이와 같은 마이크로새틀라이트는 가축의 분자육종분야에 이용가치가 대단히 높으며 근친교배에 의한 퇴화를 방지하는 데 유용할 뿐만 아니라 특정형질을 선택하는 것에도 이용될 수 있다고 한다.

<4> 또한, 사람의 경우 많은 마이크로새틀라이트 마커에서 나타나는 대립유전자(allele)에 대한 Allelic ladder가 만들어져 있으며 이들을 이용해 정확히 대립유전자(allele)들을 보정하여 통일된 데이터를 얻어 분석기기 및 환경적인 영향으로 발생하는 데이터의 오차를 사전에 제거하여 친자감별과 계통유전학 등에 광범위하게 활용되고

있다.

<5> 이에 본 발명자는 사람의 동일성검사 방법에 적용되는 Allelic ladder와 동일한 방법을 기초로 하여 소의 동일성검사에 적용하기 위하여, 소의 동일성검사에 적용되는 11개의 마이크로새틀라이트마커와 2쌍의 성감별 프라이머에 대해서 Allelic ladder를 적용하게 되면 효과적인 분석을 실시할 수 있음을 확인함으로써 본 발명을 완성하였다.

발명의 내용

해결 하고자하는 과제

<6> 본 발명의 목적은 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물을 제공하는 것이다. 보다 구체적으로 본 발명은 마이크로새틀라이트 마커 및 성감별 마커에 대하여 마커별로 선발된 대립유전자형의 DNA로 이루어진 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물을 제공하고자 한다.

과제 해결수단

<7> 상기와 같은 본 발명의 목적을 달성하기 위하여, 본 발명은 마이크로새틀라이트 마커 및 성감별 마커에 대하여 마커별로 선발된 대립유전자형의 DNA로 이루어진 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물을 제공한다.

<8> 이하, 본 발명을 상세히 설명한다.

<9> 본 발명은 BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3I, NRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227 및 TGLA53 인 마이크로새틀라이트 마커 및 성감별 마커에 대하여 마커별로 선발된 대립유전자형의 DNA로 이루어진 대립형질 사다리(allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물에 관한 것이다.

<10> 바람직하게는, 상기 대립형질 사다리는 BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3I, NRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53, Ch. X 및 Ch. Y에 대한 대립유전자 형을 마커별로 선발하는 단계; 선발된 대립유전자형을 중합효소연쇄반응(PCR)에 의하여 증폭하는 단계; 상기 증폭된 PCR 산물을 클로닝하고, 반복되는 염기서열을 확인하는 단계; 및 상기 확인된 대립유전자형의 플라스미드 DNA를, 형광물질 표지된 프라이머를 이용하여 중합효소연쇄반응에 의하여 증폭하는 단계;를 통해 마커별로 PCR 산물을 수득하고, 상기 수득한 PCR 산물을 혼합하여 얻어진 것을 특징으로 한다.

<11> 본 발명의 일 실시예에서는 소의 동일성 검사에 적용하기 위한 상기 11개의 마이크로새틀라이트 마커와 두 쌍의 성감별 프라이머에 대한 대립유전자(allele)를 파악하여 그중 출현빈도가 높은 대립유전자(allele)를 우선 선발하여 이들에 대하여 PCR증폭을 통해 유전자 산물을 획득하고 이 유전자 산물을 이용해 클로닝을 실시하여 정확한 염기서열을 파악해 마이크로새틀라이트 마커의 특징인 단순반복염기서열 수를 확인하여 반복 수를 파악하는 방식으로 선발된 대립유전자(allele)들 전체를 확인하였다. 이때 동일한 마이크로새틀라이트 마커에서 나타나는 대립유전자(allele)들의 경우는 반복염기서열 바깥쪽 서열이 100%일치하는지도 확인하였다.

<12> 상기 반복되는 염기서열 개수를 확인한 대립유전자형의 플라스미드 DNA를 형광물질이 붙어 있는 프라이머를 이용하여 재 PCR한 후 만들어진 PCR 산물을 일정한 비율로 마커별로 섞은 후 다시 같은 형광물질 색깔별로 섞은 후 마지막으로 4가지의 혼합물을 일정한 비율로 하나로 합쳐 최종 Allelic Ladder를 제작하였다. 이렇게 획득된 대립유전자(allele) 산물들을 적정비율로 혼합하여 하나의 용기에 담아 한번의 전기영동으로 모든 대립유전자(allele)들을 확인할 수 있었다.

