

Visualization of Geometric Features in the Contact Region of Proteins

Ku-Jin Kim[†]

ABSTRACT

In this paper, we propose a method to visualize the geometric features of the contact region between proteins in a protein complex. When proteins or ligands are represented as curved surfaces with irregularities, the property that the two surfaces contact each other without intersections is called shape compatibility. Protein-Protein or Protein-Ligand docking researches have shown that shape complementarity, chemical properties, and entropy play an important role in finding contact regions. Usually, after finding a region with high shape complementarity, we can predict the contact region by using residual polarity and hydrophobicity of amino acids belonging to this region. In the research for predicting the contact region, it is necessary to investigate the geometrical features of the contact region in known protein complexes. For this purpose, it is essential to visualize the geometric features of the molecular surface. In this paper, we propose a method to find the contact region, and visualize the geometric features of it as normal vectors and mean curvatures of the protein complex.

Keywords : Protein Contact Region, Molecular Surface, Binding Interface, Geometric Feature, Mean Curvature

단백질 접촉 영역의 기하학적 특성 가시화

김 구 진[†]

요 약

본 논문에서는 단백질 복합체에서 단백질 사이의 접촉 영역이 갖는 기하학적 특성을 가시화하는 방법을 제안한다. 단백질 또는 리간드가 요철이 있는 곡면으로 표현될 때, 두 곡면이 서로 접하면서 교차하지 않는 성질을 형태 상보성이라 한다. 단백질-단백질 또는 단백질-리간드 도킹 연구에서 형태 상보성과 화학적인 성질, 엔트로피 등이 접촉 영역의 발견에 중요한 역할을 한다는 것을 볼 수 있다. 일반적으로 형태 상보성이 높은 영역을 발견한 뒤, 이 영역에 속한 아미노산들의 잔기 극성 및 소수성 등을 이용하여 접촉 영역을 예측한다. 접촉 영역을 예측하기 위한 연구에서는 기존에 알려진 복합체에서 접촉 영역이 갖는 기하학적인 특성을 조사하는 작업이 필요하며, 이를 위해 기하학적인 특성을 가시화하는 작업은 필수적이다. 본 논문에서는 단백질 복합체에서 접촉 영역을 발견하고, 두 개의 단백질 각각의 접촉 면에 속한 근거리의 점들의 기하학적인 특성을 법선 벡터 및 평균 곡률로써 가시화하는 방법을 제안한다.

키워드 : 단백질 분자 간 접촉 영역, 분자곡면, 결합 인터페이스, 기하학적 특성, 평균 곡률

1. 서 론

단백질과 단백질(또는 리간드) 간의 도킹 연구에서는 주어진 두 개의 단백질이 어떤 위치와 방향에 놓일 때 서로 결합할 수 있는지를 발견하는 작업을 수행한다. 단백질이 도킹하기 위해서는 단백질 표면의 형태가 상보적이고 서로 다른 분자 표면 상의 대형원자 중심점 간의 거리가 컷오프 거리(cut-off distance) 이내인 경우에 유의미한 결합이라고 가정할 수 있다. 보통 원자 중심점 간의 거리가 컷오프 거리 이내

인 분자 표면의 면적을 측정하고 면적이 일정 크기 이상일 때 단백질 간의 접촉 영역(contact region) 또는 인터페이스(interface)라고 정의된다[1-3].

단백질 분자 간의 결합을 위해서는 분자 곡면 간의 형태 상보성이 중요하며, 형태 상보성이 높은 영역이 발견된 후에는 이 표면 영역에 영향을 주는 아미노산과 잔기들의 성질에 따라 결합력의 세기가 결정된다. 잔기가 갖는 극성이 서로 다를 때 결합력이 강해지며, 아미노산이 동일한 친수성(hydrophilicity)이거나 소수성(hydrophobicity)일 때 결합력이 강해진다. 따라서, 결합면이 될 가능성이 있는 영역을 발견한 후, 면적이 넓고 결합력의 강도가 높은 순으로 결합 영역의 후보를 선정한다.

단백질 분자가 도킹하기 위해 형태 상보성이 있는 영역을 발견하는 작업은 계산 시간이 많이 소요되는 작업으로, 형태

※ 이 논문은 2018학년도 경북대학교 연구년 교수 연구비에 의하여 연구되었음.

