

05

변이 유전체 시퀀스 예측방법, 장치 및 변이 유전체 시퀀스 예측 프로그램을 저장하는 저장 매체

발명자 : 안인성
등록(출원)번호 : 10-1400947
등록(출원)일 : 2014년 5월



TRL 9	상용품 출시
TRL 8	상용품 완성
TRL 7	Full-Scale 시제품 개발
TRL 6	구현환경 적용실험
TRL 5	유사환경에서의 Working Model 검증
TRL 4	Lab-Scal 시제품 개발단계
TRL 3	기술컨셉 증명
TRL 2	기술컨셉 설정
TRL 1	기술원리 발표

적용가능분야 및 목표시장

유전체학, 바이오인포메틱스, 바이오시물레이션 시장, 질병진단 시장

기술 개요

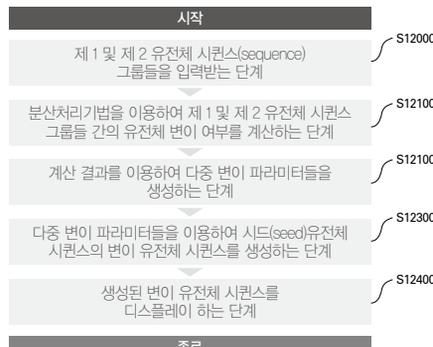
본 기술은 서로 다른 유전체의 염기서열(Sequence)을 각각 codon 단위로 나누고, 유전체 그룹들 간 변이를 계산한 후 얻은 매개변수(parameter)와 시물레이션 및 디스플레이 모듈을 활용하여, 변이 유전체 Sequence를 예측하는 기술

기술의 특징점

- 각 아미노산을 지정하는 인접한 동의 codon들의 상관관계를 계산하여 생물 종별 특이성에 따른 유전체 분석이 가능
- codon들의 상관관계를 상대치로 변환하여 유전체 sequence 길이 차에서 오는 오차를 상쇄시켜 타 생물 종 간 유전체 비교를 보다 상세하게 분석 가능
- 유전체 부위별로 변이 정도가 다르게 나타나는 생물학적인 특성에 대한 정보를 시물레이션에 반영하여 보다 완성도 높은 생물학적 미래 변이 예측 가능

기술이전 문의처

성과확산실 조재희/042-869-1832
jhcho87@kisti.re.kr



변이 유전체 시퀀스 예측 방법 흐름도



변이 유전체 시퀀스 예측 장치 구성도

