

2020년의 과학과 컴퓨터과학기술의 도전과 기회

서울대학교 장병탁*

1. 서론

현대 과학의 가장 큰 질문은 무엇인가? 누구나 한번쯤은 이에 대해 생각해 보았을 것이다. 예를 들면 다음과 같은 것들이다. (1) 우주의 기원은 무엇일까? 물질이 어떻게 생성되었으며 앞으로의 우주의 운명은 어떻게 될 것인가? (2) 생명이란 무엇인가? 태초에 화학적인 진화로부터 어떻게 생물적 진화가 시작되었는가? 단순한 물질과 구성 요소들로부터 어떻게 복잡한 생명현상이 창발되는가? (3) 의식의 기원은 무엇일까? 인간의 의식과 자유의지를 뇌의 활동으로부터 어떻게 설명할 것인가? 물론 이것은 수많은 중요한 질문들 중 몇 가지에 지나지 않는다. 이러한 질문들은 사실 너무나 근본적이고 거창하여 완전한 답을 기대하기란 불가능할 수도 있다. 그러나 이러한 큰 질문에 대해서 생각해 보는 것은 단순한 과학적인 호기심 외에 기술적으로도 중요한 도전적인 문제들을 시사해 줄 수 있다.

그렇다면 컴퓨터과학과 기술에 있어서 가장 큰 질문 또는 도전 과제는 무엇일까? 많은 연구자들이 진행 중인 연구에 몰두한 나머지 근본적인 질문에 대해 곰곰이 생각해 볼 기회를 가지지 못하고 있다. 특히 컴퓨터공학 분야는 다른 과학기술 분야에 비해 더욱 그러하다. 컴퓨터과학기술은 현재 사회경제적인 수요가 크고 할 일이 많아서 굳이 미래에 대한 큰 문제를 제기할 필요를 느끼지 못하기 때문이다. 그러나 IT 기술도 예전의 제조업 분야가 그러했던 것처럼 이제 점차 제3세계로의 기술 이전이 일어나고 있으며 따라서 지속적인 성장을 위해서는 새로운 경쟁 우위의 기술을 확보할 필요가 있다. 이 점에서 컴퓨터공학이 새로운 시장과 산업을 창출할 수 있는 새로운 연구 분야를 개척하는 노력을 경주하는 것을 게을리해서는 안 될 것이다. 또한 다음 세대의 연구자들이 컴퓨터과학에 대한 학문적인 호기심과 기술적인 도전 의식을 가지고 그 해결을

통해서 성취감을 이룰 수 있는 새로운 문제들을 제시해 주지 않으면 컴퓨터과학이 독립된 학문으로 존재하고 발전하는데 지장을 초래할 수도 있다.

다행히도 최근 컴퓨터과학의 도전과제에 대한 세 가지의 보고서 및 자료가 발행되어서 본고에서는 이를 소개하고자 한다. 그 하나는 "Grand Challenges in Computing Research" 보고서로서 이는 영국의 Computing Research Council(CRC)에서 2004년에 발행되었다(1). 여기에는 컴퓨터과학자들이 제안한 컴퓨터과학의 6가지 대형 도전 과제에 대한 내용을 담고 있다. 두 번째 보고서는 2005년에 Microsoft Research에서 발간한 것으로서 2020년의 과학에 있어서 컴퓨터과학과 기술의 역할에 대한 내용을 담고 있다. 이 "Towards 2020 Science" 보고서(2)는 자연과학 특히 생물학과 지구과학 관련하여 현재 일어나고 있는 과학 혁명에 대해서 논하고 있으며 이 혁명에서 향후 15년 동안 컴퓨터과학이 개념적인 그리고 기술적인 도구로서 해야 할 역할에 대해 논의하고 있다. 이와 관련하여 2005년부터 2020년까지의 Computing 기술의 Roadmap도 더불어 발간되었다. 세 번째의 자료는 2006년에 Nature지에 실린 "2020 - Future of Computing" 특집호(3)로서 이는 전문가들의 기고를 기반으로 컴퓨터과학의 미래에 대한 해설 논문들을 담고 있다(그림 1).

본고에서는 위의 세 가지 자료의 주요 내용들을 요약 정리하고 이를 통해서 컴퓨터과학과 기술의 향후 15년의 발전 방향에 대해 논의하는 것을 목적으로 한다. 제2절에서는 먼저 CRC 보고서에 의한 6대 대형 도전과제를 살펴본다. 제3절에서는 과학 혁명에 대해 컴퓨터과학이 제공할 수 있는 도구의 예를 5가지로 분류하여 예시한다. 이는 과거에 과학 발전을 위해서 미적분학과 전자현미경이 담당했던 역할을 정보처리의 개념과 컴퓨터하드웨어/소프트웨어 도구가 대신하게 되는 것을 의미한다. 제4절에서는 2020년까지 진행될

* 종신회원



그림 1 Nature지 2006년 3월 “2020 - Future of Computing” 특집호 표지. 이 특집호에서는 2020년까지 자연과학 분야에서 컴퓨터과학이 개념적인 도구로서 그리고 기술적인 도구로서 해야 할 역할에 대해서 논의하고 있다.

과학혁명을 조명하고 각 분야에서 컴퓨터과학기술이 할 수 있는 역할에 대해서 논한다. 과학혁명에 대한 연구 분야는 포괄적이며 지구과학, 생물학, 의학, 천문학, 입자물리학, 생명의 기원, 미래 에너지 등 7가지를 포함한다. 제5절에서는 과학혁명을 통해서 거꾸로 컴퓨터혁명이 도래될 수 있으며 그러한 예로서 살아있는 세포내에서 동작하는 Bioimmersive Computing, Biorobotics, Molecular Computers 및 그 구성 요소 기술에 대해 살펴본다. 제6절에서는 위의 논의를 기반으로 국내 컴퓨터과학기술이 나아갈 방향에 대해서 제언함으로써 결론을 맺는다.

2. 컴퓨터과학의 6대 대형도전과제

영국의 컴퓨터과학회(BCS)와 전기전자공학회(IEE)는 2002년에 UK Computing Research Committee (UKCRC)를 구성하였다. 이 위원회에서는 컴퓨터과학 연구의 장기적인 대형도전과제(Grand Challenges for Computing Research)를 제안 받고 이를 평가하여 워크샵을 지원하는 프로그램을 만들었다. 여기서 정의하는 대형 도전과제란 국제적인 노력을 필요로 하고 단일기관의 단일 과제로 수행하기 어려우면서 혁신적인 성격을 지니고 호기심에 기반한 연구나 공학적인 성취를 목적으로 하는 연구로서 연구집단이 형성되어야 이루어질 수 있는 그러한 연구 주제를 말한다.

우선 이 주제들에 대한 전반적인 논의를 하기에 앞서 2004년에 처음으로 제안을 받아 선정된 6개의 도전 과제와 그 주요 내용을 알아보자면 다음과 같다.

