Company Brochure · 2025

# Read Data, Lead Big

데이터 바이오 기업, ㈜인실리코젠

INSILICOGEN

www.insilicogen.com

Contents

# 생물정보와 인공지능을 통한 새로운 가치사슬의 창조

우리 기업은 다양한 바이오 데이터를 효과적으로 관리, 분석, 공유하며 성장해왔습니다.
㈜인실리코젠은 '데이터 바이오 기업'이라는 비전 아래, 미래를 선도할 혁신을 준비하고 있습니다.
데이터의 생산부터 수집, 저장, 분석까지 전 과정에 깊이 관여하며,
빅데이터의 표준을 제시하고 전 세계의 다양한 데이터와 함께 지속적으로 진화해 나갈 것입니다.

# Read Data, Lead Big
# 데이터 바이오 기업, ㈜인실리코젠

㈜인실리코젠은 2024년, 창립 20주년을 맞이했습니다.
지난 20년간 우리는 바이오 빅데이터를 구축해 왔으며, 이제 그 경험과 기술력을 바탕으로 데이터 중심 바이오산업의 혁신을 이끌어가고자 합니다.
과학기술정보통신부, 보건복지부, 농림축산식품부, 질병관리청, 농촌진흥청 등 다양한 기관과 협력하여 BIGHUG, BLIMS, CODA, CRIS, CowScan, KAHIS, MAGIC, MBDC, MEE, NABIC, ODFM, OREO, RRM 등 오믹스 빅데이터 시스템을 구축하였습니다.

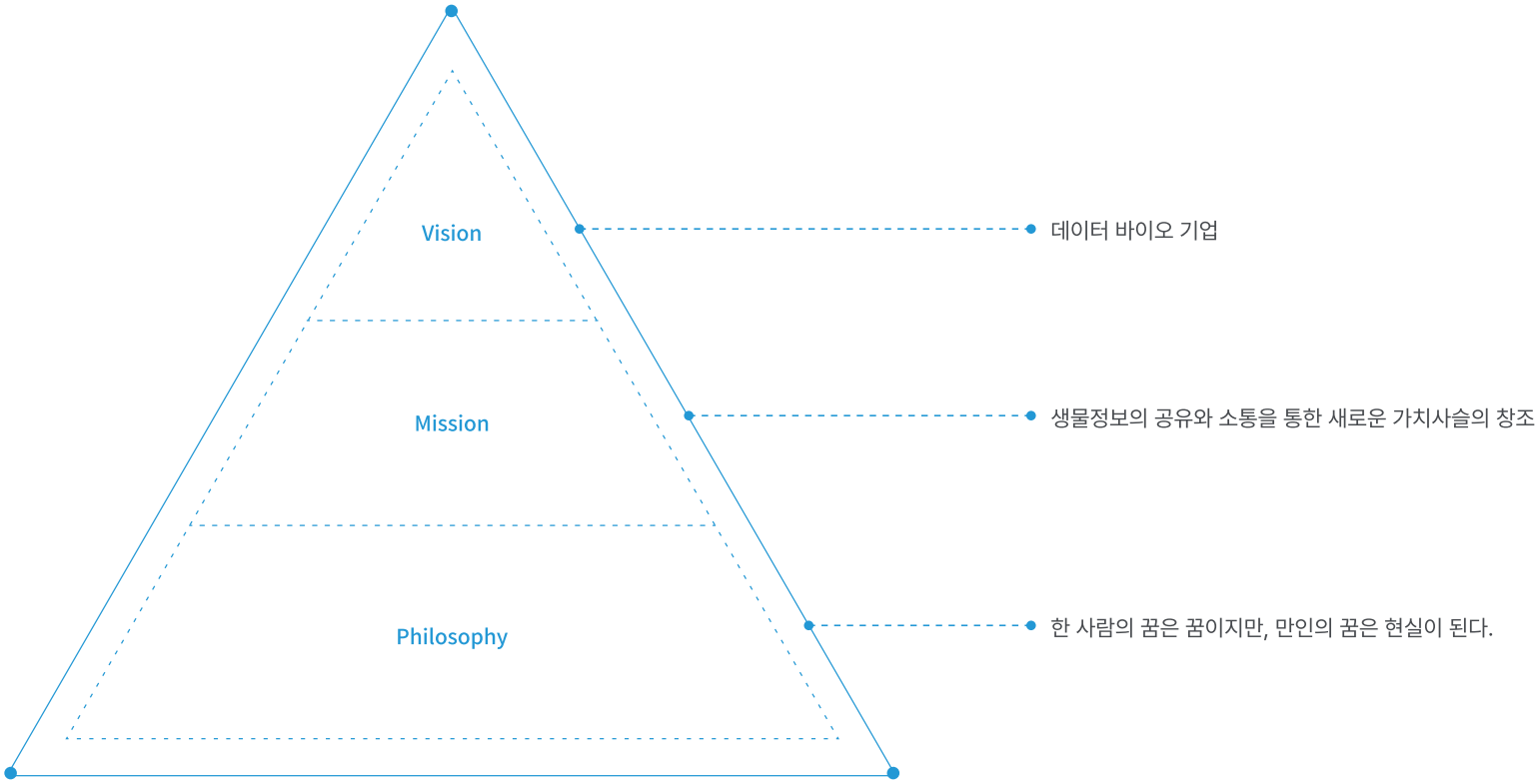
데이터베이스를 구축한다는 것은 원천 데이터가 어디에서 생성되고, 어떻게 활용되며, 그곳에 숨어 있는 깊은 의미가 무엇인지 알게 되는 계기가 되는 것 같습니다. 국가와 기업들은 지속적으로 바이오 데이터를 생산하고 있지만, 표준화되지 않은 데이터는 활용성이 제한될 수밖에 없습니다.

저희 人Co는 이러한 데이터를 표준화하고, 체계적으로 관리하며, AI·빅데이터 분석 기술과 접목하여 더 나은 연구 환경을 조성하는 데 집중하고 있습니다. 20여 년간 축적된 데이터 생산, 아카이빙, 모델링 및 분석 기술을 바탕으로, 더욱 효율적이고 생산적인 바이오 빅데이터 생태계를 구축하며 산업의 기반을 다지겠습니다.

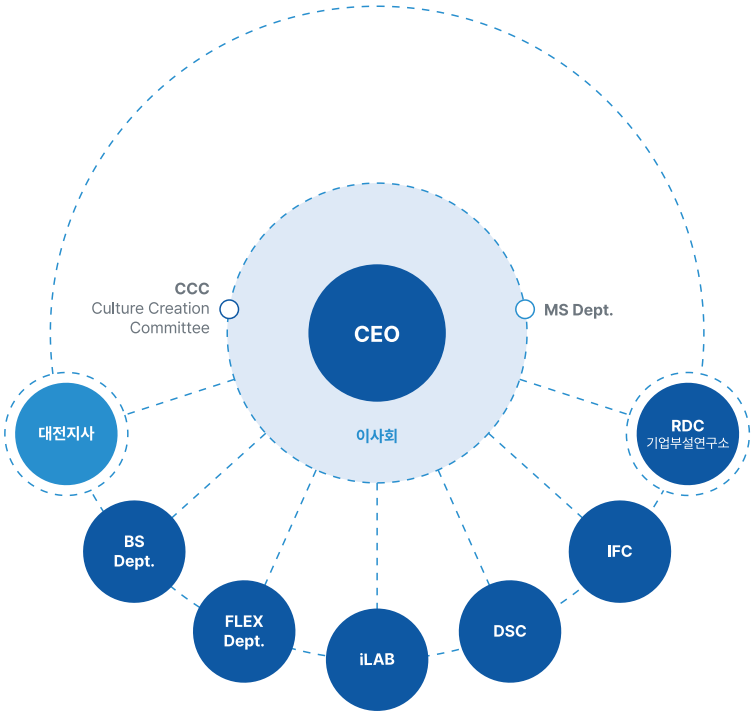
늘 그래 왔듯 사람을 중심에 두고 기술의 진일보를 꿈꾸는
㈜인실리코젠이 되도록 매진하겠습니다.
많은 관심과 성원 부탁드립니다.

㈜인실리코젠 대표이사 최 남 우

人Co는 사람을 중심으로, 사람과 컴퓨터에 의해, 배려와 소통을 통한
새로운 문화를 창조하려는 ㈜인실리코젠의 브랜드 가치를 의미합니다.



# 수평적 커뮤니케이션과 다양성을 보장하는 창의적 문화




## iLAB

insilico Lab

생물정보를 접목한 최적의 연구 결과를 얻기 위해, 실험계획부터 분석 전략과 방법, 데이터 분석환경 구축 및 인력 양성을 위한 교육까지 빅데이터 시대 연구실의 고민을 함께합니다.

iLAB은 다년간의 경험으로 얻은 생물정보 노하우와 기술력, 다양한 컨설팅을 통해 여러분의 맞춤형 생물정보 파트너로서 연구실에 필요한 모든 환경을 제공합니다.

## RDC

R&D Center

[과학기술정보통신부 우수 기업연구소 2회 연속 지정]
생물학적 문제를 해결하고자 IT와 수학을 도구로 의미론적 해석에 접근하며 전진하고자 노력하고 있습니다.

단순히 코드화된 생물학적 데이터와 알고리즘의 결합을 넘어서 동물, 식물, 미생물을 포함한 다양한 분야의 NGS 관련 데이터 분석을 생물학적인 의미 기반으로 연구하고 있습니다.

## BS

Bioinformatics System Department

다년간의 시스템 구축 경험과 체계화된 프로세스, 최고의 전문 인력에 생물정보 지식을 더하여, 단순하지만 본질적인 해답을 주는 생물정보 세상을 만들어 갑니다.

시스템에 정보를, 정보에 생명을 불어넣는 지식 정보화를 선도합니다.

## FLEX

FLEX Department

FLEX는 유연한 사고로, 숨은 잠재력을 끌어올려, 구체적인 계획에 의해, 뛰어넘는다는 의미로 새롭게 출범한 인실리코젠의 통합 서비스 개발 조직입니다.

기획, 마케팅부터 UX/UI, Front-end, Back-end에 이르기까지 성공적인 디지털 비즈니스 모델을 통해 실용적 고객 가치를 제공합니다.

## DSC

Data Science Center

DSC는 기초과학, 의료, 헬스케어, 육종 등 전 생물정보 분야에 실용적 가치를 제공하며 고객과 직접 소통하는 전문 컨설팅부터, 데이터 분석, 응용 확장을 위한 플랫폼 개발까지 통합 데이터 과학 서비스를 제공합니다.

## IFC

insilico Food Center

바이오-식품 빅데이터를 기반으로 개인 맞춤 추천 기술과 함께 맞춤형 식단을 추천하는 기술을 개발하여 인공지능(AI), 사물인터넷(IoT)와 같은 혁신 기술이 접목된 푸드테크 서비스를 제공하고 있습니다.

# 지속적인 변화와
# 기업의 성장을 이어가겠습니다.

**2004**

10 인실리코젠(유통사업) 설립

**2005**

08 생물정보 컨설팅 전문법인 ㈜인실리코젠 설립

**2006**

02 천연물 유래 말라카이트 그린 대체 물질 개발 사업 공동 연구

06 국립축산과학원(구. 축산연구소) 동물유전체 정보 시스템 구축사업 수주

**2007**

06 ㈜인실리코젠 R&D센터 기업부설연구소 인증

07 국립농업과학원(구. 농업생명공학연구원) 농업생명공학 육종정보 연계활용시스템 구축사업 수주

**2008**

04 환경부 국가연구과제 참여대상 주관기관 선정 (환경유해물질-유전체 지식베이스 구축 및 시맨틱 기반기술 개발, 2008년~2010년)

05 수원첨단벤처밸리 사옥 입주

06 Biomax Informatics AG와 공통 연구 프로젝트 도출 및 기술 협력에 대한 양해각서(MOU) 체결

07 질병관리청 신변종 병원체 조기탐지 유전자 DB 분석툴 개발사업 수주

09 국립문화재연구소 고대 유전자원 데이터베이스 구축

**2009**

02 LabKM® 상표 등록

05 국방부조사본부 6.25 전사자 신원확인 유전자정보시스템 개발

10 ㈜인실리코젠 대전지사 개설

**2010**

01 한우 유전체 서열분석을 통한 단일 염기변이 완전 해독(영남대학교 생명공학부, 충북대학교 축산학과, ㈜인실리코젠, CLC bio A/S, 솔젠트㈜)

03 3자간 Plant Genomics MOU 체결 (㈜인실리코젠, CLC bio A/S, 서울대학교)

05 축산물품질평가원 쇠고기 이력제 실험실정보관리 시스템(LIMS)구축 사업 참여

09 국립원예특작과학원 배추 SNP마커의 생물정보학적 분석 서비스 수주

12 Glter®(글터) 상표 등록

**...**

## 2011

- 01 Ontle™(Web-based Ontology Editing: 웹 기반의 온톨로지 편집 운영시스템) 국제 특허 출원
- 01 생물정보 인재양성을 위한 양해각서 체결 (숭실대학교 의생명시스템학부, ㈜인실리코젠)
- 06 경영혁신인증업체 선정
- 12 지식경제부 기술혁신사업 선정 (2011년~2016년)