† 정 회 원 : 경북대학교 컴퓨터학부 교수

Manuscript Received : April 29, 2019

Accepted : June 21, 2019

* Corresponding Author : Ku-Jin Kim(kujinkim@gmail.com)

상보성이 있는 영역을 발견하기 위해서는 원자 중심점 간의 거리를 측정하는 방식 이외에 분자 표면이 가질 수 있는 기하학적인 특성을 이용할 경우 효율성을 높일 수 있다. 또한 분자 간 인터페이스의 기하학적인 성질은 인터페이스 간의 유사도 측정을 위해서도 사용된다[4, 5].

본 논문에서는 이미 결합된 상태로 알려진 단백질 분자 복합체에서 접촉 영역이 가진 기하학적인 특성을 가시화하고 분석함으로써 단백질 분자 간의 도킹 영역 발견 및 인터페이스의 유사도 비교를 위한 효율성을 높이고자 한다. 이를 위해 결합된 단백질 복합체에서 접촉 영역이 갖는 기하학적인 특성을 법선 벡터와 평균 곡률을 이용하여 분석하고 가시화하는 방법을 제안한다.

2절에서는 본 연구에서 제안하는 방법과 관련된 연구를 제시한다. 3절에서는 분자 결합면의 기하학적인 특성을 계산하고 가시화하는 알고리즘을 설명한다. 4절에서는 실험 결과를 보이고, 5절에서는 결론 및 향후 연구방향을 보인다.

2. 관련 연구

기하학적인 측면에서 단백질 분자를 표현할 때, 각 원자에 대응하는 반데르바스 구(van der Waals sphere)를 구하여 구의 집합으로 표현하는 방법이 널리 사용된다. 분자 곡면은 구의 집합에 대해 특정 반경으로 지정된 구(sphere) 형태의 프로브(probe)가 단백질 분자의 외부에서 접할 때, 프로브의 합집합에 대한 스윕트 곡면(swept surface)의 내부 곡면을 의미한다[6]. 단백질 분자 A, B의 결합면의 면적을 계산할 경우, A의 분자곡면과 B의 분자곡면을 계산한 뒤, 분자곡면에서 일정 거리 이내인 영역을 발견하여 해당 영역의 면적을 계산하는 방법이 자주 사용된다.

단백질 복합체의 접촉 영역을 가시화 하는 프로그램으로는 VASCo [1], COCOMAPS [2], PISA [7], InterProSurf [8], MolSurfer [9] 등이 개발되었다.

PISA (PDBePISA)는 접촉 영역에 속한 원자의 개수와 비율, 결합면의 면적, 수소 결합의 개수, 인터페이스의 에너지 등을 분석하여 제시한다. VASCo [1]는 단백질 표면의 성질을 가시화하고 계산하며, 특히 단백질 분자 간의 상호작용이 일어나는 접촉 영역에 대해 정전기 전위(electrostatic potential) 또는 소수성(hydrophobicity) 등을 계산하고 가시화한다.

COCOMAPS [2]는 단백질 복합체의 접촉 영역을 분석하고 가시화하는 도구로서, 컨택트 맵(contact map)과 상호작용을 하는 잔기에 대한 정보 및 접촉 영역의 면적 등의 정보를 제공한다. InterProSurf는 단백질 분자 접촉 영역의 면적, 에너지, 분자 표면의 원자 개수, 분자 표면에 포함되지 않은 원자의 개수 등을 분석한다[8]. MolSurfer [9]는 거대분자의 접촉 영역에 대한 구조와 물리화학적 성질을 분석한다. MolSurfer는 접촉 영역에 대해 2차원 및 3차원 가시화를 제공하며, 정전기 전위와 소수성을 분석한다.

Kang et al. [10]은 단백질 복합체의 접촉 영역을 분석하기

위해 분자 간의 거리를 픽셀 단위로 계산하여 가시화하는 방법을 제안하였다. Kang et al. [11]은 단백질이 서로 결합되는 방향을 계산하는 방법을 제안하고, 해당하는 방향에 대해 그래픽 프로세서(graphic processor)에서 제공되는 깊이 버퍼(depth buffer) 기반으로 분자 간의 거리를 측정하고 접촉 영역의 요철 (ruggedness)을 분석하고 면적을 계산하였다.

