

## 다중 OMICS 접근법을 사용한 생물학 연구 방식의 진화

애질런트의 통합 생물학  
(INTEGRATED BIOLOGY) 솔루션

The Measure of Confidence



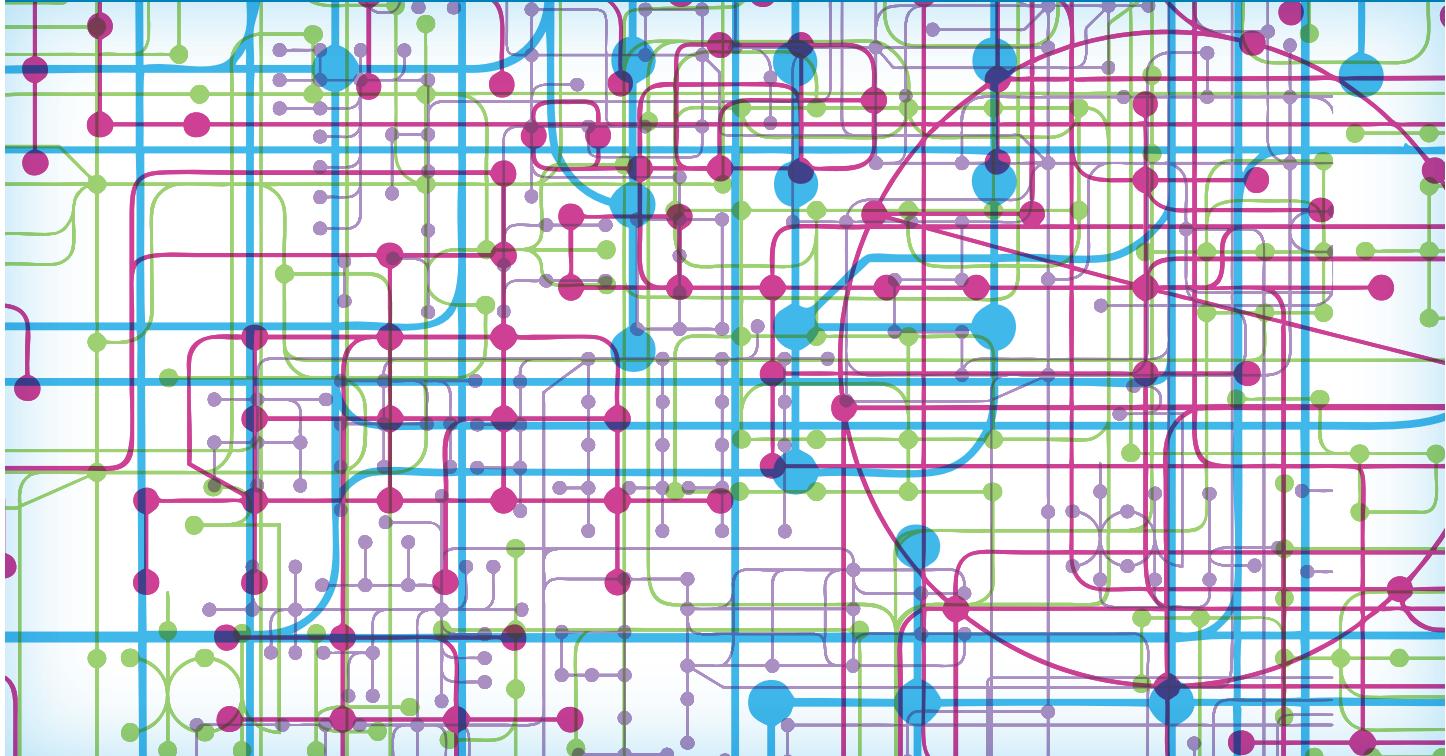
Agilent Technologies



“생물학적 연구는 인체와 같은 복잡한 체계도 판독할 수 있을 정도로 그 영역을 넓히고 있습니다. 이러한 연구는 다양하고 보완적인 *omics* 데이터를 통합하여 사용함과 동시에 기준의 생물학적 원리에 대한 정보를 활용함으로써 가능하게 되었습니다.”<sup>1</sup>

**TREY IDEKER** 박사, 미국 캘리포니아 주 샌디에이고 LA JOLLA에 위치한 UNIVERSITY OF CALIFORNIA의 INSTITUTE FOR GENOMIC MEDICINE, DEPARTMENTS OF MEDICINE AND BIOENGINEERING

## 노이즈 상관 관계 의미 분석



### 새로운 통합 분석을 이용한 생물학적 복잡성 판독

Omics 접근법<sup>1</sup>을 활용하는 연구자에게도 생물학적 복잡성을 밝혀내는 것은 어려운 문제입니다. 업계와 학계 모두에서 Genomics, Transcriptomics, Proteomics 및 Metabolomics를 다양하게 활용해 실험하고 있지만, 이들의 단독 연구 결과만으로는 omics 실험에서 발생하는 높은 수준의 백그라운드 노이즈에서 유의한 상관 관계를 식별하기에는 통계적 검증력이 부족합니다. 예를 들어, “일반적인 전장 유전체 연관성 분석(genome-wide association study)<sup>2</sup>에서 발견되는 수 백만 개의 SNV(single-nucleotide variant) 중에서 어떤 SNV가 질병의 진짜 원인인지 식별하기는 상당히 어려운 문제입니다.”<sup>1</sup>

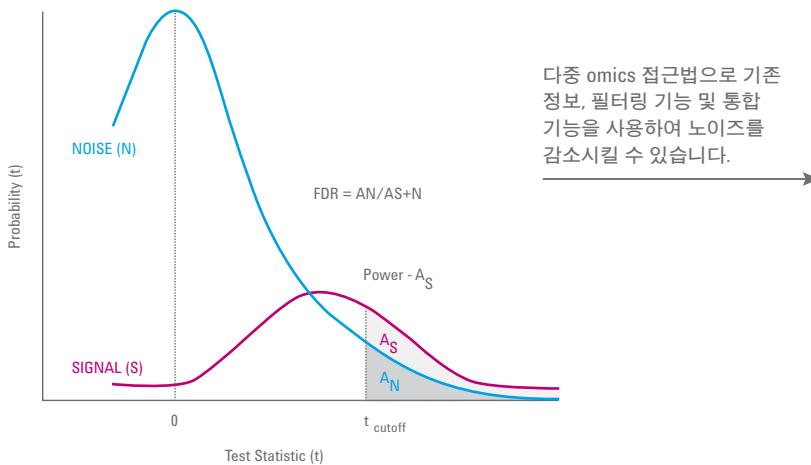
이러한 문제를 해결할 수 있는 방법을 제시하는 최근 문헌에서, Ideker, *et al.*<sup>1</sup>는 omics 연구에서 신호 대 노이즈(S/N) 비를 높이는 수단으로 다음 두 가지 방법을 제안하고 있습니다. (1) 상호 작용과 경로 등의 이미 알려진 생물학적 체계에 대한 기존 정보를 통합하는 방법과 (2) Genome, Transcriptome, Proteome, Metabolome 및 Interactome 데이터의 “보완 층(complementary layer)”을 통합하는 방법입니다. 또한 이 논문에서 저자는 어떤 방법으로 이러한 통합 분석이 기존의 생물학적 지식을 활용하여 획기적인 정보를 만들어 낼 수 있는지를 집중적으로 조명했습니다.