## 2012

- 01 Ontle™(Web-based Ontology Editing : 웹기반의 온톨로지 편집 운영 시스템) 특허 등록
- 11 학연 교류 협정서 체결(영남대학교, 한양대학교, 충북대학교, 전북대학교, 성균관대학교, 상명대학교)

## 2013

- 07 KinMatch™(DNA 검색방법) 특허 등록
- 10 2014년 전문연구요원(병역특례) 병무청 지정 연구기관 선정
- 11 한국식품연구원 전통식품의 역사·과학적 근거기반의 ICT 융복합 콘텐츠 활용시스템 및 정보 표준화 사업 수행(바이오 빅데이터 사업)

## 2014

- 01 고추 유전체 염기서열 분석 'Nature Genetics' 공동 저자 등재(농촌진흥청 주관 차세대 바이오 그린 21 사업)
- 03 연구개발서비스업 신고 등록
- 08 공공데이터 예비 유망기업 선정
- 12 흥덕IT밸리 사옥 입주

## 2015

- 01 고용노동부 선정 강소기업 확인 인증
- 09 ㈜인실리코젠 대전지사 확장 이전
- 10 한우 유전체 심포지엄 주최 (농림수산식품기술기획평가원, 경상북도 후원)
- 11 자본금을 2억원으로 증자
- 12 人CoFLEX 개소

## 2016

- 02 병무청 지정업체 관리 우수업체 선정 경기지방 중소기업청장 표창
- 07 개인 형질 맞춤형 식이 성분 정보 제공을 위한 형질-화학물질 네트워크 기반 모델 개발 국내 특허 등록

## 2017

- 03 2017년 성실납세자 선정
- 08 신용보증기금 BEST 서비스기업 선정
- 11 iF(INSILICO FOOD) 상표등록

## ...

## 2018

- 01 청년친화강소기업 선정 (고용안정 우수)
- 03 빅데이터 기반의 고객 맞춤형 서비스 플랫폼 구축 MOU 체결(㈜광동제약)
- 12 해양수산부장관 표창장 수상 (국가수산생물방역통합시스템 구축 사업)

## 2019

- 01 헬스케어 힐링 융합 비즈니스 생태계 구축사업 MOU 체결 ((재)강릉과학산업진흥원)
- 04 농촌진흥청 국립축산과학원 IncoGWAS 기반 동물 유전체 빅데이터 플랫폼 워크샵 실시 (출시행사)
- 11 멀티오믹스 데이터와 생존분석을 위한 표적 유전자 스크리닝 방법 및 스크리닝 장치 국내특허등록
- 12 해양수산부장관 표창장 수상

## 2020

- 01 청년친화 강소기업 선정 (일생활균형우수)
- 03 체형 및 대사 감수성 SNP 마커 및 진단정보 제공방법 국내특허 등록
- 12 농림축산식품부 장관상 수상

## 2021

- 01 청년친화 강소기업 선정 (임금우수/일생활균형우수)
- 06 중소벤처기업부 장관표창
- 06 과학기술정보통신부 우수 기업연구소 지정

## 2022

- 01 청년친화 강소기업 선정 (일생활균형 우수)
- 04 농림축산식품부 농림축산식품기술 기획평가원 (IPET) 디지털육종전환 기술개발사업 수주
  - 온톨로지 기반 데이터 아카이빙 기술개발 (주관 연구, ~ 2024.12)
  - 무, 오이, 호박의 표현체 및 유전체를 이용한 육종 예측모델 개발 (공동 연구, ~ 2024.12)

## 2023

- 01 청년친화 강소기업 선정 (임금 우수)
- 07 카메라 결합형 소도체 등심 영상 촬영기 국내특허 등록
- 11 '제28회 농업인의 날' 대통령 표창 수상

## 2024

- 01 청년친화강소기업 선정 (일생활균형 우수)
- 06 과학기술정보통신부 우수 기업연구소 2회 연속 지정
- 06 대통령소속 농어업 농어촌특별위원회 바이오경제특별위원회 위원 위촉
- 08 품종 식별이 가능한 유전마커 선발 시스템 및 이를 이용한 품종 식별방법 특허 등록
- 12 2024 참 괜찮은 중소기업(참! 기업) 선정

# 협력을 넘어
# 동반성장의 파트너로!

세계적으로 유수한 생물정보 연구 및 개발 그룹과의 인적·기술적 네트워크와
실시간 업무협력체계를 구축하여 제품개발 및 서비스를 향상하고 있습니다.

## 데이터 생산

㈜디엔에이링크
㈜랩지노믹스
㈜마크로젠
인바이츠바이오코아㈜
(재)서울의과학연구소
㈜셀레믹스
㈜시선바이오머티리얼스
씨제이바이오사이언스㈜
아주대학교 의료원
강남위담한방병원
㈜에스에프씨

## 데이터베이스 & H/W

㈜뮤텍소프트
대원씨티에스㈜
㈜씽크테크
㈜지니온
㈜미소정보기술
네이버
델코리아
오라클 코리아
인텔 코리아
한국IBM
레노버코리아
아마존코리아

## 데이터 분석

Biobase(QIAGEN)
BioBam Bioinformatics S.L.
Biomax Informatics AG
CLC bio(QIAGEN)
Gene Codes Corporation
geneXplain GmbH
Ingenuity(QIAGEN)
OmicSoft Corporation(QIAGEN)
Petagene
써모피셔사이언티픽코리아㈜
한국애질런트테크놀로지스

## 세일즈 & 마케팅

(유)퀴아젠코리아
써모피셔사이언티픽코리아㈜
㈜한독
㈜바이오플러스
㈜벤텍사이언스
㈜다윈바이오
㈜파이지노믹스
이룸바이오
한올
바이온텍

## 인재양성

가천대학교
강원대학교
건국대학교
경희대학교
상명대학교
성균관대학교
세종대학교
숙명여자대학교
순천향대학교
숭실대학교
아주대학교
영남대학교
중앙대학교
전남대학교
전북대학교
충남대학교
충북대학교
한양대학교

# 데이터 생산·분석·관리부터 교육까지 데이터를 효과적으로 활용할 수 있도록 통합 생물정보 서비스 제공합니다.

생물정보 기술을 기반으로 연구자들이 보다 정밀하고 효율적으로 데이터를 분석하고 활용할 수 있도록 지원합니다.
NGS 기반 유전체, 전사체, 단백체 등 멀티오믹스 데이터 분석 서비스를 제공하며, 연구 목적에 맞춘 맞춤형 서비스를 통해 생물정보 연구의 정밀도를 높입니다.
또한, 연구자가 데이터를 직접 분석하고 활용할 수 있도록 생물정보 소프트웨어, 컨설팅, 교육이 결합된 통합 솔루션을 제공합니다.

생물정보, 빅데이터, AI 기술을 융합하여 연구자가 최적의 분석 환경을 구축하고, 보다 정확한 바이오 연구를 수행할 수 있도록 지속적으로 지원하겠습니다.

Analysis | Solution | Education | SI

Analysis

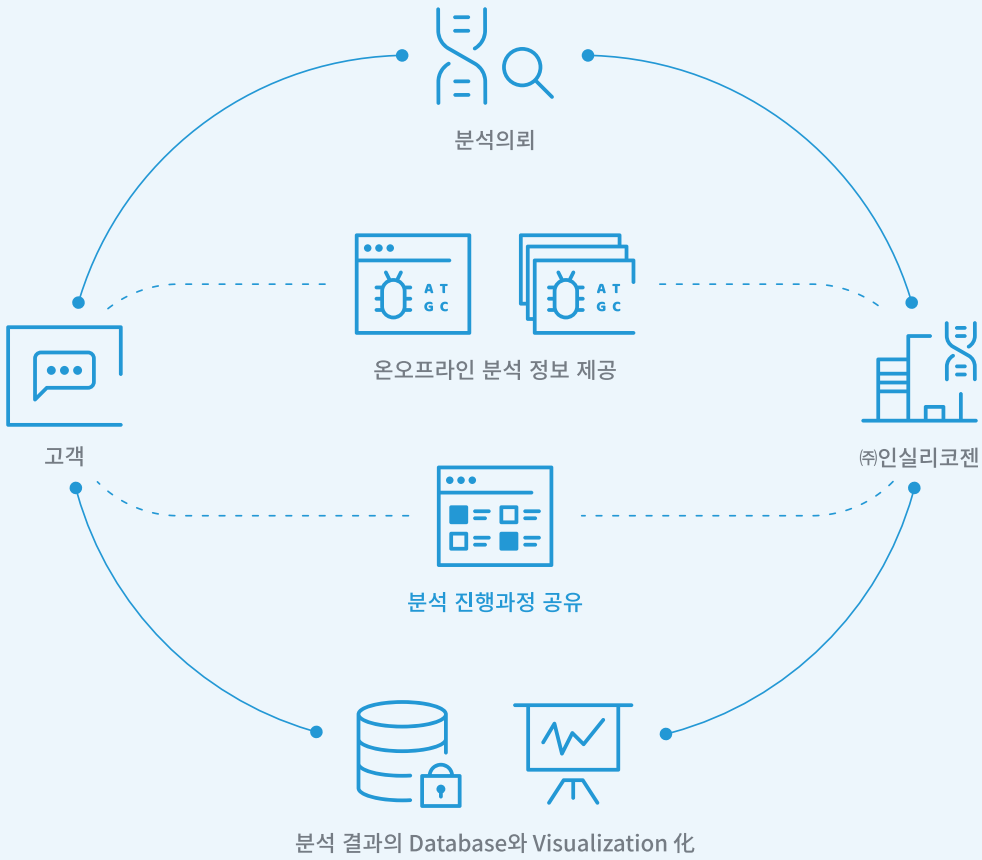
# 국내·외 최고의 생물정보 전문가가 빠르고 신뢰도 높은 맞춤형 생물정보 분석 서비스를 제공해 드립니다.

유전체, 전사체, 변이체 분석을 포함한 생명과학 전 분야에 걸쳐
NGS (차세대염기서열분석) 기반의 생물정보 분석 서비스를 제공하며,
고객의 요구와 목적에 맞는 방법론을 제시하고 그 결과로 고객과 대화합니다.

60여 명의 생물정보 전문 인력과 국외 협력 기관이 다년간 구축한
생물정보 분석 파이프라인 및 지식을 통해 고객의 목적에 최적화된 서비스를 제공합니다.
해석하기 어려웠던 기존 데이터부터 특화된 새로운 연구 분야까지 일원화된 서비스를 경험하십시오.

**70종 유전체 해독 500TB 원천 데이터 분석**

한우, 전복, 광어, 우럭, 고추, 고구마, 오이, 참 돔, 버섯 등




## 인간

인간 질병 연관 분석, 유전자 네트워크 및
분자기전 연구

## 동물 & 식물

유용 형질 관련 유전자 변이 및
발현 분석

## 미생물

유전체 프로젝트, 유전자 구조 및
기능 분석, 메타게놈 분석

## 전사체 분석

01 노화로 인한 근감소증 예방 중재 지표 발굴을 위한 인체근육에서의 차등발현 유전자 네트워크 분석
02 단백질 제제 처리에 따른 PBMC 초기반응 전사체 발현 분석
03 두경부암 방사선 내성 세포주 전사체 분석
04 인간 Brain tumor & Senescence 전사체 발현 연관성 분석
05 한우 전사체 분석 및 면역 관련 Pathway 분석
06 Genetically modified mouse(GEM) RNA-seq 분석
07 *Equus ferus caballus* 전사체 분석을 통한 유용 유전자 발굴
08 참전복/까막전복의 전사체 비교 분석
09 꽃노랑총채벌레의 표준전사체 어셈블리 및 annotation
10 닭의 조건별 small RNA(piRNA/miRNA) 발현 분석
11 국내 견종에 대한 잠조 EST 구축
12 왕지네 전사체 분석 및 신규 AMP 발굴
13 바퀴벌레 전사체 분석 및 신규 AMP 발굴
14 쥐오줌풀 표준전사체 어셈블리 및 발현 분석
15 돌돔, 조피볼락, 참돔, 숭어 병원성 미생물감염에 따른 전사체 분석
16 잔디 표준 전사체 분석 및 유용 유전자 DEG/Pathway 분석
17 벼의 엽색 관련 유전자 발현 분석
18 방사선 조사에 따른 애기장대 발현 분석
19 인삼 전사체 분석
20 Bostrychia 표준전사체 어셈블리 및 발현분석
21 느타리버섯 성장단계별 발현 및 생물정보학적 기능 분석
22 *Fusarium*의 유성, 무성 생식 관련 유전자 발현 분석

## 변이 분석

01 KoGES GWAS 분석 기반 뇌혈관 질환 연관 유전변이 탐색
02 양귀비 품종 구분을 위한 전사체 기반 변이 분석
03 HIV 바이러스 비교유전체 분석
04 도라지 엽색 판별 마커 및 기계학습 모델 개발
05 반려견 퇴행성 질환 조기진단 마커 개발
06 한국인 유방암 WES 변이 분석
07 밤나무 품종간 변이 및 육종 마커 분석
08 전복 집단(육종) 변이 마커 분석
09 미역 집단 분석
10 한우 변이 분석 및 유용 유전자 발굴
11 재래닭 품종간 변이 분석
12 메추라기 종간 변이 분석
13 선충 비교 유전체 분석
14 유방암 / 위암 methylation / mRNA / miRNA chip 분석
15 벼 품종간 변이 분석 및 유용 유전자 발굴
16 배추 SNP 분석 및 마커 분석
17 고추 품종 간 SNP 분석 및 마커 분석
18 양상추 품종 판별 마커 분석
19 황기 원산지 판별 마커 분석
20 Brucella(미생물) 6종간 판별 마커 분석