<13> 따라서, 본 발명의 대립형질 사다리를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물을 키트화하여 소의 동일성 검사에 이용할 수 있다.

<14> 본 발명의 일 실시예에서는, 최종 만들어진 Allelic Ladder를 이용하여 적용하고자하는 기기에 일정한 양을 넣고 반복하여 분석한 후 그 결과를 이용하여 대립유전자형 별로 최소, 평균, 최대값을 구하여 대립유전자형 별 표준값으로 설정하여 분석결과를 일정하게 통일될 수 있도록 표준화하였다. 이로써, 분석기기의 종류 및 환경적인 영향으로 나타나는 오차값 문제를 allele 별 반복수가 검증된 allelic ladder로 표준화 시켜 데이터를 보정시키면 분석기기의 종류 및 환경적인 영향으로 나타나는 오차값을 완전히 제거할 수 있어 획일적인 데이터를 얻을 수 있음을 확인하였다.

효 과

<15> 본 발명은 대립형질 사다리 (allelic ladder)를 포함하는 소의 동일성 분석용 조성물을 제공할 수 있다. 이에 따라 상기 본 발명의 조성물을 이용할 경우, 소의 동일성 검사를 위한 PCR 산물을 크기로 데이터화를 시켰을 경우 발생하는 문제점 즉 분석기기의 종류 및 환경적인 영향으로 나타나는 오차값 문제를 allele 별 반복수가 검증된 allelic ladder로 표준화 시켜 데이터를 보정시키면 분석기기의 종류 및 환경적인 영향으로 나타나는 오차값을 완전히 제거할 수 있어 획일적인 데이터를 얻을 수 있을 뿐 만 아니라, 소의 동일성 검정에도 매우 유용하다.

발명의 실시를 위한 구체적인 내용

<16> 이하, 본 발명의 구체적인 방법을 실시예를 들어 상세히 설명하고자 하지만 본 발명의 권리범위는 이들 실시예에만 한정되는 것은 아니다.

<17> **<실시예 1>**

<18> **마커별 대립유전자형(allele) 선발**

<19> 경상남도의 24개 지역 한우농가에서 각각 총 480두의 번식우 혈액을 채취하여 게놈 DNA 추출 키트(Promega, USA)를 사용하여 게놈 DNA를 분리하여 대립유전자형(allele) 선발에 사용하였다. 11개의 마이크로새틀라이트 마커와 두 개의 성감별 프라이머를 이용하여 각각의 개체에 대해 대립유전자형(allele)을 분석하여 그 중 출현 빈도가 높은 대립유전자형(allele)을 마커별로 선발하였다 (표1).

표 1

<20>

Locus	No. of Animals	No. of alleles	Size range(bp)
BM1824	470	7	176~205
BM2113	471	11	123~156
ETH10	471	8	205~232
ETH225	471	8	141~170
ETH3	470	8	105~139
INRA23	471	10	199~228
SPS115	471	10	240~275
TGLA122	471	18	138~197
TGLA126	470	7	116~137
TGLA227	471	14	76~117
TGLA53	469	17	157~196
Ch. X	480	1	119
Ch. Y	480	1	245

<21> **<실시예 2>**

<22> **대립유전자형(allele) 클로닝**

<23> 선발된 대립유전자형(allele)을 가진 개체를 이용하여 각각의 마커로 PCR하여 그 PCR 산물을 TOPO TA Cloning Kit(Invitrogen,USA)를사용하여 ligation을 실시한 후 Top 10 F' Competent Cell 내부로 형질전환 시켰다. 플라스미드 추출은 Minipreps DNA Purification Kit(Bioneer, KOR)를 이용하여 분리하였다. 이는 프라이머 서열까지 정확히 염기서열 분석을 하기 위해 실행하였다.

<24> **<실시예 3>**

<25> **염기서열 분석을 통한 반복염기서열 수 확인**

<26> 플라스미드 DNA의 염기서열 분석은 Applied Biosystems 3130xl(PE Applied Biosystems, USA)를 이용하여 염기서열 분석을 실시하였으며, 염기서열은 Sequencher 4.7 (Gene Codes Corporation) 을 이용하여 플라스미드 DNA 염기서열을 확인하여 반복되는 염기서열 갯수 및 반복서열 밖의 염기서열을 확인하였다.

