

BioPlace

안건태^o 김진홍 신원준 박희종 이명준
울산대학교 컴퓨터 정보통신공학부
{java2u^o, avenue, mathpf, phj34, mjlee}@mail.ulsan.ac.kr

BioPlace

GeonTae Ahn^o JinHong Kim WonJoon Shin HeeJong Park MyungJoon Lee
School of Computer Engineering & Information Technology, University of Ulsan

요 약

오늘날 생물정보기술의 발달은 유전체 연구의 활성화에 지대한 영향을 미치고 있으며, 작게는 소그룹 규모의 연구에서부터 크게는 지리적으로 떨어진 국가적인 협업의 형태로 연구가 진행 중이다. 이처럼 지리적으로 분산되어 있는 연구 그룹의 경우 서로의 연구 자료나 실험데이터들을 효과적으로 공유하고 교환할 수 있는 도구의 지원이 필요하다. 또한, 유전체 연구 전략에 대한 기본 지침서나 구성원들의 통합 일정 관리를 지원함으로써 연구의 효율을 향상시킬 수 있는 방법의 모색이 요구된다.

본 논문에서는 유전체 연구자들의 효과적인 연구 진행을 도와주며, 연구 참여자 및 연구 초연생들이 용이하게 유전체 연구에 참여하며 따를 수 있도록 다양한 유전체 지원 도구를 제공하는 웹기반 협업지원 시스템인 BioPlace의 개발에 대하여 기술한다.

1. 서 론

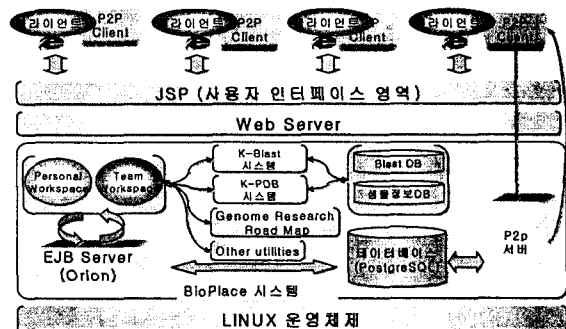
급속하게 증가되는 생물학적 데이터를 분석하기 위한 유전체 관련 서비스 및 시스템은 구축된 생물학적 데이터를 바탕으로 새롭게 발견된 DNA 및 단백질 데이터에 대한 기능 파악, 서열의 상동성 검사, 관련 문서 찾기, 기능 예측 등의 서비스와 관련된 프로그램을 분류하여 링크 시켜주는 포털 사이트 형태로 지원하고 있다. 그러나 유전체 연구의 특성상 대규모의 연구가 이루어지며, 지역적으로 널리 흩어져 있는 연구 기관들이 협력하여 연구를 수행하는 경우가 빈번히 발생한다. 따라서 특정 분야의 연구자들이 연구관련 정보와 의견을 효과적으로 공유하고 교환할 수 있도록 지원하는 시스템의 필요성이 증대되고 있다[1].

본 연구에서는 유전체 연구를 위한 연구자에게 유전체 검색 시스템을 제공하고, 특정 연구 분야의 연구자 사이에 연구에 관련된 정보와 의사 교환을 용이하게 지원하는 웹기반 공동작업 환경을 지원하는 시스템인 BioPlace에 대하여 기술한다. BioPlace 시스템은 특정 분야에 관련된 유전체 연구자들이 사용자 중심의 인터페이스를 이용하여 효과적인 정보교환 및 유전체 연구 관련 서비스를 이용할 수 있는 기능을 지원한다[2].

2. BioPlace

생명체로부터 얻어낸 데이터로부터 실생활에 유용한 데이터를 얻기 위한 도구의 제작과 이를 이용한 유전체 연구는 다량의 생물학적 데이터를 분석할 수 있어야 하며, 생명정보, 생명공학, 생명화학 등 다양한 개별 연구 분야의 연구자들 사이에 정보를 교환하고 의사를 나눌 수 있는 유용한 도구가 필요하다. BioPlace는 이러한 목

적을 위하여 설계된 시스템으로서, 유전체 연구를 위한 국내 연구자들에게 한글화된 사용자 중심의 유전체 검색 엔진을 제공하고, 공동의 목적을 가진 연구자들 사이의 효과적인 정보의 공유와 교환을 지원하는 웹기반 협업 지원 시스템이다.



