



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2024-0106285
(43) 공개일자 2024년07월08일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
G16B 50/10 (2019.01) C12Q 1/686 (2018.01)
G16B 25/20 (2019.01)
(52) CPC특허분류
G16B 50/10 (2019.02)
C12Q 1/686 (2018.05)
(21) 출원번호 10-2022-0189018
(22) 출원일자 2022년12월29일
심사청구일자 2022년12월29일

(71) 출원인
조선대학교산학협력단
광주광역시 동구 조선대길 126(서석동, 산학협력단)
(72) 발명자
김관구
광주광역시 북구 설죽로 600(일곡동, 삼호아파트)
김형주
광주광역시 동구 학소로 109, 108-104(소태동, 무등산골드클래스)
(74) 대리인
함상혁

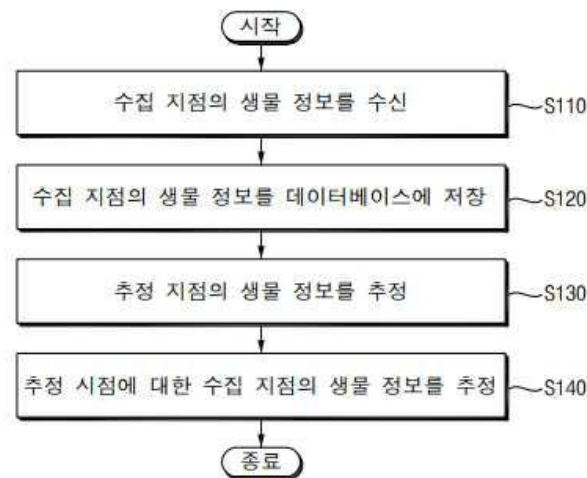
전체 청구항 수 : 총 13 항

(54) 발명의 명칭 생물 정보 분석 방법 및 시스템

(57) 요약

생물 정보 분석 방법은 수집 지점의 생물 정보를 수신하는 단계, 수집 지점의 생물 정보를 데이터베이스에 저장하는 단계, 및 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정하는 단계를 포함하고, 수집 지점의 생물 정보는 수집 지점의 물 시료를 여과하여 수집된 환경 DNA를 PCR(중합효소 연쇄반응)을 이용해 증폭하여 생성된다.

대표도 - 도1



(52) CPC특허분류

G16B 25/20 (2019.02)

(72) 발명자

유경호

광주광역시 서구 풍암2로 66, 201동 1802호(풍암동, 금호타운)

염진영

광주광역시 남구 입하길 25-9, 107동 803호(입암동)

류제하

전라남도 나주시 남평읍 강변1길 21-31, 108동 1001호(나주 남평강변도시 양우내안에 리버시티1차)

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	1711014026
과제번호	H0114-14-1006
부처명	과학기술정보통신부
과제관리(전문)기관명	정보통신산업진흥원
연구사업명	SW중심대학 지원사업
연구과제명	SW중심대학 지원사업
기 여 율	1/1
과제수행기관명	조선대학교 산학협력단
연구기간	2022.01.01 ~ 2023.02.28

명세서

청구범위

청구항 1

수집 지점의 생물 정보를 수신하는 단계;

상기 수집 지점의 생물 정보를 데이터베이스에 저장하는 단계; 및

상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정하는 단계를 포함하고,

상기 수집 지점의 생물 정보는 상기 수집 지점의 물 시료를 여과하여 수집된 환경 DNA를 PCR(중합효소 연쇄반응)을 이용해 증폭하여 생성되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 2

제1 항에 있어서,

상기 수집 지점은 복수의 지점들을 포함하고,

상기 추정 지점의 생물량은 상기 지점들의 생물량들을 인터플레이션하여 추정되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 3

제1 항에 있어서,

상기 수집 지점은 제1 지점 및 상기 제1 지점과 다른 제2 지점을 포함하고,

상기 추정 지점은 상기 제1 지점과 상기 제2 지점 사이에 위치하는 제3 지점을 포함하며,

상기 제3 지점의 생물량은 상기 제1 지점의 생물량 및 상기 제2 지점의 생물량에 기초하여 추정되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 4

제3 항에 있어서,

상기 제3 지점이 상기 제1 지점과 상기 제2 지점의 중간 지점인 경우에, 상기 제3 지점의 생물량은 상기 제1 지점의 생물량 및 상기 제2 지점의 생물량의 평균으로 추정되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 5

제1 항에 있어서,

상기 물 시료가 채수된 수집 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보를 추정하는 단계를 더 포함하는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 6

제5 항에 있어서,

상기 수집 시점은 복수의 시점들을 포함하고,

상기 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 시점들에 대한 상기 수집 지점의 생물량들을 인터플레이션하여 추정되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 7

제5 항에 있어서,

상기 수집 시점은 제1 시점 및 상기 제1 시점 이후의 제2 시점을 포함하고,

상기 추정 시점은 상기 제1 시점 이후 및 상기 제2 시점 이전의 제3 시점을 포함하며,

상기 제3 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 제1 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량 및 상기 제2 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량에 기초하여 추정되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 8

제7 항에 있어서,

상기 제3 시점이 상기 제1 시점 및 상기 제2 시점의 중간 시점인 경우에, 상기 제3 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 제1 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량 및 상기 제2 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량의 평균으로 추정되는, 생물 정보 분석 방법.