<27> **<실시예 4>**

<28> **Allelic Ladder 혼합물 제작**

<29> 반복되는 염기서열 개수를 확인한 대립유전자형의 플라스미드 DNA를 형광물질이 붙어 있는 프라이머를 이용하여 재 PCR한 후 만들어진 PCR 산물을 일정한 비율로 마커별로 섞은 후 다시 같은 형광물질 색깔별로 섞은 후 마지막으로 4가지의 혼합물을 일정한 비율로 하나로 합쳐 최종 Allelic Ladder를 제작하였다.

<30> **<실시예 5>**

<31> **Allelic Ladder를 이용하여 기기별 표준화 기준 설정**

<32> 최종 만들어진 Allelic Ladder를 이용하여 적용하고자하는 기기(ABI3130XL 등)에 일정한 양을 넣고 반복하여 분석한 후 그 결과를 이용하여 대립유전자형 별로 최소, 평균, 최대값을 구하여 이를 GeneMapper 4.0 (Promega)에 적용하여 대립유전자형 별 표준값으로 설정하여 분석결과를 일정하게 통일될 수 있도록 표준화 한다.

표 2

<33>

Marker	Allele	경상대학교(ABI3130xl)				축산과학원(ABI3730xl)				젠닥스(ABI3130xl)			
		최소	평균	최대	표준편차	최소	평균	최대	표준편차	최소	평균	최대	표준편차
ETH10	12	208.9	209.01	209.1	0.04	208.6	208.78	208.97	0.08	208.87	208.94	209	0.03
	13	210.77	210.89	210.99	0.05	210.48	210.66	210.85	0.07	210.76	210.83	210.89	0.03
	14	212.67	212.76	212.85	0.04	212.36	212.54	212.72	0.08	212.63	212.7	212.79	0.03
	15	214.48	214.57	214.68	0.04	214.19	214.36	214.56	0.08	214.45	214.52	214.59	0.03
	16	216.42	216.53	216.64	0.04	216.12	216.32	216.49	0.08	216.42	216.49	216.56	0.03
	17	218.29	218.39	218.5	0.05	218.01	218.2	218.39	0.07	218.3	218.37	218.43	0.03
	18	220.09	220.18	220.29	0.04	219.81	220	220.17	0.07	220.06	220.16	220.22	0.03
	19	222.1	222.19	222.29	0.05	221.81	222.01	222.16	0.07	222.11	222.17	222.24	0.03
	20	223.99	224.1	224.2	0.04	223.7	223.9	224.08	0.08	223.98	224.07	224.17	0.03
	21	225.92	226.01	226.1	0.04	225.61	225.81	225.98	0.07	225.91	225.99	226.05	0.04
	22	227.86	227.98	228.07	0.04	227.59	227.79	227.96	0.07	227.89	227.96	228.03	0.04

<34> **<실시예 6>**

<35> **기기별 기준에 실제 Sample 적용하여 분석 데이터 표준화 비교 검증**

<36> 기기별로 Allelic Ladder를 적용하여 표준화 시킨 기준값이 동일한 결과를 나타내는지 검증을 하기 위해 3마리의 한우에서 Genomic DNA를 추출하여 3개 기관에서 각각 PCR 증폭 후 두개의 분석 기종(ABI3130XL, ABI3730XL)을 이용하여 대립유전자형을 분석하였다. 분석시 각각의 분석기관별로 기기별 표준화 작업을 실시하여 표준화 데이터를 설정하였으며 이를 이용하여 대립유전자별 반복되는 염기서열 수와 대립유전자형의 크기로 대립유전자형을 표시 할 수 있게 설정하였다.

<37> 그 결과 대립유전자형의 크기는 분석기관 별로 조금씩의 차이를 보였지만, 대립유전자별 반복되는 염기서열 수로 표시한 결과는 3개 기관 두 종의 분석기기 모두 동일한 결과를 나타내어 본 발명에서 개발한 Allelic Ladder를 이용할 경우 표준화된 대립유전자형을 얻을 수 있을 것이라 판단되었다.