[그림 1] BioPlace 시스템 구조

BioPlace 시스템은 자바 컴포넌트 아키텍처인 EJB를 기반으로 하는 컴포넌트 모델로 구성되어, 서버의 확장성 및 재사용성을 높이고, 다중 사용자 환경에 적합한 트랜잭션 관리와 보안으로 안정적인 서비스를 제공한다 [3]. [그림 1]에서 보는 바와 같이 BioPlace 시스템은 구조적으로 크게 3부분으로 나뉘어 진다. 사용자들의 요청을 받아드리고 결과의 처리를 위한 인터페이스를 관리하는 웹 컴포넌트 그룹, 실제 사용자가 요청한 액션들에 대한 주요 작업을 수행하는 EJB 컴포넌트 그룹, 그리고 각 액션에 의한 결과 값들을 저장하고 영속성을 유지하기 위한 데이터베이스 그룹으로 구성되어 있다.

¹본 연구는 정보통신부지원 "정보통신기초기술연구지원사업"의 지원으로 이루어졌음.

3. 가상작업장

공동작업을 위한 연구자들이 효과적으로 연구 자료를 공유하고 교환하기 위해서는 공동의 작업공간을 지원해 주어야 한다. 가상작업공간은 유전체 연구팀들의 원활한 협업을 지원하기 위한 공동작업 환경을 지원하며, 또한 유전체 관련 작업의 성격에 따라 적절한 Research Road Map을 제시하여 줌으로써 작업의 효율성을 증대시켰다. 가상작업공간은 사용자의 개인 정보관리를 목적으로 하는 개인작업장과 공동작업에 필요한 정보를 공유하고 관리할 수 있게 설계된 팀작업장의 두 가지 작업 공간을 지원하고 있다.

<표 1> 가상작업장의 객체

객체종류	객체 설명
폴더	객체들을 효율적으로 관리하기 위한 목적으로 여러 개의 객체들(파일, 폴더, URL, 메모)을 포함할 수 있는 객체
파일	자신의 로컬 시스템으로부터 가상공간상으로 등록 (Upload) 시키는 모든 파일들(텍스트, 그림, 음악, 비디오 등)을 나타내는 객체
URL	웹상에서 정보가 위치하고 있는 사이트의 주소를 나타내는 객체
메모	가상공간에서 바로 작성할 수 있는 간단한 글이나 팀작업장에서 멤버들에게 공지사항으로 나타내기 위한 간단한 글을 나타내는 객체

개인작업장은 BioPlace 이용자는 인증과정을 통하여 BioPlace에 로그인하게 되면, 팀의 구성과는 관계없이 기본적으로 개인 작업장을 할당 받게 된다. 팀작업장은 공동의 과제를 수행하는 작업그룹을 위한 공간으로 공유 자료를 관리한다. 특정 팀작업장에 참여하고 있는 구성원은 자신의 개인작업장에서 관리되는 정보를 팀작업장으로 복사하거나 이동시킬 수도 있고, 직접 팀작업장에서 새로 생성할 수도 있다.

<표 2> 가상작업장에서 제공되는 액션들

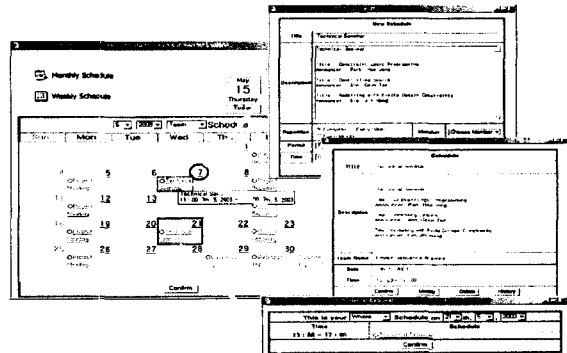
명령어	요약
폴더추가	폴더는 내부에 하위폴더, 파일, 메모, URL 등을 계층적으로 자료를 관리
파일추가	자신의 지역 컴퓨터로부터 개인 및 팀작업장으로 파일을 업로드
메모추가	간단한 글이나 공지사항을 작업장에 추가
URL추가	웹상에서 참조하고자 하는 URL을 작업공간에 추가
이름변경	작업공간에 등록된 개체의 이름을 변경
복사하기	선택된 개체의 사본을 생성하기위해 사용
잘라내기	선택된 개체를 다른 곳으로 이동하기 위해 사용
붙이기	복사하기 이후: 사본 개체를 생성 잘라내기 이후: 원본 개체를 이동
지우기	작업공간에서 선택한 개체를 삭제
주석달기	선택한 개체에 관련된 주석을 추가
이력보기	선택한 개체에 대하여 작업공간에서 수행된 과거의 명령 목록보기

<표 1>은 이들 가상작업공간에 제공되는 객체들을 나타낸다. 문서나 검색 결과물을 포함하여, 주요한 연구관련 링크, 메모 정보 등을 관리 할 수 있다. BioPlace 사용자는 이들 제공객체들을 직접 생성하거나 다른 작업장

에서부터 이동 복사 할 수 있다. <표 2>는 가상작업장을 통하여 사용자에게 제공되는 액션들에 대한 명세이다.