(1) In Vivo In Silico: 생물체를 완전히 코드화하여 컴퓨터상에 옮겨 놓고(in silico) 생명현상을 시뮬레이션하고 예측하는 것을 목표로 한다. 이것은 소위 디지털 생물학(Digital Biology) 또는 컴퓨터시스템생물학(Computational Systems Biology) 등의 분야를 포괄하는 것으로 단세포 생물이나 고등 생물에 대해 실험적으로 생성된 대규모의 데이터를 컴퓨터의 하드웨어와 소프트웨어 기술을 사용하여 분석하고 모델링하고 예측하는 것이다.

(2) Ubiquitous Computing: Experience, Design and Science: 컴퓨터는 점차 가정, 사무실, 자동차 등 모든 생활과 업무에 내장형으로 스며들어가고 있다. 이에 따라 명령, 제어, 통신, 오락 등을 수행함에 따라 대규모의 복잡한 편재적 시스템을 설계하고 분석하는 문제가 중요해 지고 있다. 특히 이들의 적응성, 진화성, 확장성 등을 연구하는 것을 주요 내용으로 한다.

(3) Memories for Life: 평생 동안 가지고 다니면서 저장하고 검색할 수 있는 기억장치를 연구하는 도전 과제이다. 인간의 기억을 이해하고 이를 증강시킴으로써 정보관리를 효과적으로 수행함으로써 개인적, 사회적, 업무의 효율성을 향상시킨다. 또한 기억장애를 가진 사람들의 문제점을 해결함으로써 건강한 복지사회 발전에 기여한다.

(4) The Architecture of Brain and Mind: 뇌의 생물학적인 정보처리 시스템과 이의 추상적인 시스템으로서 마음에서의 정보처리 원리를 이해하고 이에 기반한 인공적인 컴퓨터 구조를 개발하여 로봇에 데모하는 것을 목표로 한다. 이러한 연구는 신경과학, 심리학, 인지과학 등의 발전에 기여할 뿐만 아니라 장애인이나 맹인 등을 도울 수 있는 인간친화적인 로봇 개발을 가능하게 할 것이다.

(5) Dependable Systems Evolution: 컴퓨터의 응용의 폭이 넓어짐에 따라 소프트웨어가 복잡해지고 상호 연결성이 강화됨에 따라서 시스템의 신뢰성이 중요해진다. 특히 프로그램의 정확성, 동작의 신뢰성, 가용성, 재현성 등 환경의 동적인 변화나 수요의 변화에 따라 진화적으로 적응하는 능력이 중요해진다. 이 과제에서는 이러한 환경 변화에 진화적으로 적응하는 신뢰할 수 있는 소프트웨어에 관해 연구한다.

(6) Journeys in Nonclassical Computation: 다수의 단순하고 신뢰성이 낮은 요소로 구성된 복잡한 정보처리 시스템을 만들고 다양하게 변화하는 환경에서 안정적으로 동작하는 강건하고 적응적인 정보시스템을 창출하는 것을 주제로 한다. 생물체에서 아이디어를 얻은 Bio-inspired Algorithms[4] (유전자 알고리즘,

인공신경망, 인공면역계, 셀오토마타, 개미군집 최적화, 사회망 등), 새로운 자원이 수시로 공급될 수 있는 열린 복잡 적응 시스템, 물리적 특성을 이용하여 막강한 계산력을 발휘하려는 양자컴퓨터 연구 등을 포함한다.

위에 기술한 6개의 도전 과제 외에 그 이후에 선정된 과제로 "Learning for Life"와 "Bringing the Past to Life for the Citizen"이 있으나 이 주제의 설명은 생략하기로 한다. 보다 최근의 주제들에 대해서는 홈페이지 http://www.ukcrc.org.uk/grand_challenges/에 계속 새로운 정보가 게시되고 있다.

위의 대규모 도전과제에서 주목할 점 중의 하나는 많은 과제들이 학제적인 연구를 필요로 한다는 것이다. 6개 중 (1) In Vivo In Silico, (3) Memories for Life, (4) Brain and Mind의 3개의 과제는 생물학이나 인지과학, 신경과학과 직접 관련되며, (6) Non-classical Computation 과제의 경우도 자연을 모사한 계산 모델들은 생물학과 관련되어 있다. 그 외에 (2)의 Ubiquitous Computing 과제나 (5) Dependable Systems 등의 내용도 적응, 진화 등의 생물시스템의 특성을 모방하는 하드웨어, 소프트웨어 시스템을 개발한다는 점을 계속 강조하고 있다.

또 다른 특징 중의 하나는 기존의 시장에서 적용되는 기술이라기 보다는 앞으로의 기술 발전 방향을 볼 때 새로운 수요와 시장이 창출되는 기술 특성이 강하다는 것이다. In Vivo In Silico의 시스템 생물학 연구는 세포의 발생과정을 규명하거나 목표 약물을 찾아내는 데에 활용하게 됨으로써 세포 재생을 통한 새로운 치료법의 개발이나 질병 기작의 이해 및 신약개발 등에 활용될 수 있다. 현재 생명과학의 발전 추세와 의학 분야에서의 새로운 시장 및 산업의 형성을 예측해 볼 때 이러한 연구 분야에서 IT 시장의 잠재력은 대단할 것으로 보인다.

또한 단순한 응용의 측면 보다는 새로운 응용을 유발할 수 있는 근본적인 시스템 구조와 정보처리 원리 등에서의 새로운 것을 추구하는 과제의 성격이 강하다. 특히 이 점에서 Nonclassical Computation 분야는 기존의 계산 모델의 틀에서 벗어난 새로운 모델을 모색하고 있으며, Brain and Mind 연구의 경우 생명체와 사람의 정보처리 원리를 모방한 새로운 개념의 정보처리 모델 및 이의 자연스러운 응용을 탐구하는 연구이다.

도전과제라고 해서 단순히 미래 기술만은 아니다. Ubiquitous Computing 과제의 경우 이미 세계적인 추세를 보이고 있는 것이며 또한 Dependable

Systems 과제의 경우도 내장형 시스템 등의 분야에서 많은 논의와 연구가 이루어지고 있다. Memories for Life 과제의 경우 SenseCam과 같은 관련 연구가 Microsoft에서도 진행되고 있으며 데이터베이스 연구자들 사이에서도 MyLifeBits와 같은 비슷한 아이디어가 제시된 바 있다(5). SenseCam은 비행기의 블랙박스나 비슷한 개념으로 초당 2000개의 VGA 이미지를 128 MB의 플래쉬 메모리에 담을 수 있는 배지크기의 착용형 카메라이다(그림 2). 이미지 정보 외에 온도 등의 다른 감각 정보도 기록할 수 있으며 이를 이용하여 개인의 기억을 되살리는데 도움을 줄 수 있다(자동차 열쇠를 어디에 두었나? 지난주에 누구를 만났는가 등). 시스템생물학 분야의 경우도 이러한 정보에 접해 보지 못한 컴퓨터과학자들에게는 이것이 요원한 것처럼 생각될 수 있으나 생명과학 분야에서는 이것이 화두로 등장한지 오래되고 국내에서도 이미 연구가 진행되고 있다.