애질런트는 통합 다중 omics 접근법이 생물학 연구자를 위한 강력하고 중요한 도구라는 점에 동의하고 있습니다. 따라서 애질런트는 통합 생물학 솔루션(Integrated Biology Solution), 통합 생물학 지원 프로그램(Integrated Biology Grant Program)을 통해서 이 같은 다중 omics 통합 연구를 지원하고 있으며, 또한 Cytoscape([www.cytoscape.org](http://www.cytoscape.org))와 같은 오픈 소스 프로젝트의 파트너로서 후원을 하고 있습니다.

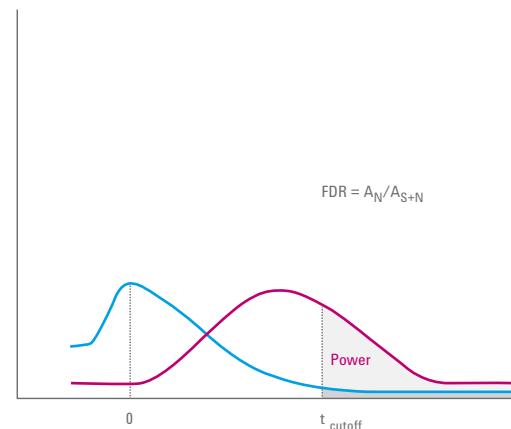
애질런트는 4개의 주요 omics 즉, Genomics, Transcriptomics, Proteomics 및 Metabolomics에서 분석 제품을 출시하고 있으며, 통합 다중 omics 접근법을 통해 생명 과학 업계에 있어서 독보적인 위치를 확보하고 있습니다. 최신 GeneSpring Bioinformatics 소프트웨어 제품군은 애질런트의 omics 플랫폼에서 만들어지는 어떠한 1차 데이터라도 완전하게 통합된 경로(Pathway) 수준의 분석이 가능합니다. 또한 기존의 데이터 세트, 경로 맵(pathway map), 상호 작용 맵(interaction map) 등의 기존 정보들을 활용해 다중 omics 실험에서 강력한 분석 능력을 보장합니다.

이 문서에서는 애질런트의 통합 생물학 솔루션을 소개하며 저명한 연구자들이 애질런트의 기술을 활용하여 암 생물학, 전염병 및 시스템 독성학 문제를 해결하는 방법을 설명합니다. 물론, 통합 다중 omics 접근법은 이러한 분야에만 국한되지 않고, 식물, 인간, 미생물, 유기체 모델 및 비유기체 모델을 포함한 전체 생물학적 시스템 연구에 확장 적용할 수 있습니다. 애질런트의 통합 생물학 비전에 대한 자세한 내용은 이 문서 및 애질런트 웹 사이트<sup>3</sup>를 참조하거나 애질런트 담당자에게 문의하십시오.

단일 omics 접근법



통합 다중 omics 접근법



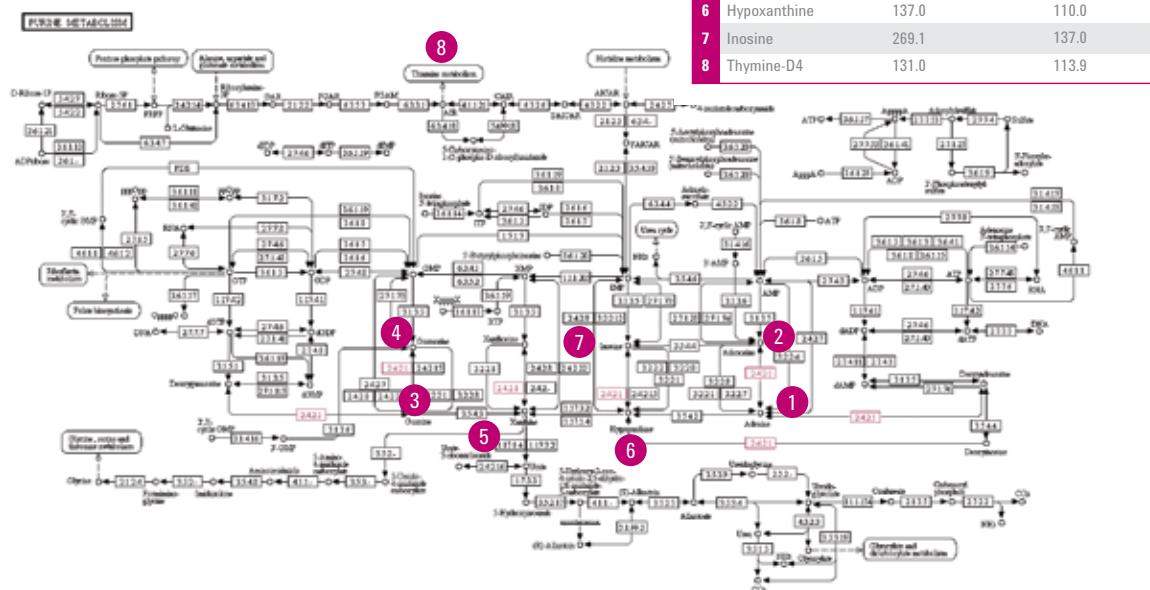
(1) 보완적인 데이터 세트와 (2) 생물학적 시스템에 대한 기존 정보를 통합하여 노이즈를 감소시키는 Bioinformatics 방식을 사용하면 omics 실험에서 통계적 검증력을 향상시킬 수 있습니다(예: 동일한 경로(Pathway)에 속하는 물질의 측정치 집계). 이를 통해 특정 통계적 cutoff에서 FDR(False Discovery Rate)을 효율적으로 감소시키거나 동일한 FDR을 같은 수준으로 유지하면서 cutoff만을 감소시킬 수 있습니다.

