

(주)뉴로제넥스 “EnCyclon”

통합 유전자 분석 솔루션 -

EnCyclon®

(주)뉴로제넥스 (대표 김경진) 의
EnCyclon은 생명공학 연구에서 가장 중요하고, 많이 사용되는 도구들을 통합하여 제공하는 솔루션으로, 유전자 서열 정보를 분석하는 SeqSenser, 실험실에서 유전자 조작을 지원하는 CyCloner, 대용량의 유전자의 유사성 비교를 지원하는 MultiBlast, 기존에 사용되고 있는 EMBOSS를 보다 쉽게 사용하는 EMBOSS 웹 인터페이스, 기존 공개된 유전자 데이터베이스의 검색을 지원하는 SeqLoader, 그리고 이를 모든 분석 모듈들이 만들어내는 데이터를 통합적으로 관리를 가능하게 하는 WorkBench, BenchShare로 구성되어 있으며, 이를 <http://www.encyclon.net>에서 제공하고 있다.



The Portal to Total Analysis

EnCyclon®

EnCyclon은 국내 소비자들에게 커스터마이징이 가능한 국내 독자 기술로 개발된 유전자 분석 솔루션으로, 거의 모든 프로그램이 실제 생명공학을 연구하는 사람들과 같이 설계하여 실제 필드에서 사용하는 요구에 적합하다는 것이 장점이고 또한 현재 encyclon.net의 활용도를 분석하면 이에 부합한다는 것을 확인할 수 있다.

EnCyclon을 이용하여 유전자 서열을 분석하면 그 모든 데이터는 자동으로 데이터베이스에 저장되고 관리되어, 실험 데이터에 대한 체계적인 관리가 가능하며, 또한 이 체계적으로 정리된 데이터는 EnCyclon 시스템 안에서 서로 공유하여 자원의 낭비요소를 줄였다.

지금까지 생물정보학 소프트웨어의 거의 대부분을 외산에 의존하는 상태에서, EnCyclon은 상당한 수입 대체효과 및 국내 생물정보학 역량을 널리 알린 것으로 평가할 수 있다.

장 려 상

EnCyclon

1. 작품명 : EnCyclon(유전자 통합 분석 솔루션)

2. 제작자 : (주)뉴로제넥스

대표자 : 김경진

개발참여자 : 최정대, 김고홍, 이상욱, 양은호

주소 : (151-744) 서울시 관악구 신림동 산56-1 서울대학교 유전공학
특화창업보육센터 (주)뉴로제넥스

전화 : 02) 875-8998

팩스 : 02) 887-5998

email : whitekid@neurogenex.com

3. S/W 요약설명

EnCyclon은 생명공학 연구에서 가장 중요하고, 많이 사용되는 도구들을 통합하여 제공하는 솔루션으로, 유전자 서열 정보를 분석하는 SeqSenser, 실험 실에서 유전자 조작을 지원하는 CyCloner, 대용량의 유전자의 유사성 비교를 지원하는 MultiBlast, 기존에 사용되고 있는 EMBOSS를 보다 쉽게 사용하는 EMBOSS 웹 인터페이스, 기존 공개된 유전자 데이터베이스의 검색을 지원하는 SeqLoader, 그리고 이들 모든 분석 모듈들이 만들어내는 데이터를 통합적으로 관리를 가능하게 하는 WorkBench, BenchShare로 구성되어 있으며, 이를 <http://www.encyclon.net>을 통하여 제공하고 있다.

3.1 개발 배경

미국의 Genome Project로 인간 유전자에 대한 대규모의 정보가 공개된 이후 컴퓨터를 이용하여 시퀀스 정보를 분석하고 저장하는 기술인 바이오인포메틱스(Bioinformatics) 기술을 지원하는 솔루션의 개발이 필요하게 되었다. 이미 미국 등 생명공학 선진국들은 대부분의 생명공학 연구기업, 연구소, 대학 등에서 이러한 솔루션을 구축하여 나가고 있는 시점에서 국내에는 이러한 기술을 도입한 솔루션이 없었고, 또한 아직 그 필요성도 느끼지 못하고 있는 시점이었다.

