

# 약물 및 독성 마커 예측을 위한 NGS 기반 단백질 상호작용 분석 파이프라인

시스템독성연구센터 박대의

## ■ 권리사항

소프트웨어 프로그램 (신지식재산권)

## ■ 적용가능분야 및 목표시장

NGS 분석

## ■ 기술 개요

- RNAseq 실험을 통해 선별된 DEG들간의 단백질 상호작용 네트워크를 생성하고 hub와 같은 약물 및 독성을 유발하는 핵심적인 유전자를 선별하여 RNAseq을 통한 생물학적 의미를 추가적으로 분석하기 위한 파이프라인임

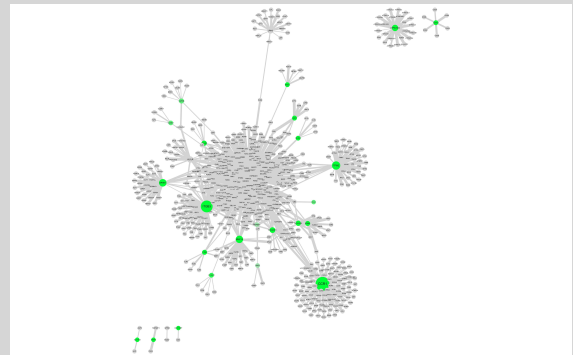
## ■ 기술의 특징점

- 모델 생물별로 단백질 상호작용 네트워크 구축 가능
- NGS로부터 선정된 후보들로부터 약물 및 독성 관련 단백질의 우선순위를 예측 가능
- NGS 데이터를 network 기반으로 통합하기 위한 기본 플랫폼 확보

## ■ 기술 세부내용

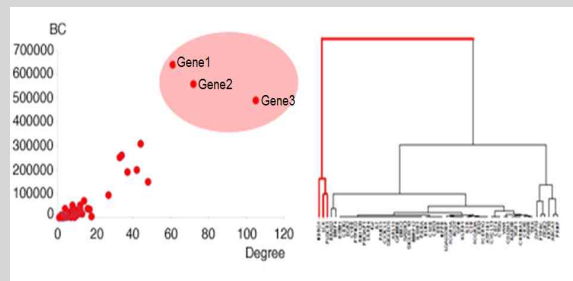
### 1. 단백질 네트워크 예측

- 1.1 Protein experimental interaction prediction 방법  
데이터베이스 : String, biogrid, HPRD
- 1.2 Homology interaction prediction  
데이터베이스 : string, biogrid, HPRD sequence database
- 1.3 Domain interaction prediction 데이터베이스 : pfam
- 1.4 사용되는 프로그램 : perl scripts, perl graph 모듈, mysql  
- input : cuffdiff의 gene\_exp.diff 파일 또는 gene symbol 및 ensembl ID과 expression value  
/ output : cytoscape network file



### 2. 단백질 네트워크 허브 예측

- 2.1 degree
- 2.2 betweenness centrality
- 2.3 clustering analysis
- 2.4 사용 프로그램 : perl scripts, perl graph 모듈, R scripts  
- input : cytoscape network file  
- output : 각 단백질의 degree 및 BC score와 hierarchical clustering 결과



## ■ 기술완성도(TRL) *S/W 6 단계( 시제품 성능 평가 단계 )*