그림 2 Microsoft SenseCam. 이 착용형 카메라는 개인이 생활하는 사이에 일어나는 모든 일들에 대한 시각 및 기타 감각 정보를 기록해 둬으로써 후에 기억을 되살리는데 도움을 줄 수 있다.

3. 과학혁명의 새로운 도구로서의 컴퓨터과학기술

과거에 미적분학이나 전자현미경이 과학발전의 새로운 도구 역할을 했던 것처럼 현재 컴퓨터과학과 수학, 생물학, 화학, 공학에서 이러한 도구가 생성되고 있다. 이러한 관점에서 Microsoft의 2020 Science 보고서와 Nature 지의 Future of Computing 특집호는 시사하는 바가 크다. 여기서는 이 두 자료에 근거하여 현재 일어나고 있는 과학 혁명의 도구로서 컴퓨터의 역할을 5가지로 분류하여 정리하여 논의하기로 한다.

(1) Codification of Biology: 과학적 지식이 데이터나 프로그램 형태로 코드화 되어 기계적으로 실행되고 분석될 수 있을 것이다. 먼저 자연현상의 수학적인 모

델을 만든 다음 이 결과가 컴퓨터상에 코드화 되어 모든 과학자들에 의해 사용될 것이다. 즉 하드웨어와 소프트웨어로 구현된 것이 코드이다. 유전체의 코드화가 이미 완성되었으며 앞으로 단백질체의 코드화가 완성될 것이다. 대사 작용이나 신호 전달 경로가 코드화 될 것이며 이 경우 생화학적 상호작용의 네트워크가 저장, 검색, 비교, 분석되어야 한다. 또 다른 문제는 생물학적인 과정을 저장, 검색, 비교, 분석하는 것이다. 컴퓨터과학은 이러한 과학적 지식의 코드화를 통해서 고전적인 수학적 분석 방법이 제공할 수 없는 응용성, 확장성 등에 크게 기여할 것이다.

(2) Prediction Machines: 과학적 이론의 가치는 예측하는 능력에 의해서 상당부분 결정된다. 많은 과학적 연구가 효율성, 수치의 정확도, 모델의 검증 등에 관계되며 컴퓨터의 성능이 계속 향상됨에 따라 수치적인 예측의 범위가 계속 확장되었다. 그러나 많은 분야에서 문제의 복잡성과 정확한 모델의 부재로 인해 현재 및 미래의 컴퓨팅 파워로 시뮬레이션하는 것이 불가능하다. 이 경우 통계적인 방법, 특히 기계학습 방법들이 아주 유용함이 입증되었다. 가설을 세워 놓고 이를 데이터 분석을 통해서 평가하는 고전적인 통계적 방법과는 달리 기계학습 기법은 입출력에 대한 다수의 데이터셋으로부터 입출력 관계의 모델을 자동으로 구성함으로써 특성을 추출한다. 기계학습 기술은 또한 데이터의 가시화, 마이닝, 스크리닝 등의 많은 분야에 응용된다. 귀납적 논리프로그래밍이나 데이터의 구조를 찾아내는 베이지안 망 같은 경우 생물학적 모델링에 활용된 바 있다. 또한 기계학습에 관한 연구는 생물학적인 시스템의 정보처리 원리를 밝히는데 도움을 줄 수 있다. 예를 들어서, 생성적 분별적 학습 방법들이 많은 데이터로부터 일반화하는 뇌의 능력에 대한 통찰력을 제시해 줄 수도 있다.

(3) Artificial Scientists: 컴퓨터와 컴퓨터과학은 단순히 데이터를 분석하는데 그치지 않고 과학적인 가설을 생성하고 테스트하는데 사용될 수 있다. 전통적으로 가설 생성은 사람의 일이었으나 생물학과 같이 복잡한 연구 분야에서는 이제 컴퓨터의 도움이 없이는 거의 불가능하다. 이것은 단순히 데이터의 양 때문만이라기 보다는 데이터에 포함된 상호관계의 폭과 깊이를 과학자가 개념화하는 것이 어렵기 때문이다. 2020년에는 Inductive Logic Programming에 기반한 기계학습을 사용하여 실험 가설의 생성, 관찰값의 설명, 가설 증명을 위한 실험의 설계, 실험의 물리적 구현을 수행함으로써 자율적인 실험(autonomous experimentation)을 수행하는 로봇 과학자가 등장할 것이다(그림 3).

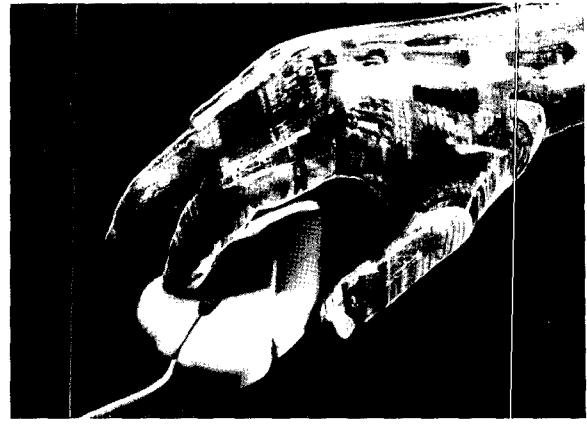


그림 3 인간 한계의 극복. Source: [6]. 사람 대신 가설을 생성하고 실험을 설계하고 자율적으로 수행하는 로봇과학자(robot scientist)가 등장할 것을 예측하고 있다.

(4) Molecular Machines: 컴퓨터 기술이 복잡한 생명시스템을 모델링하고 이해하고 고치는데에만 활용되는 것이 아니라 완전히 새로운 유기체를 만들 수 있는 구조물의 부품을 만드는데 사용될 수 있다. 특히 랩칩(lab-on-a-chip) 기술, 합성 생물학[7], 분자 컴퓨터 기술이 결합함으로써 이러한 일이 가능할 것이며 이는 생물학이나 의학 분야에 뿐만 아니라 미래의 질병을 예방하는 데도 혁신적으로 기여할 수 있을 것이다. 랩칩 기술은 생물학 실험실을 칩위에 올려놓는 개념으로 분자의 반응을 미세 제어할 수 있게 해준다. 합성 생물학은 새로운 생물학적 부품과 장치와 시스템을 만들어서 존재하는 생물학적 시스템을 새로운 용도로 재설계하려는 시도이다. 분자컴퓨터는 외부의 분자 징후를 감지하고, 사전에 프로그램된 의학 지식을 이용하여 생체내에서 분석한 후, 적합한 약물을 전달하는 일을 한다. 이러한 컴퓨터는 기존의 컴퓨터가 사무실이나 공장에 혁명을 불러온 것과 마찬가지로 생물학과 의약학 분야에 혁명을 불러올 것이다.

