

컴퓨터과학과 생명과학의 만남

경북대학교 김삼묘*

1. 개요

과학의 발달사를 되돌아볼 때 한 분야의 기술 혁신이 학제간의 상보적인 작용에 의하여 촉진되어 온 많은 예를 보게된다. 광학이 생물학의 발전에, 화학이 원자물리에, 천문학이 입자물리에, 그리고 전자공학이 컴퓨터과학의 발전에 획기적인 기술을 제공하였으며, 그 역기여 또한 많았음을 보게된다. 최근에 컴퓨터 분야 기술의 혜택을 입지 않은 분야가 없지만, 특히 생명공학의 기술 혁신은 거의 동시에 일어난 컴퓨터 분야의 기술 혁신에 직접적인 영향을 받아 가속되어 왔다.

인류는 지난 6월 27일 또 하나의 놀라운 과학적인 업적을 이루어 놓았다. 과거 10년 동안의 게놈사업, 즉 인간의 생물학적인 정보를 담고 있는 23 개의 염색체의 구조, 즉 길이가 총 32억 2천 1백만에 달하는 DNA 서열을 밝히는 연구가 끝난 것이다.

이렇게 15년으로 계획되었던 게놈사업이 10년으로 단축된 배경에는 놀라운 생명공학 기술의 발전이 있었기 때문이라 하겠지만, 이 시기에 동시에 일어난 컴퓨터 분야 기술의 혁신적인 발달이 절대적인 역할을 하였다는 사실을 부인할 사람은 없을 것이다. 컴퓨터 하드웨어와 네트워크의 발달이 게놈사업을 위한 인프라를 제공하였고, 컴퓨터과학의 초창기부터 정보검색을 위한 기본 기술로 개발 발전시켜 왔던 문자열 검색 및 정합(searching and matching) 알고리즘 기술은 염색체의 서열을 분석하고 밝혀내는데 획기적인 역

할을 하였다[4].

한편, 생물학이 컴퓨터과학 발전에 기여한 경우는 분자계산이라는 측면에서 극히 일부 학자들에 의하여 그 가능성을 탐색하여 왔었다. 그러나 1994년 Adleman이 DNA 계산기술의 가능성을 실증해 보인 것을 계기로[1] 많은 학자들이 생명공학기술 또는 미세 생체기능을 이용한 계산기술을 개발하기 위한 연구가 활발히 이루어지고 있다[2,9].

염색체의 서열을 밝히고 유전자지도를 그리는 게놈사업에서 두 학문이 만나 학제간 분야인 계산생물학(Computational Biology, 또는 생물학 측면에서 본 생물정보학(Bioinformatics))이 탄생하였고, 이 만남이 어느 만남에 비교될 수 없을 생산적인 커플이 될 것이라 기대하고 있다.

논문의 2장에서는 생명공학이 당면한 문제와 이를 해결하기 위하여 컴퓨터과학이 기여할 수 있는 방향을 제시하고, 3장에서는 그 역기여, 즉 생명공학기술이 어떻게 컴퓨터 기술에 기여할 수 있는가를 예를 들어 설명한 다음, 마지막으로 4장에서 결론을 맺는다.

2. 게놈 후속사업과 컴퓨터과학

게놈사업 결과 거대한 관련 데이터베이스들과 소프트웨어들이 개발 공개되어 전 세계 학자들이 공유하는 가장 큰 연구정보로 등장하게 되었다. 게놈사업의 주목적은 염색체 내의 유전자들의 서열을 밝히고 염색체 상의 위치(즉, 염색체 지도)를 작성하는 것이다. 생물분자들로부터 생체기능을 해석해 낸다는 분자생물학의 궁극적인 목표에

*정회원

비추어 볼 때, 게놈사업의 성공은 그 목표를 달성하기 위한 첫 난관을 극복한 것에 지나지 않는다. 이제 게놈후속사업으로 우리에게 당면한 문제는 게놈서열로부터 세포의 기능 사이에 놓여 있는 “길”을 밝히는 것이다(그림 1)¹⁾

