

분자생물학과 알고리즘

전국대학교 김 진

한림대학교 최홍식* · 류웅진

1. 서 론

분자생물학은 생명현상을 분자수준에서 이해하려는 학문이라 대강의 정의를 내릴 수 있다. 분자생물학의 기술이 눈부시게 발달함에 따라 생명현상을 이해할 수 있는 기본적인 자료 역시 기하급수적으로 증가하게 되었다. 기하급수적으로 증가하는 기초자료인 염기 및 단백질 서열(sequence)과, 서열과 관련된 다차원 구조 데이터, 축적된 자료의 분석을 위해 보다 효율적인 분석방법이 필요하게 되었다. 그런데 이러한 서열은 디지털 정보로 표현될 수 있으며, 전산학은 디지털 정보를 가장 효율적으로 분석할 수 있는 분야라 할 수 있다. 이러한 이유로 전산학과 생물학(특히 분자생물학)과의 학제간의 연구에 대한 필요성이 증가하게 되었으며, 학제간 학문인 생물정보학(Bioinformatics)이 태동하게 되었다.

그 중에서도 생물학 역사상 가장 중요한 프로젝트의 하나인 Human Genome Project(HGP)는 생물정보학의 필요성의 인식에 결정적인 영향을 미쳤다고 볼 수 있다[1]. 미국에 의해 주도된 게놈 프로젝트의 궁극적인 목표는 인간의 게놈과 생물체의 유전자의 염기서열의 인식을 목표로 하고 있다. 이 프로젝트에 의해 얻어지는 데이터는 의약과 생물학 분야에 엄청난 영향을 미치고 있다. 이 프로젝트는 1990년에 시작되었으며 2005년까지 지속될 예정이다.

생물정보학이라는 학제간 학문이 필요한 이유를 다음의 네 가지 현상으로 설명한다[2].

(1) 서열 데이터의 폭발적인 증가는 새로운 정보 처리 방법을 요구한다. 엄청나게 많은 양의 유전과 관련된 염기서열 정보들이 계속 축적되고 있다. 또한 알려진 DNA 서열들과 단백질 구조들은 기하급수적으로 증가하고 있다. 생물학분야, 혹은 전산학의 아주 작은 부분으로 간주되기보다는, 학제간의 협동이 필요로 하며, 학제간 학문으로서의 가치를 지니고 있다.

(2) 현재의 서열 관련 데이터를 완벽하게 분석하기 위해서는 더 효율 좋은 알고리즘이 필요하다. 전산학자들은 대부분의 생물학자들이 잘 알지 못하는 다양한 알고리즘을 개발해왔다. 독립적인 학문으로서의 생물정보학은 두 분야간의 대화를 촉진시킬 것이며, 두 분야의 연구원들에게는 매력적인 분야가 될 것이다.

(3) 생물학은 전산학으로부터 일방적인 도움만을 얻는 것이 아니라, 뉴턴 넷, 진화 알고리즘, simulated annealing, 인공생명 등과 같은 분야에서 볼 수 있는 것처럼 전산학자들에게 흥미 있는 아이디어를 제공한다. 전산학자들은 영감(inspiration)을 얻기 위해, 생물학으로부터 더 많은 아이디어를 얻기 위해서, 또한 기존의 전산학 기술들을 보다 완벽하게 개선하기 위해, 두 분야의 더욱 긴밀한 상호협력이 필요하다.

(4) 전산학자들은 때때로 특별한 형태의 문제를 효율적으로 해결할 수 있는 방법을 개발하며, 그러한 방법이 실 세계의 문제에 적용함으로써 그 방법의 유용함을 보이며, 또한 새로운 통찰력을 얻기를 원한다. 전산학자들은 생물학자들과 교류하면서 가장 도전적이며 보상받을 수 있는 문제를 소개받을 수 있다.

*중신회원

국내에서는 생물정보학의 필요성에도 불구하고 이 분야를 연구하는 연구 인력의 부족과 이 분야에 대한 인식의 부족으로 이 분야의 발전은 지지부진한 상태에 있다. 최근 생물정보학의 중요성을 인식하고 몇몇 연구기관과 교육기관에서 이 분야에 대한 연구를 시작하고 있어 크게 다행한 일이라 할 수 있다.