4. 통합 일정관리 도구

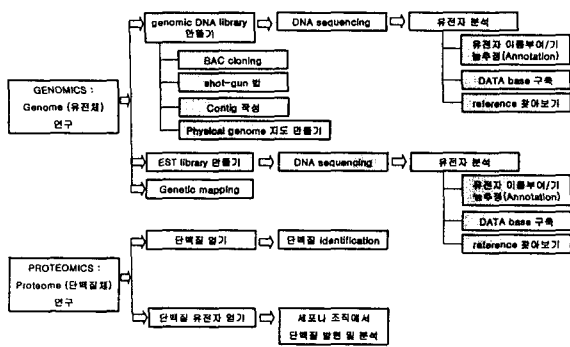
통합 일정관리 도구는 그룹의 작업공간에서 이루어지는 다양한 일정을 각 구성원들에게 효과적으로 전달할 방법을 제공해 주는 도구이다. 팀의 성격이나 일정의 성격에 맞게 다양한 일정분류체계를 지원하여 사용자들에게 보다 편리한 일정관리를 지원해 준다. 팀의 온라인 회의날짜, 정보교환 시기, 관련 분야의 실험 일정, 등 분류된 일정 정보를 사용자의 일정표에 제공하고, 사용자의 요청에 따라 분류하여 보여주는 방식이다. 통합 일정관리 도구는 특정 팀에 참여하고 있는 사용자의 리스트를 파악하여 각 사용자의 일정을 미리 알림으로써, 사용자는 팀작업장에 접근하지 않고도 통합된 일정을 개인작업장에서 확인할 수 있는 기능을 제공한다. BioPlace 사용자는 일정관리 서비스를 통하여 중복된 일정에 대한 조정을 보다 신속하게 처리하고, 각 일정에 대한 주석처리 또는 메모추가 기능을 통하여 세부사항을 정리할 수 있으며, 팀별 일정에 개인의 일정을 추가한 통합일정을 한눈에 볼 수 있어 능률적인 공동작업의 진행 계획을 세울 수 있다.



[그림 2] 통합일정관리 시스템 인터페이스

5. Genome Research Roadmap

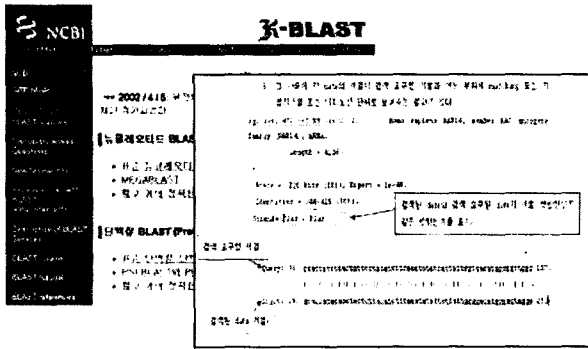
유전체 연구는 다량의 생물학적 데이터를 각 연구 분야에 맞는 도구와 특정 분야의 자료를 바탕으로 총체적으로 이루어지고 있다. 현재 이러한 연구를 위한 도구들은 많이 제공되고 있으나 전문가를 제외한 일반 연구자들은 사용을 제대로 하지 못하는 실정이다. 이러한 문제를 해결하기 위하여 BioPlace에서는 유전체 연구에 있어서 특정 분야에 맞는 도구 및 유용한 자료를 쉽고 빠르게 찾아서 이용할 수 있도록 제작된 Research Road Map을 제공한다. Research Road Map은 그룹의 가상공간인 팀작업장에 포함되어 있으며 그룹이 생성될 때 각 그룹에 할당되게 된다. [그림 3]에서 보는 바와 같이 BioPlace 시스템에서는 유전체를 연구하는 그룹에서 연구팀의 연구방향과 절차를 제시할 수 있는 가장 일반적인 Genome Research Road Map을 제공하여 효과적인 연구 진행을 지원할 수 있도록 설계되었다.



[그림 3] Genome Research Map의 구성

6. K-Blast

BioPlace는 NCBI BLAST 검색엔진을 한글 사용자 중심의 인터페이스화한 K-Blast 검색 도구를 제공한다. Blast 검색엔진은 유전체 연구에서 가장 흔하게 사용되는 서열비교분석 프로그램으로서 국내의 경우 전문가들에게는 용이하나 익숙하기 않은 초보자나 학생들에게는 사용상에 어려움이 있다. 따라서 연구 초보자들을 위한 한글 중심의 '초보자용 따라하기' 나 풍부한 도움말을 제공함으로써 도구의 활용도를 높이고 있다. [그림 4]는 K-Blast 검색엔진의 초기 메인 화면과 '초보자용 따라하기' 화면의 인터페이스를 보여준다.