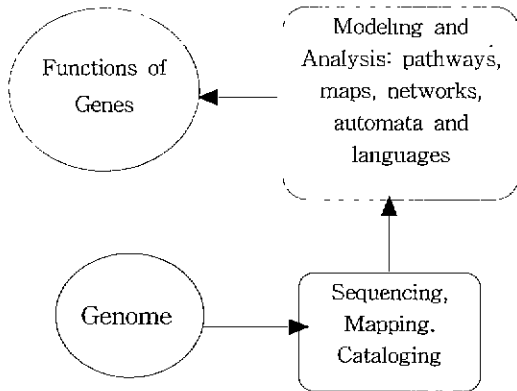


그림 1 Genome으로부터 생체기능까지

게놈사업은 길이가 30억이나 되는 게놈서열과 8만여 개로 추정되는 유전자들의 지도 및 이들에 관련된 분류정보(catalogs) 등 엄청난 양의 정보를 만들어 쌓아 놓았다. 이로부터 유전자들의 기능정보를 캐어 정제해 내는 일에는 게놈사업에 비유할 수 없는 난해한 문제들이 산재해 있다. 게놈사업을 위하여 우리는 컴퓨터사업장에서 사용하고 있던 많은 도구들을 직접 또는 개조하여 이용할 수 있었다[4]. 그러나 염색체서열과 유전자지도를 가지고 생체기능을 추적해내는 일에는 새로운 모델과 계산 도구가 필요하다.

이 모델은 서열을 밝히고 지도를 그리기 위하여 이용했던 것과 같은 정적인 모델이 아니라 동적인 모델이어야 하며, 요소들 간에 높은 연관성을 갖고 있어야 할 것이다. 따라서 이러한 모델상에서 우리가 해결해야 할 많은 문제들이 근본적으로 매우 난해하리라고 예측할 수 있다. 연구 결과 많은 유전자들이 독립적으로 발현하지 않고 다른 유전자의 영향을 받는다 것이 알려졌다. 궁극적으로 우리는 수만 개의 유전자들의 상호작용을 해석할 수 있어야 할 것으로 내다보는 학자들

도 적지 않다[12]. 게놈후속사업 연구에 이용할 수 있는 기존 모델로 경로지도(pathway map [5]), 페트리넷(Petri nets[10]), 오토마타[6] 등을 들 수 있다. 이 모델들은 관련된 생물정보를 충분히 나타낼 수 없을 정도로 지나치게 추상화되었거나, 아니면, 너무 복잡하여 현 알고리즘 기술로는 효과적으로 분석할 수 없는 결점이 있다.

게놈서열정보로부터 생체기능을 밝혀내는 문제의 특성과 그 복잡성을 이해하기 위하여 잘 알려진 Lindenmayer의 L-시스템[8]을 예로 들어 보자. L-시스템은 일종의 발현 모델(developmental model)로 게놈 후 연구에서 예상되는 여러 가지 문제의 특성을 엿볼 수 있게 한다. L-system은 문자열들(즉, 언어)을 발생하는 일종의 문법으로 세 쌍 $S = (A, h, w)$ 로 정의한다. 여기서 A는 언어의 알파벳, h는 대치룰(rewriting rule), 그리고 w는 시작 문자열이다. 한 예로 $A = \{a, b\}$, $w = ab$, 그리고 h가 다음과 같다고 하자: $h(a) = aa$, $h(b) = ab$. L-system $S = (A, h, w)$ 가 발생하는 언어는 $w = ab$ 와 이 문자열에 h를 적용하여 만들 수 있는 모든 문자열 $h(ab) = aaab$, $h(aaab) = aaaaaaab, \dots$ 등을 포함한다.

다음과 같은 요소로 구성된 L-시스템을 고려하여 보자: $A = \{1, 2, \dots, 8, 9, [,], \}$, $w = 1$, 그리고 h는 다음과 같다.

- $h(1) = 23$ $h(2) = 2$ $h(3) = 34$
- $h(4) = 25$ $h(5) = 65$ $h(6) = 7$
- $h(7) = 8$ $h(8) = 9[3]$ $h(9) = 9$

시작문자열 1에 위의 대치룰을 연속적으로 적용하면, 1, 23, 224, ..., 등의 문자열을 포함하여 다음과 같은 문자열이 생성된다.