# 통합 접근법 적용

## Discovery에서 경로(Pathway) 위주의 검증 단계로 정확하고 신속하게 이행

Omics 실험에서는 많은 생물학적 측정 결과가 산출되므로 어느 경우에 특이적 질병이나 표현형(phenotype)과 상관 관계가 있는지 식별하기는 쉽지 않습니다. 하지만 시스템에 대한 기존 정보를 활용하면 노이즈 속에서 질병과 직접 연관이 있는 시그널을 쉽게 식별하고, 최초 실험 결과의 유효성을 검증하여 다음 실험에 적합한 경로(Pathway)를 선택할 수 있습니다. Baylor College of Medicine에 근무하고 있는 Arun Sreekumar 박사는 췌장암의 바이오마커 연구 작업 (pancreatic duct adenocarcinoma, PDAC)을 진행하고 있으며, 이 연구 작업은 경로(Pathway) 중심 프로세스의 모범 사례를 제시하고 있습니다.<sup>4</sup>

Sreekumar 박사 팀의 작업은 다음 세 가지 단계로 구성되어 있습니다. (1) 가설 - 질병과 상관 관계가 있는 단백질과 관련된 모든 유전자의 검색, (2) 보완적 방법을 통해 단백질 관련 유전자의 분석 및 유효성 검증, (3) 의심스러운 단백질과 관련된 생물학적 경로에 대해 기존 지식을 활용하도록 디자인된 Orthogonal Targeted Metabolomics 접근법을 사용하는 유효성 검증 실험



Sreekumar 박사 팀은 Nucleoside Phosphorylase(NP)가 PDAC와 관련이 있다는 가설을 테스트하여 NP 기질이나 생성물(1~7)인 7개의 대사체와 컨트롤로서 작용하는 하나의 외곽 업스트림 대사체를 식별해 냈습니다(8).<sup>4</sup>

## 단계 1: Discovery를 위한 Proteomic 프로파일링

Sreekumar 박사 팀은 양성 조직(n=7), PDAC(n=16)과 암이 발병되기 전의 조직(carcinoma *in situ*(CIS), n=2)의 췌액 시료의 연구를 통해 차등 발현이 3개 그룹 중 1개의 그룹과 상관 관계를 갖는 단백질 군인 클래스별 단백질 발현 관련 유전자(signature)를 발견하고자 했습니다. 그리하여 마침내 이 팀은 FDR(False Discovery Rate) 보정과 관련된 양측성 t-테스트(two-sided t-test)를 이용하여 MS 데이터를 표준화하고 분석한 뒤, 양성 시료와 비교하여 PDAC( $p \leq 0.05$ ,  $FDR \leq 12\%$ )에서 현저하게 upregulate된 56개(431개 중)의 단백질을 식별할 수 있었습니다.

## 단계 2: 클래스별 단백질 관련 유전자 유효성 검증

Sreekumar 박사 팀은 Proteomics 실험 결과에 특정 질병과의 차이가 생물학적으로 정확하게 반영되었는지 검증하기 위해 조직 마이크로어레이(tissue microarray) 분석과 면역 블롯(immunoblot) 분석을 사용하여 클래스별 하위 세트 단백질 발현에 대한 실험을 진행했습니다.

## 단계 3: 경로 위주의 Targeted Metabolomics를 통한 단백질 바이오마커 검증

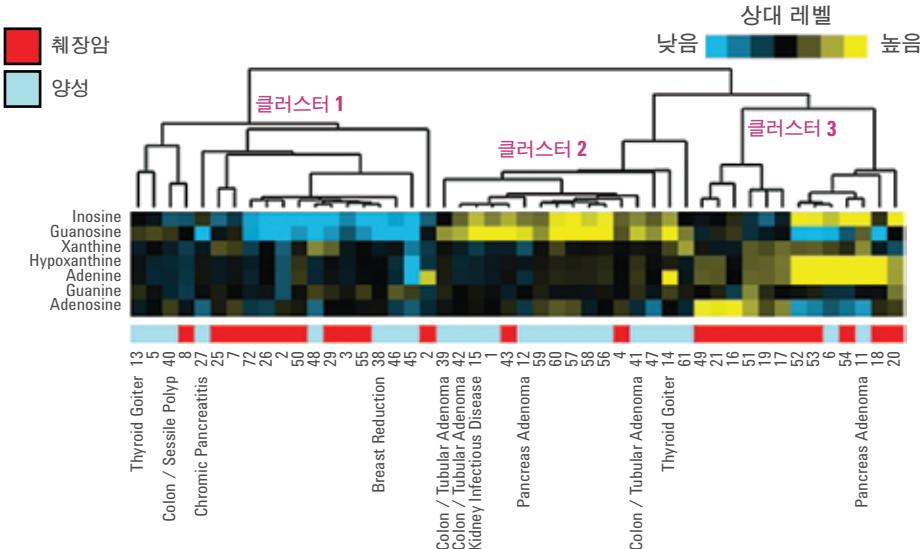
Sreekumar 박사 팀은 단백질 발현 데이터의 유효성을 검증한 후 Purine Nucleoside Phosphorylase(NP)가 포함된 단백질 세트를 선택해서 추가로 유효성 검증을 실시했습니다. 종양은 Purine 재생 경로(salvage pathway)의 구성요소인 NP를 사용해 Nucleotide Pool을 보충합니다. Sreekumar 박사 팀은 purine 대사체 경로(Pathway)를 조사하여 7개의

대사체(NP 기질 또는 생성물)와 1개의 외파 업스트림 대사체를 식별했습니다. 이 팀은 또한 Targeted LC/MS/MS Metabolomics 접근법을 사용하여 해당 대사체의 농도를 측정했고, 높은 통계적 정확도( $p = 0.00025$ , one-sided Fisher's exact test)로 2개의 시료 클래스(즉, 양성과 PDAC)를 구별할 수 있는 바이오마커 패널을 만들었습니다.

Arun Sreekumar 박사 팀은 이번 작업을 통해 omics 연구에 기존 지식을 통합해 유의미한 상관 관계를 발견하는 방법을 제시했습니다. NP를 바이오마커로 선택할 시 고려해야 할 핵심 사항은 특이적 세포 경로의 NP 기능에 대한 기존 지식을 활용하는 것입니다. Sreekumar 박사 팀은 NP가 관련된 경로(Pathway) 분석을 통해 Targeted 경로 위주의 Metabolomics 접근법을 사용하여 유효성 검증 실험을 신속히 체계화할 수 있었습니다.

애질런트 통합 생물학(Integrated Biology) 소프트웨어인 GeneSpring-IB는 경로 분석(Pathway Architect, PA) 모듈을 사용하여 이러한 유형의 접근법을 단순화할 수 있습니다. GeneSpring-IB는 Genomics, Transcriptomics, Proteomics 및 Metabolomics 연구에서 한 번에 2개의 omics의 원시 데이터(raw data)를 처리합니다. 그리고 해당 경로에 차등 발현된 물질을 매핑합니다. 이 정보는 PA에 전달되며, 사용자는 다중 omics 데이터 세트의 통합 분석 시 증가한 생물학적 경로를 직관적으로 신속히 검색, 검증하여 발견할 수 있습니다.

기존에 존재하던 데이터를 통합하고 다중 omics 접근법을 사용하면 발견(discovery)과 정보 수준에서 유효성 검증과 응용 분석의 단계로 향하는 경로(Pathway)를 신속하게 찾을 수 있습니다.