표 3

<38>

개체번호	분석기관		TGLA227		BM2113		TGLA53		ETH10		SPS115	
192751667	경상대	Allele	20	22	19	21	33	33	22	22	21	25
		Size	101.24	105.18	138.56	142.94	184.22	184.22	227.91	227.91	249.48	257.14
	축산과학원	Allele	20	22	19	21	33	33	22	22	21	25
		Size	101.07	104.92	138.51	142.69	184.06	184.06	227.82	227.82	249.41	257.01

	젠닥스	Allele	20	22	19	21	33	33	22	22	21	25
		Size	101.22	105.2	138.6	142.96	184.27	184.27	227.92	227.92	249.53	257.17
179929737	경상대	Allele	20	22	18	21	23	25	19	19	23	27
		Size	101.61	105.53	136.67	143.08	164.61	168.58	222.14	222.14	253.55	261.23
	축산 과학원	Allele	20	22	18	21	23	25	19	19	23	27
		Size	101.08	104.94	136.52	142.83	164.09	168.16	222.01	222.01	253.1	260.96
	젠닥스	Allele	20	22	18	21	23	25	19	19	23	27
		Size	101.61	105.51	136.76	143.09	164.63	168.71	222.32	222.32	253.64	261.35
192675406	경상대	Allele	20	22	20	21	27	30	18	21	21	27
		Size	101.61	105.54	140.87	143.08	172.72	178.65	220.31	226.03	249.72	261.21
	축산 과학원	Allele	20	22	20	21	27	30	18	21	21	27
		Size	100.94	105.02	140.61	142.75	172.03	177.99	220.14	225.74	249.25	260.78
	젠닥스	Allele	20	22	20	21	27	30	18	21	21	27
		Size	101.54	105.52	140.89	143.12	172.68	178.64	220.4	226.14	249.82	261.39

표 4

<39>

개체번호	분석기관		TGLA126		TGLA122		INRA23		ETH3		ETH225		BM1824	
192751667	경상대	Allele	17	20	25	25	20	21	22	23	24	25	13	17
		Size	123.48	129.79	149.77	149.77	211.52	213.4	120.93	123.05	149.06	151.1	187.18	195.38
	축산과학원	Allele	17	20	25	25	20	21	22	23	24	25	13	17
		Size	123.33	129.68	149.48	149.48	211.45	213.23	120.81	123.01	148.79	150.82	186.94	195.07
	젠닥스	Allele	17	20	25	25	20	21	22	23	24	25	13	17
		Size	123.47	129.79	149.83	149.83	211.57	213.47	120.95	123.07	149.22	151.23	187.2	195.34
179929737	경상대	Allele	17	17	29	43	20	24	24	24	23	25	13	13
		Size	123.71	123.71	158.65	188.08	211.69	219.34	125.26	125.26	146.66	151.09	187.49	187.49
	축산과학원	Allele	17	17	29	43	20	24	24	24	23	25	13	13
		Size	123.21	123.21	158.27	187.51	211.3	218.99	124.97	124.97	146.97	151.33	186.9	186.9
	젠닥스	Allele	17	17	29	43	20	24	24	24	23	25	13	13
		Size	123.71	123.71	158.79	188.07	211.76	219.43	125.29	125.29	146.98	151.35	187.56	187.56
192675406	경상대	Allele	17	21	29	29	16	20	23	27	23	24	13	17
		Size	123.72	132.26	158.75	158.75	204.25	211.7	123.1	131.63	146.78	148.97	187.58	195.72
	축산과학원	Allele	17	21	29	29	16	20	23	27	23	24	13	17
		Size	123.33	131.93	158.23	158.23	203.94	211.35	122.85	131.44	146.83	148.94	186.83	195.12
	젠닥스	Allele	17	21	29	29	16	20	23	27	23	24	13	17
		Size	123.71	132.19	158.71	158.71	204.4	211.84	123.03	131.5	147.04	149.24	187.52	195.72

산업이용 가능성

<40> 본 발명의 조성물에 의하여, 소의 동일성 검사를 위한 PCR 산물을 크기로 데이터화를 시켰을 경우 발생하는 문제점 즉 분석기기의 종류 및 환경적인 영향으로 나타나는 오차값 문제를 allele 별 반복수가 검증된 allelic ladder로 표준화 시켜 데이터를 보정시키면 분석기기의 종류 및 환경적인 영향으로 나타나는 오차값을 완전히 제거할 수 있어 획일적인 데이터를 얻을 수 있을 뿐 만 아니라, 소의 동일성 검정에도 매우 유용하다.