229[229[24]9[3]8765]9[229][3]8765]9[228765]9[228765]9[2265]9[225]9[24]9[3]8765

이 문자열을 외쪽 끝으로부터 우측으로 읽어가며 그림 2와 같이 각 십진 디지털을 2차원 평면에 배열한다. 이 과정에서 “[”이 나올 때마다, 진행방향을 처음은 -45도 다음은 + 45도 바꾸어 나가며, “]”가 나오면 대응하는 “[”가 적용되기 직전의 방향으로 복귀하여 문자들을 배열한다. 이 결과 그림 2와 같은 나무 형상의 그림을 얻게 된다. 이러한 원리로 다양한 기능을 가진 L-시스

1) 이를 위하여 최근 활발히 연구가 진행되고 있는 분야가 functional genomics와 proteomics이다

```

1 → 21   2 → 2   3 → 24
4 → 35   5 → 65   6 → 7
7 → 8    8 → 9[3] 9 → 9

1
23
224

22[2]22[24]8, 3[8]765[6]22[9]3 [8]765[6]228765[6]
22[8]765[6]22[6]5[3]22[5]9[34]9[3]8765

```

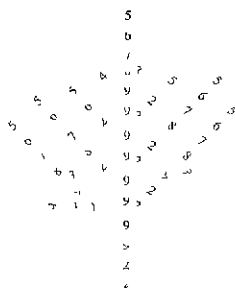


그림 2 문자열의 2D 번역



(a) [M]-gg[M] (b) [M]-gg[M] (c) [t15+TAAt03+TA]
[M gg[M] [M-ggM] [t15+TA[t03+TA]

그림 4 L-시스템 변이와 그 영향

```

1 S = [C000101010Z]
2 Z = (17-N)(20-VFL)(N)(0-N-VI) >>>> 01[] >>> 01[0]1[]W
3 N = 101+N
4 M = EB13gg[M]-gg[M]
5 O = [C0000002550**g L][C000000255-(20-gL]
6 W = wd[1]23+TA[1]15-TA[03+1A]*T^A[03-YA][15-YA A][23-YA t03
7 A = d09[[]t1->>C25000000g][160-+1]1->>>C250000000g[00 t1->>>C25000000g]
8 F = gtf
9 T = 105-FRERET
10 Y = 106-FRERET
11 U = REBRCTBRREBREREGg-U
12 J = FJ
13 L = 101JP
14 P = 101-J(17-V2)[01]1(0+N-D)[H] >>>> 01[F] >>> 01[0]1[]W
15 D = EB13gg[D]t gg[D]
16 V = >>>g<<<

```

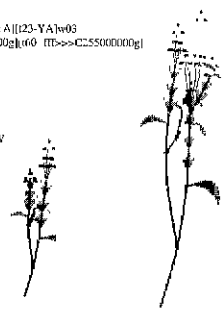


그림 3 L-시스템이 생성한 꽃나무

템을 만들어 2-D 또는 3-D 상에 “가상 식물”을 그릴 수 있다(그림 3).

L-시스템은 문법이 갖는 생성기능, 이로부터 생성된 문자열 및 이를 번역하는 기능과 그 결과물인 영상으로 나누어 볼 수 있다. L-시스템이 자연의 식물과 같은 그림을 발생한다고 하여 이 시스템의 기능을 생체의 기능과 직접 연계시킬 수는 없지만, 이 인공 시스템의 특성을 연구하므로 유전자로부터 생체상의 기능을 밝히는 문제의 특성과 그 난해성을 어렵할 수 있으리라 생각한다.