(5) New Software Models for New Kinds of Tools: 2020년의 과학은 새로운 소프트웨어 도구를 필요로 한다. 이를 위해서 새로운 소프트웨어 기반의 도구를 개발할 필요가 있으며 다른 한편 과학자들도 점차 더 이러한 도구를 효율적으로 사용할 것이 요구된다. 균일한 메모리시스템을 갖춘 단일 프로세서 개념은 점차 균일하지 않은 다중프로세서(다중 코어) 시스템으로 대체되고 있으며 이는 현재의 프로그래밍 모델과는 다르다. 대규모 데이터 처리의 필요성으로 인해서 점점 더 복잡한 컴퓨팅 플랫폼이 필요해진다. 이러한 데이터는 인터넷을 통해 통합될 필요가 있다. 소프트웨어 요소와 프레임워크의 강건한 설계와 개발을 필요로

하며 ad-hoc 코드와 결합하여 융통성 있게 새로운 요소를 구성할 수 있어야 한다. 이는 빠른 시간에 다양해지고 통합되고 진화하는 과학의 변화에 대응하기 위해서 필요하다. 새로운 하드웨어 구조에 대응되는 새로운 프로그래밍 모델이 필요하다. 이러한 것은 새로운 소프트웨어 구조 방법을 필요로 한다. 한편, 최신 유전체 카탈로그와 같은 전문화된 소프트웨어 서비스의 중요성이 증가하고 있다. 또한 그리드 프로젝트와 같이 컴퓨팅 자원을 공유하는 것도 중요하나 이것은 병렬 계산이 필요하고 데이터가 많은 곳에 분산될 필요가 없는 경우에 적합하다. 반면에 많은 경우에 계산 자원이 적은 비용으로 이용이 가능하며 이 경우에는 서비스를 공유하는 것이 계산 자원을 공유하는 것보다 유용하다. 그리고 다른 응용과 달리 과학 분야에 있어서는 다양한 경우에 대해서 동작하는 자기적응, 자기조율이 가능한 알고리즘과 방법들을 개발하는 것이 중요하다. 또한 다양한 플랫폼을 위해 생성이 가능한 라이브러리를 개발할 필요가 있다. 넓은 범위의 언어와 도구를 지원하는 플랫폼도 필요하다. 전통적인 방법에서처럼 계산이 이루어지는 곳으로 데이터를 보내는 대신에 대규모의 데이터셋이 있는 곳으로 계산이 이동할 수 있는 서비스 위주의 새로운 정보처리 개념이 필요하다.

4. 2020년도의 과학과 컴퓨터의 역할

21세기는 인류 역사상 가장 중요한 질문과 도전과 기회를 이미 제시하기 시작하고 있다. 여기서는 이 세기의 상반기 동안 과학이 그 해답을 찾고자 하는 문제들을 제시하고 이를 위해서 컴퓨터과학과 기술의 진보가 이러한 과학의 발전을 가속화시킬 수 있을 것인가에 대하여 논한다. 여기서 대상으로 하는 주제는 지구과학, 생물학, 보건학, 의학, 천문학, 생명의 기원, 미래의 에너지 등을 포괄하는 범세계적인 도전과제들이다. 다음의 글은 Microsoft Research의 Towards 2020 Science 보고서에서 발췌하여 옮긴 것이다.

(1) Earth's Life-Support Systems: 지구상의 생물체를 지탱하는 시스템 즉 Biosphere, 생물다양성, 생태계, 대기의 구성 요소, 구조, 기능에 있어서 변화가 일고 있다. 인류의 행동이 여기에 작용하는 영향을 모델링하고 예측함으로써 인류가 계속 지구상에 존재할 수 있도록 한다. 이를 위해서는 생태계와 환경에 영향을 주는 복잡한 요소들과 이들의 상호작용에 대한 복잡한 예측 모델을 개발하고 이를 이용해서 지구 손상에 대응하는 조치와 전략을 만들고 평가해야 한다. 세계 기후의 동적인 변화를 모델링하고 시뮬레이션하는 것이나 지구 온난화가 기후에 미치는 영향 등을 연구

하는 것이 대표적인 예 중의 하나이다. 또한 세포 수준에서의 생물학적 개체를 연구하는 Organismic Biology 분야에서 전체 생물계에 대해 생물다양성 데이터를 관리, 분석하고 해석하기 위한 계산학적인 방법을 응용하는 도구들이 개발되고 있으며 이를 Biodiversity Informatics로 부르기도 한다. 이러한 일을 위해서 과거에 수리 생물학이 했던 일들이 점차 컴퓨터의 도움을 필요로 하고 있다.

(2) Understanding Biology: The Cell, The Immune System, The Brain: 세포는 다양한 구성 요소들이 상호작용을 하는 망의 구조를 이루는 아주 잘 조직된 자율적인 시스템이다(그림 4). 생물학은 현재 이들의 구성 요소만을 연구하는 분자생물학에서 이들간의 상호작용을 이해하고자 하는 시스템생물학으로 관심이 옮겨가고 있다. 이를 위해서는 전체 생물시스템에 대한 대규모의 정보를 모으고 이로부터 구성요소들간의 상호작용에 기반하여 생물 시스템의 동작 원리를 밝혀내야 한다. 세포의 활동은 분자들간의 화학적인 상호작용에 기반한다. 한편, 컴퓨터과학 관점에서 세포를 정보처리를 하기 위한 화학 시스템으로 볼 수도 있다. 세포를 단순한 화학 시스템으로 보기 보다는 정보처리 관점에서의 기능을 이해하려고 노력해야 할 것이다. 따라서 고전적인 매크로분자들의 종류에 대한 세포내 기능으로 세포를 기술하기 보다는 정보처리장치로서 세포를 추상적으로 기술할 필요가 있다.

세포는 외부의 공격에 대해서 분자 수준에서 방어체계를 갖추고 있으며 이것이 면역체계이다. 개체 하나의 면역체계는 10^{15} 개의 항체와 10^{12} 개의 면역시스템 세포로 구성된 아주 많은 계산소자들의 조합시스템이다.