## 유전체 분석

01 오이흰가루병(균류) 유전체 분석
02 결명자 유전체 분석
03 붉바리, 말쥐치, 미꾸라지, 뱀장어, 강도다리, 명태, 빙어, 흰동가리 유전체 분석
04 혈액기반 생체시료 NGS 분석 파이프라인 및 임상 레포팅 시스템 개발
05 해수/담수 이매패류 유전체 분석
06 참전복(해양생물종) 유전체 분석
07 쯔쯔가무시병 매개 털진드기(거미강) 유전체 분석
08 메추라기 (조류) 유전체 분석
09 밍크 고래(포유류) 유전체 서열 분석 및 변이 분석
10 고추, 배추, 고구마 (식물) 유전체 내 유전자 구조 분석
11 홍조류(개꼬시래기, 우뭇가사리, 김) 및 갈조류(미역류) 유전체 분석
12 Xylaria(균류) 유전체 분석
13 깨씨무늬병 유발 병원체(균류) 유전체 분석
14 상황버섯(균류) 유전체 분석
15 Hansenula polymorpha(균류) 유전체 분석
16 Fusarium(균류)유전체 분석 및 종간 분석
17 돌돔, 참돔, 조피볼락, 숭어 (어류) 유전체 분석
18 왕지네 (다지류) 유전체 분석

## 단일 세포 분석

01 저선량 방사선 치료에 의해 매개된 LPS 유도 급성 폐 손상 완화의 단일세포 전사체 분석

## 비교유전체 분석

01 결명자 유전체의 진화론적 연구
02 다시마류 13종 유전체의 진화론적 연구
03 재배 오이 품종의 비교 유전체
04 유산균종들의 판지놈 분석

## 후성유전체 분석

01 참전복 고수온내성/비내성 집단 methylation 비교 분석
02 한우 multi-omics(RNA/MBD-seq) 분석
03 한약재 처리 관리 multi-omics(RNA/Epic850k) 분석
04 Cancer Stem Cell(CSC) Histone CHIP-seq 분석
05 마우스 WGBS 분석

Solution

# 연구에 최적화된 분석 인프라를 제공하여 연구 속도를 높입니다.

연구자가 직접 분석할 수 있는 인프라를 제공합니다.
세계적으로 인정받는 생물정보 솔루션을 국내에 공급하며,
연구자가 쉽게 활용할 수 있도록 컨설팅과 교육을 함께 제공합니다.

120개 기관 · 100,000명 고객확보

CLC Genomics Workbench · Omics Box · HGMD · Ingenuity Pathway Analysis · OmicSoft · QCII

## 소프트웨어

연구자의 연구 목적에 맞는
소프트웨어 컨설팅 및 제공

## 하드웨어

연구 환경에 맞는 최적화된
하드웨어 컨설팅 및 제공

Education

# 人Co가 만들어 가는 교육 프로그램은 생물정보학 발전의 원동력입니다.

국내 연구기관과 기업이 요구하는 최신 실무 교육을 통해, 바이오 연구개발을 선도할 현장 맞춤형 인재를 양성합니다.
전산 기반 분석, 유전체·전사체 연구, 프로그래밍 등 다양한 분야의 전문가가 맞춤형 커리큘럼을 설계하며,
이를 바탕으로 최신 생물정보 솔루션을 활용한 실습 중심 교육을 제공합니다.

50개 기관 · 10,000명 인력 양성

ACO SEMINAR

## 인코세미나

최신 생물정보학 트렌드 및
기술 공유를 위한 정기 세미나

ACO WORKSHOP

## 인코워크숍

실무 중심 생물정보 분석
역량 향상을 위한 전문 워크숍

ACO INTERNSHIP

## 인코인턴십

바이오 연구개발 기초를 익히는
생물정보 인재 양성 실습 프로그램

inco EDU

## 인코에듀

기초부터 심화까지 다양한 강의를
제공하는 온라인 생물정보 교육 플랫폼

kobic EDUCATION CENTER

## 차세대 생명정보학 교육 워크숍

국가생명연구자원정보센터
(KOBIC)와 협업

SI

# 시스템에 정보를,
# 정보에 생명을 불어넣는
# 지식 정보화를 선도합니다.

㈜인실리코젠의 데이터 통합 사업은 20여 년간의 구축과 분석 경험을 기반으로
유전체·오믹스 데이터 통합, 데이터 바이오 분석, 온톨로지 기반 아카이빙 등
연구 데이터의 활용도를 극대화하는 플랫폼을 제공합니다.

연구기관 및 기업과 협력하여 데이터 품질과 신뢰도를 높이는 생물정보 플랫폼을 구축하며,
정확한 데이터 관리와 체계적인 분석 환경을 통해 연구의 생산성과 효율성을 향상시킵니다.

과학기술정보통신부 · 농림축산검역본부 · 농촌진흥청 · 보건복지부 · 환경부
산업통상자원부 · 중소벤처기업부 · 통일부 · 해양수산부 · 행정안전부 · 질병관리본부 KCDC
농촌진흥청 국립농업과학원 · 환경부 국립생물자원관 · 해양수산부 국립수산과학원 · 경찰청 · 대한민국 국방부
국립해양생물자원관 · 국방부조사본부 · 보훈공단 중앙보훈병원 · 축산물품질평가원
KISTI 한국과학기술정보연구원 · 한국생명공학연구원 · KFRI 한국식품연구원 · KAERI 한국원자력연구원

### 41개 기관 60개 시스템 구축

CODA, NABIC, MAGIC, 치매빅데이터플랫폼 AIzNAVi, 6.25 전사자 및 실종아동찾기 유전 정보 검색시스템 등

## SI(SYSTEM INTEGRATION)

### 유전체·오믹스 데이터 통합 플랫폼

다양한 유전체 및 오믹스 데이터를
표준화 및 통합하여 연구 효율성 극대화

- 데이터 표준화를 통해 연구 간 데이터 일관성 확보
- 대규모 연구 프로젝트에서 데이터 공유 및 협업 지원
- 분석 및 검색 최적화로 연구 효율성 향상

### 데이터 바이오 분석 시스템

다양한 연구 데이터를 연동하여
분석할 수 있는 연구 환경 구축

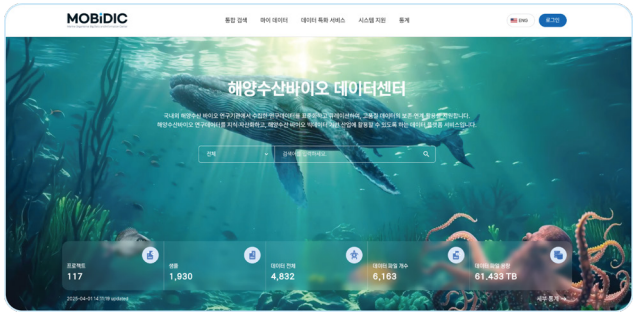
- 연구 데이터의 신뢰도를 높여 정확한 분석 결과 제공
- 체계적인 분석 환경으로 연구 데이터 관리 효율성 강화
- 데이터 시각화를 통해 직관적인 해석 지원

### 온톨로지 기반 아카이빙 플랫폼

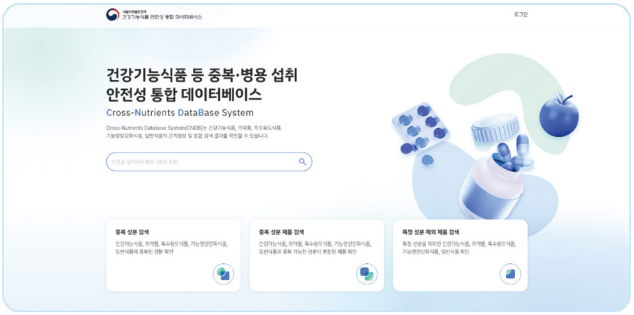
연구 데이터를 의미론적으로 정리하고
구조화하여 지식 활용도 향상

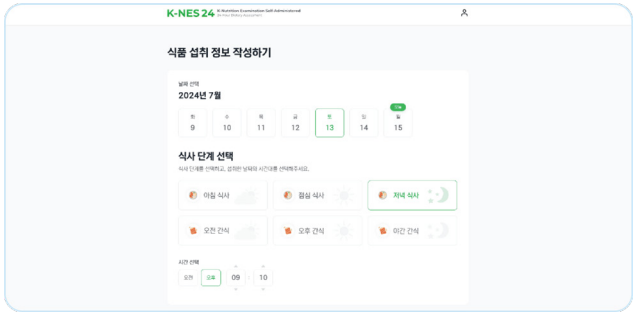
- 의미론적 검색을 통해 원하는 데이터에 빠르게 접근
- 기계학습 최적화 및 AI 기반 분석 지원
- 데이터 간 연관성을 명확히 정의하여 활용도 극대화

## SYSTEM SCREEN EXAMPLE

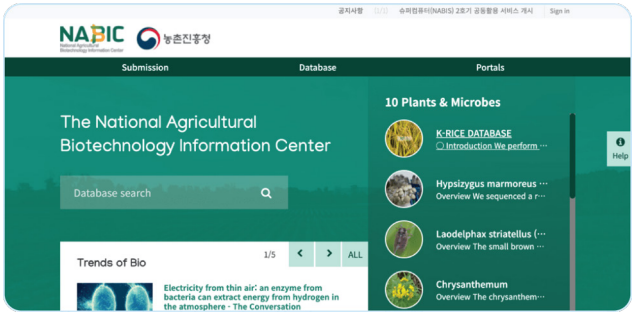











## 통합정보시스템 구축

[질병관리청] 임상 유전체생명정보시스템(CODA)
[질병관리청] 희귀질환 임상유전체 관리시스템 구축
[국가생명연구자원정보센터] 바이오 연구데이터 품질관리 시스템 구축
[국립해양생물자원관] 해양수산바이오 데이터센터 플랫폼 개발
[국립농업과학원] 농업생명공학정보시스템(NABIC)
[국립수산과학원] 국가수산생물방역 통합시스템 구축
[한국원자력연구원] 식품·검역 방사선 반응 데이터 표준화 및 관리시스템 구축
[(재)강릉과학산업진흥원] 개인 맞춤형 건강관리 서비스 플랫폼 구축
[한국식품연구원] 식품한의안전 융합콘텐츠 기반의 건강식이 정보제공을 위한 식치 통합정보시스템 고도화 사업
[국립문화재연구소] 고대유전자원정보시스템
[국립축산과학원] 가축유전자원종합관리시스템
[국립축산과학원] 동물유전체정보시스템
[국립문화재연구소] 고대 인골 형질 인류통합정보시스템

## 오믹스 분석 및 관리 시스템 구축

[질병관리청] 코로나19 확진자 멀티오믹스 정보분석시스템 구축
[국립문화재연구소] 고고생물 대용량 유전정보 DB 시스템
[KISTI] 웹기반 멀티오믹스 통합분석 인터페이스
[KISTI] 국제 협력 연구지원을 위한 차세대 바이오 연구분석 기술
[KISTI] 사용자 맞춤형 차세대 유전체 데이터 통합 분석 시스템

## 유전자원 관리 및 데이터베이스 구축

[가천대학교 매디컬캠퍼스] 코로나19 후유증 관련 중개연구를 위한 의료데이터베이스 구축
[국가생명연구자원정보센터] 유전체 등록 관리시스템 구축
[질병관리청] Kor-GLASS 통합데이터베이스 구축
[식품의약품안전처] 식중독균통합정보 DB시스템
[질병관리청] 바이러스 유전자 DB 고도화
[질병관리청] 식중독 바이러스 감시망 운영시스템 및 유전자 분석 모듈 개발
[질병관리청] 신경계 바이러스 유전자 DB 기능 개선 및 확장
[농림축산검역본부] 유전자 변이관리시스템
[국립수산과학원] 수산생물 단일염기 정보관리시스템
[질병관리청] 급성설사 원인병원체 실시간 DB 운영을 위한 시스템
[농림축산검역본부] 유전자분석 결과 및 DB 관리시스템
[국립축산과학원] 생명자원통합 DB
[국립문화재연구소] 고인골 Y-SNP 및 고고 생물 유전정보 DB 시스템
[한국생명공학연구원] 유전자 변형 마우스 데이터 수집 전산시스템

## 바이오뱅크 시스템 구축

[중앙보훈병원] 바이오뱅크 및 유전체 정보관리시스템

## 이력관리 시스템 구축

[전라남도 신안군] 신안 천일염 명품화를 위한 생산이력 관리시스템
[남원 친환경 흑돈 클러스터 사업단] 친환경 고원흑돈 이력관리 추적시스템
[한경대학교] 늘푸름 홍천한우 RFID 이력 정보관리시스템
[축산물품질평가원] 스마트 쇠고기 이력 시스템 고도화
[전남대학교] 녹색한우 개체 관리 시스템
[한경대학교] 장수군 개체 관리 시스템

## 대용량 데이터베이스 구축 및 분석

[KISTI] 분산처리기반 바이오 네트워크 빅데이터 통합분석시스템
[국방과학연구소] 미지작용제 통합검증시스템
[KISTI] 치매 데이터 네트워크 내비게이션 프로그램 및 분석 통합 플랫폼
[KISTI] 천문 우주 데이터 분석 클라우드 사용자 인터페이스
[KISTI] 단백질 상호작용 및 전산모사 통합관리 시스템
[KISTI] 가상 클러스터 관리 서비스를 위한 사용자 인터페이스
[KISTI] 뇌영상 정보추출 응용 분석을 위한 자원 관리 포털 시스템
[국립해양생물자원관] 국가해양수산생물유전체 정보 관리 시스템

## 유전자검사시스템 구축

[행정안전부] 강제동원 희생자 유전DNA 식별정보 DB 구축
[통일부] 이산가족유전정보 DB
[KISTI] 웹기반 멀티오믹스 통합분석 인터페이스
[축산물품질평가원] 쇠고기 이력제 실험실 정보관리시스템
[국방조사본부] 6.25 전사자 신원확인 유전자 정보시스템
[국립과학수사연구원] 실종아동등 찾기 유전자정보 검색시스템

## 표본관리 및 유전자 바코드

[국립생물자원관] 야생생물 통합 유전정보 시스템
[국립수산과학원] 해양 생물 표본확보 DB 및 관리시스템
[충남대학교] 해양생명자원기탁 등록기관 통합관리시스템
[국립농업과학원 농업유전자원센터] 농업유전자원 바코딩 시스템

# 데이터를 넘어 지식이 되기 위한 과정에 인공지능 기술이 함께합니다.

인공지능(AI)은 바이오에서 핵심 역할을 하며, 특히 딥 러닝과 거대 언어 모델(LLM)의 발전은 데이터 해석과 연구 효율성을 획기적으로 향상하고 있습니다. 바이오 빅데이터는 멀티 오믹스, 학술 문헌, 의료 영상 등 복합적인 데이터를 포함하며, AI는 이를 분석하여 의미 있는 지식으로 변환하는 데 필수적인 도구로 활용됩니다.