그림 4는 변이(mutation)에 대하여 그림 3의 L-시스템이 얼마나 민감한가를 시험한 결과를 보여준다. 그림 4-(a)는 그림 3의 L-시스템의 4번 룰이 그림의 캡션에 보인 바와 같이 “[”가 제거된 변이에 의한 결과이며, 그림 4-(b)는 제거된 “[”의 우측에 있는 “[”가 추가로 제거된 결과이다. 변이가 이종으로 발생했지만, 오히려 원래의 기능이 복구되고 있음을 보여준다. 그림

5-(c)는 6번 룰에 “[”가 삽입된 결과로 시스템의 가지치는 기능을 잃었지만 아직도 변이가 일어나지 않았을 때의 특성의 많은 부분을 유지하고 있다.

L-시스템은 컴퓨터이론 분야의 주축을 이루는 오토마타 및 형식언어의 한 모델로 특히 생체발현체계를 현상실험(simulate)하는 도구로 이용하고 있다[8]. L-시스템은 Chomsky의 언어계층에서 볼 때, 문맥자유언어 보다 상위의 수준에 속한다. 컴퓨터 학자들은 이러한 수준의 모델에 관련된 많은 문제들이 NP-hard에 속한다는 것을 알고 있다. 따라서 계승추사업에 관련된 중요한 문제들에 대한 의미 있는 답을 구하기 위하여 모델 설정에서부터 알고리즘 개발에까지 보다 고차원의 연구가 요구될 것이다.

이상에서 우리는 계승 후속 연구를 위하여 컴퓨터과학이 기여할 방향과 그 난해성에 대하여 기술하였다. 다음절에서는 그 역기여, 즉 유전공학 기술과 생체모델이 계산기술에 기여할 수 있는 가능성에 대하여 두 가지 예를 들어 보기로 한다.

3. 생물분자 계산

최근 컴퓨터 분야에서는 NP-hard 문제들의

높은 벽을 넘을 수 있는 DNA 계산[1]과 양자계산(quantum computing)[3]이라는 두 진위 기술을 개발 발전시키기 위하여 많은 학자들이 연구하고 있다. Adleman이 처음 개발한 Hamiltonian 경로 찾기 문제에 대한 DNA 계산 방법은 다음과 같은 보편적인 유전공학 기술을 이용한 것이다[1,7].

(1) DNA 합성: 주어진 DNA 서열에 해당하는 DNA 분자를 합성한다. 예를 들면 그림 5-(b)에 있는 각 DNA 서열에 해당하는 분자를 합성할 수 있다.

(2) DNA 증폭: 주어진 DNA 분자의 수를 2배, 4배, 8배, . . . , 등으로 그 수를 지수적으로 증폭할 수 있다.

(3) Ligation: 여러개의 DNA 서열과 이들의 보서열이 주어졌을 때, 이들 중 서로 상보적인 (C-G, G-C, A-T, T-A) 서열들로 구성된 이중서열을 합성한다. 예를 들면, 시험관에 아래 (i), (ii)와 같이 서로 상보적인 두 단일 DNA 서열이 분리되어 있더라도 적절한 조건 하에서 이중서열로 결합시킬 수 있다.

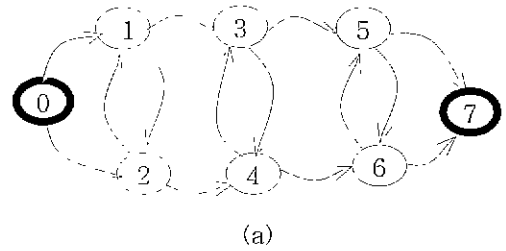
. . . CATCTGATTAAGCCCATG . . . (i)
 . . .GTAGACTAATTCGGGTAC . . . (ii)

(4) 검출(extraction): DNA 서열들로부터 주어진 아랫서열(substring)을 갖고 있는 서열들을 추출해 낼 수 있다.

(5) 감식(detection): DNA 시료에 원하는 서열이 존재하는지 여부를 밝힌다.

NP-hard 문제들은 대부분 문제의 크기 n에 대하여 해답공간(solution space)이 2^n 에 비례하는 크기를 갖고 있다. 위의 유전공학기술 중 처음 3 기술은 시험관에서 주어진 Hamiltonian 경로 찾기 문제의 답이 될 수 있는 모든 경로, 즉 해답공간을 생성한다. 특히 DNA 증폭기술은 이 과정에서 핵심적인 역할을 한다. 나머지 DNA 검출 및 감식기술은 생성된 해답공간 내에 찾으려는 답, 즉 Hamiltonian 경로에 해당하는 DNA 서열이 존재하는지 여부를 밝히는데 쓰인다.

