

애질런트 사례연구: 연구 지원

빅데이터 생물학

애질런트는 연구자들이 신속하게 광범위한
세부 정보를 수집하도록 지원합니다



John A. McLean 박사

테네시주 내슈빌
밴더빌트 대학교
화학부

John McLean 박사는 생물학의 패러다임 전환에 주력하고 있습니다. 그는 이를 빅데이터 생물학이라 부릅니다. 밴더빌트 대학의 McLean 박사 연구진은 Agilent 6560 Ion Mobility Q-TOF LC/MS 시스템을 사용한 비표적화 실험에서 분당 5만개의 분자에 대한 세부 정보를 수집하고 있습니다.

단백질, 지질, 당류, 펩타이드에 대한 세부 정보를 비롯한 모든 정보가 포함되어 있습니다.

McLean 박사는 연구실에서 사용하는 분석법을 omics 통합분석이라 설명하며 연구 목표 달성을 위한 유일한 방법으로 간주하고 있습니다.

연구진은 생물체내의 다양한 구성 부분의 상호 작용 방식을 표현하는 숨겨진 패턴을 찾고자 합니다. 예를 들면, 테네시(밴더빌트 대학이 소재한 주)의 동굴에서 발견된 박테리아에 대한 연구를 통해 유망한 신약후보의 상호 작용 패턴을 밝힐 수 있습니다.

McLean 박사는 “우리는 Genomics, Proteomics 연구 등 개별 omics 연구의 패러다임을 바꾸고 있으며, 질량분석기와 Ion Mobility를 활용하여 진정한 비표적화, 무편향 연구를 진행하고 있습니다.”라고 말했습니다.

Agilent 6560 Ion Mobility 시스템의 기술을 통해 과학자들은 신속하게 광범위한 세부 정보를 수집할 수 있습니다.

“이제 우리는 표적을 염두에 두거나 또는 두지 않고서도 생물학적 문제를 탐구할 수 있으며, 분석을 통해 주의를 기울여야 할 부분을 확인할 수 있게 되었습니다.”라고 McLean 박사는 밝혔습니다.

빅데이터에서 원하는 정보를 선별하는 것은 큰 어려움 중 하나였습니다. 하지만 McLean 박사 연구진은 빅데이터 이용에 남다른 아이디어가 있습니다.

아마존(Amazon), 넷플릭스(Netflix)와 같은 회사에서는 수백만 사용자의 누적 수치를 토대로 고객이 관심을 가지는 도서와 영화를 추천할 수 있습니다. 연구진은 이와 동일한 기법을 사용합니다. 그들은 컴퓨터의 그룹연산을 이용해 수치를 확인하고 의미 있는 상관 관계를 찾아냅니다.

McLean은 이 과정을 어릴적 누구나 한번쯤 해봤을 법한 슬라이딩 타일 퍼즐 게임에 비유합니다.

“그 원리는 동일합니다. Agilent 6560은 1분에 50,000개 분자의 세부 정보를 제공합니다. 우선 퍼즐을 구축하고 이를 조합 이미지로 전환한 후에야 식별 작업을 시도할 수 있습니다. 이 50,000개 분자 정보의 상당한 부분은 단지,



Agilent Technologies

McLean 박사는 질병 진단, 신약 발견 심지어 증상이 발현되기 전에 발병을 암시할 수 있는 바이오마커에 대한 연구를 비롯하여 밴더빌트 대학에서 많은 연구 프로젝트를 이끌고 있습니다.

분자의 생물학적 배경을 설명하는 간접 정보입니다. 우리가 알고자 하는 것은 약물이나 기타 자극에 의해 직접적인 영향을 받는 분자들 사이의 상관 관계가 무엇이나 하는 것입니다. 그런 다음 식별하는 작업을 진행합니다.”라고 그는 설명했습니다.

이런 상관 관계가 하나하나의 퍼즐 속 타일을 구성하며 게임이 시작됩니다.

McLean 박사는 “모든 빅데이터는 이러한 방식으로 작업합니다.”라며 “패턴은 무엇일까요? 데이터에서 키워드를 제거하면 말 그대로 거대한 숫자에 불과합니다. 이러한 숫자들은 관찰과 해석을 통해야 비로소 그 가치를 발휘합니다. 여러분이 인터넷 업무에 종사하든 생물학 문제를 연구하든, 그 원리는 동일합니다.”라고 덧붙였습니다.

그중 가장 의미있는 프로젝트는 바로 연구진이 “Bacteria Fight Club”이라 부르는 프로젝트입니다.

이 프로젝트의 시작은 간단했습니다. McLean의 공동 연구자 중 한 명이 동굴 탐험가이자 효소 학자였던 것입니다.

McLean 박사는 “테네시와 켄터키 주에는 1만 개의 동굴이 있는데, 그는 여태까지 발견되지 않은 박테리아를 수집하고 있었습니다.”라고 말하며 “유전자 분석을 통해 우리는 약물 유사 분자를 코딩하는 특별 유전자 클러스터(기존에 발견되지 않았던 자연 공격 및 방어용 생물학적 제제)가 있다는 것을 확인할 수 있었습니다. 그러나 박테리아가 이를 합성하는 메커니즘을 확인하기란 쉽지 않았습니다. 하여 우리는 “Bacteria Fight Club”이라는 이 게임을 시작하게 되었습니다. 우리는 새로 발견한 박테리아와 이미 수 많은 연구를 거친 박테리아(예, E.coli)를 각각 배양한 후 이 두 가지를 함께 배양했습니다. 이제 두 가지 박테리아 균주는 제한된 자원을 두고 경쟁해야 합니다. 이 때 상술한 유전자의 조절 스위치가 열립니다. 실제로 이러한 스위치는 쉽게 열리지 않는 데 말이죠. 우리는 이런 방식으로 많은 신약 분자를 분리할 수 있었습니다.”라고 설명했습니다.

모든 슬라이딩 타일은 동일한 인포매틱스에서 비롯되며 결국 완전한 그림이 맞춰집니다.

“이제는 연산 작업을 시작할 수 있습니다. 이미 세포 배양에 관한 지식을 장악하고 있다면 단일 배양에서 제공된 타일 그림을 배제시킬 수 있습니다. 이제 자원을 두고 경쟁할 때 유기체가 생성한 새로운 분자만 남게 됩니다.”라고 McLean 박사는 언급했습니다.

“보통 약물은 각종 분자의 혼합물이므로 단지 지질이나 당류 또는 펩타이드 연구에 그치지 말아야 합니다. 여러분이 언고자 하는 것은 위에서 언급한 여러 종류의 분자가 혼합하여 형성된 우수한 약물 분자입니다. 따라서 omics 통합분석은 극히 중요합니다. 이는 연구 목표 달성을 위한 유일한 방법입니다.”

www.agilent.com/chem/academia에서 과학자와 연구자의 복잡다양한 연구요건을 충족하기 위해 애질런트가 어떤 노력을 하고 있는지 확인할 수 있습니다.

연구 용도로만 사용하십시오.
진단 용도로는 사용하지 않습니다.
이 간행물에 포함된 정보, 설명 및 제품시양은 사전 공지 없이 변경될 수 있습니다.

© Agilent Technologies, Inc. 2015
2015년 6월 12일 한국에서 인쇄
5991-6002KO

서울 강남구 역삼로 542 신사제2빌딩 2층 우)135-848
한국애질런트테크놀로지스(주) 생명과학/화학분석 사업부
고객지원센터 080-004-5090 www.agilent.co.kr



Agilent Technologies