인실리코젠의 AI 기술은 시계열 데이터, 의료·약학 분야의 대규모 비정형 데이터, 영상 분석을 지원하며, 구조화 및 기계 학습을 통해 숨은 패턴과 통찰을 발견합니다. 또한, 거대 언어 모델(LLM)과 검색 증강 생성(RAG) 기술을 결합하여 실시간 데이터 해석, 문헌 요약 등 연구 효율성을 극대화합니다.

우리는 AI 기반 데이터 분석을 통해 생명과학 연구의 혁신을 주도하며, 정밀한 의사결정을 위한 최적의 AI 솔루션을 제공합니다.

## 시맨틱 모델링

생물정보 데이터를 의미론적으로 구조화하여 연구 효율을 극대화하고 표준화된 데이터 해석 환경 구축

## 머신러닝

유전체, 전사체 등 대규모 생물정보 데이터를 학습하여 패턴을 분석하고 예측 모델 생성

## 딥러닝

신경망 기반의 고도화된 분석 기법을 활용하여 복잡한 생물학적 데이터를 처리하고 유전자 기능 도출

## incoLLM

### 생물정보 특화 생성형 인공지능 플랫폼

해당 플랫폼은 생명과학 연구에서 문헌 탐색, 데이터 기반 지식 추론, 분석 자동화, 맞춤형 정보 생성 등을 지원하는 도구로, 도메인 특화 LLM 개발, RAG 기반 지식 추론 시스템, 맞춤형 LLM 챗봇 애플리케이션을 주요 기능으로 제공합니다. LLM 개발은 분야별 전문 지식에 최적화된 언어모델을 구축하는 것을 목표로 하고, RAG 기반 지식 추론 시스템은 벡터 DB 및 실시간 API 기술을 통해 정확한 정보를 체계화하고, LLM의 정확한 질의응답을 지원합니다.

- Large Language Model
- PEFT
- RAG
- LangChain
- Vector DB

## incoCV

### 인공지능 영상 인식·분할·탐지

다양하게 수집된 영상 이미지를 컴퓨터 전처리 기술을 통해 이미지를 일반화하여 영상 속 객체를 실시간으로 탐지할 수 있는 영상 인식 기술과 영상 속에서 필요한 영역을 분할하는 영상 분할 기술과 같은 최신 딥러닝 알고리즘을 적용할 수 있습니다. 자동 영역 인식을 위한 영상 영역 레이블링을 할 수 있는 인터페이스를제공합니다.

- OpenCV
- Image Detection (YOLO v3)
- Image Classification
- Image Segementation (U-Net)

## incoRECOM

### 인공지능 추천 시스템

기존 Collaborative Filtering과 Content-based Filtering을 넘어 기존 머신러닝과 딥러닝을 결합한 최신 추천 시스템 알고리즘을 토대로 기업 내 상품들을 고객 맞춤형으로 추천해주는 솔루션을 제공합니다. 상품 메타정보와 고객 메타정보, 그리고 목표 지표 정보를 활용하여, 목표 지표를 달성할 수 있는 최적의 추천 결과를 제공합니다. 해당 솔루션은 상품뿐만 아니라 콘텐츠 선호도 등 다양한 분야에서 추천 시스템을 활용하여 높은 효과를 누릴 수 있습니다.

- Wide & Deep Learning for Recommender System
- Deep FM
- AutoRec
- KGCN

## 연구과제 및 사업수행

[질병관리청] 거대 언어 모델을 활용한 인공지능 기반 유전변이 분석 지원 알고리즘 개발
[삼성서울병원] 임상, 오믹스 아카이브 구축
[질병관리청] 코로나19 멀티오믹스 등 데이터 개방 및 통합 분석을 위한 데이터 전처리 프로세스 구축
[질병관리청] 헬스케어 데이터 분석을 위한 시각화 및 대규모 컴퓨팅 기반 인공지능 파이프라인 구축
[㈜로완] 인공지능 기반 치매 디지털 치료제 개인화 추천 시스템 구축
[국립수산과학원] 기계학습 기반 넙치 성장 예측 모형 구축
[축산물품질평가원] 인공지능 기반 한국형 소도체 기계화 품질평가 시스템 구축
[디이프] 식품영상 객체 탐지 및 분류모델 구축
[국립문화재연구소] 목조문화재 흰개미 피해 예측 기계학습 모델 수립
[축산물품질평가원] 한우등심 영상 분석(딥러닝)을 통한 품질 지표 추정
[국립축산과학원] 반려견 퇴행성 유전질환 조기진단 마커를 기계학습 기술을 이용하여 발굴
[국립수산과학원] 전복 고수온내성 예측 기계학습 모델 개발
[환경부] 환경유해물질-유전체 지식베이스 구축 및 시맨틱 기반기술 개발
[환경부] 독성유전체학을 이용한 중금속 독성 지표의 발굴
[식품산업기술지원센터] 한식 및 한식원료의 건강기능, 문화, 지리적 우수성에 대한 총괄분석
[한국식품연구원] 전통식품 시맨틱 데이터베이스설계 분석 프로그램
[한국식품연구원] 한식전문 온톨로지 및 시맨틱 데이터베이스 구축
[부산대학교] 항노화 노화분자네트워크데이터베이스 구축
[한국식품연구원] 식품정보 통합 분석을 통한 인실리코푸드 파일럿 시스템 개발
[광동제약㈜] iF DB 기반 건기식 복잡계 DB 구축 및 h파일럿 시스템 개발

## 특허 및 프로그램 등록

[특허 등록 10-2697335] 품종 식별이 가능한 유전마커 선발 시스템 및 이를 이용한 품종 식별방법
[특허 출원 10-2021-0168283] 골다공증 위험도 예측 시스템
[특허 등록 10-2118103] 한우 등심 영상정보를 이용한 근내지방 섬세도 측정방법
[특허 등록 10-2067076] 반려견 슬개골 탈구증 예측 및 진단용 바이오마커 조성 및 진단 방법
[특허 출원 10-2019-0023081] 폐암 진단용 바이오 마커 조성
[특허 출원 10-2019-0025109] 바코드 서열 정보 기반 고민감도 유전변이 탐지 및 레포팅 시스템
[특허 출원 10-2019-0155754] 반려견 퇴행성 유전질환 예측 및 진단용 바이오마커 조성 및 진단 방법
[특허 등록 10-1107582] 웹기반 온톨로지 편집 운영 시스템
[프로그램 등록 2011-01-121-005389] Smart-TGM 중금속 독성지표 발굴 도구
[프로그램 등록 2011-01-129-001569] WeightViz 가중치별 가시화도구
[프로그램 등록 C-2014-030421] 개인유전체 기반의 비만위험도 계산 프로그램
[PCT 출원 pct110125] 웹기반 온톨로지 편집 운영 시스템
[특허 출원 10-2014-0163505] 개인형질 맞춤형 식이성분 정보제공을 위한 형질-화학물질 네트워크 시스템 및 제공방법
[특허 출원 10-2014-0170397] 개인 유전체 기반의 비만 위험도 분석 시스템 및 방법
[특허 출원 10-2015-0156844] 개인 유전형 및 표현형 정보를 고려한 맞춤형 식품정보 추천 시스템

# AI와 빅데이터를 활용한 데이터 기반 개인 맞춤형 식품 정보를 제공하는 혁신적인 식품 솔루션입니다.

데이터를 기반으로 최적화된 영양 성분을 추천하고, 개인화된 건강 관리를 지원합니다.
10여 년간 농촌진흥청, 식품의약품안전처, 미국 국립보건원(NIH)에서 공개한 공신력과 신뢰성 있는 과학 정보를 수집하여 유전자, 생리활성, 대사물질 식품 등 도메인별 표준체계로 실질적 산업 표준을 준용하여 2,800만 건의 바이오 식품 빅데이터를 기반으로 정확한 정보를 제공합니다.

## 정밀 영양 및 헬스케어

개인 맞춤형 영양 관리로 질병 예방과 건강한 삶을 지원하는 정보 제공

## 맞춤형 건강기능 식품 및 식단

건강기능 식품 개발과 개인 맞춤 식단 정보 제공

## 노인 및 특수 계층의 식이 관리

당뇨, 고혈압 등 만성질환자와 노인을 위한 개인 맞춤형 식이 솔루션 제공

SOLUTIONS

## 맞춤형 식품 추천 솔루션

- 설문, 건강 목표 등 개인 건강 데이터를 기반으로 일품요리, 반찬, 국/찌개, 간식 등의 맞춤 음식 정보 제공
- 개인 건강 정보 기반 사용자 맞춤 정밀 식품 추천
- 추천된 식품 및 음식에 함유된 대사 성분 정보 제공

## 맞춤형 식단 추천 솔루션

- 일반 영양사와 협력할 수 있는 AI 식단 추천
- 지역, 환경, 식재료 비용 등 다양한 변화에 따라 유기적 맞춤형 식단 생성이 가능한 영양사 개인화 식단 추천

## AI 식단 처방 솔루션

- 환자별 알레르기 제한 식단 처방 및 내역 관리
- AI 생성 식단 영양 검토 지원
- 처방 식단별 환자의 식이 피드백
- 식단, 음식, 식품, 영양소, 알레르기 데이터베이스

OUR SERVICES

## 맞춤 식품/음식 추천 API

식품 및 건강 데이터를 연계하여
맞춤 영양 정보를 제공하는 API 서비스

## 생물 소재 기능성 성분 탐색

농수산 분야의 생물 소재로 부터
기능성 성분 탐색 및 목록화

## 건강기능식품 소재 발굴

심층 데이터 기반 건강기능식품 소재
데이터베이스화 및 효능 예측

ifood

### 대한민국 No.1 데이터 식품 추천 앱

ifood (아이푸드)는 만 6~11세 자녀가 있는
워킹맘 또는 주부를 위한 앱 서비스로 나와 우리
아이에게 맞는 음식과 식품을 추천해드립니다.

ifoodplan

### AI 기술로 완성된 맞춤형 단체급식 솔루션

ifoodplan (아이푸드플랜)은 다양한 식품 추천
서비스를 통해 쌓은 노하우를 바탕으로 전국
영양교사님들의 업무를 지원합니다.

# 앞으로의 종자 산업은 디지털 육종기술을 통해 양산되는 데이터 속에 미래가 있습니다.

㈜인실리코젠은 데이터 기반 육종을 통해 먹거리의 원천인 "씨앗"을 넘어 의약 및 바이오 소재, 에너지 분야의 고부가가치 원천 소재를 발굴해 낼 것입니다. 생물정보, 빅데이터, AI 기술을 융합하여 in silico 상에서 새로운 종자를 찾아 미래 바이오 산업의 근간이 될 가치를 찾는 데에 매진하겠습니다.

디지털 육종 사례집(Vol.1) 다운로드

디지털 육종 사례집(Vol.2) 다운로드

## 농업

데이터 육종을 통해
효율적인 품종 개량이 가능합니다.

## 수산업

경제형질 획득까지
소요되는 기간을 단축해 줍니다.

## 축산업

교배 시뮬레이션을 통해
최적의 형질 보전이 가능합니다.