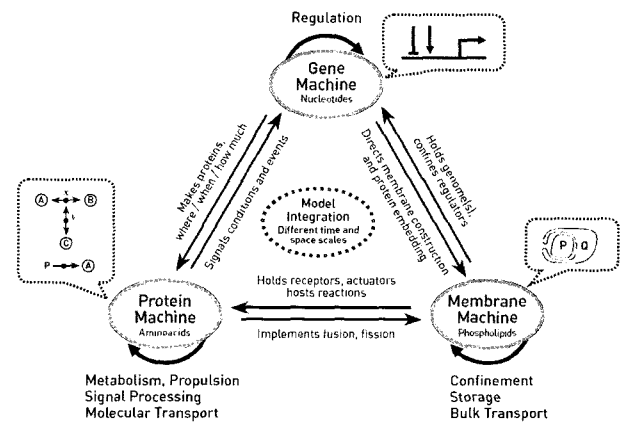


그림 4 추상적인 정보처리 기계로서 생물 시스템. Source: [2]. 컴퓨터과학은 생물학에 “정보처리”라는 새로운 개념을 제공해 줄 수 있다. 세포를 단순한 화학 시스템으로 보기 보다는 정보처리 관점에서의 시스템의 기능을 이해하기 위해 추상적인 기계로 기술할 필요가 있다.

인간의 면역 시스템은 적응 학습 능력도 보유하고 있으며 이는 분자, 세포, 조직, 기관, 개체 및 개체간의 다단계에서 일어난다. 면역계는 시스템 생물학이나 합성 생물학 관점에서 연구되고 있으며 특히 예방 및 치료와 관련되는 백신의 계산학적 설계는 진단 및 치료를 결합한 개념인 Theranostics로 발전하고 있다.

뇌의 정보처리 메커니즘을 이해하는 것은 21세기 최대의 도전과제 중의 하나이다. 뇌는 10^{11} 개의 세포가 10^{15} 개의 시냅스로 연결된 복잡계이다. 신경과학이 독립적인 학문 분야로 태동하기 시작한 1950년과 60년대 이후로 뇌의 해부학적 구조와 생리학적 기능의 많은 부분이 밝혀졌으며 특히 1990년대의 The Decade of Brain 이후 최근 15년 동안 분자수준에서의 기억과 학습에 관한 연구 및 Computational Systems Neuroscience 분야에서 많은 연구가 이루어지고 있다. 이러한 연구는 인간의 인지기능을 증강하거나 알츠하이머병이나 정신 질환의 규명과 치료에 활용됨으로써 사회적인 기여도가 아주 클 것이다.

(3) Global Epidemics: 인구가 집중화되고 국제적인 교류가 더욱 빈번해지는 시대에 있어서 SARS, BSE, HIV 등 전염병은 인류에 대한 큰 위협으로 등장하고 있다. 이에 대한 컴퓨터 및 계산 과학이 해야 할 역할은 다음과 같다. (i) 질병 인자 규명, 진단 및 모니터링을 위한 유전체 단백질체 데이터의 수집 및 분석, (ii) 전역적이고 국부적인 실시간 전염병 감시 체계 구축, (iii) 전염병이 퍼지는 정도의 예측 및 제어 수단의 영향, 비상 대책 준비 계획, 질병 발생에 대한 실시간 대응 체계 등에 대한 예측적 모델링, (iv) 새로운 질병 발생시 즉시 다학제적 보건 대책 팀을 구축하기 위한 전세계적인 통신 및 관리체계의 구축 등이 포함된다. 이러한 일을 위해서 하드웨어(예: 슈퍼컴퓨터)와 소프트웨어(예: 에이전트 기반의 모델링 언어 및 도구) 및 데이터의 가용성 등이 개선되어야 할 것이다. 또한 전세계적인 시뮬레이터는 개인의 가정내에서부터 대륙간의 이동 등 인구의 이동 및 상호접촉에 대해서 모델링할 수 있어야 한다.

(4) Revolutionizing Medicine: 질병을 이해하고 근절하는 것은 어마어마한 도전이며, 2020년까지 컴퓨터와 컴퓨터과학이 점점 더 많은 역할을 수행 해야할 것으로 기대되는 영역이다. 질병의 근절을 위해서는 새로운 치료제와 치료법을 개발해야 하며 이는 다시 질병에 대한 상세한 이해를 전제로 한다. 이러한 치료제는 이전의 약보다 더 우수하고 지능적이 될 것이다. 특히 계산 시스템 생물학적인 방법은 신약을 개발하는 기간을 단축시킬 뿐만 아니라 Smart Drug의 개발에

박차를 가하게 될 것이다. Smart Drug은 병의 고통을 덜어줄 뿐만 아니라 치료를 목적으로 하며 더 안전하고 효과적이고 가격이 저렴해지는 것을 의미하며 또한 질병인자를 보다 집중적으로 공략하고 적응적이어서 스스로 지능적인 것을 의미한다.

단순한 약들은 몸 전체에 약이 퍼지며 동시에 여러 곳에서 약효가 발생한다. 그러나 이것은 많은 부작용을 유발할 수 있으며 대신 특정 장기 또는 세포를 목표로 하는 약에 대한 연구가 활발하다. 이를 위해 새로운 약물 전달 기술이 개발되고 있으며 이들은 점차 센서 기반의 제어 기술과 피드백을 가진 장치가 될 것이다. 따라서 약학과 의료장치 산업이 점차 더욱 밀접한 상호작용을 하게 될 것으로 보인다. 보다 장기적으로는 바이오분자 시스템에 내장된 계산 능력이 보다 세련된 진단을 가능하게 할 것이고 이는 아주 약효가 강해서 생체내에서만 in situ로 약을 전달해야 하는 경우 등 복잡한 약물전달 제어 체계를 필요로 하는데 유용할 것이다.

최근에 이러한 개념을 구현한 분자 컴퓨터가 이스라엘의 와이즈만 연구소에서 개발되어 Nature 지에 발표된 바 있다(8). 현재의 전자 컴퓨터가 물리의 법칙에 따라 전자를 이동시키는 트랜지스터와 연결선의 집합체인 것처럼 분자 컴퓨터는 화학의 법칙에 따라서 반응하는 분자들의 집합이다. 이러한 Smart Drug으로서의 분자컴퓨터는 컴퓨터과학 관점에서 오토마타, 병렬 컴퓨팅, 명제 논리, 정보, 신뢰적인 시스템, 전문가 시스템 등과 같은 여러 가지 중요한 개념을 사용하고 있다. 이러한 새로운 도메인에 컴퓨터과학의 개념을 사용하는 것은 기존 컴퓨터과학의 응용 영역을 확대하는 것일 뿐만 아니라 이러한 문제를 통해서 바이오분자의 화학적 상호작용을 모방한 새로운 컴퓨터과학의 개념과 기반 기술을 창출할 수 있다.