본 논문은 이러한 현실을 감안하여 분자생물학에서 파생되는 계산문제들과 이를 해결하기 위한 전산학의 기법들에 대하여 논할 것이다. 제 2장에서는 분자생물학의 기본배경, 3장에서는 분자생물학과 HGP에서 파생되는 주요한 계산문제들, 4장에서는 이러한 문제를 해결하기 위한 알고리즘 기법들에 대하여 설명하며, 5장에서 결론을 내린다.

2. 분자생물학을 위한 기본 지식

그림 1은 DNA와 RNA, RNA와 단백질(Protein)간의 관계를 나타내고 있다. 그림 1을 사용하여 DNA, RNA 및 단백질에 대하여 간략하게 설명하도록 한다.

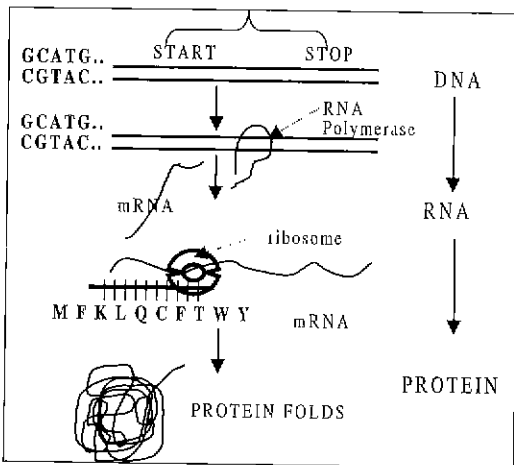


그림 1 DNA → RNA → Protein

2.1 DNA

DNA(Deoxyribo-nucleic Acid)는 유전과 관련된 정보를 지니고 있는데, 뉴클레오타이드(nucleotide)라고 하는 네 가지의 분자(Adenine, Guanine, Cytosine, Thymine)들로 구성된다.

DNA는 2중 나선구조를 하고 있음이 Watson과 Crick에 의해서 밝혀졌다. 전산학의 관점에서 DNA는 네 개의 알파벳($\Sigma = \{A, T, G, C\}$)으로 이루어진 유한한 길이의 스트링으로 멋지게 대치될 수 있다. 이 DNA의 특정부분(START부분 ~ STOP부분)에 포함되어 있는 유전 정보는 단백질 구성에 관한 정보를 제공한다. 유전자(gene)들은 exon, intron, splice site, promoter site, enhancer 부분 등과 같이 DNA상의 특정 부위를 지칭하며, 각각은 고유한 기능을 수행하게 된다. Intron과 exon의 경계지역을 splicing site라 하는데, 이 부분을 신뢰성 있게 예측하는 것은 아주 중요하다. 인간의 세포에 포함되어 있는 DNA를 글자로 환산하면 약 30억 개의 글자정보가 된다고 알려져 있다.

2.2 RNA

RNA(Ribo-nucleic Acid)는 DNA처럼 뉴클레오타이드로 구성되어 있는데 DNA와는 약간 다른 특징을 가지고 있다. DNA가 상보적인(complementary) 두 개의 끈으로 이루어져 있는데 반하여, RNA는 하나의 끈으로 이루어져 있으며 Thymine대신 Uracil이라는 뉴클레오타이드로 구성되어 있다. 역시 전산학의 관점에서 RNA는 네 개의 알파벳($\Sigma = \{A, U, G, C\}$)으로 이루어진 유한한 길이의 스트링으로 대치될 수 있다. DNA로부터 단백질을 만드는 과정은 DNA정보가 mRNA로 전사(transcription)되며, mRNA의 정보가 tRNA를 거쳐 리보솜(ribosome)내에서 단백질이 합성될 때 사용된다. 전사되는 과정의 촉매역할을 하는 것이 RNA polymerase(RNA 중합효소)이다.