SOLUTIONS

## 표현형-유전형 통합데이터 분석

- Genotyping 및 SNP chip 개발
- RIL 집단 변이 탐색
- 엘리트 계통 변이 탐색 및 계통간 친화도 산출
- 집단분석-PCA, STRUCTURE, Phylogeny
- MABC 마커 탐색 및 표현형-유전형 DB 구축

## 형질 예측을 위한 기계학습

- 유전형-표현형 연관 마커 탐색 (GWAS/FST)
- 마커별 유전력 지수 산출
- 기계학습 표현형 예측 모델 구축

## 육종을 위한 교배 시뮬레이션

- 육종가 산출 (GBLUP, ssBLUP, rrBLUP)
- 유효집단 수 산출
- 교배 시뮬레이션 및 교배 효율 검사

OUR SERVICES

## 표현형-유전형 맞춤 DB구축

표준화된 표현형,
유전형 빅데이터 설계 및 개발

## 형질 예측 모델링

데이터 육종 기반의 우수 개체
선발을 위한 기계학습 모델링

## 형질 예측

기계학습 모델을 이용한
유전형 기반의 표현형 예측

## 교배효율 예측

우수 형질 보전을 위한
교배 지침

## 맞춤형 데이터 분석

Bioinformatics 기반 *de novo*
유전체 해독 및 유용 유전자 발굴

## Genotyping

육종 최적화를 위한 맞춤형
유전형 분석 서비스

## 분자판별키트

신속한 경제형질(수량성, 내병성 등)
검정을 위한 분자판별키트 개발

# 인공지능을 활용한 정밀 분석으로, 안정적이고 효과적인 펩타이드를 신속하게 탐색합니다.

멀티 오믹스 데이터 연구를 기반으로 생물 유래의 수천만 개 천연 펩타이드를 선별합니다.
효능뿐만 아니라 잠재적 부작용까지 예측하여 위험 요소를 사전에 배제하고,
타겟 단백질과의 결합 친화도를 고려해 성공 가능성이 높은 펩타이드를 탐색합니다.
이를 통해 생물 소재의 가치를 혁신하고, 더욱 안전하고 신뢰할 수 있는 펩타이드 개발을 앞당깁니다.

## 친환경 바이오 소재

생물 유래 펩타이드 활용 항생제 대체제, 생체친화적 화장품 원료, 친환경 방제 소재 등 다양한 분야 활용

## 개인 맞춤형 치료제

개별 환자의 데이터를 분석해 맞춤형 펩타이드를 설계하고, 최적화된 치료 솔루션 제공

## 건강기능식품 기능성 원료

면역 강화, 항산화, 항염 등 다양한 효능을 가진 펩타이드를 선별하여 건강기능식품 기능성 원료 적용

SOLUTIONS

## ipep

- 생화학적 활성 모듈
- 머신 러닝 모듈
- 분자 도킹 모듈

OUR SERVICES

### 신약 후보 물질

항균, 항암, 항바이러스, 항염증 등 생리활성 펩타이드 선별하여 효율적인 신약 후보 물질 탐색

### 맞춤형 치료제

개별 환자의 유전 및 면역 정보를 분석해 맞춤형 펩타이드 치료제 설계

### 기능성 식품 원료

면역 증진, 항산화, 장 건강 개선 등의 효과를 지닌 기능성 펩타이드 소재 연구

### 생물학적 방제제

해충 및 병해의 친환경 방제를 위한 종 특이적 결합 펩타이드 설계 및 활용

### 바이오 화장품

항산화, 여드름 및 피부염 치료 등 다양한 피부 개선 효과를 지닌 펩타이드 원료 발굴

### 바이오센서/진단

신속하고 정확한 진단을 위한 바이오마커 펩타이드를 활용한 고감도 진단 센서 개발

### 생물적 환경 정화

미세플라스틱, 중금속, 독 등 오염물질을 분해하는 펩타이드 소재 연구

## 인증

01 청년 친화 강소기업 선정
고용노동부 2024.01.01 / 2026.12.31

02 전문연구사업자 신고(주문연구: 공학 연구개발업)
과학기술정보통신부 2022.06.27 / 2024.10.20

03 청년친화강소기업 선정(임금 우수)
고용노동부 2022.01.01 / 2023.12.31

04 우수 기업연구소 지정
과학기술정보통신부 2021.06.22 / 2024.06.21

05 직접생산증명(빅데이터분석서비스)
KBIZ 중소기업중앙회 2021.03.17 / 2023.03.16

06 직접생산증명(소프트웨어개발)
KBIZ 중소기업중앙회 2021.03.17 / 2023.03.16

07 청년친화강소기업 선정(임금우수/일생활균형우수)
고용노동부 2021.01.01 / 2021.12.31

08 경영혁신형 중소기업(MAIN-BIZ)확인
중소기업청장 2020.06.27 / 2023.06.26

09 청년친화강소기업 선정(일생활균형우수)
고용노동부 2020.01.01 / 2020.12.31

10 청년친화강소기업 선정(고용안전)
고용노동부 2018.01.01 / 2018.12.31

11 Best 서비스기업 선정
신용보증기금 2017.08.04

12 기업부설연구소 인정
한국산업기술 진흥협회 2007.06.18

## 특허 등록

01 품종 식별이 가능한 유전마커 선발 시스템 및 이를 이용한 품종 식별방법
(10-2697335) 2024.08.16

02 카메라 결합형 소도체 등심 영상 촬영기
(10-2554362) 2023.07.06

03 체형 및 대사 감수성 SNP 마커 및 진단정보 제공방법
(10-2093453) 2020.03.19

04 개의 슬개골 탈구증 예측 또는 진단용 바이오마커 조성물 및 이를 이용한 개의 슬개골 탈구증 예측 또는 진단방법
(10-2067076) 2020.01.10

05 멀티오믹스 데이터와 생존분석을 이용한 표적 유전자 스크리닝 방법 및 스크리닝 장치
(10-1107582) 2019.11.01

06 DNA 검색 방법
(10-1287400) 2013.07.12

07 웹 기반의 온톨로지 편집 운영 시스템
(10-1107582) 2012.01.12

## 수상

01 농업기술 발전 공로
대통령상 표창 2023.11

02 식품산업 발전에 이바지
농림축산식품부 장관상 수상 2020.12

03 해양수산업 발전 이바지
해양수산부장관 표창 2019.12

04 수산시험 연구 활성화 공로
해양수산부장관 표창 2018.12

05 병무청 지정업체 관리 우수업체
경기지방중소기업청장 표창 2016.02

## 상표 등록

01 iF®(INSILICO FOOD)
2017.11.01

## 프로그램 등록

01 KinMatch(혈연관계정보검색시스템) 외 76건 프로그램 등록

## 특허 출원

01 유전자 발현 정보 제공 장치 외 6건 출원

# 생물정보 지식연계 플랫폼,
# 월 평균 이용자 70,000명!

㈜인실리코젠의 생물정보 지식연계 플랫폼은 생물정보 분석을 위한
다양한 플랫폼과 온·오프라인 교육 프로그램을 연계하여 맞춤형 학습 경험을 제공합니다.
연구와 산업에 필요한 실질적 학습 환경과 콘텐츠를 지원합니다.

## 인코덤

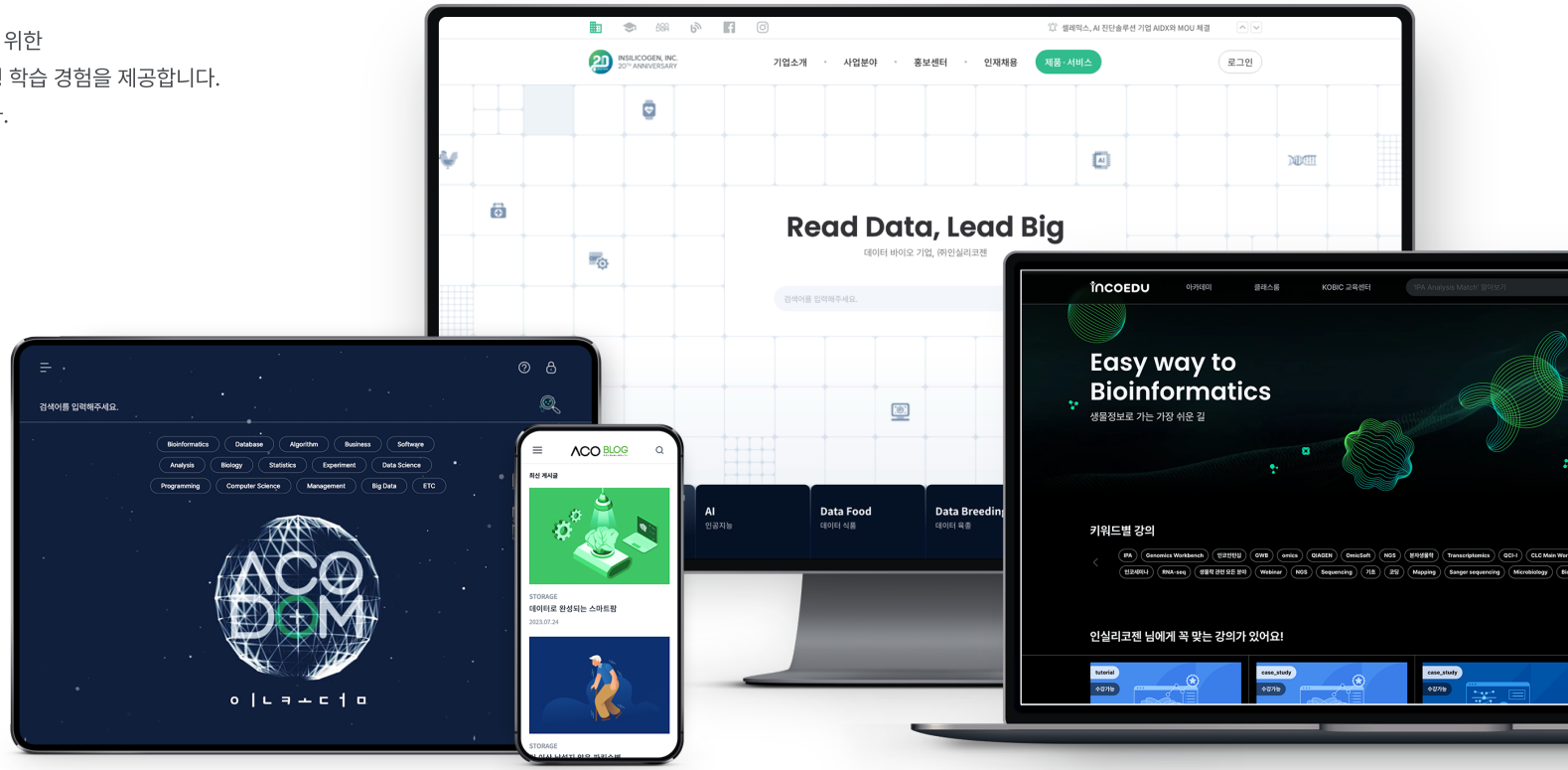
- 생물정보분야 지식공유채널
- 인코덤 콘텐츠 2,500여 편

## 인코블로그

- 생물정보분야 연구 동향 및 지식 공유 채널
- 인코블로그 500여 편

## 인코에듀

- 온라인 교육 플랫폼
- 오프라인 실습 교육과 연계된 통합 학습 경험 제공
  (신청, 수료증 발급, 사전 학습 및 복습 도구 포함)



01 Lee WY, Dinh PTN, Chung Y, Lee HJ, Koh YJ, et al. (2025) Precise phenotyping method using image data for carcass marbling score in Hanwoo cattle. PLOS ONE 20(1): e0318058. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0318058

02 Lee J-H, Son H, Subramaniyam S, Lim H-J, Park S, Choi R-Y, Kim I-W, Seo M, Kweon H-Y, Kim Y, et al. Impact of Edible Insect Polysaccharides on Mouse Gut Microbiota: A Study on White-Spotted Flower Chafer Larva (Protaetia brevitarsis seulensis) and Silkworm Pupa (Bombyx mori). Foods. 2025; 14(1):6. https://doi.org/10.3390/foods14010006

03 Choi J, Cho S, Choi S, Jung M, Lim Y-j, Lee E, Lim J, Park HY, Shin Y. Genotype-Driven Phenotype Prediction in Onion Breeding: Machine Learning Models for Enhanced Bulb Weight Selection. Agriculture. 2024; 14(12):2239. https://doi.org/10.3390/agriculture14122239

04 Zin H, Lim J, Shin Y, Kim B, Yoon M, Ha K, Cho S. Genomic Insights into Vibrio parahaemolyticus from Southern Korea: Pathogenicity, Antimicrobial Resistance, and Phylogenetic Distinctions. Microorganisms. 2024; 12(12):2497. https://doi.org/10.3390/microorganisms12122497

05 Kim, JW., Kim, J., Cho, J.Y. et al. Association Between Muscle Growth and Transcription of a Mutant MSTN Gene in Olive Flounder (Paralichthys olivaceus). Mar Biotechnol 26, 599–608 (2024). https://doi.org/10.1007/s10126-024-10322-y

06 Park H, Jung M, Lim Y, et al. Genome Resources for Identifying SNPs Associated With Eight Horticultural Traits in Commercial Korean Elite Radish (Raphanus sativus) Lines. Plant Breeding. Published online December 2024. doi:https://doi.org/10.1111/pbr.13250.

07 Park HY, Lim Y-j, Jung M, Sathiyamoorthy S, Heo SH, Park B, Shin Y.Genome of Raphanus sativus L. Bakdal, anelite line of large cultivated Korean radish.Front Genet. 2024 Jan 18;15:2024.doi: 10.3389/fgene.2024.1328050.

