

3RAD-seq 라이브러리 제작 워크숍

최근 차세대 염기서열 분석(NGS) 기법의 발달로 대규모 유전 데이터를 비용 효율적으로 생산할 수 있는 다양한 분석 기법이 개발되었습니다. 3RAD-seq (Restriction site Associated DNA sequencing)은 적은 비용으로 유전체 전반을 아우르는 수천 개의 SNP 데이터를 효율적으로 확보할 수 있는 기술로, 유전체 정보가 부족한 비모델 생물의 집단유전학과 계통유전학 연구에 폭넓게 적용되고 있습니다. 이에 한국식물분류학회에서는 이번 겨울방학 동안 3RAD-seq의 기본 원리를 이해하고, 3RAD-seq 라이브러리 제작 과정을 체계적으로 익힐 수 있는 Technical Workshop을 개최합니다. 라이브러리 제작 전 과정을 단계별로 시연하며, 각 단계에서의 주요 유의점과 실제로 발생했던 문제 사례도 함께 다룰 예정입니다. 본 워크숍을 통해 참가자들은 3RAD-seq 라이브러리 제작의 전체 흐름을 이해하고, 향후 자신의 연구에 적용할 수 있는 실질적인 노하우를 습득할 수 있을 것입니다.

워크숍 개요 및 참가 안내

주요 대상: 한국식물분류학회 소속 회원 (각 대학 연구실 대학원생)

목표: 3RAD-seq 라이브러리 제작 과정 이해

인원: 최대 10 명

일시: 2026 년 2 월 12-13 일

장소: 전남대학교 광주캠퍼스 사범대학 과학교육관 314 호 식물분류학실험실

실습 참가비: 200,000 원 (도시락 제공 2 일 포함; 숙박 제외)

강의 및 실습 스케줄

2 월 12 일(목)

10:00~11:00 전남대 이정현 (304 호 생물교육과강의실)

- 3RAD-seq 분석과 논문 작성의 조건들

11:00~12:00 전남대 한은경 (304 호 생물교육과강의실)

- 3RAD-seq 소개

13:00~17:00 전남대 한은경 (314 호 식물분류학실험실)

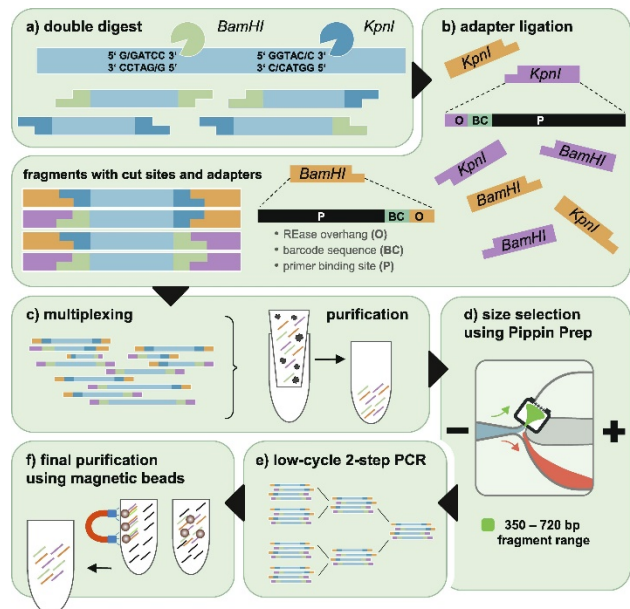
- DNA digestion and adaptor ligation

2 월 13 일(금)

10:00~12:00 전남대 한은경 (314 호 식물분류학실험실)

- PCR amplification and clean up

- Size selection 및 NGS 분석 의뢰



참가를 원하시는 분은 2026 년 1 월 20 일까지 한국식물분류학회 사무국 이메일(koreaplant@gmail.com)로 참가신청서를 제출해 주세요.