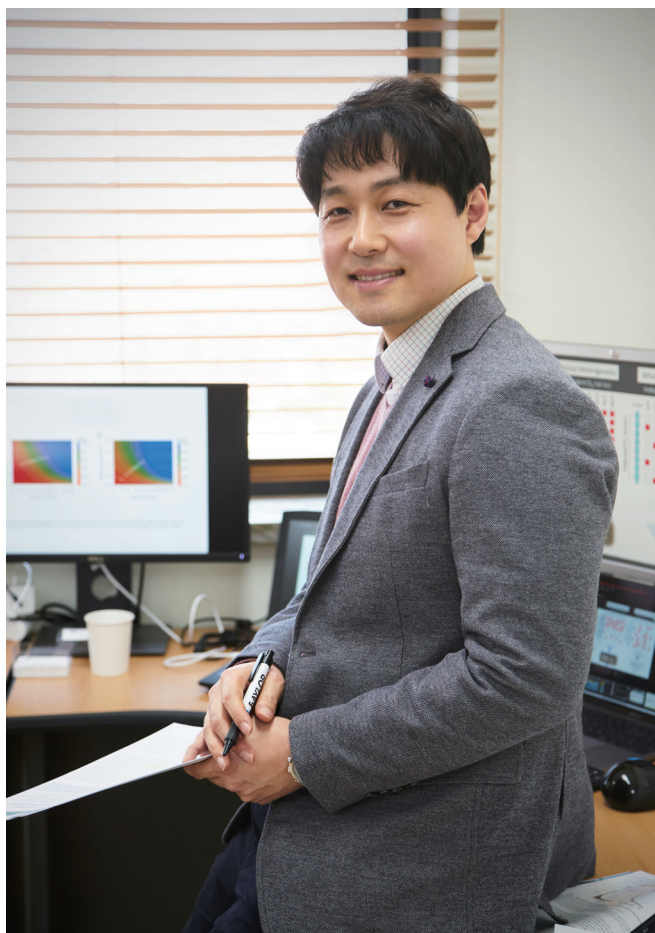


유전자 지도로 인류의 질병을 탐색하다

글 정재학 아산재단 작가 / 사진 민영주 조단스튜디오



※ **한범 교수**: 1978년 서울에서 2남 중 둘째로 출생. 의정부고 · 서울대 공대 전기공학부 · UCSD 컴퓨터공학과 졸업(이학석 · 박사). UCLA · 브리검여성병원 · 하버드의대 박사후 연구원, 하버드의대 유전학과 연구교수, 서울아산병원 임상의학연구소 연구조교수, 울산대 의대 융합의학과 조교수 역임. 2018년 3월~현재 서울대 의대 의과학과 부교수, 미국유전학회 찰스 엡스타인 우수연구상, BRIC 선정 2015년 바이오 성과 연구 Top5, 울산대 의대 2016년 교수상 등 수상. 부인(박지희 · 40)과의 사이에 1남1녀.

생명의 비밀이 담긴 유전자. 유전자의 비밀을 푸는 열쇠를 갖는다면 질병의 예방과 치료에서 엄청난 진전을 이룰 것이다. 이때문에 유전자 연구가 전 세계적으로 주목을 받고 있으며, 많은 과학자들이 관련 연구를 하고 있다. 한범(40) 서울대 의대 의과학과 교수도 그중 한 사람이다.

한 교수만의 비장의 무기는 ‘빅데이터 분석 기술’이다. 통계 기법과 알고리즘 등을 활용해서 엄청난 양의 유전자 정보를 빠르게 비교하고 분석하는 방법을 만들고 있다.

“질병이 있는 사람과 건강한 사람의 유전자를 비교 분석하면 어떤 유전자가 질병을 일으키는지 찾아낼 수 있죠. 그것을 찾기 위해 빅데이터 분석 알고리즘을 활용하는 것입니다.”

말로는 간단하지만 결코 쉬운 일이 아니다. 사람의 유전자는 2만 개가 넘고 각각의 유전자가 갖는 정보량은 엄청나기 때문이다. 방대한 유전자 데이터 속에서 공통점이나 차이점을 발견하기 위해 그가 고안한 유전자 분석 알고리즘이 바로 ‘붐박스(BUHMBOX)’다. 여기서의 붐박스는 힙합 뮤지션들이 어깨에 걸고 다니는 붐박스(Boombox)가 아니라 알고리즘 이름이다. 붐박스는 한범 교수의 이름에서 따왔다. 차범근 선수가 독일에서 ‘차붐’으로 불렸듯 한범 교수도 외국에서는 ‘붐’으로 불리다보니 붙은 이름이다.

몸이 아파서 병원에 가면 당뇨병, 관절염, 고혈압 등으로 진단받지만 병이나 증세는 하나의 병명으로 깔끔하게 분류될 만큼 단순하지 않다. 겉보기엔 같은 질병처럼 보여도 발생 원인이나 치료법이 다를 수 있다. 같은 질병 안에도 또 다른 갈래들이 소분류의 형태로 숨어 있을 가능성은 얼마든지 있다. 지금까지는 이런 질병의 소분류들을 질병이 생기고 난 후 나타난 증상이나 검사 결과에 따라 뒤늦게 아는 경우가 많았다. 그러다보니 같은 병으로 판정받아도 어떤 사람은 치료제를 복용하고 병이 낫지만, 다른 사람은 잘 낫지 않는다. 나중에 다른 병으로 밝혀지기도 한다. 해당 질병의 소분류가 명확히 밝혀지지 않은 환자에게 기존의 표준 치료법이 효과가 없는 경우 다른 방법을 찾기도 어려웠다.