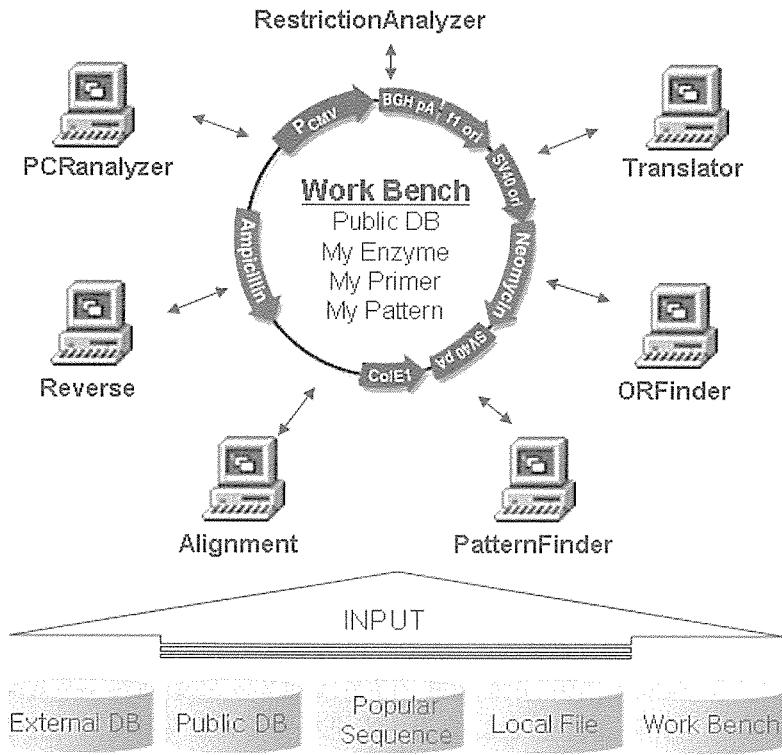
그러나 국내의 생명공학산업이 성장하면서 이러한 필요성은 점점 더 증가하였고, 그 대부분을 외산 패키지가 선점하는 상황에 이르렀다. 또한 대량의 유전자 발현을 주 기술로 하는 (주)뉴로제넥스의 입장에서도 이러한 솔루션이 필요하였으나, 기존의 외산 패키지를 검토한 결과 이를 패키지는 국내시장에 맞지 않는다고 판단하고, 바로 협업에서 사용할 수 있으며, 국내 실정에 맞는 생물정보학 소프트웨어 패키지 개발에 착수하였다.

- 기존 상용 소프트웨어는 유전자 서열 분석 기능과 간단한 로컬 데이터베이스 만 제공하므로 체계적인 서열 자원 관리에 취약.
- 새로운 분자생물학 실험 기법의 발전으로 인해 개별 실험실에서 다루어야 하는 서열 정보 및 클론의 수가 증대하여 유전자 자원관리 소프트웨어가 필요함.
- 클로닝에 따른 비용을 줄이기 위해 실험실에서 이루어지는 클로닝 과정을 가상에서 시뮬레이션 할 수 있는 소프트웨어 필요.

3.2 시스템 개요

EnCyclon은 생명공학 연구에서 가장 중요하고, 많이 사용되는 도구들을 통합하여 제공하는 솔루션으로, 유전자 서열 정보를 분석하는 SeqSenser, 실험실에서 유전자 조작을 지원하는 CyCloner, 대용량의 유전자의 유사성 비교를 지원하는 MultiBlast, 기존에 사용되고 있는 EMBOSS를 보다 쉽게 사용하는 EMBOSS 웹 인터페이스, 기존 공개된 유전자 데이터베이스의 검색을

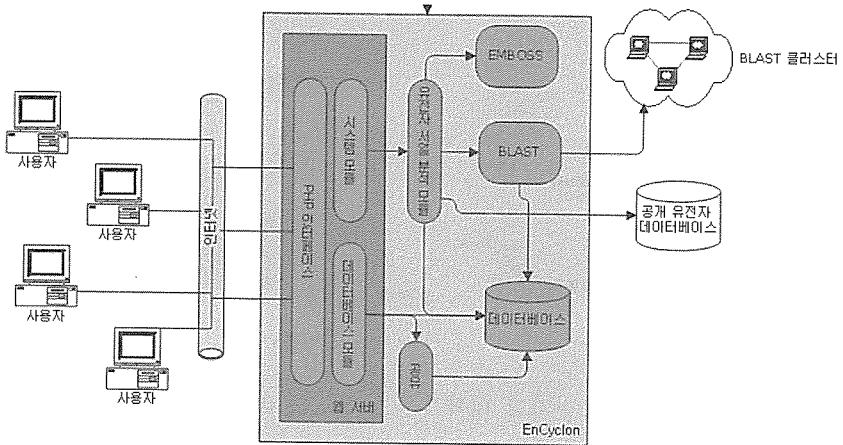
지원하는 SeqLoader, 그리고 이를 모든 분석 모듈들이 만들어내는 데이터를 통합적으로 관리를 가능하게 하는 WorkBench, BenchShare로 구성되어 있으며, 이를 <http://www.encyclon.net>을 통하여 제공하고 있다.