08 Noh ES, Subramaniyam S, Cho S, Kim Y, Park C, Lee J, Nam B, Shin Y. Genotyping of Haliotis discus hannai and machine learning models to predict the heat resistant phenotype based on genotype. Front Genet. 2023 Mar 31;14:1151427. doi: 10.3389/fgene.2023.1151427.PMID: 37065481.

09 Jung KW, Kim J, Jung HJ, et al. Curve Fitting Algorithm of Functional Radiation-Response Data Using Bayesian Hierarchical Gaussian Process Regression Model. IEEE Access. 2023;11:7109-7116. doi:https://doi.org/10.1109/access.2023.3237395.

10 Moon S-J, Choi H-J, Kye Y-H, Jeong G-Y, Kim H-Y, Myung J-K, Kong G. CTTN Overexpression Confers Cancer Stem Cell-like Properties and Trastuzumab Resistance via DKK-1/WNT Signaling in HER2 Positive Breast Cancer. Cancers. 2023; 15(4):1168. https://doi.org/10.3390/cancers15041168.

11 Malik A, Subramaniyam S, Kim CB,Manavalan B. SortPred: The first machine learning based predictor to identify bacterial sortases and their classes using sequence-derived information. Comput Struct Biotechnol J. 2022 Dec 14;20:165-174. doi: 10.1016/j.csbj.2021.12.014. PMID: 34976319; PMCID: PMC8703055.

12 Mi XJ, Tran THM, Park HR, Xu XY,Subramaniyam S, Choi HS, Kim J, Koh SC, Kim YJ. Immune-enhancing effects of postbiotic produced by Bacillus velezensis Kh2-2 isolated from Korea Foods. Food Res Int. 2022 Feb;152:110911. doi: 10.1016/j.foodres.2021.110911. PMID: 35181083.

13 Graf L, Shin YH, Yang JH, Hwang IK, Yoon-HS. Transcriptome analysis reveals the spatial and temporal differentiation of gene expression in the sporophyte of Undaria pinnatifida. Algal Research. 2022 Nov;68, 102883. doi: 10.1016/j.algal.2022.102883.

14 Kim C, Kim JS , Lee HJ, Seong B, Seo SW,-Son HJ , Jeon JH , Shin YH. Transcriptome analysis demonstrating the therapeutic effect of Tenodera angustipennis (Mantidis Ootheca) extracts on radiation-induced gonadal toxicity in mouse testis. Entomological Research. 2022 Jul 20; 52(7), 319-326. doi: 10.1111/1748-5967.12604.

15 Kwon YI, Lee JY, Park JH, Kim YM, Kim SH,Won YJ, Kim HY. Osteoporosis Pre-Screening Using Ensemble Machine Learning in Postmenopausal Korean Women. Healthcare. 2022 Jun 11; 10(6), 1107. doi: 10.3390/healthcare10061107. PMID: 35742158; PMCID: PMC9222287.

16 Lee CW, Cheon KS, Shin YJ, Oh HJ, JeongYM, Jang H, Park YC, Kim KY, Cho HC, Won YJ, Baek JH, Cha YS, Kim SL, Kim KH, Ji HS. Development and Application of a Target Capture Sequencing SNP-Genotyping Platform in Rice. Genes. 2022 Apr 28;13(5), 794. doi: 10.3390/genes13050794. PMID: 35627177; PMCID: PMC9141132.

17 신가희; 홍지만; 박서우; 강병철; 이봉문. 인체 유래 환경유해물질 노출에 따른 멀티 오믹스 데이터 통합 분석 가시화 시스템. 멀티미디어학회논문지. 2022; 25(2) 363-373.

18 Shin G, Hong J, Park S. Novel data archival system for multi-omics data of human exposure to harmful substances. Molecular & Cellular Toxicology. 2022;18(2):277-283. doi:https://doi.org/10.1007/s13273-022-00226-0

19 Noh ES, Kang BC, Kim J, Jeon JH, Kim YO,Byun SG, Kim WJ, Nam BH. Draft Assembled Genome of Walleye Pollock (Gadus chalcogrammus). Front Marin. 2022 Feb 16; 9:744941. Doi: 10.3389/fmars.2022.744941.

20 Shin Y, Noh ES, Jeon J-H, Shin G-H, Kim EM, Kim Y-O, Kim H, Jung H and Nam B-H (2022) First Draft Genome of a Mud Loach (Misgurnus mizolepis) in the Family Cobitidae. Front. Mar. Sci. 8:799148. doi: 10.3389/fmars.2021.799148.

21 Jo S, Seo S, Jung K, Bai H. Radiation-response data analysis using Bayesian nonparametric regression models with shape-restriction. J Kor Data & Infor. Sci. Soc. 2021; 32:1295.

22 Song K, Shin Y, Jung M, Subramaniyam S, Lee KP, Oh EA, Jeong JH, Kim JG. Chromosome-Scale Genome Assemblies of Two Korean Cucumber Inbred Lines. Front Genet. 2021 Nov 19;12:733188. doi: 10.3389/fgene.2021.733188. PMID: 34868208; PMCID: PMC8640492.

23 Xuan B, Park J, Choi S, You I, Nam BH,Noh ES, Kim EM, Song MY, Shin Y, Jeon JH, Kim EB. Draft genome of the Korean smelt Hypomesus nipponensis and its transcriptomic responses to heat stress in the liver and muscle. G3 (Bethesda). 2021 Sep 6;11(9):jkab147. doi: 10.1093/g3journal/jkab147. PMID: 33944944; PMCID: PMC8496316.

24 Whon TW, Ahn SW, Yang S, Kim JY, Kim YB, Kim Y, Hong JM, Jung H, Choi YE, Lee SH, Roh SW. ODFM, an omics data resource from microorganisms associated with fermented foods. Sci Data. 2021 Apr 20;8(1):113. doi: 10.1038/s41597-021-00895-x. PMID: 33879798; PMCID: PMC8058077.

25 Shin Y, Subramaniyam S, Chun JM, JeonJH, Hong JM, Jung H, Seong B, Kim C. Genome-Wide Differential Methylation Profiles from Two Terpene-Rich Medicinal Plant Extracts Administered in Osteoarthritis Rats. Plants (Basel). 2021 Jun 2;10(6):1132. doi: 10.3390/plants10061132. PMID: 34199631; PMCID: PMC8227118.

26 Yu GE, Shin Y, Subramaniyam S, KangSH, Lee SM, Cho C, Lee SS, Kim CK. Machine learning, transcriptome, and genotyping chip analyses provide insights into SNP markers identifying flower color in Platycodon grandiflorus. Sci Rep. 2021 Apr 13;11(1):8019. doi: 10.1038/s41598-021-87281-0. PMID: 33850210; PMCID: PMC8044237.

27 Kim S, Subramaniyam S, Jung M, Oh EA,Kim TH, Kim JG. Genome Resource of Podosphaera xanthii, the Host-Specific Fungal Pathogen That Causes Cucurbit Powdery Mildew. Mol Plant Microbe Interact. 2021 Apr;34(4):457-459. doi: 10.1094/MPMI-11-20-0307-A. Epub 2021 Mar 3. PMID: 33264046.

28 Lee JH, Jung M, Shin Y, Subramaniyam S, Kim IW, Seo M, Kim MA, Kim SH, Hwang J, Choi EH, Hwang UW, Hwang JS. Draft Genome of the Edible Oriental Insect Protaetia brevitarsis seulensis. Front Genet. 2021 Jan 13;11:593994. doi: 10.3389/fgene.2020.593994. PMID: 33519896; PMCID: PMC7838600.

29 Lee SC, Lee JW, Lee DH, Huh MJ, NamI, Park JH, Jung M, Park IK. Identification of Sex Pheromone Components of Korean Dioryctria abietella (Lepidoptera: Pyralidae) Population and Synergism of Pheromone and Pine Cone Volatile Blends. J Econ Entomol. 2021 Dec 1:toab227. doi: 10.1093/jee/toab227. Epub ahead of print. PMID: 34865067.

30 Jeong GY, Park MK, Choi HJ, An HW, ParkYU, Choi HJ, Park J, Kim HY, Son T, Lee H, Min KW, Oh YH, Le e JY, Kong G. NSD3-Induced Methylation of H3K36 Activates NOTCH Signaling to Drive Breast Tumor Initiation and Metastatic Progression. Cancer Res. 2021 Jan 1;81(1):77-90. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-20-0360. Epub 2020 Sep 23. PMID: 32967925.

31 Hwang SD, Hwang JY, Sohn S, Kim SM,Kim SR, Kim KI, Kwon MG, Jung M, Lee KY, Kang BC, Seo JS. Genome data of shrimp acute hepatopancreatic necrosis disease causative Vibrio parahaemolyticus strains isolated from South Korea aquaculture farms. Data Brief. 2020 May 13;31:105697. doi: 10.1016/j.dib.2020.105697. PMID: 32509934; PMCID: PMC7264491.

32 Seo D, Cho S, Manjula P, Choi N, Kim YK,-Koh YJ, Lee SH, Kim HY, Lee JH. Identification of Target Chicken Populations by Machine Learning Models Using the Minimum Number of SNPs. Animals (Basel). 2021 Jan 19;11(1):241. doi: 10.3390/ani11010241. PMID: 33477975; PMCID: PMC7835996.

33 Kang SH, Pandey RP, Lee CM, Sim JS,-Jeong JT, Choi BS, Jung M, Ginzburg D, Zhao K, Won SY, Oh TJ, Yu Y, Kim NH, Lee OR, Lee TH, Bashyal P, Kim TS, Lee WH, Hawkins C, Kim CK, Kim JS, Ahn BO, Rhee SY, Sohng JK. Genome-enabled discovery of anthraquinone biosynthesis in Senna tora. Nat Commun. 2020 Nov 18;11(1):5875. doi: 10.1038/s41467-020-19681-1. Erratum in: Nat Commun. 2021 Mar 8;12(1):1665. PMID: 33208749; PMCID: PMC7674472.

34 Graf L, Shin Y, Yang JH, Choi JW, HwangIK, Nelson W, Bhattacharya D, Viard F, Yoon HS. A genome-wide investigation of the effect of farming and human-mediated introduction on the ubiquitous seaweed Undaria pinnatifida. Nat Ecol Evol. 2021 Mar;5(3):360-368. doi: 10.1038/s41559-020-01378-9. Epub 2021 Jan 25. PMID: 33495590; PMCID: PMC7929912.

35 Chun JM, Lee AY, Nam JY, Lee MY, ChoeMS, Lim KS, Kim C, Kim JS. Protective effects of Phlomis umbrosa extract on a monosodium iodoacetate-induced osteoarthritis model and prediction of molecular mechanisms using transcriptomics. Phytomedicine. 2021 Jan;81:153429. doi: 10.1016/j.phymed.2020.153429. Epub 2020 Dec 1. PMID: 33310311.

36 Kim JS, Shin IS, Shin NR, Nam JY, Kim C. Genome-wide analysis of DNA methylation and gene expression changes in an ovalbumin-induced asthma mouse model. Mol Med Rep. 2020 Sep;22(3):1709-1716. doi: 10.3892/mmr.2020.11245. Epub 2020 Jun 17. PMID: 32705270; PMCID: PMC7411290.

37 Lee JE, Jung M, Lee SC, Huh MJ, SeoSM, Park IK. Antibacterial mode of action of trans-cinnamaldehyde derived from cinnamon bark (Cinnamomum verum) essential oil against Agrobacterium tumefaciens. Pestic Biochem Physiol. 2020 May;165:104546. doi: 10.1016/j.pestbp.2020.02.012. Epub 2020 Feb 19. PMID: 32359541.

38 Kim DH, Kim WD, Kim SK, MoonDH, Lee SJ. TGF-β1-mediated repression of SLC7A11 drives vulnerability to GPX4 inhibition in hepatocellular carcinoma cells. Cell Death Dis. 2020 May 29;11(5):406. doi: 10.1038/s41419-020-2618-6. PMID: 32471991; PMCID: PMC7260246.

39 Subramaniyam S, Bae S, Jung M, ShinY, Oh JH. The transcriptome data from the leaves of four Papaver species captured at the plant's three developmental life cycles. Data Brief. 2019 Dec 7;28:104955. doi: 10.1016/j.dib.2019.104955. PMID: 31890797; PMCID: PMC6926128.

40 Boopathi V, Subramaniyam S, Mathiyalagan R, Yang DC. Till 2018: a survey of biomolecular sequences in genus Panax. J Ginseng Res. 2020 Jan;44(1):33-43. doi: 10.1016/j.jgr.2019.06.004. Epub 2019 Jun 20. PMID: 32095095; PMCID: PMC7033366.

41 Liyanage DS, Oh M, Omeka WKM, WanQ, Jin CN, Shin GH, Kang BC, Nam BH, Lee J. First Draft Genome Assembly of Redlip Mullet (Liza haematocheila) From Family Mugilidae. Front Genet. 2019 Dec 3;10:1246. doi: 10.3389/fgene.2019.01246. PMID: 31850083; PMCID: PMC6902644.