(5) Understanding the Universe: 우주의 기원과 활동 및 궁극적인 운명에 대한 이해는 가장 오랜 동안 인류를 매혹시켜 온 질문 중의 하나이다. 이러한 질문에 답하기 위해서는 과거의 어떤 규모 보다도 큰 계산 도구들이 필요하며 이는 생물학에서 생명의 기원에 대한 답을 추구하는 것과 여러가지 관점에서 상호 보완적인 관계를 맺고 있다. 우주의 생성에 대한 빅뱅 모델이나 암흑 물질과 암흑 에너지 등에 대한 연구 및 이를 위한 입자 물리 실험이 활발히 이루어지고 있다. 이러한 분야의 실험은 컴퓨터 기술에 의존하고 있으며 실험 데이터의 저장, 입자 검출기에서 실시간에 패턴을 인식하는 알고리즘 등이 필요하다. 입자 물리학 데이터는 개념적으로는 천문학이나 생물학 데이터보다는 그 형태

가 균일하기 때문에 많은 수의 그리드 컴퓨터에서 동시에 수행이 가능하다. 입자 물리 실험 데이터나 우주의 구조에 관한 대규모 탐사 데이터 등 대형 과학에 대한 연구는 초대규모의 연합된 데이터 집합과 대응하는 대규모 데이터 처리를 필요로 할 것이다. 이러한 데이터의 범람으로부터 헤어나오기 위해서는 새로운 데이터의 연합 방법, 분산 컴퓨팅 기술, 가시화 및 대화형 분석 기술을 도입할 필요가 있다. 특히 생물학에서와 같이 대규모의 이종 데이터의 처리 및 마이닝 기술과 전체 세포, 기관, 개체를 시뮬레이션하고 모델링하고 추론하는 노력과 마찬가지로 첨단 컴퓨터과학의 솔루션들이 과학적 계산을 위해서 도입되어야 할 것이다.

(6) The Origin of Life: 생명의 기원이 무엇일까는 과학의 가장 근본적인 질문에 속한다. 지난 세기 동안 생명의 분자적 기반에 대한 깊은 이해가 이루어 졌음에도 불구하고 아직 생명의 발현에 대한 기작에 대해서는 알려진 바가 별로 없다. 이것은 지구가 처음 생성되었을 때의 화학의 영역에 속한다고 많은 사람들이

믿고 있다. 한 편 생명이 외계에서 왔다는 Panspermia 이론(배종발달설)도 있다. 후자의 이론에 따르자면 초기 지구의 구체적인 화학적인 작용에 대한 추측이 덜 근본적인 질문이 되기는 하지만 우리가 현재 아는 세포의 유형이나 유기체의 유형의 기원이 되는 선구체 세포가 어느 시점에서부터인가는 존재할 것이며 이에 대해서는 모든 생명의 기원 연구자들은 동의한다. 이러한 연구를 위해서는 타고난 물질에서 원초 세포를 만드는데 필요한 진화할 수 있는 자기복제 시스템을 시험관 내에서 데모하는 것이 필요하다. 그런데 이러한 진화적 과정을 실험실 내에서 재현하는 것이 과학적인 주어진 시간내에 불가능하므로 진화에 대한 이정표 즉 중간-중간의 획기적인 사건들을 제안하는데 컴퓨터를 이용한 분석, 모델링, 시뮬레이션이 필수적이다.

(7) Future Energy: 안전하고 지불가능한 비용의 에너지를 공급하는 것이 경제 사회적 발전에 필수적이다. 여러 가지 사회경제 발전 동력들이 급성장하고 있는 중국과 인도 등의 나라들에서의 에너지의 수요를 증가

Towards 2020 Science: A Draft Roadmap

그림 5 2020년까지의 과학과 컴퓨터과학기술의 로드맵 (http://research.microsoft.com/towards2020science/downloads/T2020S_Roadmap.pdf). 이 로드맵은 2015년 이후 Smart 치료법을 설계하고 Smart 약물을 전달하는데 Molecular Computer가 점차 활용되고 2020년 경에 새로운 개념의 Biologically Inspired Computing 구조와 패러다임이 등장할 것을 예측하고 있다.

시키고 있으며 따라서 세계적인 에너지 요구가 급증하고 있다. 새로운 발견을 통해서 석유와 가스 등 전통적인 에너지의 보고가 확대되고는 있으나 이들은 지리적으로나 지정학적으로 더욱 접근이 어려운 지역에 존재한다. 수요를 만족시키기 위한 연간 생산량의 증가가 비축량의 증가보다 많아질 것이며 비축량 대 생산량의 비가 줄어들 것이다. 미래에 전기를 생성하기 위한 연료로서 석탄의 비축량이 오래 지속될 가능성이 있기는 하나 석탄은 석유나 가스 보다 이산화탄소를 더 많이 방출하여 대기 오염을 유발한다. 기후 변화와 그 영향의 기원은 일부 대기중의 이산화탄소량의 증가에 기인한다. 환경적으로 사회적으로 문제가 없는 대체 에너지 및 재생 가능한 에너지의 개발이 필요하다. 이러한 것으로 바이오매스, 해상자원, 광전자원, 연료전지, 새로운 원자력 에너지 기술 등의 개발이 필요하다. 예를 들어, 생물에너지 작물은 효율적으로 재배되고 수확되고 변환된다면 재생가능한 에너지원으로서의 가능성을 가지고 있다. 고체 연료(바이오매스), 액체 연료(바이오디젤), 다양한 종류의 에너지작물(풀 및 나무) 등을 환경적으로 지속 가능한 방식으로 생산하기 위해서는 유전체학과 단백질체학에 기반한 생물학적 발견과 대규모 컴퓨팅 파워를 이용한 응용간의 시너지를 필요로 한다. 이러한 시스템생물학적 접근 방법은 분자로부터 유기체 전체를 이어주는 정보 즉 유전체, 전사체, 단백질체를 통합적으로 이용할 필요가 있다. 대규모 실험 기술에 의해 앞으로 방대한 양의 데이터가 생산될 것이며 지금보다 훨씬 진보된 컴퓨터 기술이 필수적이며 데이터 공유를 위한 그리드 시스템이나 식물의 성능과 설계된 식물의 성능을 향상시키기 위한 예측 모델을 만드는 새로운 알고리즘을 개발하는 것이 필요하다.

5. 컴퓨터 혁명의 구성 요소들

위의 4절에서는 컴퓨터와 컴퓨터과학이 과학 혁명을 이루는데 할 수 있는 역할을 주로 논의하였다. 하지만 반대 방향의 혁명도 가능하다. 즉 과학 특히 생물학과 화학이 컴퓨팅에 대한 근본적인 혁명을 불러올 수도 있는 기본 구성 요소들(building blocks)을 만들어 낼 수도 있다. 이 절에서는 이 방향의 연구를 소개하기로 한다. 이에 관해서는 특히 Towards 2020 Science의 pp. 68-69에 실린 Klaus-Peter Zauner와 Ehud Shapiro의 글을 여기에 옮김으로써 대신하고자 한다.