우리가 Adleman의 DNA 계산 기술을 그림 5에 있는 그래프에 적용한 예를 들어 간단히 그 원리를 알아보기로 하자(보다 자세한 내용은 [6]를 참조하기 바란다.).



- (0) AGTAGGAGAAGCGTCAGC
- (1) GGGACCTCCTTAGGTATC
- (2) CATCTGATTGTGGCGAGC
- (3) TATGCACACTGCACAACC
- (4) TAGCTCTCGAAGCCCATG
- (5) GTAAGTACTAGGTGTACATGA
- (6) ACTCGTCTAGTCTCCTGG
- (7) GGCCCAAAGTATGATACAAG

(b)

그림 5 (a) 그래프와, (b) 노드 DNA 서열

주어진 그래프 상에 시작 노드에서부터 종점 노드까지 [그림 5-(a)에서 노드 0에서 7까지] Hamiltonian 경로가 있는지 여부를 DNA 계산 기술로 알기 위한 첫 단계로 각 노드마다 일정한 길이의 서로 다른 단일 염기서열(oligo)을 DNA 합성기술을 이용하여 합성한다 [그림 5-(b)]. 다음 단계로 각 예지마다 단일 보염기서열 (complementary oligo, 즉 위의 노드 서열에 ligate 하여 이중서열을 만들 수 있는 서열)을 다음과 같이 합성한다:

일반적으로 노드 i에서 노드 j로 가는 예지가 있다고 하자. 노드 i에 해당하는 염기서열의 우측 절반 [그림 5-(b)에서 I = 2일 경우, GTGGCGAGC]과 노드 j에 해당하는 염기서열의 좌측 절반(j = 4이면, TAGCTCTCG)을 연결한 서열의 보서열을 만든다. 그림에서 노드 2에 해당하는 서열의 우측 절반과 노드 4의 좌측 절반을 결합한 서열이 GTGGCGAGCTAG CTCTCG 이므로 예지 2 → 4에 대한 서열은 이 서열의 보서열인 CACCGCTCGATCGAGAGC가 된다. 단 i가 시작노드이면 노드 i 서열의 우측 절반을 쓰는 대신 서열 전체를 쓰고, j가 종착노드이면, j의 전 서열을 써서 예지서열을 만든다. 이렇게 노드서열과 예지서열을 설계하는 이유는 이들 서

열들을 시험관에 혼합시켜 ligate 할 수 있는 조건에 두었을 때, 가능한 모든 경로에 해당하는 이중 DNA 서열이 생성될 수 있도록 하는 것이다.

예를 들어 그림 6-(a)-(e)는 그림 5-(a)의 그래프 경로 0 → 1 → 2 → 4 . .에 해당하는 이중 DNA 서열의 생성과정을 보여주고 있다. 그림 6이 보여주는 이중서열은 오른쪽 끝에 단일서열로 남아 있는 부분이 있다. 그러나 경로가 종점인 노드 7에 서 끝나는 것이라면, 종점에서 끝나는 에지에 해당하는 DNA 서열을 만들 때, 종점노드에 해당하는 (반쪽이 아닌) 전 서열을 이용하였으므로 완전한 이중서열이 생성된다.

이상의 원리에 의하여 노드와 에지에 해당하는 단일 서열들을 증폭하여 ligate 시키면, 그래프의 모든 경로에 해당하는 수많은 이중 서열이 생성된다. 이들 중에 우리가 찾는 Hamiltonian 경로

에 해당하는 이중서열이 있는지 여부를 알기 위하여 다음과 같은 과정을 거친다.

