

# Ago-FISH 및 FRET-FISH 기술

## (단일 분자 검출 기반 핵산 프로파일링 기술)

홍성철 교수

서울대학교 자연과학대학 물리천문학부

### 기술 내용

- 기존 핵산 프로파일링 기술들보다 특이도, 민감도, 정확도 및 검출 속도 면에서 크게 개선된 단일 핵산 분자 프로파일링 기술임
- 기존 핵산분석기술(PCR, 마이크로어레이, 염기서열분석 등)은 진단시간이 길고, 단일 염기서열 변화 구별 능력이 낮으며, 부정확한 정량화 데이터만을 제공함. 최근 상용화된 nCounter, SMOLT, SiMREPS 등의 단일 분자 핵산 프로파일링 기술은 높은 신뢰도의 정량화 데이터를 제공하지만, 단일 염기서열 변화 구별 능력 및 핵산 검출 속도 면에서 약점을 가지고 있음
- Ago-FISH 및 FRET-FISH 기술을 활용하면, 단일 염기서열 변화를 정확하게 검출할 수 있고, 핵산 검출 속도를 향상할 수 있음

### 기술 개발 단계

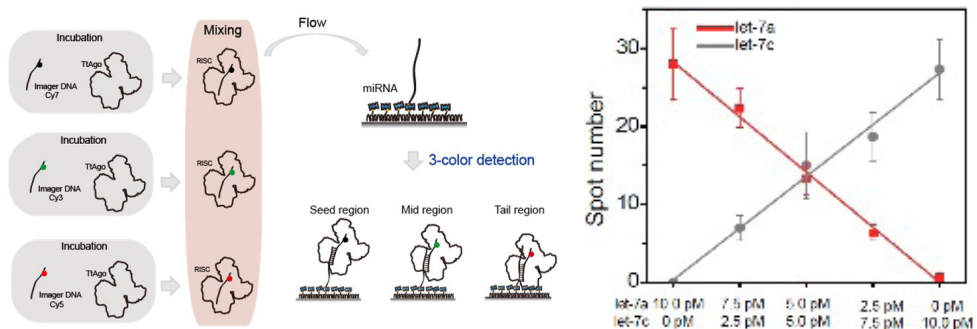
- TRL3

### 기술 개발 배경

- DNA와 RNA는 암 또는 감염성 질환 등 다양한 질병의 진단과 예후를 알아낼 수 있는 지표임. 핵산 진단은 병원체의 존재를 넘어 약물 내성과 같은 유전적 마커를 검출할 수 있음. 핵산을 진단할 때 특이도와 정확도 그리고 속도가 중요하게 고려되지만 상용 NA 프로파일링 기술은 민감도와 특이도, 그리고 정확도와 검출 속도면에서 한계가 있음

### 기술 특징점

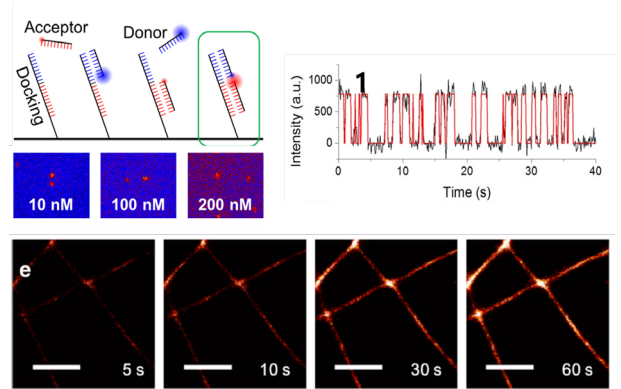
- Ago-FISH
  - 단일 염기서열 변화를 정확하게 검출
  - DNA 프로브와 miRNA의 결합 속도가 느리지만, 프로브와 아르고너트(Argonaute) 단백질을 결합하여 프로브 결합 속도를 약 20배 가속화시킴
  - RNA 증폭이 불필요하며, 정량화에 강하고 오검출률이 낮은 장점이 있음



Ago-FISH 정량화 관련 데이터

• FRET-FISH

- 단일 염기서열 변화를 정확하게 검출
- 기존에는 RNA 검출을 위해 프로브 농도가 진행되면 노이즈가 심해지는 한계가 있음. FRET-PAINT를 이용하여 프로브 농도를 높더라도 노이즈가 낮아 10초 이내로 검출 가능함



FRET를 이용한 노이즈 감소

기존 기술 현황

- 마이크로 어레이: 대중화된 기술, 낮은 민감도, 나쁜 특이도, 부정확한 데이터, 긴 검출 시간
- 염기서열 분석법: 대중화된 기술, 낮은 민감도, 나쁜 특이도, 신뢰도 낮은 정량화, 긴 검출 시간
- PCR: 대중화된 기술, 나쁜 특이도, 신뢰도 낮은 정량화, 긴 검출 시간
- nCounter: 최근 상용화, 나쁜 특이도, 신뢰도 높은 정량화, 긴 검출 시간
- SMOLT: 최근 상용화, 나쁜 특이도, 신뢰도 높은 정량화
- SiMREPS: 높은 특이도, 신뢰도 높은 정량화, 나쁜 LOD

기존 기술 대비 차별성

- 정정확한 단일 염기서열 변화 검출
- 높은 정량화 신뢰도
- 신속한 핵산 검출

accuracy



specificity

기술 활용 분야

- 표적항암제 동반 진단과 RNA 분석 그리고 miRNA 프로파일링 등에 활용될 전망임

기존 기술 대비 비교를 나타내는 그림

지식재산권 현황

No.	명칭	국가	상태	출원번호(출원일)	등록번호(등록일)	권리자
1	RISC를 이용한 폴리뉴클레오타이드의 검출방법	대한민국	등록	10-2019-0037948(2019.12.24.)	10-2197368(2020.04.01.)	서울대학교 산학협력단
		PCT	출원	PCT/KR2019/009631 (2019.08.01.)	-	
		미국	출원	17/421,835(2021.07.09.)	-	
2	FRET-PAINT를 이용한 폴리뉴클레오타이드 검출방법	대한민국	등록	10-2019-0037949(2019.04.01)	10-2169649(2020.10.19)	서울대학교 산학협력단
		미국	출원	16/807,527(2020.03.03.)	-	

기술 문의처

- 서울대학교 산학협력단 이한용 변리사 | 02-880-2026 | boribob@snu.ac.kr