기존의 접촉 영역 분석 도구들은 주로 면적이나 비표면 면적 계산, 인접한 아미노산 잔기 등을 조사하는 데 집중하였다. 접촉 영역의 기하학적인 특성을 가시화하기 위해서는 기존의 도구에서 분석한 내용 외에 곡면의 성질을 나타내는 다른 측정 도구가 필요하다.

3. 알고리즘

3.1 개요

단백질 분자 접촉 영역의 기하학적 특성 가시화 알고리즘의 개요는 Table 1과 같다. 단백질 A, B가 결합된 복합체가 입력될 때, 이 알고리즘은 복합체의 접촉 영역을 발견한 뒤, 접촉면에 대해 기하학적 특징을 가시화한다. 각 단계에 대한 세부적인 내용은 3.2절-3.7절에서 설명된다.

Table 1. Algorithm for Visualizing Geometric Features of the Contact Area

Step 1. Compute the molecular surface S_i for the molecules M_i ($i = 1, 2$).
Step 2. Compute S_i' that is the simplified surface of S_i .
Step 3. Compose the kd-tree T_i' for the vertices in S_i' .
Step 4. Generate the set V_i , where V_i is composed of the vertices of T_i' whose distances to S_j' ($i \neq j$) are less than d .
Step 5. Compute the normal vectors for the vertices in V_i .
Step 6. Compute the mean curvature for the vertices in V_i .

3.2 분자 곡면의 생성

분자 곡면을 생성하는 방법은 다양하며, 관련 연구는 Decherchi et al. [12]의 논문에 조사되어 있다. 본 연구에서는 현재까지 널리 사용되는 방법 중의 한 가지인, Sanner [13]가 제안한 msms를 사용하여 분자 곡면을 생성하였다. msms은 pdb 포맷으로 주어진 단백질 분자에 대해 불규칙적인 크기의 삼각형 메시로 분자 곡면을 생성한다. 주어진 프로브 반경에 따라 다른 형태의 분자 곡면이 생성되며, 프로브 반경이 작을수록 세부적으로 곡률이 큰 분자곡면의 요철을 생성한다. 프로브 반경이 클수록 분자곡면의 요철은 곡률이 작아진다.

3.3 곡면의 단순화

msms로 생성된 분자 곡면 S'_i 은 삼각형 메쉬(triangle mesh)로 구성되며, 내각이 0도에 가까운 형태, 즉 한 변의 길이가 0에 가까운 삼각면 (triangle face)을 포함할 수 있다. 이러한 형태의 삼각면은 정점 법선 벡터(vertex normal vector)를 계산하거나 분자 곡면의 곡률(curvature)을 계산하는 과정에서 오차를 발생시키는 원인이 되므로, 분자 곡면에서 이들을 제거하기 위한 처리가 필요하다. 또한 삼각면의 개수가 적을수록 분자 곡면에 대한 처리 과정에서 계산 효율성이 더 높아진다.

오차를 피하고, 계산 효율성을 높이기 위해 S'_i 에 대해 메쉬 단순화 알고리즘(mesh simplification algorithm) [14]을 적용하였다.

3.4 kd-tree의 구성

곡면 S'_i 상의 각 정점으로부터 일정한 거리 이내에 있는 다른 곡면 상의 정점들을 효율적으로 추출하기 위해 두 곡면을 구성하는 정점의 집합 각각에 대해 kd-tree를 구성하였다. kd-tree를 구성함으로써 주어진 한 점으로부터 일정 거리 내의 정점의 집합을 효율적으로 계산하였다.

3.5 접촉면 패치 (contact surface patch)의 추출

기하학적인 측면에서 접촉면 패치는 보통 각각의 분자에 대해 분자 곡면을 계산한 뒤, 분자 간의 거리가 일정 거리 이하인 영역을 두 개의 분자 곡면 각각에서 추출한 패치들을 가리킨다. 곡면 상의 일부 영역에 해당하는 패치이므로, 곡면이 갖는 기하학적인 성질을 가지며, 접촉 영역은 1개 이상의 분리된 패치로 구성될 수 있고, 접촉 영역의 내부에서 분자 간의 거리가 일정 거리 이상 멀어지는 부분은 패치 내부의 구멍(hole)으로 대응된다.