청구항 9

수집 지점에서 채수된 물 시료를 저장하는 채수 키트;

상기 물 시료를 여과하여 환경 DNA를 수집하는 여과 키트;

상기 환경 DNA를 PCR(중합효소 연쇄반응)을 이용하여 증폭하기 위한 프라이머, 중합효소, 및 정제수를 포함하는 증폭 키트;

상기 환경 DNA를 증폭하여 생성된 상기 수집 지점의 생물 정보를 저장하는 데이터베이스; 및

상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정하는 추정부를 포함하는, 생물 정보 분석 시스템.

청구항 10

제9 항에 있어서,

상기 수집 지점은 복수의 지점들을 포함하고,

상기 추정부는 상기 지점들의 생물량들을 인터플레이션하여 상기 추정 지점의 생물량을 추정하는, 생물 정보 분석 시스템.

청구항 11

제9 항에 있어서,

상기 추정부는 상기 물 시료가 채수된 수집 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보를 추정하는, 생물 정보 분석 시스템.

청구항 12

제11 항에 있어서,

상기 수집 시점은 복수의 시점들을 포함하고,

상기 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 시점들에 대한 상기 수집 지점의 생물량들을 인터플레이션하여 추정되는, 생물 정보 분석 시스템.

청구항 13

제9 항에 있어서,

상기 증폭 키트는 상기 프라이머, 상기 중합효소, 및 상기 정제수가 혼합된 혼합물이 담겨진 증폭 튜브를 포함하는, 생물 정보 분석 시스템.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 생물 정보 분석 방법에 관한 것이다. 더욱 상세하게는, 본 발명은 생물 정보를 수집하고 저장하는 생물 정보 분석 방법 및 생물 정보 분석 시스템에 관한 것이다.

배경 기술

[0002] 대상 지역의 생물 정보를 수집하기 위해, 생물을 직접 채집하는 대신에, 물, 토양, 공기 등 환경 시료로부터 추출된 DNA(이하, 환경 DNA)를 수집하는 분석 방법이 널리 사용되고 있다. 일반적으로, 대상 지역에서 물 시료를 채수하여 실험실로 운반하고, 실험실에서 물 시료를 여과하여 환경 DNA를 수집하는 방법이 사용되어 왔다. 다만, 대상 지역에서 실험실로 물 시료를 운반하는 과정에서 환경 DNA가 변질될 수 있기 때문에, 최근 들어, 대상 지역에서 물 시료를 여과하는 방법이 사용되고 있다.

[0003] 그러나 대상 지역에서 물 시료를 채수하는 용량 및 채수된 물 시료를 여과하는 용량이 한정적이기 때문에, 생물 정보를 수집하고 저장하는 데에 걸리는 시간이 증가할 수 있다. 또한, 대상 지역 내의 채수할 수 있는 수집 지점들의 개수가 한정적이기 때문에, 많은 지점들의 생물 정보를 수집하고 저장하는 것이 제한될 수 있다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0004] 본 발명의 일 목적은 효율적으로 생물 정보를 수집하고 저장하기 위한 생물 정보 분석 방법을 제공하는 것이다.

[0005] 본 발명의 일 목적은 효율적으로 생물 정보를 수집하고 저장하기 위한 생물 정보 분석 시스템을 제공하는 것이다.

[0006] 다만, 본 발명의 목적은 상술한 목적으로 한정되는 것이 아니며, 본 발명의 사상 및 영역으로부터 벗어나지 않는 범위에서 다양하게 확장될 수 있을 것이다.

과제의 해결 수단

[0007] 본 발명의 일 목적을 달성하기 위하여, 본 발명의 실시예들에 따른 생물 정보 분석 방법은 수집 지점의 생물 정보를 수신하는 단계, 상기 수집 지점의 생물 정보를 데이터베이스에 저장하는 단계, 및 상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정하는 단계를 포함할 수 있고, 상기 수집 지점의 생물 정보는 상기 수집 지점의 물 시료를 여과하여 수집된 환경 DNA를 PCR(중합효소 연쇄반응)을 이용해 증폭하여 생성될 수 있다.

[0008] 일 실시예에 있어서, 상기 수집 지점은 복수의 지점들을 포함할 수 있고, 상기 추정 지점의 생물량은 상기 지점들의 생물량들을 인터폴레이션하여 추정될 수 있다.