우리가 현재 알고 있는 컴퓨터는 원래 풀려고 했던 문제들에 대해서는 그 성능이 월등하다. 그러나, 점차 기존의 컴퓨팅 기술이 적합하지 않은 정보처리 응용을

생각해 볼 수 있다. 살아있는 유기체나 또는 세포 내에서 동작하는 Bioimmersive Computing 장치가 그 좋은 예이다. 이의 실현은 하나의 트랜지스터 보다도 작은 완전한 하나의 정보처리구조를 필요로 한다. 유기체의 세포내에서 발견할 수 있는 정보처리 시스템에서 보면 알 수 있듯이 이러한 기술을 실현하는데 근본적인 한계는 존재하지 않는다. 로봇공학에 있어서도 복잡한 데이터 스트림을 아주 적은 전력을 사용하여 작고 가벼운 로봇을 만드는 것이 현재로서는 어렵다. 그러나 개미와 같은 많은 종류의 사회성을 갖춘 곤충들이 적당한 기술들이 갖추어진다면 그러한 로봇들을 만드는 것이 가능하다는 것을 시사한다.

정보처리는 생물시스템에게 있어서는 반드시 필요하다. 그들의 섬세한 조직을 유지하기 위해서도 필요하고 다른 생명체들과 경쟁하기 위해서도 필요하다. 결과적으로 가장 단순한 유기체들조차도 계산학적으로 복잡한 문제를 해결하기 위한 능력들을 진화시켜 왔다. 자연적인 정보처리 방법의 원리를 아직 완전히 이해한 것은 아니지만 생물학에서의 끊임없는 진전으로 말미암아 더 상세한 기작이 계속 밝혀지고 있다. 이미 알려진 사실들만으로도 분자 컴퓨팅의 개념을 개발할 수 있었다.

오늘날의 컴퓨터는 그 물리적 구현과는 별개인 형식화된 절차를 엄밀하게 따르도록 설계되었다. 계산을 실행하는 물질의 특성은 정교한 엔지니어링을 통해서 숨겨져 있다. 프로그래밍을 위해서는 아주 편리하지만 이러한 접근 방식은 계산 매체를 효율적으로 사용하는 것은 아니다. 따라서 동일한 구조의 빠르고 단순한 스위치들이 아주 많이 모여서 구성된 복잡한 회로를 사용하는 상대적으로 큰 계산 장치로 구현될 수 밖에 없다. 이와는 대조적으로, 자연에 존재하는 분자 컴퓨터는 계산을 구현하는 물질의 물리화학적 특성을 이용하여 직접 정보처리가 수행된다.

DNA, RNA, 단백질과 같은 매크로분자들의 고유한 특성은 고집적도의 정보처리기를 실현하는 것을 가능하게 한다[9]. 매크로분자들은 특정 모양을 취할 수 있을 정도로 크면서도 확산에 의해서 서로 상호작용할 수 있도록 충분히 작은 구조이다. 분자들의 반응력이 합해지면 높은 온도에서도 엔트로피를 극복할 수 있어 자기조직에 의해서 선택적으로 결합할 수 있다. 매크로분자들의 또 다른 특성은 동력학적 배치 능력 즉 주변의 물리화학적 환경에 대응하여 분자의 모양을 (따라서 기능도) 변화시킬 수 있는 능력이다. 이러한 확률적 과정을 통해서 기존의 실리콘 구조 보다 더욱 강력한 소자를 제공할 수 있다. 특수한 매크로분자를 조립할 수 있는 조합적인 구성요소의 원리에 의해 거의 무한

한 수의 기본 함수를 제공받을 수 있다.

분자정보기술의 잠재력을 이용하기 위해서는 두 가지 어려움을 극복할 필요가 있다. 한가지는, 매크로분자들의 물리적 특성에 맞춘 새로운 계산 개념이 만들어져야 한다. 두 번째는, 분자들의 구조와 상호작용을 조절할 수 있는 방법이 개발되어야 한다. 이 두 관점에서의 연구는 이미 진행중이다. 세포의 질병 상태를 결정해서 그에 적합하게 약물의 처방 정도를 결정하는 지능형 약물 개념에 대한 초기 연구가 실험실 수준에서 시험에 성공한 바 있다[4]. 이 방향의 연구가 계속된다면 세포내에서 제어구조를 통합하게 됨으로써 의학이나 환경 감지 등의 폭 넓은 응용 분야에서 사용될 수 있을 것이다.

계산 물질을 변화 시키는 것은 계산의 기반 모델에 대한 변화를 필요로 한다. 과거와 현재의 모든 전자 컴퓨터의 기반이 된 폰노이만 구조는 바이오분자로 만들어진 컴퓨터에는 적합하지 않다[10]. 다행히도 컴퓨터과학 분야에서 지금까지 연구되어 만들어진 많은 추상적인 계산 모델들이 이러한 다양한 선택의 폭을 제공하고 있다.

새로운 컴퓨터 혁명은 이미 존재하는 방법들을 대체한다기 보다는 보완하고 확장하는 것이 될 것이다. 정보처리의 개념을 새롭게 폭넓게 사용하는 것을 가능하게 함으로써 생명체와 같이 환경에 적응하는 반응력을 가진 물질과 부품과 장치를 개발하게 될 것이다.

6. 결 론

지금까지 BCS의 Grand Challenges in Computing Research 프로그램과 Microsoft Research의 Towards 2020 Science 보고서 및 Nature지의 2020 - Future of Computing 특집호를 기반으로 컴퓨터과학의 도전 과제와 미래의 역할에 대해서 살펴보았다. Microsoft 보고서의 경우 다음과 같은 결론을 내리고 있다.

첫째, 과학에서 새로운 혁명이 지금 시작되고 있다. 이 혁명의 구성 요소들은 컴퓨터과학의 개념, 도구, 정리들로서 이들이 과학에서의 새로운 혁명적인 개념과 기술적인 도구로 전환되고 새로운 폭넓은 응용 영역에 적용됨으로써이다. 이러한 현상은 특히 생명과학과 같은 자연과학의 복잡계를 연구하는 분야에서 두드러진다.

둘째, 이것은 생명과학과 생명공학, 의학, 지구의 생명체를 지탱하는 시스템을 이해하는데 대한 근본적인 발전에 있어서 출발점이다. 이미 컴퓨터과학과 다른 자연과학과의 교차점에서 과학적인 혁신이 일어나고 있으며 이것은 사회적으로 그리고 지구의 생명체를 위해 큰 의미를 지닌다. 또한 이러한 발전은 아주 중요한 경제적인 의미를 지닐 것이다. 이러한 개념적인 그리고 기술적인 도구는 "과학기반의 혁신"의 새로운 시대를 가속화하는

힘을 가지고 있으며 이것은 지난 50년 동안의 "기술기반 혁신"을 통한 "IT 혁명"을 무색케 할 수 있는 경제 성장의 새로운 웨이브가 도래할 수 있게 할 것이다[11].