단백질 접촉 영역에서 의미 있는 원자들은 대형 원자의 중심점 간의 거리가 5Å 이내인 것들이다. 아미노산을 구성하는 원자의 반데르 바스 반경은 수소(1.2Å)를 제외하면, 최소 1.52Å에서 최대 1.7Å 이므로, 각 원자가 분자 곡면과 갖는 거리가 최소 1.6Å에서 최대 2Å라고 할 수 있다. 이에 따라 분자 곡면 간의 거리 계산에서는 기본 임계(default threshold) 거리값을 설정하고, 사용자의 입력에 따라 임계치가 변경될 수 있게 구현하였다.

3.6 법선 벡터의 계산 및 가시화

분자 곡면의 법선 벡터는 곡면의 정점 법선 벡터로 표현한다. $N(v_i)$ 가 정점 v_i 에 인접한 이웃 면(1-ring neighbor face)의 집합이고, $A(T)$ 는 $N(v_i)$ 에 속한 면 T 의 면적이라 할 때, $A(T)$ 를 가중치로 반영하여 해당 면 T 의 단위 법선 벡터 $N(T)$ 를 이용하여 정점 v_i 의 법선 벡터 $n(v_i)$ 를 계산한 식은 다음과 같다[15].

$$n(v_i) = \frac{\sum_{T \in N(v_i)} A(T)n(T)}{\left\| \sum_{T \in N(v_i)} A(T)n(T) \right\|} \quad (1)$$

3.7 평균 곡률의 계산 및 가시화

곡면에 대한 기하학적인 특징으로 곡면의 평균 곡률(mean curvature)이 널리 사용된다. 분자 곡면에 대한 평균 곡률을 계산하기 위해 Laplace-Beltrami 연산자[16]를 사용하였다. 정점 v_i 와 인접한 이웃 면들의 면적의 합에 대한 $\frac{1}{3}$ 이 $A(v_i)$ 이고, 정점 v_i 와 인접한 정점의 집합이 $NV(v_i)$ 일 때, Laplace-Beltrami 연산자는 다음의 식과 같다.

$$\Delta f(v_i) = \frac{1}{2A(v_i)} \sum_{v_j \in NV(v_i)} (\cot \alpha_{i,j} + \cot \beta_{i,j})(v_j - v_i) \quad (2)$$

여기에서 변 (edge) $v_i v_j$ 를 공유하는 두 개의 면이 각각 정점 v_i, v_j, v_k 와 정점 v_j, v_i, v_l 일 때, 각도 $\alpha_{i,j}$ 는 각도 $v_i v_j v_k$ 이고, $\beta_{i,j}$ 는 각도 $v_i v_j v_l$ 이다. Laplace-Beltrami 연산자의 결과는 벡터이며, $\|\Delta f(v_i)\|$ 를 평균 곡률로 사용한다.

4. 실험 결과

본 논문에서 제안된 가시화 알고리즘은 GeForce GTX 970 그래픽카드가 장착된 Windows 7 기반의 데스크탑 PC에서 C++과 OpenGL (<http://www.opengl.org>)을 이용하여 구현되었다. 분자곡면 계산은 msms (<https://www.scripps.edu/sanner>)를 이용하여 수행되었고, 분자곡면에 대한 단순화 작업은 CGAL 4.14 [17]에서 제공하는 곡면 메쉬에 대한 단순화 기능[14]을 이용하였다.

Figs. 1-6은 실험에 사용한 단백질 분자 및 접촉 영역에 대한 기하학적인 특징을 가시화한 예를 보인다. Fig. 1은 단백질 분자 PDB id. 1A3A에서 선택된 두 개의 구성단위(subunit) A, B를 제시한다. 이후의 그림 Figs. 2-6은 Fig. 1에 제시된 구성단위들에 대한 접촉면을 구한 뒤, 동일한 접촉면의 특성이 다양한 방법으로 제시된 결과를 보인다.

Fig. 2에서는 3.2절과 3.3절에서 제시된 방법으로 생성한 분자 곡면을 보인다. A, B에 대해 프로브 반경 1.4Å 및 10Å으로 msms를 이용하여 분자곡면을 계산한 뒤, 단순화 알고리즘을 적용한 결과를 각각 제시한다.

