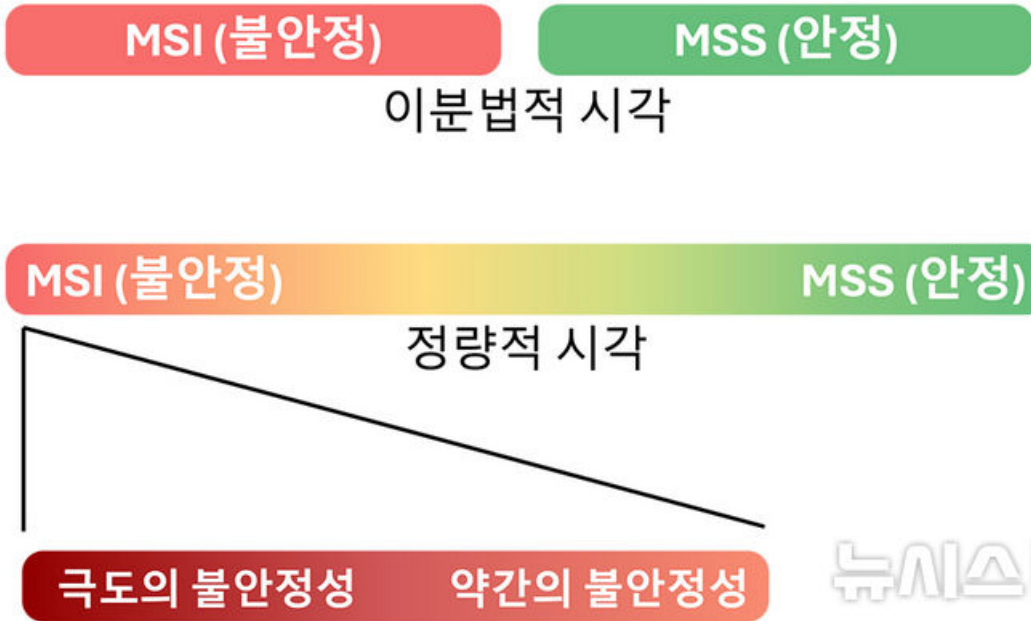


## "이 항암제 통할까" GIST, 투약 전 효과 예측 길 열었다

등록 2026.05.06 13:34:36 | 수정 2026.05.06 14:16:23

### 면역항암치료 반응 예측 바이오 마커, MSI



면역 항암 치료 반응을 예측하는 바이오마커인 MSI에 대한 개념도. (그래픽=GIST 제공) photo@newsis.com

[광주=뉴스시스]이창우 기자 = 같은 항암제를 써도 환자마다 효과가 다른 이유를 종양 내부 '세포 단위'에서 풀어내는 분석 기술이 나왔다.

6일 광주과학기술원(GIST)에 따르면 생명과학과 박지환 교수 연구팀이 단일세포 수준에서 면역항암 치료 반응을 예측하는 분석 기술(scMnT) 개발에 성공했다.

면역항암 치료는 환자의 면역체계를 활성화해 암세포를 공격하도록 유도하는 방식이다.

다만 실제 임상에서는 환자별 반응 편차가 커서 치료 효과를 사전에 예측하기 어렵다는 한계에 부딪혀 왔다.

연구팀은 이러한 차이가 종양 내부 세포들의 유전적 불균일성에서 비롯된다고 보고 여러 세포를 한꺼번에 분석하는 기존 '벌크 분석' 대신 개별 세포 단위 분석에 주목했다.