42 Kyeong D, Kim J, Shin Y, SubramaniyamS, Kang BC, Shin EH, Park EH, Noh ES, Kim YO, Park JY, Nam BH. Expression of Heat Shock Proteins in Thermally Challenged Pacific Abalone Haliotis discus hannai. Genes (Basel). 2019 Dec 23;11(1):22. doi: 10.3390/genes11010022. PMID: 31878084; PMCID: PMC7016835.

43 Lee SC, Kwon JH, Cha DJ, Kim DS, LeeDH, Seo SM, Lee HR, Huh MJ, Jung M, Park IK. Effects of Pheromone Dose and Trap Height on Capture of a Bast Scale of Pine, Matsucoccus thunbergianae (Hemiptera: Margarodidae) and Development of a New Synthesis Method. J Econ Entomol. 2019 Aug 3;112(4):1752-1759. doi: 10.1093/jee/toz079. PMID: 31009531.

44 Kang MJ, Shin AY, Shin Y, Lee SA, Lee HR,Kim TD, Choi M, Koo N, Kim YM, Kyeong D, Subramaniyam S, Park EJ. Identification of transcriptome-wide, nut weight-associated SNPs in Castanea crenata. Sci Rep. 2019 Sep 11;9(1):13161. doi: 10.1038/s41598-019-49618-8. PMID: 31511588; PMCID: PMC6739505.

45 Nam BH, Yoo D, Kim YO, Park JY, ShinY, Shin GH, Park CI, Kim H, Kwak W. Whole genome sequencing reveals the impact of recent artificial selection on red sea bream reared in fish farms. Sci Rep. 2019 Apr 24;9(1):6487. doi: 10.1038/s41598-019-42988-z. Erratum in: Sci Rep. 2020 Jan 28;10(1):1625. PMID: 31019228; PMCID: PMC6482192.

46 Kim S, Jung M, Oh EA, Ho Kim T, Kim JG.Mitochondrial genome of the Podosphaera xanthii: a plant pathogen causes powdery mildew in cucurbits. Mitochondrial DNA B Resour. 2019 Nov 20;4(2):4172-4173. doi: 10.1080/23802359.2019.1618209. PMID: 33366368; PMCID: PMC7687534.

47 Boopathi V, Subramaniyam S, Malik A,Lee G, Manavalan B, Yang DC. mACPpred: A Support Vector Machine-Based Meta-Predictor for Identification of Anticancer Peptides. Int J Mol Sci. 2019 Apr 22;20(8):1964. doi: 10.3390/ijms20081964. PMID: 31013619; PMCID: PMC6514805.

48 Choi H, Jin S, Cho H, et al. CDK 12 drives breast tumor initiation and trastuzumab resistance via WNT and IRS 1-ErbB- PI 3K signaling. EMBO reports. 2019;20(10). doi:https://doi.org/10.15252/embr.201948058.

49 Kim HY, Choi BH, Oh T, Kang BC. SNP-marker selection for dog breed identification from genotypes of high-density SNP array and machine learning. J Agri Lif Sci. 2019 Aug 6;53:(4)93-101. Doi:10.14397/jals.201953.4.93.

50 Kim HY, Choi HJ, Lee JY, Kong G. Cancer-Target Gene Screening: a web application for breast cancer target gene screening using multi-omics data analysis. Brief Bioinform. 2020 Mar 23;21(2):663-675. doi: 10.1093/bib/bbz003. PMID: 30698638.

51 Kim JY, Lim HY, Shin SE, Cha HK, Seo JH,Kim SK, Park SH, Son GH. Comprehensive transcriptome analysis of Sarcophaga peregrina, a forensically important fly species. Sci Data. 2018 Nov 6;5:180220. doi: 10.1038/sdata.2018.220. PMID: 30398471; PMCID: PMC6219405.

52 Shin Y, Jung M, Shin GH, Jung HJ, BaekSJ, Lee GY, Kang BC, Shim J, Hong JM, Park JY, An CM, Kim YO, Noh JK, Kim JW, Nam BH, Park CI. First draft genome sequence of the rock bream in the family Oplegnathidae. Sci Data. 2018 Oct 23;5:180234. doi: 10.1038/sdata.2018.234. PMID: 30351299; PMCID: PMC6198749.

53 Shin GH, Shin Y, Jung M, Hong JM, LeeS, Subramaniyam S, Noh ES, Shin EH, Park EH, Park JY, Kim YO, Choi KM, Nam BH, Park CI. First Draft Genome for Red Sea Bream of Family Sparidae. Front Genet. 2018 Dec 12;9:643. doi: 10.3389/fgene.2018.00643. PMID: 30619468; PMCID: PMC6299066.

54 Manavalan B, Subramaniyam S, ShinTH, Kim MO, Lee G. Machine-Learning-Based Prediction of Cell-Penetrating Peptides and Their Uptake Efficiency with Improved Accuracy. J Proteome Res. 2018 Aug 3;17(8):2715-2726. doi: 10.1021/acs.jproteome.8b00148. Epub 2018 Jul 2. PMID: 29893128.

55 Baek SJ, Chun JM, Kang TW, Seo YS,Kim SB, Seong B, Jang Y, Shin GH, Kim C. Identification of Epigenetic Mechanisms Involved in the Anti-Asthmatic Effects of Descurainia sophia Seed Extract Based on a Multi-Omics Approach. Molecules. 2018 Nov 5;23(11):2879. doi: 10.3390/molecules23112879. PMID: 30400597; PMCID: PMC6278437.

56 Kim D,Jung M,Ha IJ, Lee MY, Lee SG, ShinY, Subramaniyam S, Oh J. Transcriptional profiles of secondary metabolite biosynthesis genes and cytochromes in the leaves of four Papaver Species. Data 2018 Nov 28;3(4):55. Doi: 10.3390/data3040055.

57 Oh J, Shin Y, Ha IJ, Lee MY, Lee SG, KangBC, Kyeong D, Kim D. Transcriptome Profiling of Two Ornamental and Medicinal Papaver Herbs. Int J Mol Sci. 2018 Oct 16;19(10):3192. doi: 10.3390/ijms19103192. PMID: 30332811; PMCID: PMC6213990.

58 Jung D, Seo EY, Owen JS, Aoi Y, YongS, Lavrentyeva EV, Ahn TS. Application of the filter plate microbial trap (FPMT), for cultivating thermophilic bacteria from thermal springs in Barguzin area, eastern Baikal, Russia. Biosci Biotechnol Biochem. 2018 Sep;82(9):1624-1632. doi: 10.1080/09168451.2018.1482194. Epub 2018 Jun 8. PMID: 29882485.

59 Lee HR, Lee SC, Lee DH, Jung M, KwonJH, Huh MJ, Kim DS, Lee JE, Park IK. Identification of Aggregation-Sex Pheromone of the Korean Monochamus alternatus (Coleoptera: Cerambycidae) Population, the Main Vector of Pine Wood Nematode. J Econ Entomol. 2018 Aug 3;111(4):1768-1774. doi: 10.1093/jee/toy137. PMID: 29788181.

60 Lee AY, Park W, Kang TW, Cha MH, ChunJM. Network pharmacology-based prediction of active compounds and molecular targets in Yijin-Tang acting on hyperlipidaemia and atherosclerosis. J Ethnopharmacol. 2018 Jul 15;221:151-159. doi: 10.1016/j.jep.2018.04.027. Epub 2018 Apr 23. PMID: 29698773.

61 Lee JY, Joo HS, Choi HJ, Jin S, Kim HY,-Jeong GY, An HW, Park MK, Lee SE, Kim WS, Son T, Min KW, Oh YH, Kong G. Role of MEL-18 Amplification in Anti-HER2 Therapy of Breast Cancer. J Natl Cancer Inst. 2019 Jun 1;111(6):609-619. doi: 10.1093/jnci/djy151. PMID: 30265336.

62 Choi HJ, Joo HS, Won HY, Min KW, KimHY, Son T, Oh YH, Lee JY, Kong G. Role of RBP2-Induced ER and IGF1R-ErbB Signaling in Tamoxifen Resistance in Breast Cancer. J Natl Cancer Inst. 2018 Apr 1;110(4). doi: 10.1093/jnci/djx207. PMID: 29028222.

63 Oh JH, Lee YJ, Byeon EJ, Kang BC, Kyeoung DS, Kim CK. Whole-genome resequencing and transcriptomic analysis of genes regulating anthocyanin biosynthesis in black rice plants. 3 Biotech. 2018 Feb;8(2):115. doi: 10.1007/s13205-018-1140-3. Epub 2018 Feb 7. PMID: 29430376; PMCID: PMC5801106.

64 Lee J, Yang EC, Graf L, Yang JH, Qiu H,Zelzion U, Chan CX, Stephens TG, Weber APM, Boo GH, Boo SM, Kim KM, Shin Y, Jung M, Lee SJ, Yim HS, Lee JH, Bhattacharya D, Yoon HS. Analysis of the Draft Genome of the Red Seaweed Gracilariopsis chorda Provides Insights into Genome Size Evolution in Rhodophyta. Mol Biol Evol. 2018 Aug 1;35(8):1869-1886. doi: 10.1093/molbev/msy081. PMID: 29688518.

65 Kim J, Jun KM, Kim JS, Chae S, PahkYM, Lee TH, Sohn SI, Lee SI, Lim MH, Kim CK, Hur Y, Nahm BH, Kim YK. RapaNet: A Web Tool for the Co-Expression Analysis of Brassica rapa Genes. Evol Bioinform Online. 2017 Jun 19;13:1176934317715421. doi: 10.1177/1176934317715421. PMID: 28680265; PMCID: PMC5484627.

66 Umasuthan N, Bathige SDNK, Thulasitha WS, Jayasooriya RGPT, Shin Y, Lee J. Identification of a gene encoding a membrane-anchored toll-like receptor 5 (TLR5M) in Oplegnathus fasciatus that responds to flagellin challenge and activates NF-κB. Fish Shellfish Immunol. 2017 Mar;62:276-290. doi: 10.1016/j.fsi.2017.01.020. Epub 2017 Jan 19. PMID: 28111358.

67 Thulasitha WS, Umasuthan N, WanQ, Nam BH, Kang TW, Lee J. A proto-type galectin-2 from rock bream (Oplegnathus fasciatus): Molecular, genomic, and expression analysis, and recognition of microbial pathogens by recombinant protein. Dev Comp Immunol. 2017 Jun;71:70-81. doi: 10.1016/j.dci.2017.01.023. Epub 2017 Jan 25. PMID: 28131766.

68 Kim HY, Choi JW, Lee JY, Kong G. Gene-based comparative analysis of tools for estimating copy number alterations using whole-exome sequencing data. Oncotarget. 2017 Apr 18;8(16):27277-27285. doi: 10.18632/oncotarget.15932. PMID: 28460482; PMCID: PMC5432334.

69 Nam BH, Kwak W, Kim YO, Kim DG, KongHJ, Kim WJ, Kang JH, Park JY, An CM, Moon JY, Park CJ, Yu JW, Yoon J, Seo M, Kim K, Kim DK, Lee S, Sung S, Lee C, Shin Y, Jung M, Kang BC, Shin GH, Ka S, Caetano-Anolles K, Cho S, Kim H. Genome sequence of pacific abalone (Haliotis discus hannai): the first draft genome in family Haliotidae. Gigascience. 2017 May 1;6(5):1-8. doi: 10.1093/gigascience/gix014. PMID: 28327967; PMCID: PMC5439488.

70 Cheong JY, Kim YB, Woo JH, Kim DK,Yeo M, Yang SJ, Yang KS, Soon SK, Wang HJ, Kim BW, Park JH, Cho SW. Identification of NUCKS1 as a putative oncogene and immunodiagnostic marker of hepatocellular carcinoma. Gene. 2016 Jun 10;584(1):47-53. doi: 10.1016/j.gene.2016.03.006. Epub 2016 Mar 9. PMID: 26968889.

71 Shin GH, Kang BC, Jang DJ. Metabolic Pathways Associated with Kimchi, a Traditional Korean Food, Based on In Silico Modeling of Published Data. Genomics Inform. 2016 Dec;14(4):222-229. doi: 10.5808/GI.2016.14.4.222. Epub 2016 Dec 31. PMID: 28154515; PMCID: PMC5287128.

72 Park YJ, Li X, Noh SJ, Kim JK, Lim SS,Park NI, Kim S, Kim YB, Kim YO, Lee SW, Arasu MV, Al-Dhabi NA, Park SU. Transcriptome and metabolome analysis in shoot and root of Valeriana fauriei. BMC Genomics. 2016 Apr 23;17:303. doi: 10.1186/s12864-016-2616-3. PMID: 27107812; PMCID: PMC4842265.Q, Nam BH, Kang TW, Lee J. A proto-type galectin-2 from rock bream (Oplegnathus fasciatus): Molecular, genomic, and expression analysis, and recognition.

73 Kim IW, Lee JH, Subramaniyam S, Yun EY,Kim I, Park J, Hwang JS. De Novo Transcriptome Analysis and Detection of Antimicrobial Peptides of the American Cockroach Periplaneta americana (Linnaeus). PLoS One. 2016 May 11;11(5):e0155304. doi: 10.1371/journal.pone.0155304. PMID: 27167617; PMCID: PMC4864078.

74 Seol YJ, Won SY, Shin Y, Lee JY, Chun JS,Kim YK, Kim CK. A Multilayered Screening Method for the Identification of Regulatory Genes in Rice by Agronomic Traits. Evol Bioinform Online. 2016 Nov 2;12:253-262. doi: 10.4137/EBO.S40622. PMID: 27840573; PMCID: PMC5094579.