NP 대사체 패널의 계층적 클러스터링(Hierarchical Clustering)을 활용하면 양성 시료와 PDAC 시료를 명확하게 식별할 수 있습니다.<sup>4</sup>

# 상호 보완적인 OMICS 통합 접근법

## Discovery 효율성 향상

단일 omics 접근법으로는 통계적으로 유의미한 대상 물질의 이산 집합(discrete set)을 식별할 수 있을 만큼 충분한 시그널을 제공할 수 없는 경우가 종종 발생합니다. 하지만 다중 omics의 데이터를 통합하면 충분한 조절을 통해 FDR을 현저하게 줄일 수 있습니다. GeneSpring의 PA 모듈을 사용하면 단일 omics 분석 또는 다중 omics 통합 분석 중 선택이 가능하며, 신뢰할 수 있는 결과를 신속하고 정확하게 얻을 수 있습니다.

### 신뢰성 높은 결과를 도출하기 위한 통합 분석 - 사례 연구

Johns Hopkins University의 Akhilesh Pandey 의학박사 팀은 최근 Transcriptomic 데이터와 Proteomic 프로파일링을 결합시켜 유방암의 잠재적 화학 방어 물질 (Chemopreventative)인 Sulforaphane(SFN)에 대한 작용 메커니즘을 밝혀냈고, 잠재적인 약역학적(pharmacodynamic) 바이오마커를 식별해 냈습니다.<sup>5</sup>

Kelch-like ECH-Associated Protein 1(KEAP1)은 SFN의 알려진 target입니다. SFN을 KEAP1에 결합시키면 KEAP1의 억제 기능이 비활성화되어 해독 및 산화방지 효소를 유도해 낼 수 있습니다. Pandey 박사 팀은 SFN 처리된 세포나 KEAP1 녹다운(knockdown) 처리된 세포에서 유전자 발현과 단백질 발현을 모두 조사했습니다. 그리하여 유전자 발현 분석을 통해 SFN으로 조절되는 6,378개의 유전자 목록과 KEAP1 녹다운(knockdown)으로 조절되는 1,710개의 유전자 목록을 밝혀냈으며, 이 중 879개의 유전자 목록이 중복되었습니다.

Proteomics 실험에서 SFN 처리를 통해 조절 상승된 96개의 단백질과 조절 하강된 26개의 단백질을 검출했습니다. 한편, KEAP1 녹다운(knockdown)에서는 조절 상승된 50개의 단백질과 조절 하향된 76개의 단백질이 검출되었습니다. 이 중 차등 조절된 29개의 단백질이 일치되었습니다.

Pandey 박사 팀은 4가지 주요 omics 유형 실험을 결합하여 공통적으로 영향을 받는 경로, 생체이물질 대사, 산화방지제, 글루타티온 대사(glutathione metabolism), 당질 대사 및 NADH/NADPH 재생성, 단일 단백질군, aldo-keto reductase 군 구성원인 AKR1B10, AKR1C1, AKR1C2 및 AKR1C3 그리고 NQO1과 ALDH3A1를 식별해 냈습니다. NQO1과 ALDH3A1의 경우, SFN 처리된 세포와 KEAP1 녹다운 세포 모두에서 조절 상승된 유전자와 단백질을 모두 지니고 있었습니다.

Pandey 박사 팀은 2개의 서로 다른 omics 기술을 사용하여 2개의 서로 다른 조건을 실험함으로써 FDR를 감소시키고, 잠재적인 바이오마이커 세트를 1000개에서 몇 개의 중요한 target으로 좁힐 수 있었습니다.

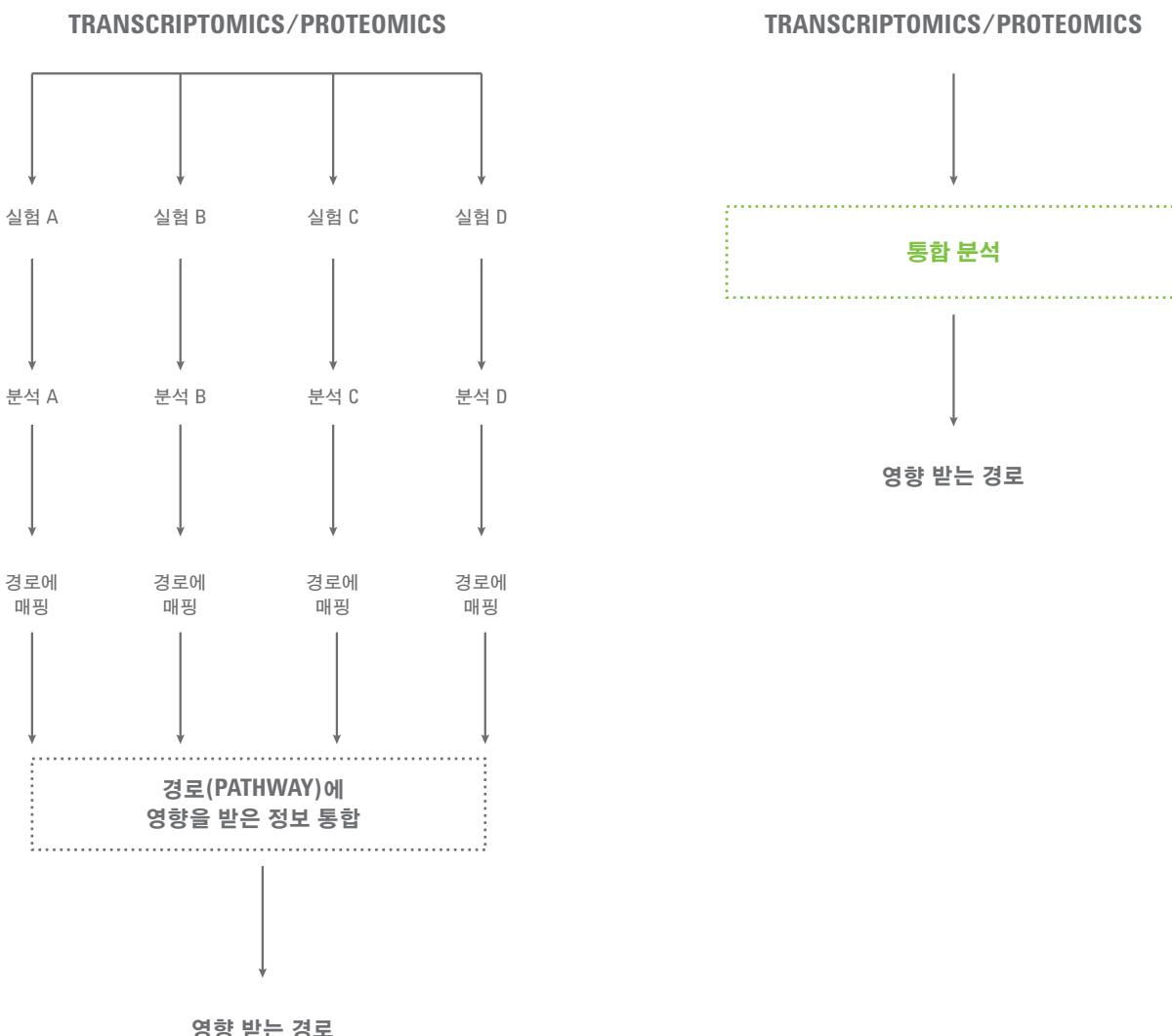
Pandey 박사 팀은 모든 데이터를 수동으로 분석 및 통합했지만 GeneSpring-IB를 사용하면 통합 분석을 신속하고 간편하게 실시할 수 있고, 적은 노력으로도 통계적으로 유의미한 결과를 얻을 수 있었습니다.