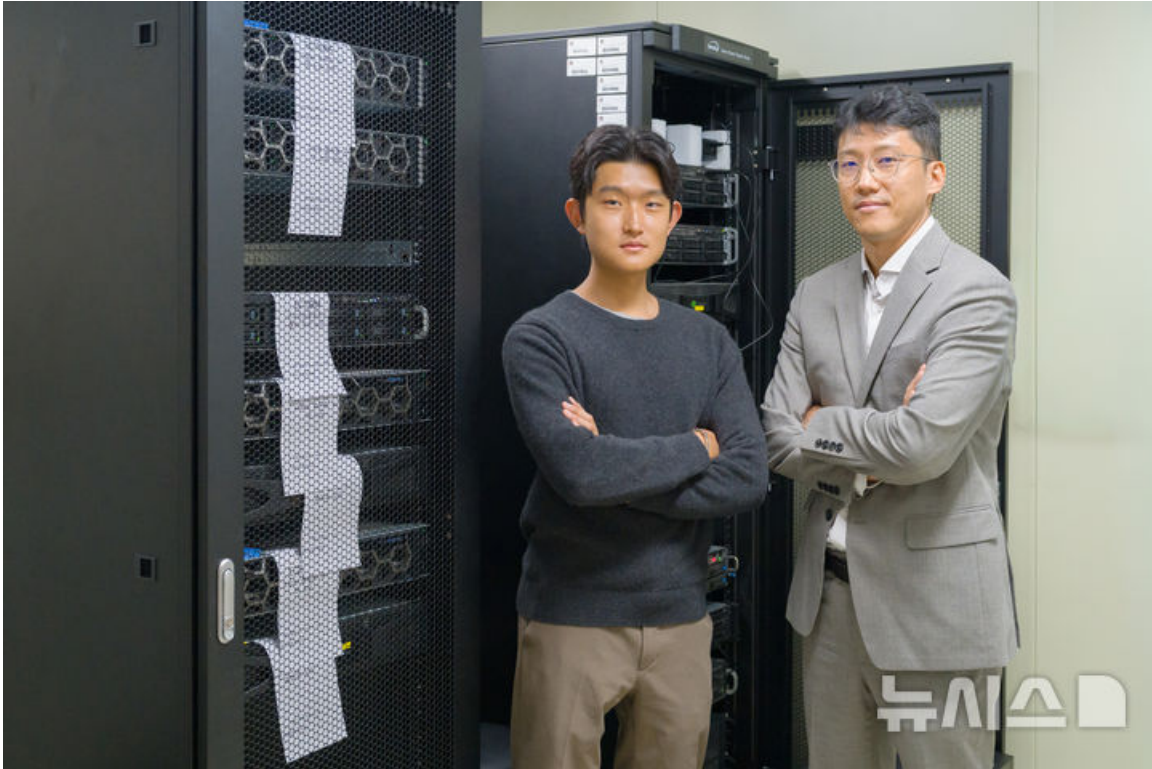
핵심은 '미세부수체 불안정성(MSI)'을 바라보는 방식이다.

MSI는 DNA 복제 과정에서 반복 구간에 오류가 쌓이며 나타나는 현상으로, 수치가 높을수록 면역세포가 암을 잘 인식해 치료

반응이 좋은 것으로 알려져 있다.

하지만 기존에는 이를 단순히 '있다·없다'로 구분하는 데 그쳐 정밀한 예측이 어려웠다.

연구팀은 MSI를 연속적인 값으로 정량화하고 이를 세포별로 나눠 분석하는 기술을 구현했다.



(오른쪽부터) 생명과학과 박지환 교수, 박규민 석박통합과정생. (사진=GIST 제공) photo@newsis.com

이를 통해 하나의 종양 안에서 MSI 수준이 높은 세포와 낮은 세포가 공존하는 이질성을 확인했다.

실제 대장암 환자 데이터를 적용한 결과 MSI 수치가 높은 영역에는 면역세포(T림프구)가 집중돼 활발한 공격이 이뤄졌으나 낮은 영역에서는 면역 반응이 상대적으로 약한 것으로 나타났다.

종양 내부의 미세한 차이가 치료 효과의 차이로 이어질 수 있음을 보여주는 결과다.

이는 전체 평균값만으로 종양을 평가하던 기존 방식으로는 치료 반응이 낮은 영역을 놓칠 수 있다는 점을 시사한다.

박지환 교수는 "이번 연구는 MSI를 단순한 이분법적 지표가 아닌 '정량적 지표'로 이해할 수 있는 기반을 마련했다는 점에서 의미가 있다"며 "항후 암 환자의 맞춤형 치료 전략 수립과 면역 항암 치료의 성공률 향상에 기여할 것으로 본다"고 말했다.

해당 연구 결과는 생물정보학 분야 국제학술지 브리핑스 인 바이오인포매틱스(Briefings in Bioinformatics) 온라인에 지난 14일 게재했다.

기술이전 관련 협의는 GIST 기술사업화실(hgmoon@gist.ac.kr)로 문의하면 된다.

©공감언론 뉴스시스 lcw@newsis.com