먼저 이중서열로 ligate 되어 있는 시험관의 DNA 서열들을 Gel 속에서 정전장(static electric field)의 힘으로 길이에 따라 분리시킨 후, 길이가 Hamiltonian 경로에 해당하는 부근의 gel을 잘라내어 여기에 있는 DNA 서열들을 증폭한다. 이렇게 증폭된 서열로부터 DNA 검출기술을 이용하여 차례로 노드 0에 해당하는 서열을 아랫서열로 갖고 있는 서열을 추출하고 이 결과에 다시 노드 1에 해당하는 서열을 아랫서열로 갖고 있는 서열을 추출하는 과정 등을 차례로 거쳐 마지막 노드 7에 해당하는 서열을 아랫서열로 갖고 있는 서열을 추출한다. 이렇게 얻은 서열들은 각 노드를 최소한 한번 거친 경로에 해당하는 서열들이다. 이렇게 얻은 서열을 다시 gel 속에서 분리하여 정확히 Hamiltonian 경로 길이를

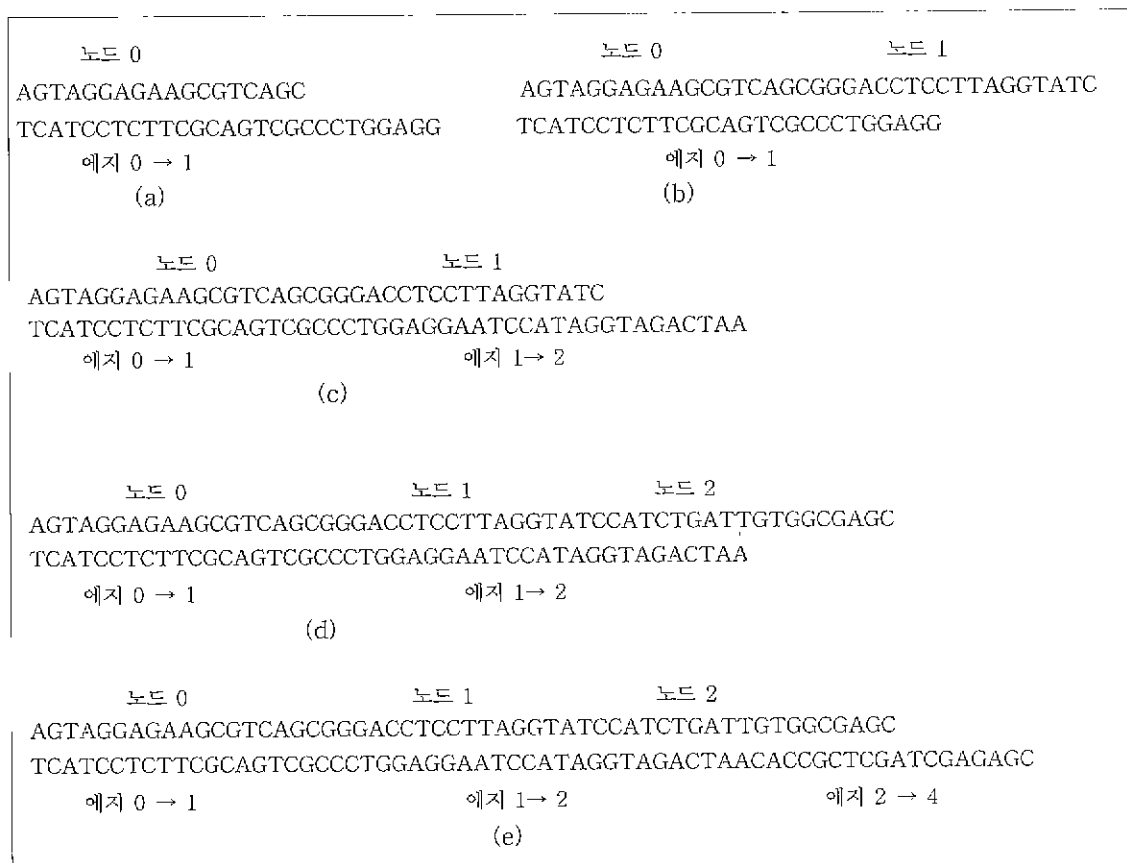


그림 6 경로 0 → 1 → 2 → 4 에 해당하는 이중 DNA 서열 생성과정

갖는 DNA 서열이 있는지 여부를 알아낸다²⁾. 그림 8은 여기서 한 단계 더 나아가 그림 6의 그래프가 2개의 Hamiltonian 경로가 있음을 보여주고 있다(그림 7에 대한 자세한 설명은 [6]을 참조하시기 바란다).