	TRANSCRIPTOMICS	PROTEOMICS
SFN 처리	6,378	122
KEAP1 녹다운(knockdown)	1,710	126
중복	879	29

Pandey 박사 팀은 서로 다른 2개의 omics 기술과 서로 다른 2개의 조건에서 얻은 데이터를 통합하여 FDR을 감소시키고 가능성이 가장 높은 바이오마커 후보를 식별해 냈습니다.<sup>5</sup>

## 수동 분석법

## AGILENT GENESPRING-IB를 사용한 통합 분석



GeneSpring-IB를 사용하면 omics 데이터를 간편하게 통합 분석할 수 있습니다.



## 암 바이오마커 DISCOVERY 이외의 성과

### 다중 omics 접근법을 활용하는 전염병과 독성학 연구자

통합 다중 omics 접근법은 연구자가 복잡한 생물학적 체계를 이해할 수 있도록 도와주며 세포 과정에서 발생하는 백그라운드 노이즈에서 의미 있는 시그널을 식별하는데 도움을 주는 강력한 방법입니다. 여러 omics를 통합하는 도구의 사용이 간편해짐에 따라 각 분야의 연구자들이 연구 과제에 대한 해답을 찾기 위해 통합 연구에 점차 주목하고 있습니다.

#### 시스템 독성학

애질런트는 현재 독성학 관련 경로(Pathway)의 연구에 Transcriptomics와 Metabolomics를 사용한 접근법을 접목한 Hamner Institutes for Health Sciences의 Russell Thomas 박사의 연구를 지원하고 있습니다.<sup>6</sup> 최근 유럽

각국과 미국 정부가 일반 독성 스크리닝 대상 화합물의 수를 대폭 증가시키는 계획을 발표했습니다.<sup>7</sup> 이 같은 정책으로 현재 독성 테스트 방법의 처리량은 제한되었고, 실험에 사용하는 동물의 수 또한 제한되었습니다. 그리하여 Russell Thomas 박사와 Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health의 의학 박사인 Thomas Hartung 등의 독성학자는 *in vitro* 세포 기반 테스트에 사용할 수 있는 독성 바이오마커를 식별하기 위해 통합 테스트 및 다중 omics 접근법을 개발하고 있습니다. 이러한 테스트는 독성 효과를 내는 화합물의 스크리닝을 높은 처리량으로 수행하는 동시에, 현재의 동물 기반 접근법보다 인체에 대한 정확한 독성 평가를 제공할 수 있습니다.

“...연구자는 [omics] 기술을 활용하면 특이적 독성 효과에 대해 새로운 생물학적 마커를 ‘찾아’낼 수 있을 뿐만 아니라 일부 독성 효과의 특정 패턴(또는 특징)에 대해 많은 추정이 가능합니다. 그리고 Bioinformatics와 *in silico modelling*과 같은 강력한 기술을 바탕으로 얻어진 정보들은 다른 생명 과학 분야의 정보와 통합할 수 있습니다.”<sup>7</sup>

THOMAS HARTUNG 의학박사, BLOOMBERG SCHOOL OF PUBLIC HEALTH, JOHNS HOPKINS UNIVERSITY, BALTIMORE, MARYLAND, USA

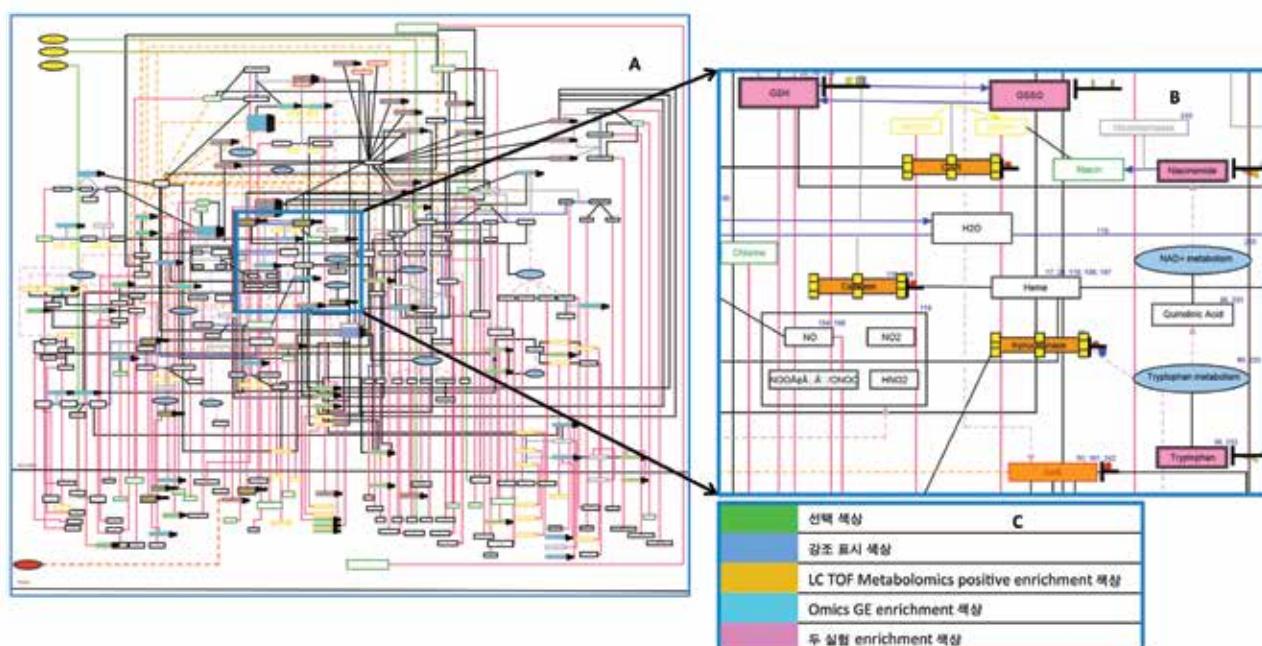
## 전염병 연구

애질런트는 저명한 폐결핵 연구자인 Weill Cornell Medical College의 Kyu Rhee 의학박사를 지원하고 있습니다. Kyu Rhee 박사는 자신의 Metabolomics 접근법에 Transcriptomics 분석을 추가했습니다.<sup>8</sup> Rhee 박사 팀은 결핵균(*M. tuberculosis*)이 다른 박테리아와는 달리 다양한 탄소원에서 대사를 일으키는 새로운 방식을 규명하기 위해 Targeted와 Discovery Metabolomics 접근법 모두를 사용하고 있습니다. *M. tuberculosis*는 동시에 여러 탄소원에서 대사를 일으킬 수 있어서 단일 대사 경로만을 대상으로 하는 의약품은 아직까지 완벽하게 효과적이지 않다는 것을 의미합니다. Rhee 박사와 그 동료들은 Transcriptomics 접근법과 Metabolomics 접근법을 결합하여 이러한 신종 전염병의 생물학적 정보를 구축하고 새롭고 효율적인 치료법을 개발하여 널리 알릴 수 있기를 희망하고 있습니다.