3.3 시스템 특징

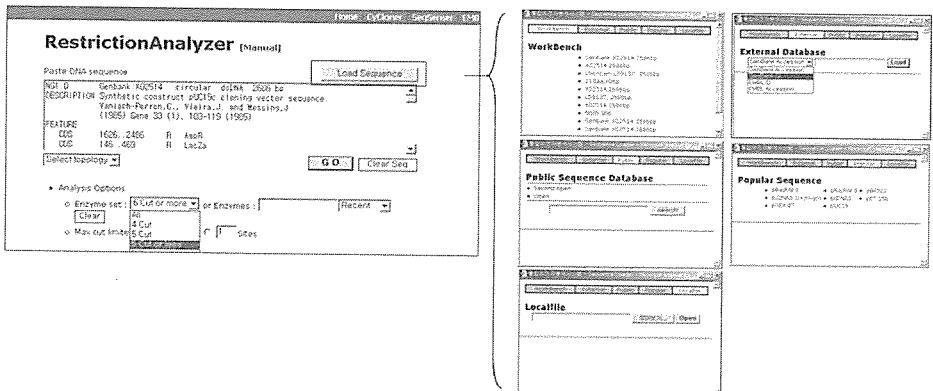
- 단순히 시퀀스를 넣고 분석 버튼을 클릭으로 끝나는 OneStop 유전자 분석
- 공간과 장소의 제약을 받지 않는 웹기반 유전자 분석 솔류션
- 기존의 사용되고 있는 유전자 서열의 자동 변환 입출력
- 각 분석에서 실험에서 발생 가능한 오류를 자동으로 검출
- PlasmidMap
- 각 분석에서 사용된 유전자 정보 및 그 분석결과의 자연스러운 통합관리
- MultiBlast 통한 대량의 유전자 비교분석 기능
- MultiBlast는 Cluster를 구성하여 원하는 성능에 따라 자유롭게 구성 가능

3.4 제품 구성



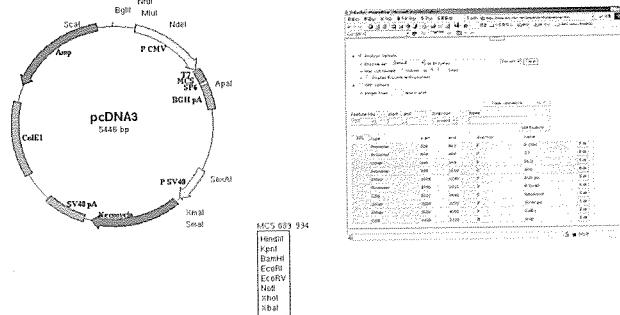
3.5 프로그램구성 및 주요기능

유전자 서열 분석



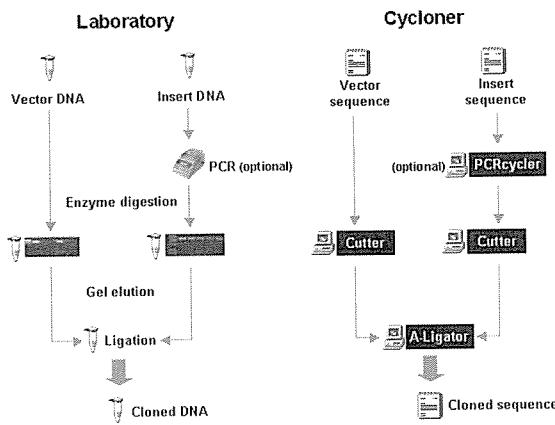
- 제한효소 분석, PCR 분석, Translation, ORF Search, 특정 서열 검색 모듈
- 모든 프로그램은 그림과 같은 단순한 인터페이스로 접근이 용이: 서열정보 넣고 바로 GO
- 시퀀스는 SeqLoader를 이용하여 WorkBench, BenchShare, 외부 데이터베이스, 미리 정의된 벡터, 사용자 컴퓨터등 다양한 입력 방법 선택 가능
- 웹 브라우저를 통한 친숙한 접근 및 인터페이스