[0009] 일 실시예에 있어서, 상기 수집 지점은 제1 지점 및 상기 제1 지점과 다른 제2 지점을 포함할 수 있고, 상기 추정 지점은 상기 제1 지점과 상기 제2 지점 사이에 위치하는 제3 지점을 포함할 수 있으며, 상기 제3 지점의 생물량은 상기 제1 지점의 생물량 및 상기 제2 지점의 생물량에 기초하여 추정될 수 있다.

[0010] 일 실시예에 있어서, 상기 제3 지점이 상기 제1 지점과 상기 제2 지점의 중간 지점인 경우에, 상기 제3 지점의 생물량은 상기 제1 지점의 생물량 및 상기 제2 지점의 생물량의 평균으로 추정될 수 있다.

[0011] 일 실시예에 있어서, 상기 생물 정보 분석 방법은 상기 물 시료가 채수된 수집 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보를 추정하는 단계를 더 포함할 수 있다.

[0012] 일 실시예에 있어서, 상기 수집 시점은 복수의 시점들을 포함할 수 있고, 상기 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 시점들에 대한 상기 수집 지점의 생물량들을 인터폴레이션하여 추정될 수 있다.

[0013] 일 실시예에 있어서, 상기 수집 시점은 제1 시점 및 상기 제1 시점 이후의 제2 시점을 포함할 수 있고, 상기 추정 시점은 상기 제1 시점 이후 및 상기 제2 시점 이전의 제3 시점을 포함할 수 있으며, 상기 제3 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 제1 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량 및 상기 제2 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량에 기초하여 추정될 수 있다.

[0014] 일 실시예에 있어서, 상기 제3 시점이 상기 제1 시점 및 상기 제2 시점의 중간 시점인 경우에, 상기 제3 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 제1 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량 및 상기 제2 시점에 대한 상기

수집 지점의 생물량의 평균으로 추정될 수 있다.

- [0015] 본 발명의 일 목적을 달성하기 위하여, 본 발명의 실시예들에 따른 생물 정보 분석 시스템은 수집 지점에서 채수된 물 시료를 저장하는 채수 키트, 상기 물 시료를 여과하여 환경 DNA를 수집하는 여과 키트, 상기 환경 DNA를 PCR(중합효소 연쇄반응)을 이용하여 증폭하기 위한 프라이머, 중합효소, 및 정제수를 포함하는 증폭 키트, 상기 환경 DNA를 증폭하여 생성된 상기 수집 지점의 생물 정보를 저장하는 데이터베이스, 및 상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정하는 추정부를 포함할 수 있다.
- [0016] 일 실시예에 있어서, 상기 수집 지점은 복수의 지점들을 포함할 수 있고, 상기 추정부는 상기 지점들의 생물량들을 인터폴레이션하여 상기 추정 지점의 생물량을 추정할 수 있다.
- [0017] 일 실시예에 있어서, 상기 추정부는 상기 물 시료가 채수된 수집 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 상기 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물 정보를 추정할 수 있다.
- [0018] 일 실시예에 있어서, 상기 수집 시점은 복수의 시점들을 포함할 수 있고, 상기 추정 시점에 대한 상기 수집 지점의 생물량은 상기 시점들에 대한 상기 수집 지점의 생물량들을 인터폴레이션하여 추정될 수 있다.
- [0019] 일 실시예에 있어서, 상기 증폭 키트는 상기 프라이머, 상기 중합효소, 및 상기 정제수가 혼합된 혼합물이 담겨진 증폭 튜브를 포함할 수 있다.

발명의 효과

- [0020] 본 발명의 실시예들에 따른 생물 정보 분석 방법 및 생물 정보 분석 시스템에 있어서, 대용량의 물 시료를 저장하고 여과함에 따라, 효율적으로 환경 DNA를 수집할 수 있고, 이에 따라, 효율적으로 생물 정보를 수집할 수 있다.
- [0021] 또한, 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정함에 따라, 대상 지역 내의 일부 지점들에 대해서만 생물 정보를 수집하더라도, 대상 지역 내의 많은 지점들에 대한 생물 정보가 생성될 수 있고, 이에 따라, 효율적으로 생물 정보가 생성될 수 있다.
- [0022] 나아가, 수집 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보를 추정함에 따라, 수집 지점의 일부 시점들에 대해서만 생물 정보를 수집하더라도, 수집 지점의 많은 시점들에 대한 생물 정보가 생성될 수 있고, 이에 따라, 효율적으로 생물 정보가 생성될 수 있다.
- [0023] 다만, 본 발명의 효과는 상술한 효과로 한정되는 것이 아니며, 본 발명의 사상 및 영역으로부터 벗어나지 않는 범위에서 다양하게 확장될 수 있을 것이다.