## 다중 omics 연구 실현

애질런트의 전문 응용 분석 연구자는 모든 주요 omics 제품군과 GeneSpring-IB 소프트웨어를 사용하여 다중 omics 데이터를 통합 및 분석하여, 연구자가 다중 omics 프로젝트로 확장하여 연구할 수 있도록 도움을 드리고 있습니다.

다중 omics 접근법의 모든 역량을 확인하시려면 애질런트 응용 자료 “애질런트 다중 omics 접근법을 사용한 면역 억제 물질인 Rapamycin이 처리된 세포의 포괄적 연구 (A Comprehensive Analysis of Rapamycin-treated Cells Using Agilent's Multi-omics Approach)”를 참조하십시오.<sup>9</sup> 이 기술 검증(Proof Of Concept, POC) 연구를 통해 Rapamycin으로 자극된 세포와 면역 억제 처리되지 않은 HEK293 세포에 대한 Genomics, Transcriptomics, Proteomics 및 Metabolomics의 연구를 통합하는 GeneSpring-IB의 역량이 입증되었습니다.<sup>9</sup>



Agilent GeneSpring 12.0 - MPP를 사용한 Genomics 및 Metabolomics 데이터의 결합 분석. (A) Selenium 경로. (B) 경로에서 다르게 표현되는 대사체 및 유전자 일부를 중점적으로 설명하는 확장된 세부사항. (C) 경로 보기와 히트스트립의 색상 설정을 보여 주는 범례<sup>9</sup>

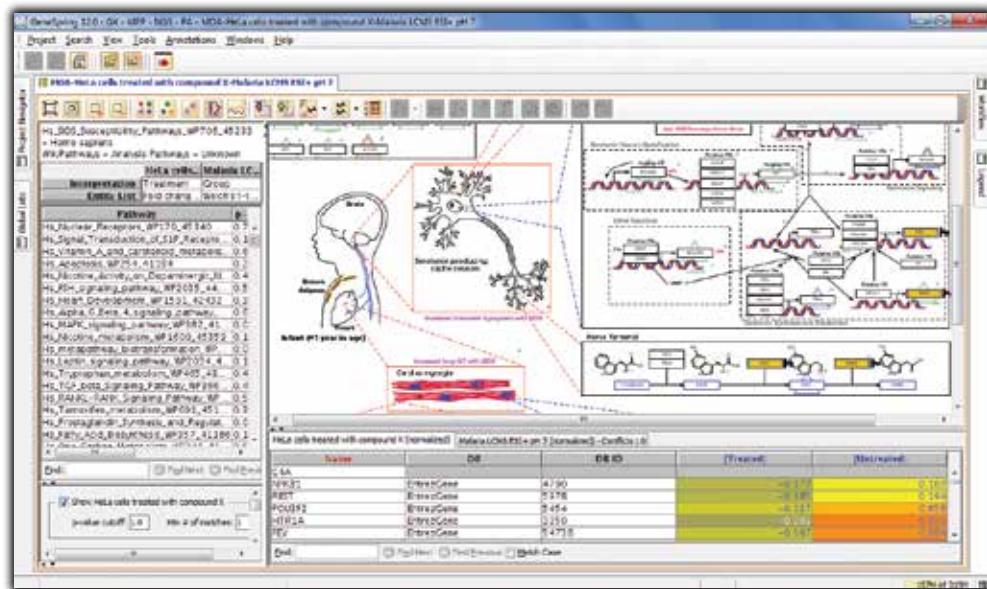
# 깊이 있는 정보로의 접근

## GeneSpring의 경로 분석(Pathway Architect, PA) 모듈을 이용한 생물학 통합 연구

애질런트 통합 생물학(Integrated Biology)의 핵심은 GeneSpring Bioinformatics 소프트웨어 제품군입니다. GeneSpring은 Genomics, Transcriptomics, Proteomics 및 Metabolomics를 분석하기 위해 완벽하게 통합된 모듈로, 직관적이면서 사용하기 편리한 통계적 분석과 단일 omics 연구의 생물학적 구조화(biological contextualization)가 가능합니다. 다양한 시각화 기능과 안정적인 데이터 관리 아키텍처가 결합된 GeneSpring은 중요한 분석 도구 역할을 수행합니다. 그리고 R과 Jython 스크립팅으로 쉽게 맞춤형으로 사용할 수 있습니다. GeneSpring은 전 세계 과학자들에 의해 1만 3천 번 넘게 인용되었으며, 과학자들은 GeneSpring를 사용하여 데이터를 심도 있게 분석하고 있습니다.

PA 모듈을 GeneSpring에 추가하면 다중 omics를 통합하여

사용할 수 있습니다. 그리고 모든 Genomics, Transcriptomics, Proteomics 및 Metabolomics 데이터를 통합 분석하여 Arun Sreekumar 박사(6 페이지)와 Akhilesh Pandey 박사(8 페이지)의 연구에서처럼 통계학적 검증력을 향상시키고, 가설 없이 진행되는 연구에서 가설 중심 연구로 전환할 수 있습니다. PA 모듈은 모든 omics 수준 모듈의 생물학적 분석에 기초하며, WikiPathways 자원의 완벽한 통합을 통해 더 큰 생물학적 커뮤니티의 전문지식을 활용합니다. 단일 또는 다중 omics 실험의 1차 데이터 분석은 세포 상태, 질병 진행 또는 독성 같은 연구 진행에 관련된 경로를 식별하는 데 사용할 수 있습니다. 그리고 PA 모듈이 완벽히 통합되므로 이러한 연구는 discovery 단계에서 실험의 유효성 검증 및 디자인 단계로 이동할 수 있습니다.



GeneSpring은 omics 데이터 분석에 널리 활용되는 강력한 도구입니다.

PA 모듈의 유연성에 기초하여 연구자들은 관련 생물학적 경로를 식별하는 데 다음과 같은 다양한 방법을 사용할 수 있습니다.

