



유전자의 상호작용 짚어내기



모든 세포에 들어 있는 생물학적 지시서인 DNA는, 단백질을 암호화한 유전자 대략 2만 개에다, 다른 기능을 하는 유전자를 그 정도 가지고 있는 등 어마어마한 정보를 담고 있습니다. 개인의 DNA를 분석하는 비용이 곤두박질 치면서, 특정 질병에 대한 수용성이나 위험성 같은 형질 관련 유전 변이가 있는지 인간 유전체(genome) 전체를 검사하는 것도 가능해졌습니다. 유전자 하나가 이런 형질에 직접 영향을 미칠 때도 있습니다. 하지만 많은 경우 상위성(epistasis), 즉 유전자 변이 하나의 효과는 다른 유전자들의 변이가 있느냐에 의지한다는 현상이 있습니다. 이러한 상호작용의 연구에는 수십만 명의

DNA를 포괄하는 엄청난 데이터 집합이 관련돼 있습니다. 수학적으로는 거대한 행렬을 써서 하는 시간 잡아먹는 계산과, 통계학에 대한 실용적 지식이 상당히 필요합니다.

통계학자들과 컴퓨터 과학자들은 전체 유전체에 걸친 변이들 사이의 상호 작용을 더 효율적으로 분석하기 위해 다양한 방법을 개발하고 있습니다. 예를 들어 상위성을 찾기 위해 가능한 유전자 변이 쌍을 모두 테스트하는 대신, 연구자들은 변이 하나를 뽑은 후 다른 각각의 유전자들과 조합했을 때의 효과를 조사합니다. 이러면 계산 시간을 단축할 수 있을 뿐만 아니라, 연구자들이 무작위적인 우연에 의한 것인지 진짜 유전자의 효과에 의한 것인지 구별해내는 능력도 개선됩니다. 올바른 통계 도구를 이용하는 것만큼이나 인간의 다양성을 완전히 반영하는 데이터 집합을 모으는 것도 중요합니다. 조상 집단이 다양한 사람들의 유전체로부터 뽑아낸 최근의 연구에서, 유럽인 조상을 가진다고 했던 사람들만을 연구해서는 발견하지 못했던 상위성의 사례들이 드러났습니다.

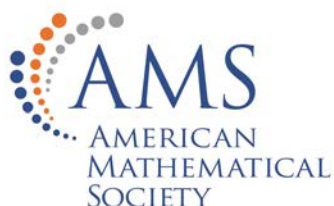
더 알아보기: “Detecting epistasis with the marginal epistasis test in genetic mapping studies of quantitative traits,” L. Crawford, P. Zeng, S. Mukherjee, X. Zhou, *PLOS Genetics* 13(7), e1006869.

Translation courtesy of the Korean Mathematical Society

Watch an interview with an expert!



MM/159/KR



Mathematical Moments 프로그램은 과학, 자연, 기술, 그리고 인간의 문화에서 수학이 하는 역할에 대한 올바른 평가와 이해를 촉진합니다.

www.ams.org/mathmoments