도면의 간단한 설명

- [0024] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 생물 정보 분석 방법을 나타내는 순서도이다.
- 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 생물 정보 분석 시스템을 나타내는 블록도이다.
- 도 3은 도 2의 생물 정보 분석 시스템에 포함되는 추정부가 추정 지점의 생물량을 추정하는 것을 설명하기 위한 도면이다.
- 도 4는 도 2의 생물 정보 분석 시스템에 포함되는 추정부가 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물량을 추정하는 것을 설명하기 위한 그래프이다.
- 도 5는 도 2의 생물 정보 분석 시스템에 포함되는 여과 튜브 및 증폭 튜브를 나타내는 도면이다.
- 도 6은 도 2의 생물 정보 분석 시스템을 활용하는 일 예를 나타내는 도면이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0025] 본문에 개시되어 있는 본 발명의 실시예들에 대해서, 특정한 구조적 내지 기능적 설명들은 단지 본 발명의 실시예를 설명하기 위한 목적으로 예시된 것으로, 본 발명의 실시예들은 다양한 형태로 실시될 수 있으며 본문에 설명된 실시예들에 한정되는 것으로 해석되어서는 아니 된다.
- [0026] 본 발명은 다양한 변경을 가할 수 있고 여러 가지 형태를 가질 수 있는바, 특정 실시예들을 도면에 예시하고 본문에 상세하게 설명하고자 한다. 그러나 이는 본 발명을 특정한 개시 형태에 대해 한정하려는 것이 아니며, 본

발명의 사상 및 기술 범위에 포함되는 모든 변경, 균등물 내지 대체물을 포함하는 것으로 이해되어야 한다.

- [0027] 제 1, 제 2 등의 용어는 다양한 구성요소들을 설명하는데 사용될 수 있지만, 상기 구성요소들은 상기 용어들에 의해 한정되어서는 안 된다. 상기 용어들은 하나의 구성요소를 다른 구성요소로부터 구별하는 목적으로 사용될 수 있다. 예를 들어, 본 발명의 권리 범위로부터 이탈되지 않은 채 제 1 구성요소는 제 2 구성요소로 명명될 수 있고, 유사하게 제 2 구성요소도 제 1 구성요소로 명명될 수 있다.
- [0028] 어떤 구성요소가 다른 구성요소에 "연결되어" 있다거나 "접속되어" 있다고 언급된 때에는, 그 다른 구성요소에 직접적으로 연결되어 있거나 또는 접속되어 있을 수도 있지만, 중간에 다른 구성요소가 존재할 수도 있다고 이해되어야 할 것이다. 반면에, 어떤 구성요소가 다른 구성요소에 "직접 연결되어" 있다거나 "직접 접속되어" 있다고 언급된 때에는, 중간에 다른 구성요소가 존재하지 않는 것으로 이해되어야 할 것이다. 구성요소들 간의 관계를 설명하는 다른 표현들, 즉 "~사이에"와 "바로 ~사이에" 또는 "~에 이웃하는"과 "~에 직접 이웃하는" 등도 마찬가지로 해석되어야 한다.
- [0029] 본 출원에서 사용한 용어는 단지 특정한 실시예를 설명하기 위해 사용된 것으로, 본 발명을 한정하려는 의도가 아니다. 단수의 표현은 문맥상 명백하게 다르게 뜻하지 않는 한, 복수의 표현을 포함한다. 본 출원에서, "포함하다" 또는 "가지다" 등의 용어는 실시된 특징, 숫자, 단계, 동작, 구성요소, 부분품 또는 이들을 조합한 것이 존재함을 지정하려는 것이지, 하나 또는 그 이상의 다른 특징들이나 숫자, 단계, 동작, 구성요소, 부분품 또는 이들을 조합한 것들의 존재 또는 부가 가능성을 미리 배제하지 않는 것으로 이해되어야 한다.