2.3 단백질

단백질은 아미노산(Amino Acids)라 불리는 분자로 구성되어 있다. 인간의 DNA는 수 만개의 단백질 합성에 관한 정보를 가지고 있다. 단백질은 ribosome에 의해서 만들어지며 자발적으로 복잡한 형태의 3차원적 형태를 구성하고 있는데, 이들의 구성요소는 20개의 아미노산이다. 역시 전산학의 관점에서 단백질은 스무 개의 알파벳($\Sigma = \{A, C, D, E, F, G, H, I, K, L, M, N,$

P, Q, R, S, T, V, W, Y))으로 이루어진 유한한 길이의 스트링으로 대체될 수 있다. 따라서 유전과 관련된 물질인 DNA, RNA 및 단백질은 디지털(digital)적인 요소로 이루어져 있다. 이러한 디지털 자료를 가장 잘 처리할 수 있는 분야가 전산학이라 할 수 있기 때문에, 분자생물학에서 전산학의 중요성을 새삼 인식할 수 있다. 단백질의 구조는 네 개의 레벨로 나눌 수 있다. 아미노산의 체인을 1차 구조(primary structure)라 하며, 2차 구조(secondary structure)는 α -helix와 β -sheet로 이루어진 국소 지역으로 이루어져 있다. 3차원 구조(Tertiary structure)와 4차원 구조(Quaternary Structure)는 몇 개의 2차 구조로 이루어져 있다. 그림 2는 단백질의 구조를 나타내고 있다. 단백질들은 화학반응의 효소촉매, 화합물의 이동과 저장, 면역 활동, 성장 조절 등과 같은 다양한 기능을 가지고 있다. 특정 단백질의 기능은 해당 단백질의 3차원 구조와 깊은 상관관계에 있기 때문에, 단백질의 3차원 구조를 밝히는 것은 아주 중요한 문제이다.

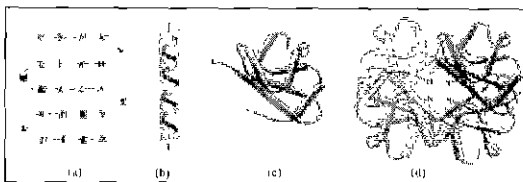


그림 2 (a) primary structure (b) secondary structure (c) tertiary structure (d) quaternary structure

2.4 Protein Folding Problem

특정 단백질의 기능은 그 단백질의 3차원 구조에 의해서 결정되며, 단백질의 3차원 구조를 직접적으로 알아내기는 매우 어렵다. 따라서 단백질의 1차적인 서열정보만으로 3차원 구조를 예측하기를 원하는데, 이를 Protein folding problem이라 한다.

단백질의 3차원구조의 비교 방법에는 1차원 비교, 2차원 비교, 3차원 비교방법이 있다. 단백질 폴딩 문제(protein folding problem)는 1차원과 3차원 구조의 관계를 설정하는 보다 복잡한 규칙들과 관련이 있다. 이러한 규칙들은 1차원 구조

는 알고 있으나 3차원 구조를 알지 못하는 단백질들의 3차원 구조를 예측할 수 있도록 해준다. 생화학자들은 이러한 구조예측에 근거하여 해당 단백질의 기능을 추론할 수 있다. 단백질에 대한 완벽한 3차원 구조 예측방법은 현재로는 알려져 있지 않으나, 특별한 경우에 있어 2차원 및 3차원 구조를 예측할 수 있는 알고리즘들이 존재하고 있다. 신뢰성 있고 정확한 단백질의 2차원 구조 예측방법도 많은 관심을 끌고 있는데, 이는 2차원의 블록들을 사용하여 3차원 구조예측이 보다 용이하게 이루어지기 때문이다. 그러나 불행하게도 원거리 상호작용(long range interaction) 때문에 2차원구조예측은 다소 어려움이 있다. 이것은 하나의 짧은 길이의 단백질 염기서열들도 경우에 따라 다른 2차원 구조를 형성하는 것을 의미한다. 즉 2차원 구조는 지역적인 염기서열만으로는 결정할 수 없음을 의미한다.