Fig. 2에서 제시한 예는 msms로 생성한 분자 곡면에 단순화 알고리즘을 적용한 결과이다. 곡면 B의 정점들 중에서 곡면 A로부터 거리 2Å 이내인 것들을 선택하여 정점의 집합 V_1 을 구성하였다. 반대로, 곡면 A의 정점들 중에서도 곡면 B로부터 거리 2Å 이내의 점들을 선택하여 정점의 집합 V_2 를

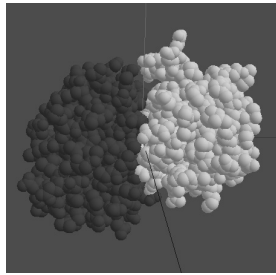


Fig. 1. Van der Waals Spheres of PDB id. 1A3A

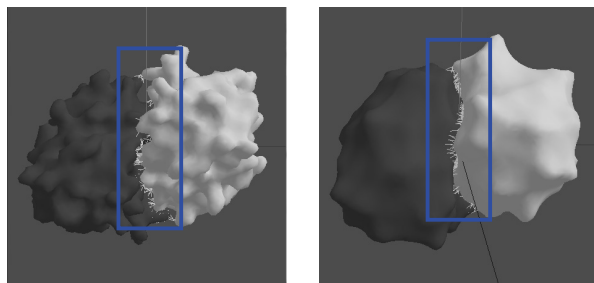


Fig. 2. Molecular Surface of Two Subunits in PDB id. 1A3A with the Probe Radii 1.4Å (Left) and 10.0Å (Right) with the Contact Region Represented by White Lines in Blue Rectangles

구성하였다. 접촉면에 대응되는 분자 곡면의 정점들을 추출한 뒤, 이들을 정점으로 갖는 면들로 패치를 구성하였다.

Fig. 3에서는 단백질 분자 접촉 영역의 가시화 결과를 보인다. 왼쪽 그림에서는 구성단위 A의 곡면 상에서 구성단위 B의 접촉면 패치를 표시하였다. 오른쪽 그림에서는 두 구성단위의 접촉면 패치를 보인다.

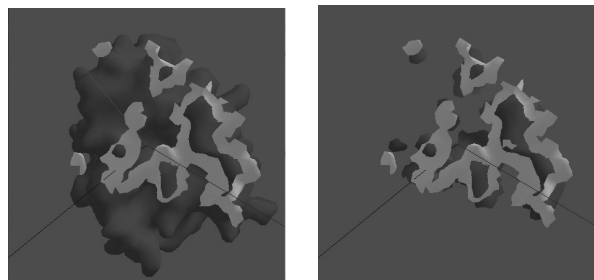


Fig. 3. Contact Region Patch of Molecule B on the Surface of Molecule A (Left) and Contact Region Patches of Molecules A and B (Right)

Fig. 4에서는 두 분자 간의 접촉면 패치를 보이며, A와 B 각각의 접촉면 패치의 길이를 비교할 수 있도록 대칭적인 관점으로 배치하였다.

Fig. 5에서는 구성단위 A, B에 대해 평균 곡률을 계산하여 가시화한 결과를 보인다. 평균 곡률은 서로 다른 색상으로 구분하여 표시하였다. 인터페이스 패치의 각 정점에 평균 곡률에 해당하는 색상을 부여하여 곡률을 가시화하였다. 두 패치 간에서 최단 거리의 정점 쌍이 갖는 평균 곡률의 유사도를

가시화하기 위해 곡면 패치의 삼각면들을 곡률 값 색상으로 표시하였다.

구성단위 A, B의 접촉면 패치의 곡률이 $C_{min} \sim C_{max}$ 의 범위일 때, 곡면의 곡률 표시는 C_{min} 에 blue, C_{max} 에 red 색상을 대응시키고, C_{min} 과 C_{max} 사이의 값은 blue와 red 사이의 색상을 보간한 값을 이용하여 표시하였다. 평균 곡률 계산 시, 이상치 (outlier)가 존재하기 때문에 클램핑(clamping)을 적용하여, 곡률 변화를 표시하였다.