도면의 간단한 설명

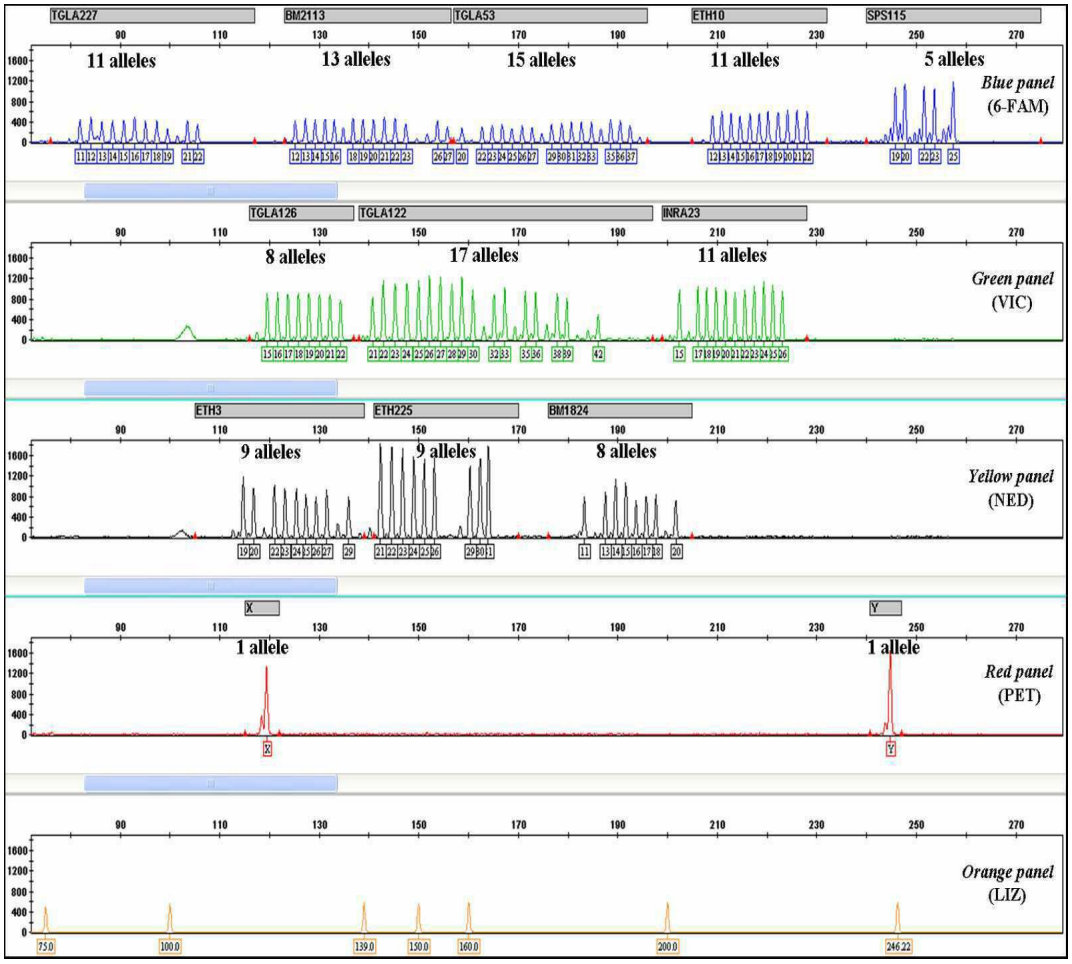
<41> 도 1은 11개의 마이크로새틀라이트 마커와 두쌍의 성감별 프라이머에 대한 allelic ladder 키트를 이용하여 Applied Biosystems사 염기서열분석장치 ABI 3130을 이용하여 전기영동한 결과이다.

<42> 도 2는 allelic ladder를 이용해 보정 값을 설정하여 실제 시료에 적용해 반복염기서열 수로 분석한 결과이다.

