

‘유전자 발현 양 측정’ 정확도를 획기적으로 개선

국가생명자원정보센터

이상혁 2010. 11

연구개요 ·· 차세대 염기서열분석(Next Generation Sequencing, NGS) 기술로 생산되는 대용량 서열 데이터로부터 유전자 발현 양을 계산할 때 정확도를 획기적으로 개선한 ‘유일매핑지역의 기대치 정규화(뉴마, NEUMA)’ 라는 새로운 분석기술을 개발함.

개발내용 ·· 뉴마(NEUMA)는 기존의 Cufflinks나 TopHat 방법들이 가지는 한계를 뛰어넘기 위해서 이미 알려진 RNA의 정보를 이용하여 유전자 발현 양을 측정함.

·· 뉴마는 대용량으로 생산되는 NGS 데이터에서 유전자 발현 양 측정의 정확도를 획기적으로 향상시킨 최신 기술로서, 개인유전체 정보 기반의 미래의학 시대를 앞당길 핵심기술임.

활용사례/효과 ·· “최근 개인유전체 및 맞춤의학 분야에서 혁명을 일으키고 있는 NGS 분야에서 우리나라가 유전자 발현 양 측정의 원천기술을 개발하였다는데 큰 의의가 있으며, 수년 내에 다가올 개인유전체 시대에 대비한 국가적 생명정보 분석기반을 구축하는데 큰 힘이 될 것임.

‘핵산리서치(Nucleic Acids Research)’ 인터넷판에 게재 됨.