- [0030] 다르게 정의되지 않는 한, 기술적이거나 과학적인 용어를 포함해서 여기서 사용되는 모든 용어들은 본 발명이 속하는 기술분야에서 통상의 지식을 가진 자에 의해 일반적으로 이해되는 것과 동일한 의미이다. 일반적으로 사용되는 사전에 정의되어 있는 것과 같은 용어들은 관련 기술의 문맥상 가지는 의미와 일치하는 의미인 것으로 해석되어야 하며, 본 출원에서 명백하게 정의하지 않는 한, 이상적이거나 과도하게 형식적인 의미로 해석되지 않는다.
- [0031] 이하, 첨부한 도면들을 참조하여, 본 발명의 바람직한 실시예를 보다 상세하게 설명하고자 한다. 도면상의 동일한 구성요소에 대해서는 동일한 참조부호를 사용하고 동일한 구성요소에 대해서 중복된 설명은 생략한다.
- [0032] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 생물 정보 분석 방법을 나타내는 순서도이다.
- [0033] 도 1을 참조하면, 본 발명의 일 실시예에 따른 생물 정보 분석 방법에 있어서, 먼저, 서버는 수집 지점의 생물 정보를 수신할 수 있다(S110). 서버는 데이터베이스 및 추정부를 포함할 수 있다. 수집 지점은 생물 정보를 수집하기 위한 대상 지역 내의 물 시료가 채수되는 지점일 수 있다. 대상 지역은 물 시료가 채수될 수 있는 지역으로, 예를 들면, 강, 호수, 저수지, 바다 등을 포함할 수 있다. 물 시료는 채수 키트를 이용하여 수집 및 저장될 수 있다.
- [0034] 환경 DNA는 물 시료가 여과되어 수집될 수 있다. 물 시료는 여과 키트를 이용하여 여과될 수 있다. 환경 DNA는 물 시료로부터 채취되는 다양한 생물의 유전 정보 단편을 포괄하는 개념으로, 어류, 포유류, 조류 등의 생물로부터 유래하는 유전 정보를 함유할 수 있다. 수집 지점의 생물 정보는 환경 DNA를 PCR(중합효소 연쇄반응)을 이용하여 증폭하여 생성될 수 있다. 환경 DNA는 PCR에 필요한 프라이머(primer), 중합효소, 정제수 등을 이용하여 증폭될 수 있다. 환경 DNA를 증폭하여 수집 지점의 생물 정보를 획득할 수 있다.
- [0035] 그 다음, 수집 지점의 생물 정보를 데이터베이스에 저장할 수 있다(S120). 수집 지점의 생물 정보는 스마트폰, PDA 등과 같은 무선 단말기를 이용하여 데이터베이스에 업로드될 수 있다. 일 실시예에 있어서, 데이터베이스에 저장되는 수집 지점의 생물 정보는 생물 종류, 생물량, 수집 시점, 수집 지점의 위치 등을 포함할 수 있다.
- [0036] 그 다음, 추정부는 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보를 추정할 수 있다(S130). 대상 지역 내에는 물 시료가 채수되는 복수의 수집 지점들이 존재할 수 있다. 추정 지점의 생물량은 수집 지점들의 생물량들에 기초하여 추정될 수 있다. 추정 지점의 생물량을 추정하는 방법은 아래에서 도 3을 참조하여 구체적으로 설명한다.
- [0037] 그 다음, 추정부는 물 시료가 채수된 수집 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보에 기초하여 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보를 추정할 수 있다(S140). 수집 지점에 대해 복수에 걸쳐 물 시료가 채수될 수 있고, 이에 따라, 복수의 수집 시점들에 대한 수집 지점의 생물 정보가 존재할 수 있다. 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물량은 수집 시점들에 대한 수집 지점의 생물량들에 기초하여 추정될 수 있다. 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물량을 추정하는 방법은 아래에서 도 4를 참조하여 구체적으로 설명한다.