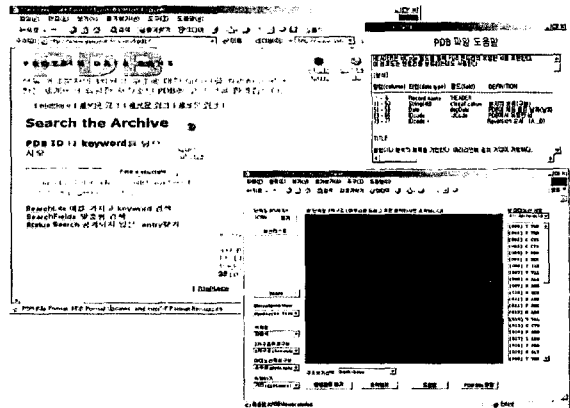


[그림 4] K-Blast 메인 및 초보자용따라하기

7. K-PDB

PDB 검색 프로그램은 PDB 데이터베이스[5]로부터 원하는 단백질 정보를 검색하는 프로그램이다. PDB 데이터베이스에는 이미 밝혀진 단백질에 대한 정보와 그 구조에 대한 정보들을 담고 있다. BioPlace 시스템은 PDB 검색 프로그램을 지역화한 K-PDB 검색 프로그램을 제공하며, 한글 사용자 인터페이스의 지원으로 국내 사용자들의 용이한 접근을 지원하고 있다. 또한 K-PDB 에서는 검색엔진의 사용법 및 사용자 예시를 개발하여 제공하며, 검색된 단백질 정보에 대하여 그 구조를 효과적으로 검색하기 위한 단백질 3차원 뷰어 프로그램[4]도 추가로 제공하고 있다. [그림 5]는 K-PDB 검색엔진의 메인 화면을 보여주고

으며 각 검색된 정보에 대하여 구조 뷰어 프로그램은 3차원 구조를 검색할 수 있도록 호출할 수 있다.



[그림 5] K-PDB 검색엔진 및 3차원 구조 뷰어

특히, K-PDB 단백질 구조 뷰어는 기존의 PDB 사이트에서 제공되는 QuickPDB 등에서 기본적 기능만 제공되었던 스테레오뷰(Stereo View) 기능을 보완하여 하나의 단백질에 대해 두 가지 모양의 구조를 동시에 보여줄 수 있도록 하였다. 이 기능은 주어진 단백질의 구조를 동기적 혹은 비동기적으로 조작함으로써 단백질에서의 아미노산과 원자들의 위치와 특성 및 구조를 보다 효과적으로 파악할 수 있도록 지원한다.

8. 결론

본 논문에서 개발한 BioPlace는 유전체 연구를 위한 연구자들에게 국내 사용자 중심의 유전체 검색 시스템을 제공하고, 특정 연구 분야의 연구사 사이에 연구에 관련된 정보와 의사교환을 용이하게 지원하기 위한 웹기반 공동작업 지원 시스템이다. BioPlace 시스템에서는 유전체를 연구하는 그룹에서 연구팀의 연구 방향과 절차를 제시할 수 있는 Research Road Map을 비롯한 사용자 중심의 유전체 연구 관련 소프트웨어를 제공한다. 현재 BioPlace는 한글 사용자 중심의 인터페이스로 구현되어 있어서 국내 유전체 연구의 활성화 및 발전에 도움을 줄 것으로 기대된다.

[참고문헌]

- (1) 문남두, 안건태, 김진홍, 한천용, 정명희, 이명준, "CoWare: 효과적인 공동작업을 위한 웹기반 그룹웨어", 한국정보처리학회 논문지, 제8-B권 제3호,2001
- (2) GeonTae Ahn, JinHong Kim, MyungJoon Lee, and InSeob Han, "A Web-based Collaborative System and Its Application", Proc. of the 7th Korea-Russia Symposium on science and technology, 2003.
- (3) 정명희, 안건태, 문남두, 김진홍, 이명준, "공동작업지원 시스템을 위한 웹기반 컴포넌트의 개발", 정보과학회, 정보과학회 학술발표논문집, 28권,1호,2001
- (4) 구형서, 주영준, 박양수, 이명준, "PDB 한글 뷰어", 정보처리학회 학술발표논문집, 29권2호,2002.
- (5) Helen M. Berman, John Westbrook, "The Protein Data Bank", Nucleic Acids Research, Vol. 28. No.1,2000.