3. 분자생물학과 HGP에서 파생되는 주요한 계산문제들

분자생물학과 게놈 프로젝트에서 파생된 주요한 문제들 가운데 일부는 다음과 같다.

3.1 두 서열 비교(Pairwise sequence comparison)

서열들을 비교하여 두 서열간의 유사도(similarity) 혹은 차이(difference)의 정도를 구하는 문제는 서열 분석의 가장 기본적인 출발점이라 할 수 있다[3]. 두 개의 서열의 비교문제는 다음과 같이 정의할 수 있다.

Input : 두 서열 $A=a_1a_2...a_{n-1}a_n$, $B=b_1b_2...b_{m-1}b_m$
Question : 두 서열 A와 B는 얼마나 유사한가?
 (혹은 얼마나 유사하지 않은가?)

예를 들어 두 개의 스트링 $acbcdb$ 와 $cadbd$ 는 얼마나 유사한가? 혹은 얼마나 차이가 있는가? 두 서열의 비교 목적에 따라 두 서열간의 유사도(혹은 다른 정도)에 대한 다양한 정의를 내릴 수 있으며, 비교 목적에 따라 다양한 유사 문제가 파생될 수 있다. 일반적으로 어떤 종류의 자연적인 생물학적 측정 단위(natural biological

metric)를 정의하고, 정의된 metric을 사용하여 최소(혹은 최대)의 값을 가지는 정렬(alignment)을 구하는 방법이 사용된다. 최소 비용을 가진 정렬을 표현하기 위하여 '-'를 사용한다. 생물학적으로 '-'는 삽입 혹은 삭제관계를 표현하게 된다. 다음은 두 개의 서열 A와 B를 정렬한 한 예이다.

A=acbcd-b-
 | | |
 B=-ca-dbd

두 개의 서열을 비교 정렬하는 방법은 아주 잘 연구되어 있으며, dynamic programming기법을 사용하여 효율적으로 최적해를 가진 정렬을 얻을 수 있음이 증명되었다[4].

3.2 서열 데이터베이스 검색문제

생물학자들이 실험실로부터 DNA나 단백질 서열을 확인하였을 때, 가장 손쉽게 사용할 수 있는 방법은 서열 데이터베이스 검색이다. 서열 데이터베이스로부터 실험실에서 획득한 서열과 유사한(similar) 서열(그 기능이 이미 알려진)들을 발견하고, 그로부터 실험실에서 획득한 서열의 기능을 유추해 볼 수 있기 때문이다. 서열 데이터베이스 검색문제는 다음과 같이 정의할 수 있다.

Input : 질의 서열 Q, 서열 데이터베이스 D
Question : 염기서열 Q와 유사한 염기서열들을 서열 데이터베이스 D로부터 검색하여 유사한 순서대로 나타내라.

서열 데이터베이스 검색기법에 Dynamic Programming기법을 사용할 수 있으나, Dynamic Programming의 시간복잡도 때문에 보다 빠르게 데이터베이스를 검색하는 알고리즘이 요구되는데, 현재 많이 사용되고 있는 방법은 FASTA, BLAST 등이 있다[5,6].

3.3 복수 염기서열 정렬(Multiple Sequence Alignment)

염기서열 정렬은 단백질(protein), DNA 및 RNA의 생물학적 분석에 관련된 문제이다. 생물학자들은 두 개 혹은 그 이상의 유전자 염기서열들을 어떤 종류의 자연적인 생물학적 측정 단위

(natural biological metric)를 사용하여 최소값을 가지는 염기서열 정렬을 획득하려 한다. 최소값을 가지는 염기서열 정렬은 미지의 염기서열(unknown sequence)의 확인을 위한 유전자 데이터베이스 검색, 유사한 단백질 분자구조와 관련된 패턴인식, 염기서열의 기능 및 기능과 진화에 관한 중요한 정보를 획득하기 위하여 사용된다. 복수 염기서열 정렬문제는 다음과 같이 정의될 수 있다[7].

Input : n개의 서열 S1, S2, ..., Sn
Question : 최적값을 가지는 n개로 이루어진 서열을 구하라.