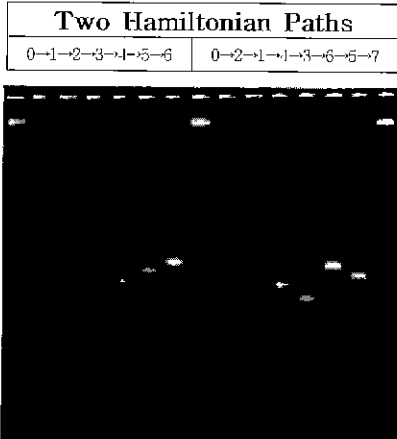


그림 7 Hamiltonian 경로 찾기 최종 단계

Adleman의 DNA 계산기술은 그 가능성을 보여주는 것으로 실용적인 단계에까지는 gel 분석기술

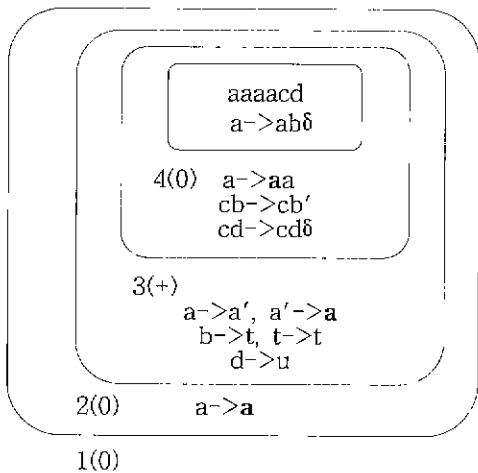


그림 8 P-시스템 (예)

2) 예시 DNA 서열의 길이로부터 Hamiltonian 경로에 해당하는 서열의 길이를 쉽게 구할 수 있다. 위의 예에서 출발에지와 도착에지의 길이는 26, 나머지 모든 예지의 길이는 18이다. 따라서 노드의 수가 8이므로 Hamiltonian 경로의 길이는 $2x(27bp) + 5x18bp = 144bp$ 이다.

의 한계, 등 극복해야 할 많은 문제들이 있다[2].

다음으로 생물분자를 이용한 계산기술로 최근 학자들에 의하여 제안된 세포막 계산(membrane computing) 모델[8]을 간단히 소개하고자 한다. P-시스템이라고 부르는 세포막 계산 모델은 그림 8과 같이 다중 세포막을 갖고 있는 한 개의 세포로 볼 수 있다.

각 막간에는 진화 룰(evolution rule)이라고 부르는 일종의 대치 룰(rewriting rules)과 객체를 나타내는 문자들이 있다(한 막간에 존재하는 문자들을 편의상 문자열로 나타낼 뿐, 문자열 상의 문자의 위치는 아무런 의미가 없다. 그림 8에는 4번 세포막 내부의 막간에 4개의 a와, c 및 d 객체를 한 개 씩 갖고 있으며, 다른 막간에는 객체가 없다).

막간에 특정한 문자의 존재 여부에 따라 외부 세포막의 두께가 1씩 증가하거나, 감소 또는 분해되어 없어진다. 그림에서 u는 증가, d는 감소, 그리고 δ는 분해용 객체로 정의할 수 있다. 세포막이 분해될 경우 없어진 세포막의 양 막간에 있는 룰과 객체들은 합병된 막간에 존재하게 된다. (단 최 외곽 세포막은 분해되지 않는다.) 특정한 태그가 붙어 있는 문자는(예를 들면, 그림에서 진한 문자 a) 세포막의 두께가 1일 경우 막을 통하여 외부 막간으로 나올 수 있다 그림에서 점선으로 표시된 세포막의 두께는 1이고 다른 막의 두께는 2이다. P-시스템의 출력은 최 외곽 세포막을 통하여 나오는 문자들을 순서대로 모아 만든 문자열의 집합이다. 세포막은 양(+), 음(-) 또는 중성(0)의 전극을 가질 수 있으며, 양극 또는 음극의 세포막은 반대되는 극성을 갖고 있는 객체만이 통과할 수 있다(그림에서 양극인 3번 세포막 외는 모두 중성이다).