PlasmidMap

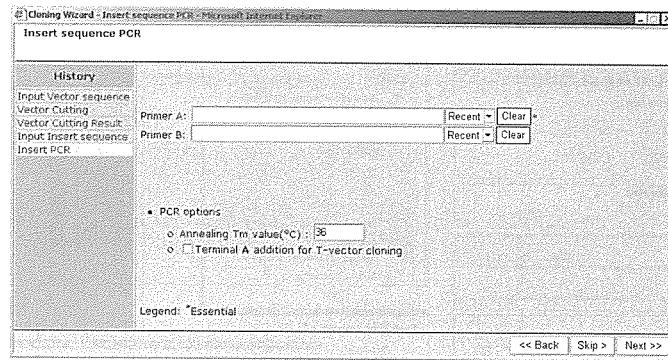


- 사용하는 유전자의 대략적인 모식도를 바로 인터넷에서 확인 가능
- 유전자의 종류별로 다른 색으로 표시 및 관심있는 지역에 대한 Legend 제공

CyCloner



- 실험실의 실제 과정과 동일한 과정의 분석 과정: 친숙한 개념을 바로 적용
- 각 단계에서 실험시 발생 가능한 오류를 검출 가능



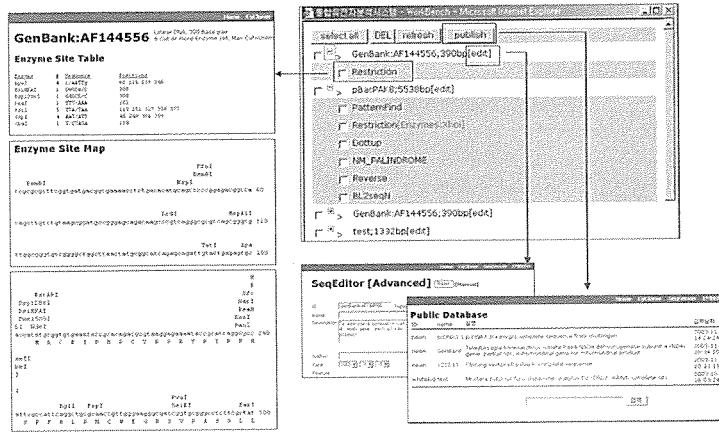
- 이러한 모든 기능을 CloningWizard로 윈도우의 마법사 기능처럼 구현하여 쉽게 접근 가능

MultBlast

Rank	Score	Length	Database	Accession	Length	Query	Subject
1	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
2	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
3	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
4	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
5	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
6	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
7	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
8	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
9	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
10	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
11	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12
12	2003-11-12	306	NtProject	hs_msp_mspfase	100	2003-11-12	2003-11-12

- 대량의 시퀀스의 유사성 검토 가능
- 웹에서 시퀀스를 다량으로 입력하고, 서버에서는 그 작업을 백그라운드로 진행하여 작업 진행상태, 결과등을 사용자에게 리포트
- 연구소에 설치된 BLAST를 이용하여 템의 능력에 맞춰 설계 가능
- NCBI BLAST보다 빠른 작업 결과
- 언제든 이전에 실행한 MultiBlast 결과를 다시 확인 가능

WorkBench & BenchShare



- 모든 데이터는 WorkBench를 통하여 자동으로 저장, 관리
- BenchShare를 통한 단위 실험실간의 유전자 서열 정보 공유
- SeqEditor를 통한 시퀀스 정보의 편집 저장

4. 개발단계별 기간 및 투입인원수

개발단계	개발기간	인원	공수	비고
시스템 설계	03. 1. ~ 03. 3.	5	33	기존 시스템 분석
프로그래밍	03. 3 ~ 03. 10	4	79	각 유닛 테스트 포함
테스트 및 시범 서비스	03. 4 ~ 03. 11	4	10	시범 서비스를 통한 사용자 테스트
메뉴얼 제작	03. 11 ~ 01. 12	4	15	
계	18개월		137	

5. 사용 또는 개발언어, TOOL

Python 2.2.1

PostgreSQL 7.3.4

PHP 4.1.3

6. 사용시스템

사용OS	FreeBSD 4.9
CPU	Pentium4 1G Dual
모니터	15인치 이상
메모리	2G 이상
FDD	필요없음
HDD	1GB 이상
VGA	SVGA 이상