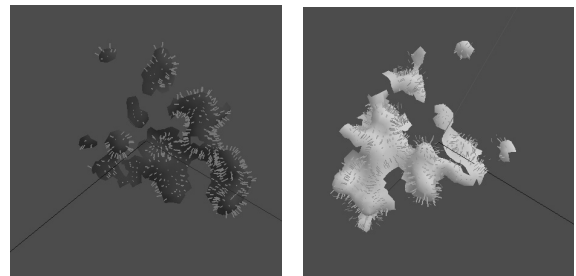
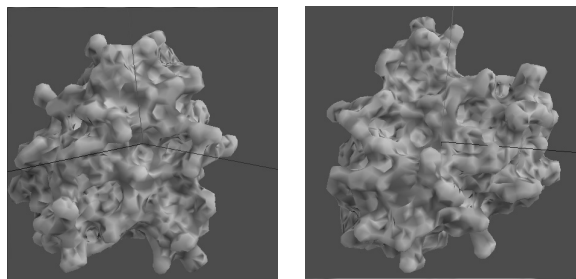
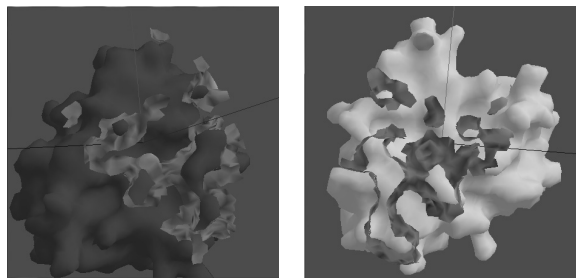


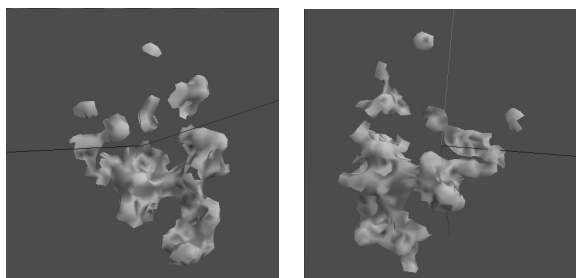
Fig. 4. Normal Vectors on the Contact Region Patches



(a)



(b)



(c)

Fig. 5. Mean Curvature Representation of PDB id. 1A3A (a) Molecules A (left) and B (right), (b) Molecule A and Contact Region of B (left) and Molecule B and Contact Region of A (right), (c) Contact Region of A (left) and B (right)

Fig. 6에서는 A의 접촉면 패치에 평균 곡률을 적용한 뒤, B의 접촉면 패치에 속한 정점들을 평균 곡률의 색상으로 표현하여, A와 B의 최단 거리 정점 쌍들의 평균 곡률 값을 시각적으로 비교할 수 있도록 하였다.

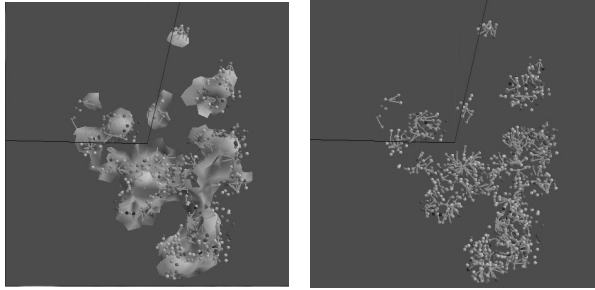


Fig. 6. Mean Curvature Representation of Contact Patch of A and Vertices of B (left) and Vertices of A and B (right)

5. 결 론

본 논문에서는 단백질 분자 접촉 영역의 기하학적인 특성을 가시화하는 방법을 제안하였다. 단백질 분자에 속한 구성 단위 각각에 대해 분자 곡면을 추출한 뒤, 분자 곡면에 대한 법선 벡터 및 평균 곡률을 계산하고 이를 가시화 하는 방법을 제안하였다.

향후에는 기하학적인 성질을 나타내는 도구를 추가하고 사용자 편의성을 높이고자 한다. 또한 가시화 뿐 아니라, 접촉 영역에 대한 수치적인 분석 기능을 추가하고자 한다. 최종적으로는 접촉 영역에 대한 기하학적인 특징을 이용하여 단백질 분자 도킹 및 인터페이스 간의 유사도 분석을 수행하는 것을 목표로 한다.