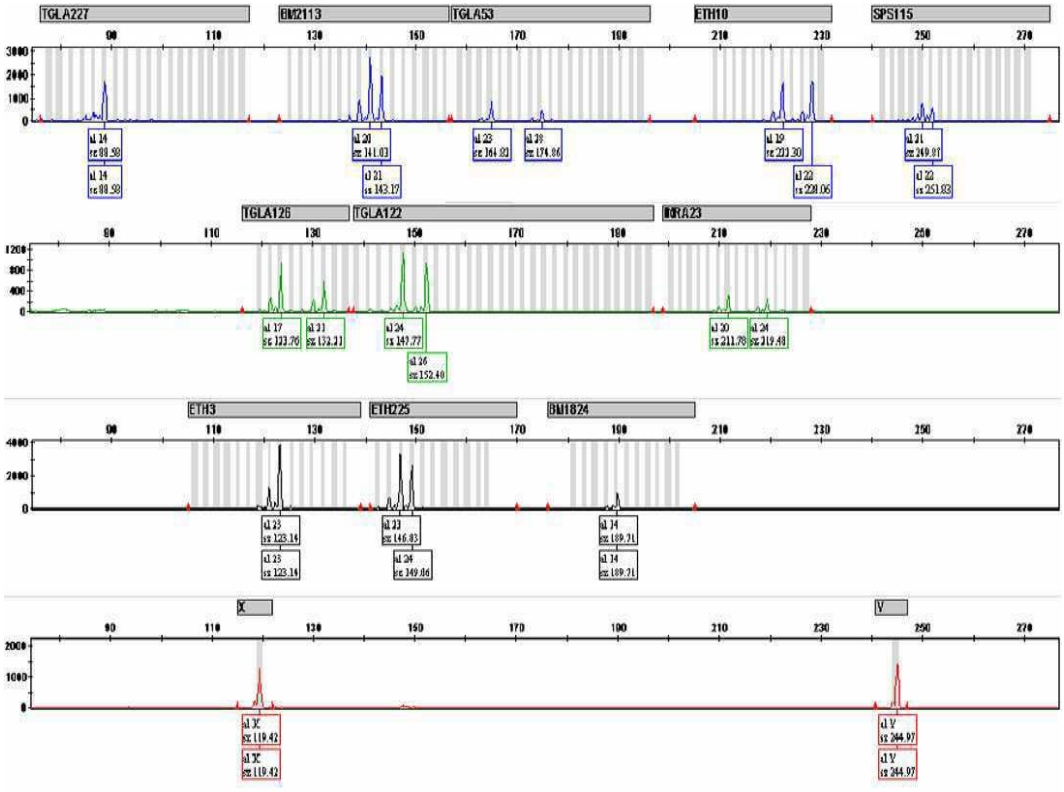
<43> 도 3은 선정된 allele을 cloning 후 염기서열을 분석하여 반복되는 염기서열의 반복수 확인 및 반복염기서열 밖의 염기서열 일치를 확인한 결과이다.

도면

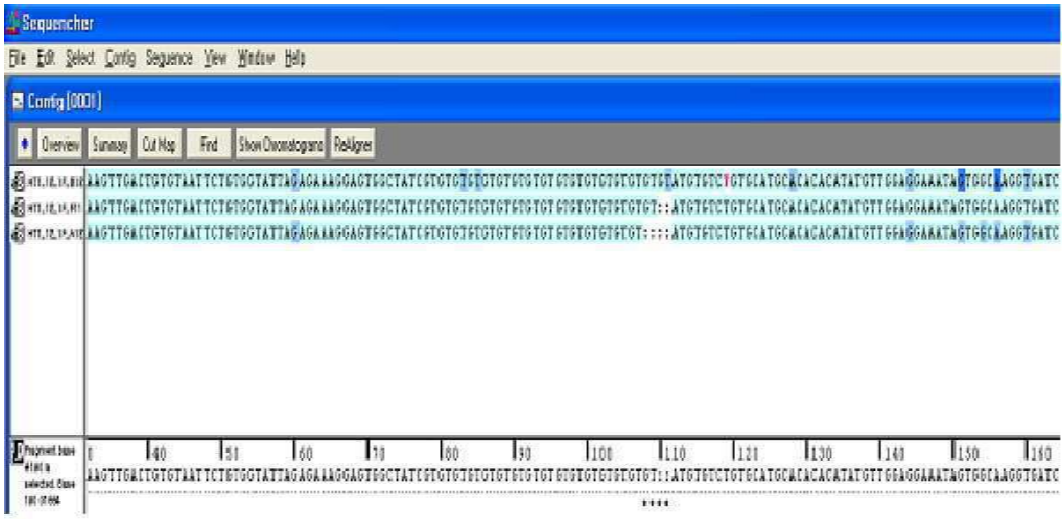
도면1



도면2


TGLA227
BM2113
TGLA53
ETH10
SPS115
TGLA126
TGLA122
BOVA23
ETH3
ETH225
BM1824
X
V

도면3


Sequencher
File Edit Select Config Sequence View Window Help
Config [0001]
Overview
Summary
Cut Map
Find
Show Chromatograms
ReAlign