

						III-B-3
제목	국문	Microarray 를 이용한 유의한 유전자 검색				
	영문	Detection of the Different Gene Expression Data using Microarray				
저자 및 소속	국문	이승목, 박태성, 강성현 서울대학교 통계학과				
	영문	Seungmook Lee, Taesung Park, Sunghyun Kang Seoul National University, Department of Statistics				
분야	역학 [기타]	발표자	이승목 [일반회원]	발표형식	구연	
진행상황	연구중 → 완료예정시기 : 2001년 10월 22일					
<p>목적</p> <p>최근 활발하게 진행되고 있는 유전체(genome) 연구를 통하여 생물학분야에서 많은 양의 자료들이 쏟아져 나오고 있다. 하지만, 아직까지 이런 많은 수의 자료들에 대한 분석과 연구는 초기단계에 머물러 있는 실정이다. 이에 따라, 많은 유전자들에 대한 발현정도를 살펴보는 microarray 기술의 중요성이 부각되고 있다. 아러한 microarray 를 통해서 다른 유전자들과 발현정도가 다르게 나타나는 유의한 유전자(gene)를 통계적인 기법을 이용하여 찾아냄으로써 질병과 관련된 연구를 진행할 수 있다.</p> <p>2. 방법</p> <p>기존의 소량의 유전자를 연구하는 유전자 연구방법을 이용하여한 연구자가 동시에 많은 수의 유전자를 연구하는 방법에는 한계가 있다. 따라서 새로운 연구방법이 필요하게 되었고, 이러한 수많은 유전자들의 발현정도를 동시에 살펴볼 수 있는 새로운 기술의 하나로서 DNA microarray 가 각광을 받고 있다. DNA Microarray 에는 cDNA microarray 와 Oligonucleotide microarray 의 두 종류가 있다. 본 논문에서는 cDNA microarray 에 의해 얻어진 자료를 이용하였으며, Oligonucleotide microarray 에 대해서도 분석방법이 동일하다.</p> <p>논문에서 사용된 자료는 위암에 관한 자료로서 한 사람에게서 추출된 정상 세포조직(normal tissue)과 종양 세포조직(tumor tissue)을 대조 세포조직(control tissue)과 비교하여 약 10,336 개의 유전자에 대해 발현정도가 다르게 나타나는 유전자들을 검색한다. 유의한 유전자를 검색하는 방법으로, 본 논문에서는 하나의 슬라이더에 대해 기존에 소개되어 있는 방법들을 이용하여 유의한 유전자를 찾아보고, 이 방법들과 많이 알려진 통계분석 방법인 회귀분석을 이용하여 유전자를 찾는 방법을 비교해 본다.</p> <p>3. 결과</p> <p>각 방법에 따라 유의한 유전자가 차이가 있는지를 알아보려고 한다. Chen et al.(1997)은 하나의 슬라이더에서 구한 발현정도에 대해서 각 값들의 비율(ratio)을 계산하여 그 값의 신뢰구간을 계산한다. Newton et al.(2001)은 각 스팟(spot)에 대한 비율(ratio)을 이용하여 microarray 자료에 대한 유전자 발현의 변화에 대하여 Bayesian 방법을 이용하여 유전자의 발현 변화에 대한 사후 오즈(posterior odds)를 계산하여 유의한 유전자를 검색한다. 또한, 기존의 통계방법인 회귀분석을 이용하여 이상점(outlier)을 검색하여 그 유전자를 유의한 유전자로 판단한다.</p> <p>분석은 현재 진행하고 있는 중이다.</p> <p>4. 고찰</p> <p>본 논문에서는 위암자료의 정상 세포조직과 종양 세포조직들에 대해 Chen et al.(1997)에 의해 제안된 신뢰구간을 이용하는 방법과 Newton et al.(2001)에 의해 제안된 사후 오즈(posterior odds)를 이용하는 방법들을 비교해 보고, 이 방법들과 기존의 통계방법인 회귀분석을 이용하여 이상점(outlier)을 찾아 비교해 본다.</p>						