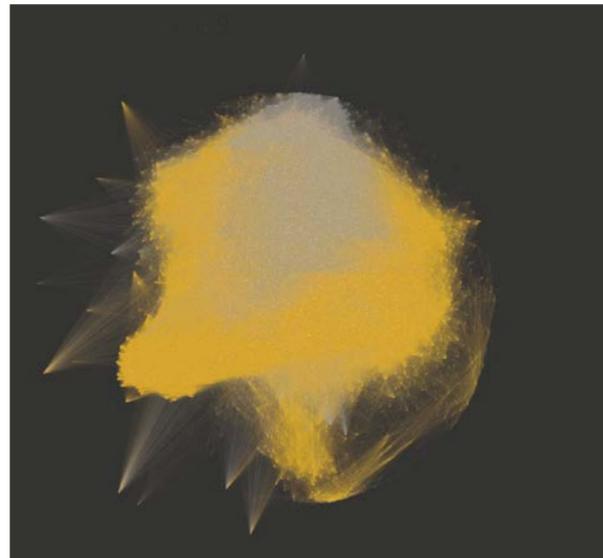


# 이인석 교수팀, 세계 최대 규모 실험용 흰쥐 유전자 네트워크 MouseNet 개발



YONSEI, where we make history



MouseNet

이인석 생명공학과 교수 연구팀이 바이오 빅데이터 분석 기술을 이용해 실험용 흰쥐의 시스템생물학 연구에 유용한 대규모 유전자 네트워크를 개발했다. 실험용 흰쥐는 인간과 유사한 생리현상과 유전체를 지니고 있어 인간 질환 연구의 실험용 동물로 가장 많이 사용되고 있으며 질환의 원인 유전자 기능 연구에도 크게 기여하고 있다. 최근 각광 받고 있는 시스템생물학 연구를 흰쥐 모델동물에 적용하기 위해서는 대규모 흰쥐 유전자 네트워크의 개발이 요구되어 왔다.

이인석 교수와 주저자 김이루 박사과정 학생은 공공 데이터베이스에 공개된 7만여 개의 DNA Chip 빅데이터와 2,000여 생물 종의 계놈 정보, 일만여 개의 단백질 상호작용 빅데이터를 분석 통합해 세계 최고수

준의 실험용 흰쥐 유전자 네트워크(MouseNet, 그림)를 개발했다. 연구팀은 또한 이번에 새로 개발된 MouseNet을 이용해 흰쥐 유전자들에 대한 예측이 90% 이상 가능하며 기 발표된 흰쥐의 유전자 네트워크들보다 질환연구에 월등히 향상된 예측력을 보임을 규명했다.

연구팀은 이러한 예측 기반의 생물학 연구 시스템인 인터넷 기반의 웹서비스로 개발해 우리 대학 내에 위치한 서버(<http://www.inetbio.org/mousenet>)를 통해 전 세계 연구자들에게 도움을 줄 수 있게 됐다. 이번에 개발된 실험용 흰쥐의 시스템생물학 모델로 인해 많은 연구자들이 질환연구를 보다 효과적으로 수행할 수 있게 될 전망이다.

유전자 네트워크는 다양한 종류의 생물학 빅데이터를 통계와 정보처리 기술로 분석 통합해 유전자들 간 기능적인 상호관계를 유추하고 이들을 SNS와 유사한 네트워크로 표현한 시스템생물학 모델이다. 시스템생물학의 발전으로 다양한 생물 종들의 유전학 연구뿐만 아니라 인간의 질병 연구에서도 이런 네트워크를 사용하면 기존의 방법으로 찾지 못한 중요한 기능 발견이 가능하다. 이인석 교수 연구팀은 이전에도 인간의 유전자 네트워크인 HumanNet을 개발해 발표해 바 있다.

한편, 본 연구 결과는 권위 있는 국제 학술지 뉴클레익 액시드 리서치(Nucleic Acids Research) 온라인 판에 최근 게재됐다. YS