3.4 RNA 폴딩(RNA folding)

2.2절에서 RNA의 특성에 대하여 설명한 것처럼, RNA는 단일 스트링으로 이루어져 있으며, 서열내의 원소들간에 결합(base-pair)쌍을 이루어 2차원 및 3차원 구조를 형성한다. 특정 RNA의 기능은 그것의 구조와 밀접한 관련이 있다. 그림 3은 RNA의 이차원 구조를 나타내고 있다.

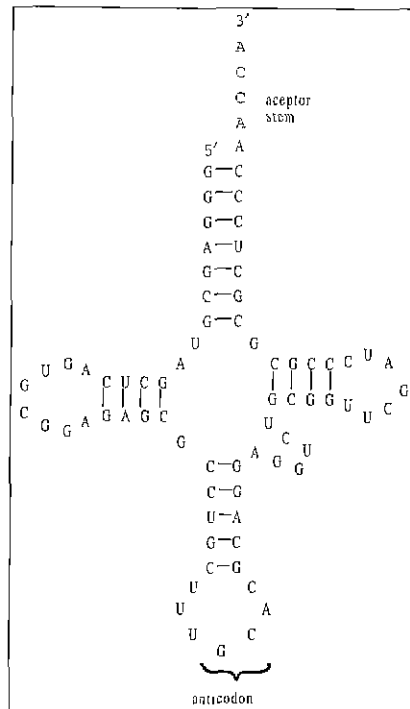


그림 3 RNA 이차 구조

RNA 폴딩문제는 다음과 같이 정의된다[8].

Input : RNA 서열 S
Question : RNA의 이차원 구조를 예측하라.

3.5 Evolutionary tree

진화목(Evolutionary tree)은 종(species)들간의 진화관계를 나무의 형태로 표현한 것이다. 잘 만들어진 진화목은 종들간의 유사관계를 잘 표현할 수 있다. 종들에 대한 서열정보를 얻기 어려웠을 때에는 종들의 생물학적 특성들을 이용하여 진화목을 구성하였으나, 서열에 대한 정보획득이 용이한 현재에는 종들의 서열정보를 이용하여 진화목을 구성한다. Evolutionary tree 문제는 다음과 같이 정의된다[9].

Input : 종들의 서열정보
Question : Evolutionary tree를 구성하라.

3.6 Double Digest Problem

Restriction map은 분자생물학에서 가장 기본적인 자료 구조중의 하나이다. 이 map은 DNA를 restriction 효소(enzyme)로 절단하였을 때 절단된 부위의 위치와 순서를 나타내준다. double digest problem은 동일한 DNA를 두 개의 서로 다른 효소 α 와 β 를 이용하여 절단하고, 또 두 효소를 동시에 사용하여 절단하였을 때, 절단된 DNA조각들에 대한 길이정보를 알 수 있다. 이 세 종류의 길이정보를 사용하여 각 조각들의 원래 위치를 찾으려 하는 것이다. Double Digest Problem은 다음과 같이 정의할 수 있다 [10]

Input : 세 개의 집합
 $X = \{a_i+1 - a_i \mid a_i \in A\}$,
 $Y = \{b_i+1 - b_i \mid b_i \in B\}$,
 $Z = \{c_i+1 - c_i \mid c_i \in C\}$, $C = A \cup B$
Question : 집합 A, B의 원소들의 순서를 정하라.

3.7 기타 중요한 문제들

위에서 논한 문제들 이외에도 Partial Digest

Problem, Physical Mapping 등의 중요한 계산 문제들이 다수 존재한다 이들의 기본적인 특징은 일반적으로 이들 문제가 NP-complete군에 속한다는 것이다. 따라서 이들에 대한 최적의 해를 구하는 것은 실용적이지 않을 경우가 많다. 따라서 이들에 대한 해결 방법들은 최적에 가까운(near-optimal) 해를 실용적인 시간에 제공하는 것들이 대부분이다. 4장에서 이러한 문제들을 해결하는데 주로 사용되는 전산학의 기법들을 소개한다.