- [0038] 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 생물 정보 분석 시스템(100)을 나타내는 블록도이다. 도 1의 생물 정보 분석 방법은 도 2의 생물 정보 분석 시스템(100)을 이용하여 수행될 수 있다.
- [0039] 도 2를 참조하면, 생물 정보 분석 시스템(100)은 채수 키트(110), 여과 키트(120), 증폭 키트(130), 데이터베이스(140), 및 추정부(150)를 포함할 수 있다.
- [0040] 채수 키트(110)는 수집 지점에서 채수된 물 시료(WS)를 저장할 수 있다. 채수 키트(110)는 물 시료(WS)를 저장하고 운반하기 위한 채수 튜브(111)를 포함할 수 있다. 채수 튜브(111)는 대용량의 물 시료(WS)를 저장할 수 있다.
- [0041] 여과 키트(120)는 물 시료(WS)를 여과하여 환경 DNA(eDNA)를 수집할 수 있다. 여과 키트(120)는 물 시료(WS)를 여과 및 농축하기 위한 필터(121) 및 여과된 환경 DNA(eDNA)가 담겨지는 여과 튜브(122)를 포함할 수 있다. 필터(121)는 대용량의 물 시료(WS)를 여과할 수 있다. 예를 들면, 필터(121)는 카트리지 필터, 유리 섬유 필터 등일 수 있다. 그러나 본 발명은 이에 한정되지 아니하고, 여과 키트(120)는 물 시료(WS)를 여과하기 위한 여과지를 포함할 수도 있다. 예를 들면, 여과지는 유리 섬유 여과지, 멤브레인 여과지, 폴리카보네이트 여과지 등일 수 있다.
- [0042] 본 발명의 일 실시예에 있어서, 채수 키트(110) 및 여과 키트(120)를 이용하여 대용량의 물 시료(WS)를 저장하고 여과함에 따라, 효율적으로 환경 DNA(eDNA)를 수집할 수 있고, 이에 따라, 효율적으로 생물 정보를 수집할 수 있다.
- [0043] 증폭 키트(130)는 환경 DNA(eDNA)를 증폭할 수 있다. 증폭 키트(130)는 환경 DNA(eDNA)를 PCR을 이용하여 증폭하기 위한 프라이머, 중합효소, 및 정제수를 포함할 수 있다. 증폭된 환경 DNA(eDNA)로부터 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)가 획득될 수 있다. 증폭 키트(130)는 프라이머, 중합효소, 및 정제수가 담겨지는 증폭 튜브(131)를 포함할 수 있다. 증폭 튜브(131)에 대해서는 아래에서 도 5를 참조하여 구체적으로 설명한다.
- [0044] 데이터베이스(140)는 환경 DNA(eDNA)를 증폭하여 생성된 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)를 저장할 수 있다. 데이터베이스(140)는 서버(SV)에 포함될 수 있고, 통신망을 이용하여 단말기로부터 서버(SV)의 데이터베이스(140)로 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)가 업로드될 수 있다. 일 실시예에 있어서, 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)는 생물 종류, 생물량, 수집 시점, 수집 지점의 위치 등을 포함할 수 있다.
- [0045] 추정부(150)는 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)에 기초하여 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보(BI_EP)를 추정할 수 있다. 추정부(150)는 서버(SV)에 포함될 수 있고, 데이터베이스(140)로부터 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)를 수신할 수 있다. 추정부(150)는 추정 지점의 생물 정보(BI_EP)를 데이터베이스(140)에 저장할 수 있다.
- [0046] 본 발명의 일 실시예에 있어서, 추정부(150)가 물 시료(WS)가 수집된 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보(BI_EP)를 추정함에 따라, 대상 지역 내의 일부 지점들에 대해서만 생물 정보를 수집하더라도, 대상 지역 내의 많은 지점들에 대한 생물 정보가 생성될 수 있고, 이에 따라, 효율적으로 생물 정보가 생성될 수 있다.
- [0047] 추정부(150)는 물 시료가 채수된 수집 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)에 기초하여 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_CP')를 추정할 수 있다. 추정부(150)는 데이터베이스(140)로부터 수집 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_CP)를 수신할 수 있다. 추정부(150)는 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_CP')를 데이터베이스(140)에 저장할 수 있다.
- [0048] 본 발명의 일 실시예에 있어서, 추정부(150)가 물 시료(WS)가 수집된 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_EP')를 추정함에 따라, 수집 지점의 일부 시점들에 대해서만 생물 정보를 수집하더라도, 수집 지점의 많은 시점들에 대한 생물 정보가 생성될 수 있고, 이에 따라, 효율적으로 생물 정보가 생성될 수 있다.
- [0049] 도 3은 도 2의 생물 정보 분석 시스템(100)에 포함되는 추정부(150)가 추정 지점의 생물량을 추정하는 것을 설명하기 위한 도면이다.
- [0050] 도 3을 참조하면, 수집 지점은 대상 지역(TA) 내에 복수의 지점들을 포함할 수 있고, 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물량은 상기 지점들의 생물량들을 인터폴레이션(interpolation)하여 추정될 수 있다.
- [0051] 일 실시예에 있어서, 수집 지점이 제1 지점(P1) 및 제1 지점(P1)과 다른 제2 지점(P2)을 포함하고 추정 지점이 제1 지점(P1)과 제2 지점(P2) 사이에 위치하는 제3 지점(P3)을 포함하는 경우에, 제3 지점(P3)의 생물량은 제1

