

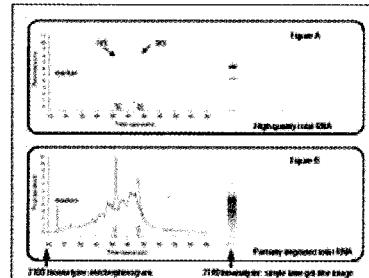


## DNA chip flow

### ◆ 샘플 준비 및 RNA 추출

실험하고자 하는 조직 또는 세포를 적당한 컨트롤과 함께 준비한다. 특히 곧바로 RNA 추출이 불가능한 경우 RNA가 파괴되지 않도록 보존액 등을 사용하여 액체질소를 이용 급속 냉동 보관한다. RNA 추출시 genomic DNA의 오염과 RNA의 파괴가 일어나지 않도록 주의한다. 추출된 RNA는 전기영동과 spectrophotometer를 이용하여 상태를 확인 후 사용한다.

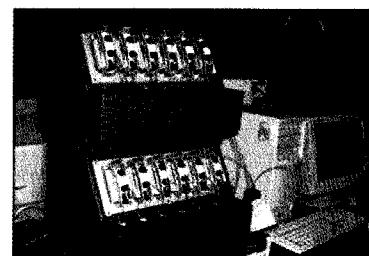
▶ 2100Bioanalyzer를 이용한 RNA Quality 측정 2100Bioanalyzer를 이용한 RNA Quality 측정



### ◆ RNA labeling 및 Hybridization

컨트롤과 시료 RNA를 각각 역전사효소를 이용하여 Cy3, Cy5 dye로 직접 표지한다. 만약 준비된 RNA의 양이 100ug 이하 일 경우에는 RNA 증폭 뒤 labeling을 수행한다. Spectrophotometer를 이용하여 label 정도를 파악한 뒤 hybridization을 실시한다.

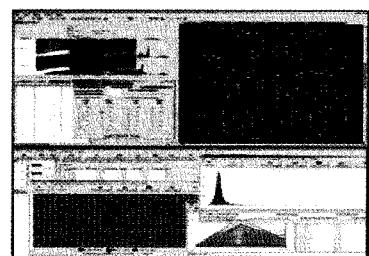
▶ Auto-hybridization System



### ◆ Scanning 및 Data analysis

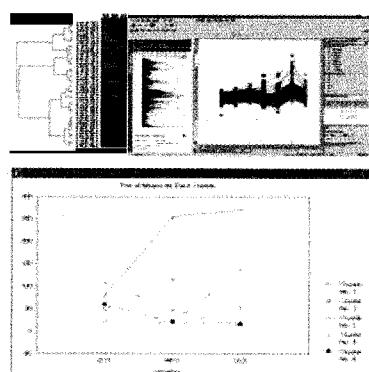
혼성화 반응이 끝난 DNA 칩을 Scanning 하여 DNA 칩 위의 각각의 유전자 발현 정도를 수치화 한다. 스캐닝하여 얻은 raw data를 normalization 과정을 통하여 RNA labeling, 또는 혼성화 과정에서 발생할 수 있는 오차를 수정한다.

▶ Data Analysis



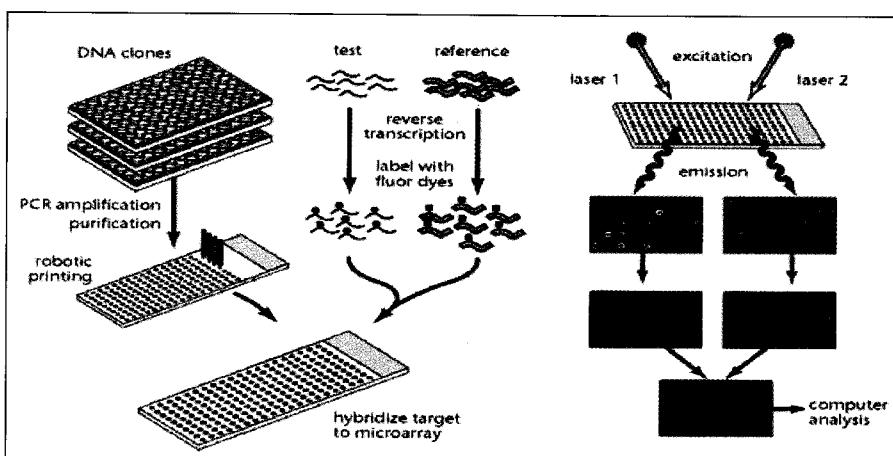
### ◆ Further advanced data mining

각종 통계학 및 전산학적 툴을 이용하여 데이터를 분석, 가공하여 DNA 칩을 통하여 수치화된 유전자 발현 정보로부터 알고자하는 생물학적 의미를 파악해 낸다. 대표적으로 hierarchical, k-means, SOM 등을 이용한 clustering 방법을 사용하며, 그 외에도 LDA, QDA, SVM을 이용한 classification, PCA, MDA, SVD 등을 이용한 abstraction, 그리고 SQL을 이용한 selection 방법이 있다.



▲ Hierarchical & K-means clustering

◀ cDNA microarray의 실험방법



(자료제공:마크로젠)