4. 전산학적 해결 기법

분자생물학에서 파생되는 주요한 문제들을 해결하기 위해서는 사실상 전산학에서 사용되는 모든 기법이 적용될 수 있다. 이 장에서는 그 중에서도 현재 많이 사용되는 방법들을 논한다.

4.1 인공지능, 전문가 시스템

숫자적인 계산에서 심볼을 사용한 계산으로, 인간의 정보처리과정과 유사한 정보처리과정으로의 이동은 인공지능 프로그래밍을 고전적인, 순차적 프로그래밍과를 구별되게 하고 있다. 인공지능 프로그램도 종국에는 기존의 중앙처리장치에 적합하도록 순차적인 명령들로 전환되나, 인공지능 프로그래밍은 복잡한 문제를 보다 자연스러우며, 효율적인 방식으로 표현하게 할 수 있다. 심볼들의 서술적인 사용법은 고도로 구조화된 응용분야의 코딩에 사용되는 수단을 제공한다. 단백질의 3차원 구조예측 등에 인공지능이 사용되고 있다.

4.2 뉴럴 넷(neural net)

뉴럴 넷이란 생물체내의 뉴럴 넷의 행동을 추출하여 컴퓨터 상에서 그들의 기능을 구현해보고자 하는 시도이다. 뉴럴 넷을 적용하면 통계학이나 확률적 방법보다도 효율적으로 서열 데이터들을 분류하거나 구별해낼 수 있다.

4.3 진화 알고리즘

진화 알고리즘은 자연계의 진화과정을 흉내낸 계산모델로서 NP-complete 문제 군에 속하는 문제들에 대한 최적 혹은 최적에 가까운

solution을 제공하는 알고리즘이다. 진화 알고리즘은 개체(individual)라 불리는 후보 해법(candidate solution)들의 모집단(population)들을 운영한다. 전형적으로, 초기 모집단은 무작위 개체들로 구성된다. 이후, 개체들은 그들의 상대 적합도(fitness)에 기초하여 모집단에서 제거되거나 재생산된다. 새로운 개체들은 기존의 개체들의 모집단에 다양한 연산자(operator)들을 적용하여 생성된다. 개체의 연속적인 모집단을 세대(generation)라 한다

4.4 기계학습(machine learning)

기계학습은 기존의 지식을 구성하는 새로운 지식, 새로운 기술과 새로운 방법을 획득하는 계산 방법이다. 예를 들면, Checkers라는 프로그램은 서양장기의 전문가들보다 더욱 잘 둘 수 있는 방법을 학습한 프로그램이다. 반복적인 학습, 판 위에서의 장기 말들의 이동과 그들의 이동경로에 중요도를 부여하여 학습을 수행하는데, 아주 다양한 학습방법들이 존재한다. 기계학습은 때때로 순수한 통계학적 방법을 적용하였을 경우에는 가능하지 않은 숨겨진 규칙들과 중요한 패턴들을 생물자료 데이터베이스에서 찾아낼 수 있다.

4.5 Simulated Annealing(SA)

SA 기법은 확률에 근거한, combinatorial optimization 문제들에서 최적비용을 찾아내는 기법이다. SA는 높은 온도의 상태(state)에서 출발한다. Metropolis에 의해서 제안된 상태전환 규칙과 수용규칙을 적용함으로써, SA는 계속적으로 현재의 상태에서 새로운 상태를 만들어낸다. 수용규칙의 기준은

1. 만일 $\Delta C \leq 0$, 새로운 상태를 수용한다.

2. 만일 $\Delta C > 0$, 수용확률 $P(\Delta C) = e^{-\Delta C/T}$ 를 가지고 새로운 상태를 수용한다. 이때 T는 온도이며 ΔC 는 새로운 상태와 현재 상태의 비용 차이이다. 수용확률 $P(\Delta C)$ 는 시스템이 지역 최소점(local minima)에 고정되어버리는 것을 방지한다. 온도 T는 새로운 상태를 수용하는 확률에 영향을 미친다. SA의 시작단계에서는, 온도 T는 높은 온도에서 출발하며 annealing schedule에 따라 매번 온도를 내린다. 높은 비용을 가진 상

태를 새로운 상태로 수용하는 확률도, 온도가 내려감에 따라 작아진다. SA과정은 조심스러운 annealing schedule과 많은 반복횟수가 허용되면 전역 최소점(global minima)에 수렴하게 된다.