References

- [1] G. Steinkellner, R. Rader, G. G. Thallinger, C. Kratky, and K. Gruber, "VASCo: computation and visualization of annotated protein surface contacts," *BMC Bioinformatics*, Vol.10, No.32, 2009.
- [2] A. Vangone, R. Spinelli, V. Scarano, L. Cavallo, and R. Oliva, "COCOMAPS: a web application to analyze and visualize contacts at the interface of biomolecular complexes," *Bioinformatics*, Vol.27, No.20, pp.2915-2916, 2011.
- [3] A. Porollo and J. Meller, "Computational Methods for Prediction of Protein-Protein Interaction Sites," *Protein-Protein Interactions - Computational and Experimental Tools*; W. Cai and H. Hong, Eds. InTech, 2012, pp.3-26. <http://spider.cchmc.org>
- [4] D. Kuroda and J. J. Gray, "Shape complementarity and hydrogen bond preferences in protein-protein interfaces: implications for antibody modeling and protein-protein docking," *Bioinformatics*, Vol.32, No.16, pp.2451-2456, 2016.
- [5] I. Budowski-Tal, R. Kolodny, and Y. Mandel-Gutfreund, "A Novel Geometry-Based Approach to Infer Protein Interface Similarity," *Scientific Reports*, Vol.8, pp.8192, 2018.
- [6] J. Li, P. Mach, and P. Koehl, "Measuring the shapes of macromolecules - and why it matters," *Computational and Structural Biotechnology Journal*, Vol.8, No.12, e201309001, 2013.
- [7] E. Krissinel and K. Henrick, "Inference of macromolecular assemblies from crystalline state," *J. Mol. Biol.*, Vol.372, pp. 774-797, 2007. <http://www.ebi.ac.uk/pdbe/pisa/>
- [8] S. S. Negi, C. H. Schein, N. Oezguen, T. D. Power, W. Braun, "InterProSurf: A web server for predicting interacting sites on protein surfaces," *Bioinformatics*, Vol. 23, No.24, pp.3397-3399, 2007. <http://curie.utmb.edu/prosurf.html>
- [9] R. R. Gabdouliline, R. C. Wade, and D. Walther, "MolSurfer: a macromolecular interface navigator, *Nucleic Acids Research*," Vol.31, No.13, pp.3349-3351, 2003. <https://molsurfer.h-its.org/>
- [10] B. S. Kang, K.-J. Kim, and Y. Kim, "Three dimensional visualization of contact region for a protein complex," *KIPS Tr. on Software and Data Engineering*, Vol.2, No.12, pp. 899-902, 2013.
- [11] B. S. Kang, G. Pugalendhi, and K. -J. Kim, "Binding Direction-Based Two-Dimensional Flattened Contact Area Computing Algorithm for Protein - Protein Interactions," *Molecules*, Vol.22, No.10, pp.1722, 2017.
- [12] S. Decherchi, J. Colmenares, C. E. Catalano, M. Spagnuolo, E. Alexov, and W. Rocchia, "Between algorithm and model: different Molecular Surface definitions for the Poisson-Boltzmann based electrostatic characterization of biomolecules in solution," *Commun Comput Phys.*, Vol.13, No.1, pp.61-89, 2013.
- [13] M. F. Sanner, A. J. Olson, and J. C. Spehner, "Fast and robust computation of molecular surfaces," *Proc. 11th ACM Symp. Comp. Geom.*, pp.C6-C7, 1995.
- [14] F. Cacciola, "Triangulated Surface Mesh Simplification," In *CGAL User and Reference Manual*. CGAL Editorial Board, 4.14 edition, 2019.
- [15] M. Botsch, L. Kobbelt, M. Pauly, P. Alliez, and B. Levy, "Polygon Mesh Processing," A K Peters/CRC Press, 2010.
- [16] M. Reuter, S. Biasotti, D. Giorgi, G. Patanè, and M. Spagnuolo, "Discrete Laplace - Beltrami operators for shape analysis and segmentation," *Computers & Graphics*, Vol.33, No.3, pp.381-390, 2009.
- [17] The Computational Geometric Algorithms Library (CGAL) [Internet], <http://www.cgal.org>



김 구 진

<https://orcid.org/0000-0001-8743-4650>

e-mail : kujinkim@gmail.com

1990년 이화여자대학교 전자계산학과(학사)

1992년 KAIST 전자계산학과(석사)

1998년 POSTECH 컴퓨터공학과(박사)

1998년~2000년 Dept. of Computer
Science, Purdue University,
USA, PostDoc.

2000년~2002년 아주대학교 정보통신전문대학원 BK교수

2002년~2003년 Dept. of Computer Science & Mathematics,
Univ. of Missouri-St. Louis, 방문교수

2004년~현 재 경북대학교 컴퓨터학부 교수

관심분야: Computer Graphics, Computational Biology