P-시스템은 세포막을 통과하는 객체, catalyst로 작용하는 객체 (예: 룰 $cb \rightarrow cb'$ 에서 c), 등 생체분자의 다양한 기능을 갖고 있다. P-시스템은 그 기능으로 볼 때 Chomsky 계층의 최 상위에 속하고 있음이 알려졌다[8]. 생체신경망의 기능을 모방한 Neural Net가 AI 분야의 강력한 계산 모델로 활용되고 있다. 최근 세포 내에는 일종의 통신망에 의하여 신호가 전달되고 있음이 밝혀지고 있다[11]. 현재 인기 있는 연구분야로 등장하고 있는 전산망계산 기술도 세포로부터 전

수하게 될지도 모른다.

4. 결 론

분자생물학은 컴퓨터과학의 혁신적인 발달에 힘입어 놀라운 기술혁신을 이룩하고 있다. 앞으로 유전자의 발현 메카니즘과 그 기능을 밝히는 게놈 후 사업을 위하여 보다 고차원의 컴퓨터과학 기술이 요구되고 있다. 본 논문은 이를 위하여 컴퓨터과학이 당면할 문제의 난해성을 단편적으로 조명하여 보았으며, 생명체에 관한 지식과 관련 기술이 컴퓨터과학 기술에 기여할 수 있는 가능성을 예를 들어 보았다. 게놈 사업을 통한 두 학제간의 만남은 매우 생산적이었으며, 앞으로도 다른 학문들이 부러워할 짝으로 발전할 것이다.

참고문헌

[1] L. Adleman, "Molecular Computation of Solutions to Combinatorial Problems," *Science* 266, pp. 1021-1024, 1994.
 [2] D. Bonh, C. and R. Lipton, "Making DNA Computers Error Resistant," *Science* 278, pp. 446-449, 1997.
 [3] J. Gruska, "Quantum Computing," McGraw-Hill, 1999.
 [4] D. Gusfield, "Algorithms on Strings, Trees, and Sequences," Cambridge, 1997.
 [5] M. Kanehisa, "KEGG-Form Genes to Biochemical Pathways," Tech Report, Kyoto University (1999).
 [6] S.M. Kim. "Computational Modeling for Genetic Splicing Systems," *SIAM J. Computing*, 26, pp. 1284-1309, 1997.

[7] C.M. Lee, S.W. Kim, S.M. Kim, and U. Sohn, "DNA Computing the Hamiltonian Path Problem," *Molecules and Cells*, 9(5), pp. 464-469, 1999.
 [8] A. Lindenmayer, "Developmental Algorithms for Multicellular Organisms: a Survey of L-systems," *J. Theoretical Biology*, 30, pp. 455-484, 1971.
 [9] G. Paun, "Computing with Membranes(P Systems): a Variant." *J. Foundation of Computer Science*, 11(1), pp. 167-181, 2000.
 [10] J.L. Peterson, "Petri Net Theory and the Modeling of Systems." Prentice Hall, 1981.
 [11] J.D. Scott and T. Pawson. "Cell Communication: The Inside Story," *Scientific American*, June, pp. 54-61, 2000.
 [12] G. Stormo, "Uncovering Regulatory Networks Using Pattern Recognition Algorithms," MSRI Archive of the Conference for Understanding the Genome, Berkeley, 1998.

김삼묘



1969-1974 Control Data 기사
 1974-1978 경북대학교 컴퓨터공학과 조교수
 1978-1983 Univ. of Minnesota 박사
 1983-1994 RPI 컴퓨터학과 부교수
 1994 - 현재 경북대학교 컴퓨터공학과 교수
 관심분야 Computational Biology, Computing Models, Algorithms

E-mail:kims@bh.kyungpook.ac.kr