지점(P1)의 생물량 및 제2 지점(P2)의 생물량에 기초하여 추정될 수 있다. 제1 지점(P1)이 대상 지역(TA)인 강의 상류이고 제2 지점(P2)이 강의 하류이며 제3 지점(P3)이 강의 중류인 경우에, 물 시료가 채수되지 않은 강의 중류의 생물량은 물 시료가 채수된 강의 상류 및 하류의 생물량들에 기초하여 추정될 수 있다. 예를 들면, 제1 지점(P1)의 생물량이 제2 지점(P2)의 생물량보다 큰 경우에, 제3 지점(P3)의 생물량은 제1 지점(P1)의 생물량보다 작을 수 있고 제2 지점(P2)의 생물량보다 클 수 있다.

[0052] 일 실시예에 있어서, 제3 지점(P3)이 제1 지점(P1)과 제2 지점(P2)의 중간 지점인 경우에, 제3 지점(P3)의 생물량은 제1 지점(P1)의 생물량 및 제2 지점(P2)의 생물량의 평균으로 추정될 수 있다.

[0053] 도 4는 도 2의 생물 정보 분석 시스템(100)에 포함되는 추정부(150)가 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물량을 추정하는 것을 설명하기 위한 그래프이다.

[0054] 도 4를 참조하면, 수집 지점에서 물 시료가 채수되는 수집 시점은 복수의 시점들을 포함할 수 있고, 수집 시점과 다른 추정 시점에 대한 수집 지점의 생물량은 상기 시점들에 대한 수집 지점의 생물량들을 인터폴레이션하여 추정될 수 있다.

[0055] 일 실시예에 있어서, 수집 시점이 제1 시점(T1) 및 제1 시점(T1) 이후의 제2 시점(T2)을 포함하고 추정 시점이 제1 시점(T1) 이후 및 제2 시점(T2) 이전의 제3 시점(T3)을 포함하는 경우에, 제3 시점(T3)에 대한 수집 지점의 생물량은 제1 시점(T1)에 대한 수집 지점의 생물량 및 제2 시점(T2)에 대한 수집 지점의 생물량에 기초하여 추정될 수 있다. 제1 시점(T1)이 여름이고 제2 시점(T2)이 겨울이며 제3 시점(T3)이 가을인 경우에, 물 시료가 채수되지 않은 가을의 수집 지점의 생물량은 물 시료가 채수된 여름 및 겨울의 수집 지점의 생물량들에 기초하여 추정될 수 있다. 예를 들면, 도 4에 도시된 바와 같이, 제1 시점(T1)에 대한 수집 지점의 생물량(A1)이 제2 시점(T2)에 대한 수집 지점의 생물량(A2)보다 큰 경우에, 제3 시점(T3)에 대한 수집 지점의 생물량(A3)은 제1 시점(T1)에 대한 수집 지점의 생물량(A1)보다 작을 수 있고 제2 시점(T2)에 대한 수집 지점의 생물량(A2)보다 클 수 있다.

[0056] 일 실시예에 있어서, 제3 시점(T3)이 제1 시점(T1)과 제2 시점(T2)의 중간 시점인 경우에, 제3 시점(T3)에 대한 수집 지점의 생물량은 제1 시점(T1)에 대한 수집 지점의 생물량 및 제2 시점(T2)에 대한 수집 지점의 생물량의 평균으로 추정될 수 있다.

[0057] 도 5는 도 2의 생물 정보 분석 시스템(100)에 포함되는 여과 튜브(122) 및 증폭 튜브(131)를 나타내는 도면이다.

[0058] 도 5를 참조하면, 일 실시예에 있어서, 증폭 튜브(131)에는 프라이머, 중합효소, 및 정제수가 혼합된 혼합물(MXT)이 담겨질 수 있다. 혼합물(MXT)이 담겨진 증폭 튜브(131)에 여과 튜브(122)에 담겨진 환경 DNA(eDNA)를 첨가하여 환경 DNA(eDNA)를 증폭할 수 있고, 증폭된 환경 DNA(eDNA)를 분석하여 환경 DNA(eDNA)가 수집된 수집 지점의 생물 정보가 획득될 수 있다.

[0059] 종래 기술에 있어서, 증폭 키트는 프라이머가 담겨진 튜브, 중합효소가 담겨진 튜브, 및 정제수가 담겨진 튜브를 포함할 수 있고, 내부가 비어있는 증폭 튜브에 튜브들에 담겨진 프라이머, 중합효소, 및 정제수, 그리고 여과 튜브(122)에 담겨진 환경 DNA(eDNA)를 혼합하여 환경 DNA(eDNA)를 증폭할 수 있다. 이 경우, 튜브들에 담겨진 프라이머, 중합효소, 및 정제수를 혼합하는 과정에서 프라이머, 중합효소, 및/또는 정제수가 소실 또는 오염되거나 프라이머, 중합효소, 및 정제수의 비율이 달라지는 문제가 발생할 수 있다.

[0060] 그러나 본 발명의 일 실시예에 있어서, 증폭 튜브(131)에는 프라이머, 중합효소, 및 정제수가 혼합된 혼합물(MXT)이 담겨짐에 따라, 증폭 튜브(131)에 환경 DNA(eDNA)만을 첨가하여 비교적 간단하게 환경 DNA(eDNA)를 증폭 및 분석할 수 있다.

[0061] 도 6은 도 2의 생물 정보 분석 시스템(100)을 활용하는 일 예를 나타내는 도면이다.