셋째, 이미 컴퓨터과학과 다른 과학 사이에서 일어나고 있는 일들의 영향력과 중요성을 단순히 무시하거나 거부할 수 있는 것이 아니다. 앞에서 살펴본 많은 내용들이 예측이 아니고 현재 일어나고 있는 일들이며 과학기술계나 정부나 정책입안자들이 단순히 기다려보거나 현재 대로 그냥 계속되어서는 안되고 무엇인가 새로운 조치를 취해야 한다.

이러한 조치로서 Towards 2020 Science 보고서는 다음과 같은 10가지를 제안하고 있다. (1) 과학과 과학기반의 혁신을 정치적인 의사일정에서 가장 높은 우선 순위에 두어야 한다. (2) 내일의 과학자를 교육하는 방법에 대해서 시급하게 재고해야 한다. (3) 과학의 대중화에 힘써야 한다. (4) 과학 지원 체제와 과학 정책 구조에 대해서 재고해야 한다. (5) 새로운 종류의 과학기술 연구소를 설치해야 한다. (6) 대규모 도전 과제를 시도하도록 컴퓨터과학을 재활성화해야 된다. (7) 새로운 개념적인 기술적인 도구를 개발하는 실행 방안을 마련해야 한다. (8) 과학기반의 혁신을 가속화할 혁신적인 파트너십을 개발하여야 한다. (9) 지적 재산권으로부터 가치를 창출할 수 있는 개선된 메카니즘을 찾아야 한다. (10) 이 보고서를 기반으로 새로운 토론, 의견 개진, 아이디어, 새로운 생각과 방향이 논의되어야 한다.

이제 시야를 국내로 돌려보자. 지난 20년간 국내의 컴퓨터과학기술은 학문적으로 산업적으로 급격한 성장을 거듭하였다. 그러나 국내 소프트웨어 산업은 아직 부가가치를 창출하는 산업 구조라기 보다는 시스템 통합이나 인프라를 구축하거나 서비스를 제공하는 성격의 노동 집약적인 성격이 강하다. 이에 반해서 원천기술을 확보하거나 부가가치가 높은 새로운 개념의 제품이나 사업 또는 서비스를 개발하는 데는 취약한 점을 드러낸다. 국내 컴퓨터관련 기술이 보다 경쟁력을 확보하고 선진국화되기 위해서는 이미 형성된 시장에서 경쟁력을 확보하고 공고히 하는 것도 중요하지만 이에 못지 않게 새로운 산업과 시장을 창출하는 분야에 대한 연구도 이제 필요하다. 이를 통해 진입 장벽이 있고 부가가치가 높은 산업을 형성하고 경쟁력을 확보하는 길만이 IT 후발 주자들의 노동력 경쟁에 대처할 수 있는 길이다.

본고에서 살펴본 것처럼 선진국들은 이미 컴퓨터과학기술의 위기를 의식하고 이에 대비하기 위한 도전적인 계획을 수립하고 있다. 국내의 컴퓨터과학도 이러한 도전정신과 선구자적인 개척정신이 필요하다. 산학협력

연구의 경우에도 학교의 연구가 기업체의 연구를 단순히 지원하는 형태이기 보다는 오히려 기업에서 하기 어려운 위험성이 높은 기술을 학교에서 미리 연구함으로써 산업현장에서의 시행착오를 줄여주는 것이 더욱 바람직하다. 이러한 창의적이고 도전적인 문제에 대한 연구는 또한 지적 호기심과 기술적인 도전 의식을 가진 우수한 인재들을 컴퓨터 분야에 계속 유입되게 할 수 있어 컴퓨터과학이 독립된 학문 및 과학기술 분야로서 계속 발전하게 되는 성장 동력의 기반을 마련하게 될 것이다. 신생 학문분야로서 컴퓨터과학은 물리학이나 기계공학과 같은 보다 오랜 역사를 가진 학문 분야에서 교환을 얻어야 한다. 고전 역학의 시대에서 양자 역학의 시대로 전환되면서 물리학계에 어떤 변화가 일어났으며, 해상 교통의 시대에서 우주항공의 시대로 바뀌면서 기계공학이 어떻게 진화하였는지 그 역사를 살펴보고 컴퓨터도 새로운 과학혁명의 시대를 맞이하여 앞으로 어떻게 발전하여야 할 것인지에 대해서 숙고하고 혁신하는 노력을 게을리 하지 말아야 할 것이다.

참고문헌

[1] Hoare, T. and Milner, R. (Eds.), *Grand Challenges in Computing Research*, <http://www.ukcrc.org.uk/gcresearch.pdf>, The British Computer Society, 2004.

[2] The 2020 Science Group, *Towards 2020 Science*, http://research.microsoft.com/towards2020science/downloads/T2020S_ReportA4.pdf, Microsoft Corporation, 2006.

[3] *2020 - Future of Computing*, <http://www.nature.com/nature/focus/futurecomputing/>, *Nature* 440, March 2006.

[4] Forbes, N., *Imitation of Life: How Biology Is Inspiring Computing*, MIT Press, 2004.

[5] Gemmel, J., Bell, G., and Lueder, R., MyLifeBits: Personal database everything, *Communications of the ACM*, 49(1): 89-95, January 2006.

[6] Muggleton, S., Exceeding human limits, *Nature* 440: 409-410, March 2006.

[7] Endy, D., Foundations for engineering biology, *Nature* 438(24): 449-453, November 2005.

[8] Ben-Dor, U., Adar, R., Shapiro, E. "An autonomous molecular computer for logical control of gene expression," *Nature* 429, 423-429, 2004.

[9] Zhang, B.-T. and Kim, J.-K., "DNA hyper-networks for information storage and retrieval," *Proc. 12th Int. Conf. on DNA Computing (DNA12)*, LNCS 4287:298-307, 2006.

[10] Scheutz, M., *Computationalism: New Directions*, MIT Press, 2002.

[11] Standage, T. (Ed.) *The Future of Technology*, The Economist, 2005.

장 병 탁



1986. 2 서울대학교 컴퓨터공학(학사)
 1988. 2 서울대학교 컴퓨터공학(석사)
 1992. 7 독일 Bonn 대학교 컴퓨터과학(박사)
 1992. 8~1995. 8 독일국립정보기술연구소(GMD) 연구원
 1995. 9~1997. 2 건국대학교 컴퓨터공학과 조교수
 1997. 3~현재 서울대학교 컴퓨터공학부 교수, 생물정보학, 뇌과학, 인지과학 협동과정 겸임교수

2001. 1~현재 바이오정보기술연구센터(CBIT) 센터장
 2002. 6~현재 과학기술부 바이오지능 국가지정연구실 실장
 2003. 8~2004. 8 MIT Computer Science and Artificial Intelligence Laboratory (CSAIL) 방문교수
 2005. 12~2006. 2 Bernstein Center Berlin 과학재단 방문교수

관심분야: Biointelligence, Probabilistic Models of Learning and Evolution, Molecular/DNA Computation

E-mail : btzhang@bi.snu.ac.kr