75 Nam BH, Jung M, Subramaniyam S,Yoo SI, Markkandan K, Moon JY, Kim YO, Kim DG, An CM, Shin Y, Jung HJ, Park JH. Transcriptome Analysis Revealed Changes of Multiple Genes Involved in Haliotis discus hannai Innate Immunity during Vibrio parahemolyticus Infection. PLoS One. 2016 Apr 18;11(4):e0153474. doi: 10.1371/journal.pone.0153474. PMID: 27088873; PMCID: PMC4835058.

76 Shin Y, Jung HJ, Jung M, Yoo S, Subramaniyam S, Markkandan K, Kang JM, Rai R, Park J, Kim JJ. Discovery of Gene Sources for Economic Traits in Hanwoo by Whole-genome Resequencing. Asian-Australas J Anim Sci. 2016 Sep;29(9):1353-62. doi: 10.5713/ajas.15.0760. Epub 2016 Mar 4. PMID: 26954201; PMCID: PMC5003998.

77 Lim D, Kim HY, Cho YM, Chai HH, ParkJE, Lim KS, Lee SS. Construction of gene network system associated with economic traits in cattle. J Lif Sci. 2016 Aug 23;26(8):04-910. doi: 10.5353/JLS.2016.26.8.904.

78 Morganella S, Alexandrov LB, GlodzikD, Zou X, Davies H, Staaf J, Sieuwerts AM, Nik-Zainal S, et al. The topography of mutational processes in breast cancer genomes. Nat Commun. 2016 May 2;7:11383. doi: 10.1038/ncomms11383. PMID: 27136393; PMCID: PMC5001788.

79 Nik-Zainal S, Davies H, Staaf J, Raakrishna M, Glodzik D, Zou X, Martincorena I, et al. Stratton MR. Landscape of somatic mutations in 560 breast cancer whole-genome sequences. Nature. 2016 Jun 2;534(7605):47-54. doi: 10.1038/nature17676. Epub 2016 May 2. Erratum in: Nature. 2019 Feb;566(7742):E1. PMID: 27135926; PMCID: PMC4910866.

80 Kim I, Lee SH, Jeong J, Park JH, YooMA, Kim CM. Functional Profiling of Human MeCP2 by Automated Data Comparison Analysis and Computerized Expression Pathway Modeling. Healthc Inform Res. 2016 Apr;22(2):120-8. doi: 10.4258/hir.2016.22.2.120. Epub 2016 Apr 30. PMID: 27200222; PMCID: PMC4871842.

81 Yang EC, Nam BH, Noh SJ, Kim YO, KimDG, Jee YJ, Park JH, Noh JH, Yoon HS. Complete mitochondrial genome of Pacific abalone (Haliotis discus hannai) from Korea. Mitochondrial DNA. 2015;26(6):917-8. doi: 10.3109/19401736.2013.863289. Epub 2014 Jan 10. PMID: 24409885.

82 Park JY, An YR, Kanda N, An CM, An HS,Kang JH, Kim EM, An DH, Jung H, Joung M, Park MH, Yoon SH, Lee BY, Lee T, Kim KW, Park WC, Shin DH, Lee YS, Kim J, Kwak W, Kim HJ, Kwon YJ, Moon S, Kim Y, Burt DW, Cho S, Kim H. Cetaceans evolution: insights from the genome sequences of common minke whales. BMC Genomics. 2015 Jan 22;16(1):13. doi: 10.1186/s12864-015-1213-1. PMID: 25609461; PMCID: PMC4311506.

83 Lee JY, Won HY, Park JH, Kim HY, ChoiHJ, Shin DH, Kang JH, Woo JK, Oh SH, Son T, Choi JW, Kim S, Kim HY, Yi K, Jang KS, Oh YH, Kong G. MEL-18 loss mediates estrogen receptor-α downregulation and hormone independence. J Clin Invest. 2015 May;125(5):1801-14. doi: 10.1172/JCI73743. Epub 2015 Mar 30. PMID: 25822021; PMCID: PMC4463188.

84 Kim H, Kumar KS, Hwang SY, Kang BC,Moon HB, Shin KH. Utility of Stable Isotope and Cytochrome Oxidase I Gene Sequencing Analyses in Inferring Origin and Authentication of Hairtail Fish and Shrimp. J Agric Food Chem. 2015 Jun 10;63(22):5548-56. doi: 10.1021/acs.jafc.5b01469. Epub 2015 Jun 2. PMID: 25980806.

85 Subramaniyam S, Mathiyalagan R, Natarajan S, Kim YJ, Jang MG, Park JH, Yang DC. Transcript expression profiling for adventitious roots of Panax ginseng Meyer. Gene. 2014 Aug 1;546(1):89-96. doi: 10.1016/j.gene.2014.05.024. Epub 2014 May 13. PMID: 24831831.

86 Mathiyalagan R, Subramaniyam S, KimYJ, Kim YC, Yang DC. Ginsenoside compound K-bearing glycol chitosan conjugates: synthesis, physicochemical characterization, and in vitro biological studies. Carbohydr Polym. 2014 Nov 4;112:359-66. doi: 10.1016/j.carbpol.2014.05.098. Epub 2014 Jun 10. PMID: 25129755.

87 Kim CK, Seol YJ, Shin Y, Lim HM, Lee GS,Kim AR, Lee TH, Lee JH, Park DS, Yoo S, Kim YH, Kim YK. Whole-genome resequencing and transcriptomic analysis to identify genes involved in leaf-color diversity in ornamental rice plants. PLoS One. 2015 Apr 21;10(4):e0124071. doi: 10.1371/journal.pone.0124071. PMID: 25897514; PMCID: PMC4405343.

88 Seo DW, Oh JD, Jin S, Song KD, Park HB,Heo KN, Shin Y, Jung M, Park J, Jo C, Lee HK, Lee JH. Single nucleotide polymorphism analysis of Korean native chickens using next generation sequencing data. Mol Biol Rep. 2015 Feb;42(2):471-7. doi: 10.1007/s11033-014-3790-5. Epub 2014 Oct 11. Erratum in: Mol Biol Rep. 2015 Feb;42(2):567. PMID: 25304812.

89 Yoo WG, Lee JH, Shin Y, Shim JY, JungM, Kang BC, Oh J, Seong J, Lee HK, Kong HS, Song KD, Yun EY, Kim IW, Kwon YN, Lee DG, Hwang UW, Park J, Hwang JS. Antimicrobial peptides in the centipede Scolopendra subspinipes mutilans. Funct Integr Genomics. 2014 Jun;14(2):275-83. doi: 10.1007/s10142-014-0366-3. Epub 2014 Mar 21. PMID: 24652097.

90 Kim S, Park M, Yeom SI, Kim YM, LeeJM, Lee HA, Seo E, Choi D, et al. Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in Capsicum species. Nat Genet. 2014 Mar;46(3):270-8. doi: 10.1038/ng.2877. Epub 2014 Jan 19. PMID: 24441736.

91 Rengaraj D, Lee SI, Park TS, Lee HJ, KimYM, Sohn YA, Jung M, Noh SJ, Jung H, Han JY. Small non-coding RNA profiling and the role of piRNA pathway genes in the protection of chicken primordial germ cells. BMC Genomics. 2014 Sep 4;15(1):757. doi: 10.1186/1471-2164-15-757. PMID: 25185950; PMCID: PMC4286946.

92 Kim JH, Roh JY, Kwon DH, Kim YH, YoonKA, Yoo S, Noh SJ, Park J, Shin EH, Park MY, Lee SH. Estimation of the genome sizes of the chigger mites Leptotrombidium pallidum and Leptotrombidium scutellare based on quantitative PCR and k-mer analysis. Parasit Vectors. 2014 Jun 20;7:279. doi: 10.1186/1756-3305-7-279. PMID: 24947244; PMCID: PMC4079623.

93 Kim H, Yoo WG, Park J, Kim H, Kang BC. Semantic Modeling for SNPs Associated with Ethnic Disparities in HapMap Samples. Genomics Inform. 2014 Mar;12(1):35-41. doi: 10.5808/GI.2014.12.1.35. Epub 2014 Mar 31. PMID: 24748859; PMCID: PMC3990764.

94 Kim KU, Park SK, Kang SA, Park MK, ChoMK, Jung HJ, Kim KY, Yu HS. Comparison of functional gene annotation of Toxascaris leonina and Toxocara canis using CLC genomics workbench. Korean J Parasitol. 2013 Oct;51(5):525-30. doi: 10.3347/kjp.2013.51.5.525. Epub 2013 Oct 31. PMID: 24327777; PMCID: PMC3857499.

95 Jeong IS, Yoon UH, Lee GS, Ji HS,Lee HJ, Han CD, Hahn JH, An G, Kim TH. SNP-based analysis of genetic diversity in anther-derived rice by whole genome sequencing. Rice (N Y). 2013 Mar 14;6(1):6. doi: 10.1186/1939-8433-6-6. PMID: 24280451; PMCID: PMC4883692.

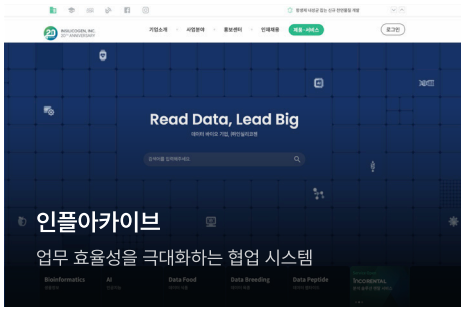
96 Kim DW, Kim DW, Yoo WG, Nam SH,Lee MR, Yang HW, Park J, Lee K, Lee S, Cho SH, Lee WJ, Park HS, Ju JW. SpiroESTdb: a transcriptome database and online tool for sparganum expressed sequences tags. BMC Res Notes. 2012 Mar 8;5:130. doi: 10.1186/1756-0500-5-130. PMID: 22397686; PMCID: PMC3329409.

97 Lim D, Lee SH, Cho YM, Yoon D, Shin Y,Kim KW, Park HS, Kim H. Transcript profiling of expressed sequence tags from intramuscular fat, longissimus dorsi muscle and liver in Korean cattle (Hanwoo). BMB Rep. 2010 Feb;43(2):115-21. doi: 10.5483/bmbrep.2010.43.2.115. PMID: 20193130.

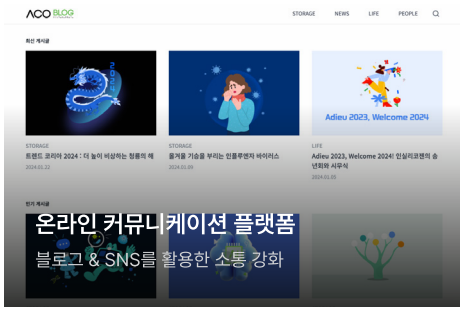
98 Lee KT, Byun MJ, Lim D, Kang KS, KimNS, Oh JH, Chung CS, Park HS, Shin Y, Kim TH. Full-length enriched cDNA library construction from tissues related to energy metabolism in pigs. Mol Cells. 2009 Dec 31;28(6):529-36. doi: 10.1007/s10059-009-0147-3. Epub 2009 Nov 19. PMID: 19937143.

# 창의적이고 긍정적인 마인드의 토대 위에
# 새로운 가치를 발굴하고 새로운 문화를 전파합니다.

경청과 열린 사고를 바탕으로 혁신을 이끌며, 함께 성장하는 문화 속에서 동반성장을 실현하고
새로운 가치를 창출하는 기업으로 나아갑니다.




**인플아카이브**
업무 효율성을 극대화하는 협업 시스템




**온라인 커뮤니케이션 플랫폼**
블로그 & SNS를 활용한 소통 강화

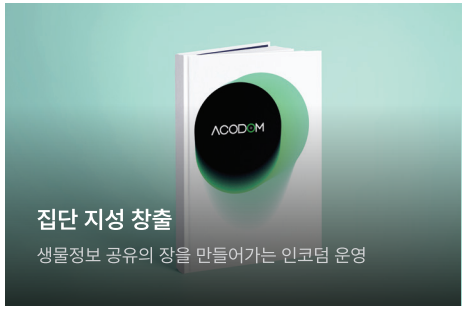
**환경 캠페인**
식물과 함께하는 지속 가능한 생활 실천

**컬쳐데이**
지성과 감성을 키우는 문화의 날


**인코플레이**
人Co인의 단합을 위한 행사 및 단합대회

**지속 성장**
세미나·블로그 연재·독서경영을 통한 지속 성장 지원

**건강 증진**
건강한 몸과 마음을 위한 건강관리 프로그램 운영




**집단 지성 창출**
생물정보 공유의 장을 만들어가는 인코덤 운영

| | |
|---|---|
| 회사명 | ㈜인실리코젠 |
| 대표자 | 최 남 우 |
| 사업분야 | 생물정보(분석, 솔루션, 교육, 시스템 통합), 인공지능, 데이터 식품, 데이터 육종, 데이터 펩타이드 |
| 주소 | 경기도 용인시 기흥구 흥덕1로 13 흥덕IT밸리 A동 2901~4, 2906호, 2908호 |
| 전화번호 | Tel. 031-278-0061, Fax. 031-278-0062 |
| 설립연도 | 2005년 8월 |