5. 결론

본 논문에서는 새로운 학제간 학문으로 부상하고 있는 분자생물학과 전산학의 접점분야에 대하여 논하였다. 분자생물학에서 제기되는 중요한 문제들에 대하여 전산학의 도움은 필수적이게 되었다. 생물학과 전산학의 학제간 학문인 생물정보학의 역사는 짧다고 볼 수 없지만 대규모적인 프로젝트는 선진국에서도 최근에서야 시작하게 되었다. 생물정보학의 장래는 매우 밝으며, 생물정보학이 미치는 영향력도 지수 함수적으로 증대할 것이 확실하다. 우리는 생물정보학의 놀라운 발전을 조만간 보게 될 것이다.

참고문헌

- [1] U.S Congress. Mapping our genes-the genome projects, how big, how fast? Technical Report OTA-BA-373, Office of Technology Assessment, Washington, D.C.,1998.
- [2] S. Schulze-Kremer (Ed.), Advances in Molecular Bioinformatics, IOS Press, 1994.
- [3] D. Sankoff and J. B. Kruskal, Time Warps, String Edits, and Macromolecules: the Theory and Practice of Sequence Comparison, Addison-Wesley, Reading, MA. 1983.
- [4] S.B. Needleman and C.D. Wunch, A General Method Applicable to the Search of Similarities in the Amino Acid Sequence of Two proteins, J. Molecular Biology, Vol. 48, 443-453 1970.
- [5] W. R. Person and D. J. Lipman, Improved Tools for Biological Sequence Comparison, Proc. Natl. Acad.Sci. USA, Vol. 85, 2444-2448, 1988.

[6] S. F. Altschul, W. Gish, W. Miller, E. W. Myers and D. J. Lipman, A Basic Local Alignment Search Tool, J. Mol., Vol. 215, 403-410, 1990.

[7] H. Carrillo and D. Lipman, The Multiple Sequence Alignment Problem in Biology, SIAM J. Applied Math., Vol. 48. no. 5, 1073-1082, 1988.

[8] M.S. Waterman and T.F. Smith, RNA Secondary Structure: A Complete Mathematical Analysis, Mathematical Biosciences, Vol. 42, 257-266, 1978.

[9] J. Felsenstein. Numerical methods for inferring evolutionary trees, The Quarterly Review of Biology, Vol. 57, No. 4, Dec. 1982.

[10] M. Gribskov and J. Devereux. Sequence Analysis Primer, Stockton Press, New York, 1991

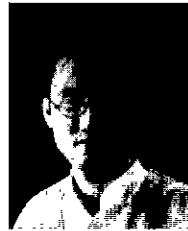
김진



1984.2 고려대학교 물리학과 이학사
 1990.8 Michigan State University, 공학석사
 1996.12 Michigan State University, 공학박사
 1997.3~현재 건국대학교 자연과학대학 컴퓨터과학전공 조교수
 관심분야: Bioinformatics, 알고리즘, 데이터베이스, 인공지능

E-mail jinkim@kku.edu

최홍식



1987 한림대학교 전자계산학과 이학사
 1992 Michigan State University, CS 석사
 1996 George Washington University, EE&CS 박사
 1997~현재 한림대학교 정보통신공학부 조교수
 관심분야: 컴비네토리얼 디자인, 고속통신망, 알고리즘, 광통신망

E-mail choi@sun.hallym.ac.kr

류웅진



1999.2 한림대학교 컴퓨터공학부 컴퓨터공학사
 1999.3~현재 한림대학교 정보전자공과대학원 컴퓨터공학과 석사과정
 관심분야: 생물학관련 알고리즘, 네트워크 보안, 알고리즘, 분산시스템
 E-mail: wjryu@center.cie.hallym.ac.kr