[0062] 도 2 및 도 6을 참조하면, 사용자에게 생물 정보 분석 시스템(100)을 이용하여 생성된 대상 지역(TA)의 생물 정보(BI)를 제공할 수 있다. 예를 들면, 도 6에 도시된 바와 같이, 사용자는 스마트폰(200)의 어플리케이션을 통해 복수의 지점들을 포함하는 대상 지역(TA)을 나타내는 지도에 접근할 수 있고, 사용자가 지점을 터치 또는 클릭하여 지점의 생물 정보(BI)가 스마트폰(200)의 화면에 표시될 수 있다. 사용자가 지점을 터치 또는 클릭하는 경우에 서버(SV)의 데이터베이스(140)에 저장되는 지점의 생물 정보(BI)가 스마트폰(200)의 어플리케이션을 통해 사용자에게 제공될 수 있다. 이 경우, 데이터베이스(140)에 수집 시점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_C P)뿐만 아니라 수집 시점에 대한 수집 지점과 다른 추정 지점의 생물 정보(BI_EP) 및 수집 시점과 다른 추정 시

점에 대한 수집 지점의 생물 정보(BI_CP')가 저장됨에 따라, 사용자가 다양한 시점들에 대한 다양한 지점들의 생물 정보에 접근할 수 있다.

산업상 이용가능성

[0063]

본 발명은 생물 정보 분석 방법 및 시스템, 그리고 이들을 활용하는 분야에 광범위하게 적용될 수 있다. 한편, 이상에서는 본 발명에 대하여 실시예들을 참조하여 설명하였지만, 해당 기술 분야의 숙련된 당업자는 아래 청구 범위에 기재된 본 발명의 사상 및 영역으로부터 벗어나지 않는 범위 내에서 본 발명을 다양하게 수정 및 변경시킬 수 있음을 이해할 수 있을 것이다.

부호의 설명

[0064]

110: 채수 키트

120: 여과 키트

130: 증폭 키트

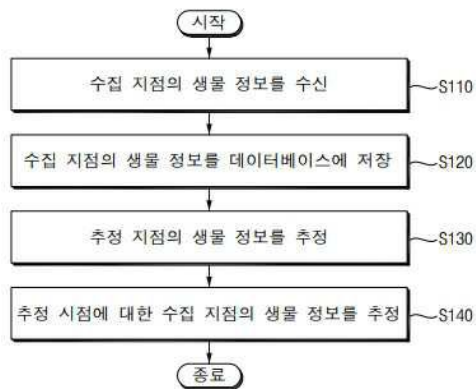
131: 증폭 튜브

140: 데이터베이스

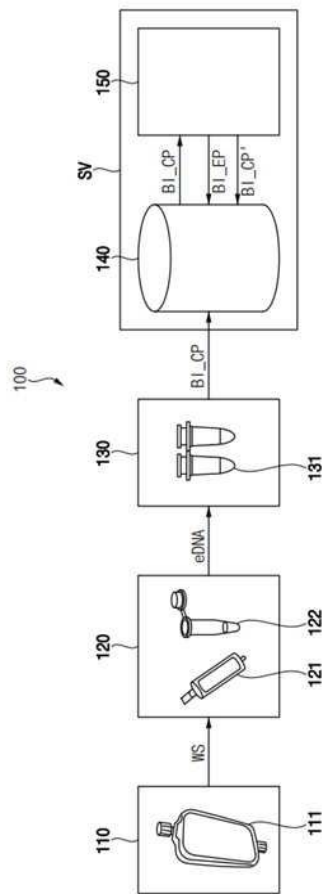
150: 추정부

도면

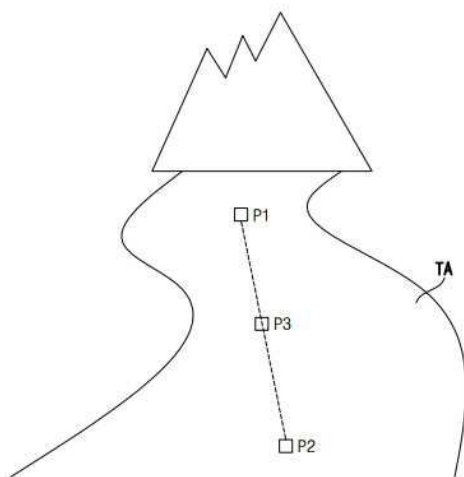
도면1



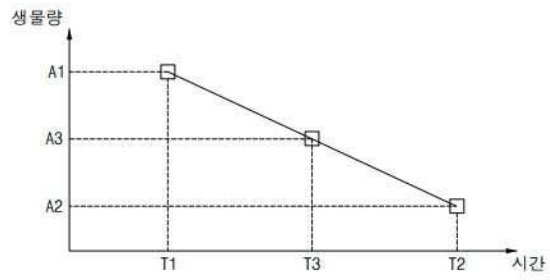
도면2



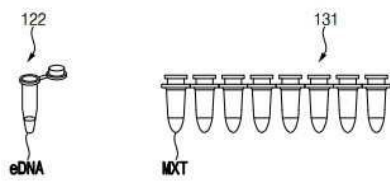
도면3



도면4



도면5



도면6