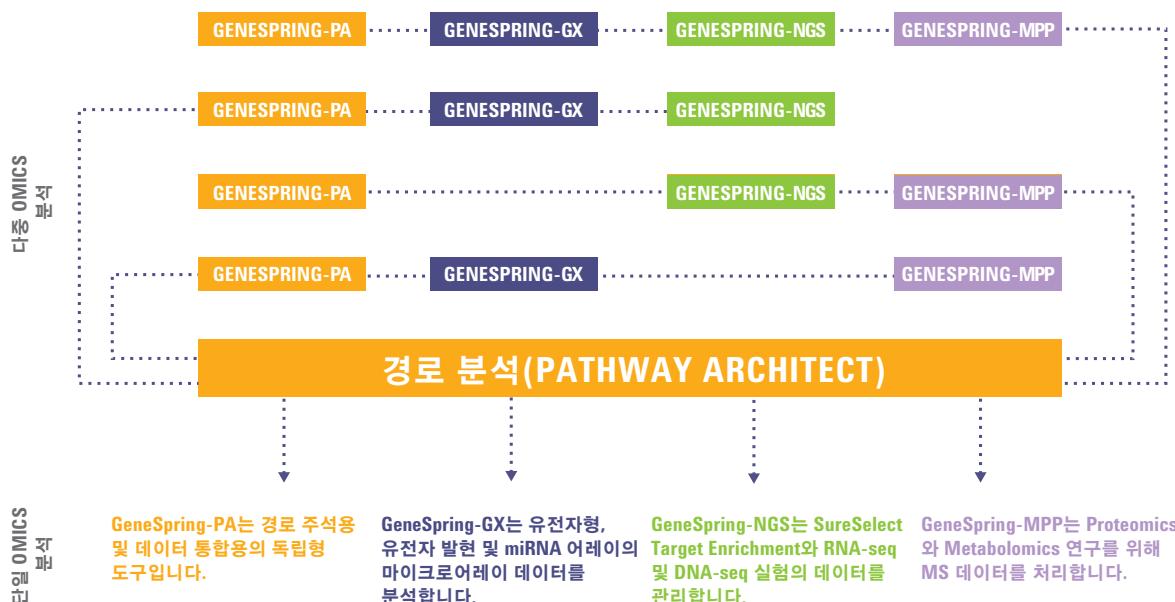
- 생물학 연구 커뮤니티에서 지속적으로 큐레이트되는 자원인 바로 이용 가능한 WikiPathways를 사용합니다.
- 새로운 네트워크를 식별하기 위해 PubMed, MEDLINE 및 고유한 리소스에서 내장된 기본 자연어 처리 기반(NLP) 알고리즘과 의학 주제 머리글(MeSH) 용어를 사용합니다.
- 거의 모든 소스에서 맞춤형 경로 정보를 업로드합니다.
- 신경망 분석을 통해 1차 데이터로부터 경로를 구축합니다.
- 측정 플랫폼, 주석 소스 및 다른 유기체 간 경로 식별 요소를 자동으로 변환합니다.
- GeneSpring과 IPA(Ingenuity Pathway Analysis) 간 데이터를 전송합니다.
- GeneSpring에서 Thomson Reuters의 GeneGo MetaCore 분석 제품군으로 데이터를 내보냅니다.

애질런트는 데이터 수집부터 데이터 분석 및 시각화에 이르는 모든 단계에서 다중 omics 통합 생물학(Integrated Biology) 프로젝트를 지원하고 있습니다. 애질런트의 강력한

GeneSpring-IB 소프트웨어 플랫폼은 NGS, GX, MPP 및 PA 모듈로 구성할 수 있으며, 통계 및 경로 분석을 수행합니다. 그리고 GeneSpring-IB 소프트웨어는 omics 소프트웨어 중에서도 매우 독특한 도구로 모든 원시 omics 데이터(raw omics data)를 분석하여 신호 대 노이즈(S/N) 비를 높입니다. 애질런트의 통합 생물학(Integrated Biology)용 솔루션을 사용하면 문제점을 해결하고 새로운 정보를 신속하고 정확하게 얻을 수 있습니다.



애질런트는 단일과 다중 omics 실험을 통합 및 지원하여 연구자가 가설 없이 진행되는 발견(discovery) 프로세스와 경로/가설 위주의 유효성 검증 프로세스를 간편하게 수행할 수 있도록 합니다.



Bioinformatics 소프트웨어인 GeneSpring 제품군은 모듈성과 확장성이 높습니다. 통합 분석을 위해 복수의 단일 omics 모듈을 결합합니다.

# OMICs 용어집

**Genomics** - DNA 서열과 유전체 아키텍처 수준에서 DNA 서열 정보를 얻고 유전 변이를 평가합니다.

애질런트는 CGH와 CNV 마이크로어레이 플랫폼, PCR, qPCR 시스템 및 차세대 유전자 시퀀싱을 위한 SureSelect Target Enrichment 시약을 포함한 다양한 시스템, 시약 및 소모품을 제공합니다.

**Transcriptomics** - 유전자 발현 수준을 측정하고 mRNA와 miRNA의 차등 발현을 밝혀냅니다.

애질런트는 마이크로어레이와 마이크로어레이 플랫폼을 포함한 다양한 시스템, 시약 및 소모품을 제공합니다.

**Proteomics** - MS를 사용하여 단백질 발현 및 변형을 정성적/정량적으로 분석합니다.

애질런트는 Discovery 및 Targeted Proteomics에 적합한 LC/MS 기기를 제공합니다.

**Metabolomics** - 시료의 대사체 I.D.와 농도 변화를 추적합니다.

애질런트는 Discovery 및 Targeted Metabolomics에 적합한 LC/MS 및 GC/MS 기기를 제공합니다.



# 애질런트의 통합 생물학(INTEGRATED BIOLOGY)을 위한 노력

## 미래를 위한 경로 구축

현재 omics 기술은 완성 단계에 있으며, 연구자들은 통합 접근법을 통해 omics 데이터로부터 많은 정보를 얻고 있습니다. 애질런트는 연구자들이 독자적인 방법으로 디중 omics를 통합하기 위한 연구를 지원하고 있으며, 통합 생물학을 발전시키기 위해 최선을 다해 노력하고 있습니다.

애질런트는 복잡한 네트워크 시각화 및 분석을 위한 개방형 소스인 Cytoscape를 지지하는 핵심 후원사이며 자금 제공과 협력을 통해 관련 연구 커뮤니티 전체가 소중한 연구 도구를 무료로 자유롭게 사용할 수 있도록 지원하고 있습니다.