하지만 빅데이터를 분석하는 알고리즘을 통하면 유전자의 세부 특성을 찾아낼 수 있고, 그것을 통해 병을 소분류로 구분할 수 있다. 그런 방법으로 유전자 지도를 그리면 일반적으로 알고 있는

질병보다 더욱 자세한 정보를 알게 된다. 이러한 소분류 구분 과정에서 질병과 질병 사이의 유전적 유사성을 찾아냄으로써 기존 치료약을 다른 질병의 치료제로 사용하는 방안도 찾아낼 수 있다. 고혈압약을 시험하다가 발기부전 치료제인 비아그라를 개발하고, 전립선 치료제를 시험하다 탈모 치료제인 프로페시아를 찾아낸 것은 잘 알려진 사실이다. 이것은 두 증상의 유전자 사이에 공통점이 있기에 가능한 일이었다.

한 교수는 자신이 개발한 알고리즘을 통해 류마티스 관절염과 건선 등 비슷한 특성을 가진 자가면역질환군과 우울증·조울증·조현병 등 정신질환군 환

자의 유전자 정보를 분석해서 공통점과 차이점을 찾아냈다. 유전자 빅데이터 분석 알고리즘을 활용하면 질병의 세부 지형도를 확인할 수 있고, 이를 바탕으로 질병 특성에 맞는 맞춤형 치료가 가능할 것으로 기대된다.

한 교수가 집중적으로 연구하는 또 다른 분야는 HLA 유전자다. HLA 유전자는 2만여 개의 유전자 중에서도 가장 중요한 유전자 중 하나로 모든 면역 반응에 관여하기 때문에 항암 면역치료에도 활용될 유전자다. HLA 유전자에 따라서 항암 면역치료의 효과 여부가 갈리는데 그런 HLA 유전자를 빅데이터 분석 알고리즘을 통해 찾아내는 것이다.

전기공학부 졸업한 의대 교수

한범 교수처럼 빅데이터를 통해 질병을 찾아내는 사람은 손에 꼽을 정도다. 의학계에서도 이색적인 존재다. 한 교수는 의대 교수로는 드물게 공대 출신으로 서울대 전기공학부를 졸업했다. 대학원에서는 컴퓨터공학을 전공했다.

“전기공학부에서는 하드웨어와 소프트웨어를 7대 3 정도로 배우는데 하드웨어보다 소프트웨어에 관심이 많았습니다. 졸업 후 컴퓨터공학을 공부하기 위해 캘리포니아주립대 샌디에이고 캠퍼스(UCSD)로 유학을 떠났죠.”

UCSD는 바이오 분야가 강한 대학이다. 컴퓨터공학을 공부하면서 자연스럽게 바이오 분야에 관심을 갖게 됐다. 결정적인 계기



연구원들과 토론 중인 한범 교수. 한 교수는 질병의 원인 유전자를 찾고, 이를 활용해 질병의 세부 특성을 구분하는 의학통계 알고리즘을 개발한 연구 업적을 인정받았다.

는 우연히 들었던 바이오 관련 수업이었다. 수업 시간에 그동안 아무도 풀지 못했던 난제를 자신의 알고리즘으로 풀어내면서 지도교수의 주목을 받고 연구 방향을 바꾸었다. 이후 캘리포니아주립대 LA캠퍼스(UCLA)를 거쳐 하버드의대에서 박사후 연구원과 연구교수를 지냈다. 2014년 귀국해 울산대 의대에서 연구하다가 2018년 모교인 서울대에 부임했다.

한 교수는 우리 사회에 흔치 않은 의과학자라는 길을 걷고 있다. 가장 어려운 것은 주변의 인식이다. 의대 교수이지만 실험이 아니라 늘 컴퓨터를 들여다보는 일이라서 어떤 일을 하고, 그 일이 왜 중요한지 이해를 못 하는 경우가 많아 아쉬운 마음이 들기도 한다. 연구 과정에서의 어려움은 새로운 통계 기법을 만드는 일이다. 통계 기법을 공부하기 위해 1900년대 초반 논문까지 찾아봐야 할 정도로 많은 공부가 필요하다. 하지만 그만큼 보람도 있다.

“질병 유전자를 찾아서 약을 개발하고 치료방법을 알아내면 많은 사람들에게 희망을 줄 수 있을 겁니다. 빅데이터 분석 알고리즘을 통해 그런 연구들을 앞당길 것으로 기대합니다.”

한 교수는 유전자 빅데이터 분석 분야를 개척하는 젊은 의과학자로 주목받고 있다. 유전자라는 넓고도 복잡한 세상에서 해야 할 일은 아직도 많다. 아산재단이 2019년 아산의학상 젊은의학자 부문 수상자로 그를 선택한 이유는 앞으로 가야 할 힘든 여정에 대한 격려일 것이다. 🍎