

암·당뇨병 등 복잡 질환 조절 유전자

효율적으로 찾아내는 새로운 방법 개발

연세대 생명공학과 이인석 교수팀



암, 당뇨병 같은 복잡 질환을 조절하는 유전자를 효과적으로 찾아낼 수 있는 방법이 국내 연구진 주도로 개발됐다.

연세대 생명공학과 이인석 교수팀은 '기능 유전자 네트워크'라는 생물 정보학 기반 예측 모델을 이용, 복잡 질환의 조절 유전자를 기존 무작위 탐색법보다 저렴하고 효율적으로 발굴할 수 있는 새 방법을 개발하는 데 성공했다고 21일 밝혔다.

유럽분자생물학연구소, 미국 텍사스주립대, 캐나다 토론토대와 공동으로 추진된 이번

연구 성과는 유전체학 전문 학술지 '게놈 리서치' 온라인판 최신호에 게재됐다.

다수의 유전자가 상호작용해 발병하는 질환인 복잡 질환은 현재 알려진 질환

중 95%를 차지하고 있으며 암이 대표적이다. 그간 학계는 암 정복의 첫 단계로 암에 작용하는 300~600개의 관련 유전자 사이의 상호작용 지도를 밝히기 위해 연구를 거듭해 왔는데, 이 교수팀이 이를 위한 효과적 방법을 제시한 것이다. 기능 유전자 네트워크는 유전자의 기능 연구에 매우 유용하게 사용되는 예측 모델이다. 민태원 기자

암·당뇨 등 '조절 유전자 예측법' 개발

이인석 연세대 교수 등 연구팀



암·당뇨와 같은 복잡질환을 조절하는 유전자를 '기능유전자 네트워크 예측모델'을 이용해 효과적으로 발굴할 수 있는 방법이 국내 연구진 주도로 개발됐다.

연세대 이인석(사진) 교수가 주도하고 유럽분자생물학연구소 레너 박사·텍사스주립대 마콧 박사·캐나다

토론토대 프레이저 박사가 참여한 공동연구팀은 복잡질환의 조절 유전자 탐색법을 새롭게 개발했다고

21일 밝혔다.

연구는 교육과학기술부와 한국연구재단이 지원했다. 공동연구팀의 성과는 유전체학 전문학술지인 게놈

리서치 온라인판에 지난 9일 게재됐다.

복잡질환은 다양한 유전자들이 함께 복합적으로 작용하는 질병을 말한다.

일반적으로 유전자 치료 등의 개념을 설명할 때 특정 유전자가 특이하게 발현하면 특정 암 발생률이 높을 것으로 쉽게 예측할 수 있을 것 같지만, 실제로 암이나 당뇨와 같은

복잡질환은 개입하는 유전자가 많고 상호작용을 통해 발병하게 된다.

암의 경우 300~600개의 관련 유전자들이 존재하는 것으로 알려져 있다. 게놈 프로젝트 등에 따라 인간 유전자 지도가 완성됐음에도 유전자 치료의 발전이 지지부진한 것은 이 때문이다.

그동안 과학자들은 무작위 탐색법 등을 통해 질병 조절 유전자들의 상관관계 지도를 구축하려고 했다. 하지만 인간의 유전자가 총 2만개라고 하면, 이 가운데 두 유전자끼리 가능한 상관관계 수가 2억개가 돼 현실적

으로 규명할 수 없다는 회의론이 제기되어왔다.

공동연구팀이 이번에 개발한 기능 유전자 네트워크 예측모델은 기능이 유사한 유전자들끼리의 관련성을 지도로 만든 기능유전자 네트워크를 통해 질병 유발 가능성을 예측하는 방식이다.

성격이 비슷한 사람끼리 가깝게 지내면서 네트워크를 형성하는 것처럼 유전자도 기능적으로 서로 연결된 것들끼리 네트워크를 형성할 것이라는 가설에서 출발했다.

홍희경기자 saloo@seoul.co.kr