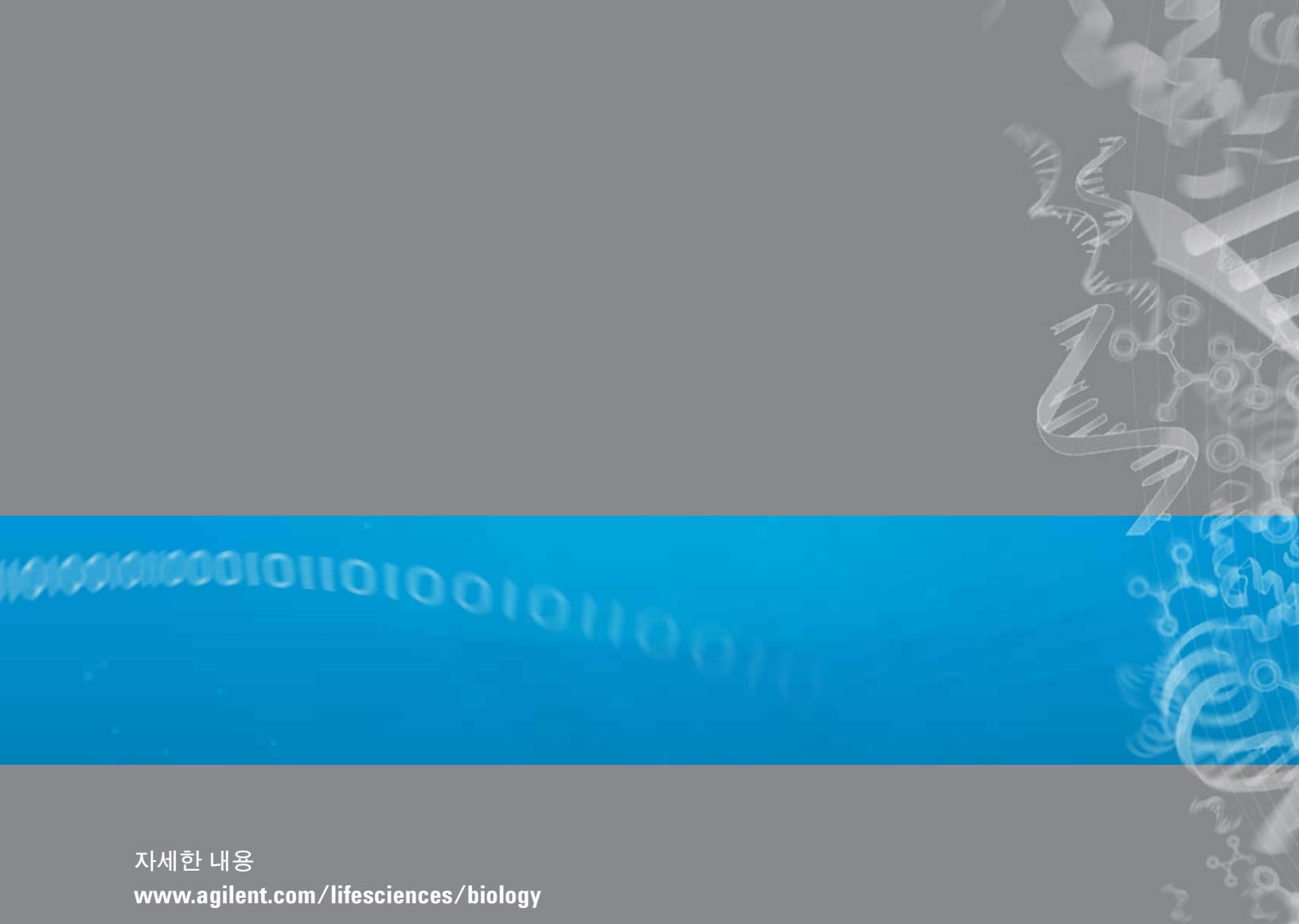
또한 통합 접근법을 지원하는 개방형 소스 소프트웨어 도구를 개발하기 위해 첫 번째 기금을 마련했습니다. 이 기금은 Harvard University의 Peter J. Park 박사와 University of Washington의 Michael J. MacCoss 박사의

연구에 사용되고 있습니다. Park 박사 및 MacCoss 박사의 연구 분야에 대한 자세한 소개와 새로운 기금 프로그램의 업데이트에 대한 자세한 내용은 애질런트 eMerging Insights Grants 페이지를 참조하십시오.<sup>10</sup>

생물학에 대한 통합 접근법은 기본/응용 생물학 연구의 중요한 연구 과제를 해결할 수 있도록 방향을 제시하는 강력한 방법입니다. 이 방식으로 데이터의 통계적 검증력 향상, 뛰어난 신호 대 노이즈(S/N) 비 제공, 기존 연구자의 성과를 바탕으로 한 단계 업그레이드된 연구를 수행할 수 있게 되었습니다. 애질런트의 통합 생물학(Integrated Biology)에 대한 자세한 내용은 [agilent.com<sup>4</sup>](http://www.agilent.com)을 참조하시거나 애질런트 담당자에게 문의하여 주십시오.

## 참조문헌

1. Ideker, T., Dutkowski, J. & Hood, L. Boosting signal-to-noise in complex biology: prior knowledge is power. *Cell* **144**: 860-863 (2011).
2. Hudson, T.J. *et al.* International network of cancer genome projects. *Nature* **464**: 993-998 (2010).
3. Integrated Biology at Agilent <<http://www.agilent.com/lifesciences/biology>>
4. Vareed, S.K. *et al.* Metabolites of purine nucleoside phosphorylase (NP) in serum have the potential to delineate pancreatic adenocarcinoma. *PLoS ONE* **6**: e17177 (2011).
5. Agyeman, A.S. *et al.* Transcriptomic and proteomic profiling of KEAP1 disrupted and sulforaphane-treated human breast epithelial cells reveals common expression profiles. *Breast Cancer Res. Treat.* (2011). **132** (1): 175-187 (2012).
6. Thomas, R.S. *et al.* Application of transcriptional benchmark dose values in quantitative cancer and non-cancer risk assessment. *Toxicol. Sci.* **120**: 194-205 (2011).
7. Hartung, T. Toxicology for the twenty-first century. *Nature* **460**: 208-212 (2009).
8. de Carvalho, L.P.S. *et al.* Metabolomics of *Mycobacterium tuberculosis* reveals compartmentalized co-catabolism of carbon substrates. *Chem. Biol.* **17**: 1122-1131 (2010).
9. Rajagopalan, *et al.* "A Comprehensive Analysis of Rapamycin -treated Cells Using Agilent's Multi-omics Approach" 5990-9873EN.
10. eMerging Insights Grant Program <<http://www.agilent.com/lifesciences/emerginginsights>>



## 자세한 내용

[www.agilent.com/lifesciences/biology](http://www.agilent.com/lifesciences/biology)

## 온라인 구매

[www.agilent.com/chem/store](http://www.agilent.com/chem/store)

## 국가별 애질런트 고객 센터 찾기

[www.agilent.com/chem/contact](http://www.agilent.com/chem/contact)

## 미국 및 캐나다

**1-800-227-9770**

[agilent\\_inquiries@agilent.com](mailto:agilent_inquiries@agilent.com)

## 유럽

[info\\_agilent@agilent.com](mailto:info_agilent@agilent.com)

## 아시아 태평양

[inquiry\\_lsca@agilent.com](mailto:inquiry_lsca@agilent.com)

이 정보는 사전 공지 없이 변경될 수 있습니다.

© Agilent Technologies, Inc. 2012

2013년 6월 한국에서 발행

5991-0222KO

서울 강남구 역삼로 542 신사제2빌딩 2층 우)135-848

경기도 수원시 영통구 권광로 511 나노소자특화팹센터(KANC) 9층 우)443-270

한국애질런트테크놀로지스(주) 생명과학/화학분석 사업부

고객지원센터 080-004-5090

[www.agilent.co.kr](http://www.agilent.co.kr)



**Agilent Technologies**